

第 384 回雑誌会

(Oct. 14, 2022)

(1) Transferability of ESBL-encoding IncN and IncI1 plasmids among field strains of different *Salmonella* serovars and *Escherichia coli*

Dorr M., Silver A., Smurlick D., Arukha A., Kariyawasam S., Oladeinde A.,
K. Cook and Denagamage T.

Journal of Global Antimicrobial Resistance, **30**, 88–95, 2022.

Reviewed by H. Xie

ESBL（基質特異性拡張型 β ラクタマーゼ）産生腸内細菌科、ESC（基質特異性拡張型セファロスポリン）産生腸内細菌科を含む薬剤耐性菌による感染症は、世界の公衆衛生にとって大きな脅威となっている。食用されている動物は、多くの薬剤耐性菌、耐性プラスミド、耐性遺伝子の主要な貯蔵庫であると考えられる。また、薬剤耐性菌は、異なる細菌属間や動物・ヒトの腸内でプラスミド交換によって伝播される可能性がある。本研究では、複数の *Salmonella* 属および *E. coli* の野外株間で、ESBL 遺伝子 *bla*_{CTX-M-I} 型保有する IncN および IncI1 プラスミドの伝播率を明らかに検討した。接合伝播実験のドナー株として、*bla*_{CTX-M-I} 型保有する ESBL 産生 *E. coli* 18 (IncN)、ESBL 産生 *S. Heidelberg* 18 (IncN)、ESBL 産生 *S. Heidelberg* 26 (IncI1) を使用した。レシピエントとして *S. Enteritidis*、*S. Heidelberg*、*S. Saintpaul*、*S. Cero*、*S. Infantis*、*S. Braenderup*、*E. coli* 50 と *E. coli* 2010 を使用した。まず、ドナー株のプラスミドの塩基配列を解析した。次に、ドナー株とレシピエント株を 1:10 の比率で、ブロスケーティング実験とフィルターメーティング実験を行った。伝播された株を用いて PCR および薬剤感受性試験により、ESBL プラスミドの伝播の有無を確認した。実験に使用・回収したすべての株は、DNA シーケンスによって解析した。

*bla*_{CTX-M-I} 型保有するレシピエント菌への接合伝播は、*S. Heidelberg* 18 (IncN) と *Salmonella* 属の間で最も高い伝播率で接合され、伝播率は 10^{-4} か 10^{-5} の範囲で見られた。*E. coli* 18 (IncN) と *Salmonella* 属/*E. coli* のレシピエント株が次に高い伝播率を示し、その範囲は 10^{-4} から 10^{-9} であることが分かった。*S. heidelberg* 26 (IncI1)、*S. Heidelberg* 18 (IncN) から *E. coli* レシピエント株への接合における伝播率は 10^{-9} から 10^{-13} と低かった。*E. coli* 18 (IncN) と *E. coli* レシピエント株への伝播率も 10^{-3} から 10^{-9} の範囲で低くなった。IncN プラスミドの平均伝播率は IncI1 プラスミドと比べて高く、伝播率はドナー株の種類によって大きく異なっていることが確認された。*Salmonella* 属のレシピエント株は IncN 保有するドナー株からのプラスミドの接合に最も伝播しやすい傾向があったが、*E. coli* レシピエントで低い率で接合伝播することが見られた。

(2) Annual trends and health risks of antibiotics and antibiotic resistance genes in a drinking water source in East China

Yaru, H., Lei, J., Yi, Z., Lei, J., Shijie, Y., Wang, Z., Kuangfei, L. and Changzheng, C. Science of the Total Environment, **791**, 148152 (2021).

Reviewed by Y. Ito

抗菌薬や薬剤耐性遺伝子 (ARG) の飲料水への混入が世界的に問題視されている。これまで飲料水源における抗菌薬及び ARG の汚染に関する研究が行われてきたが、比較的短期間の汚染に焦点を当てており、部分的な特徴を明らかにしただけであった。そこで本研究では、中国東部の飲料水源において、2015年から2017年の4季節にかけて抗菌薬と ARG の逐次モニタリングを実施した。試料採取は、飲料水源 27 地点の流入水と流出水から 4L ずつ採取した (計 54 個)。抗菌薬分析の前処理として、試料 1 L を 0.7 μm のフィルターで真空濾過し、固相抽出を行った。ARG の前処理は、試料 1 L を真空濾過した後、0.22 μm のフィルターでろ過し、最終的に Fast DNA SPIN キットを用いて DNA 抽出を行った。前処理後、抗菌薬は、UPLC-MS/MS を用いて測定した。抽出後の DNA は、qPCR 法を用いて定量した。対象とした抗菌薬は、スルホンアミド、テトラサイクリン、キノロンの 3 つのクラスを含む 11 種類とした。また、ARG は、41 種類の ARG サブタイプと 4 種類のインテグラーゼ遺伝子を調査した。

11 種類の抗菌薬および 18 種類の ARG サブタイプとクラス I インテグラーゼ遺伝子 *intI1* が検出された。総抗菌薬濃度は 2015 年 (96.47 ng/L) から 2017 年 (90.17 ng/L) にかけて僅かに減少した。一方、総 ARG 濃度は年平均 0.25 桁の増加傾向にあり、2017 年の総 ARG 濃度は、 6.1×10^5 copies/mL であった。総 ARG 濃度の増加は、主に *sul1*, *sul2*, *sul3*, *tetA*, *qnrB*, *ermB* などの特定の ARG サブタイプに起因するものであった。季節間の比較では、春の総抗菌薬濃度が他の 3 季節に比べて、1.6~2.3 倍に高く、冬の総 ARG 濃度は他の 3 季節に比べて、0.11~0.23 桁高かった。また、飲料水源の流入水と流出水における総抗菌薬濃度は、それぞれ 126.49 ng/L と 101.80 ng/L であった。総 ARG 濃度も同様に減少傾向であり、流入から流出にかけて 0.1 桁減少することがわかった。また、ほとんどの ARG は *intI1* 遺伝子と正の相関があった ($r = 0.47 \sim 0.55$, $P < 0.01$)。さらに、抗菌薬と ARG の変動は、水質指標、特に COD, BOD₅, NO₂-N の値と関連していると判定された ($P < 0.05$)。以上のことから、中国東部の飲料水源における抗菌薬濃度は、2015~2017 年にかけて僅かに減少したものの、ARG 濃度は増加傾向にあったことから、飲料水源の ARG による汚染はさらに深刻化していることがわかった。