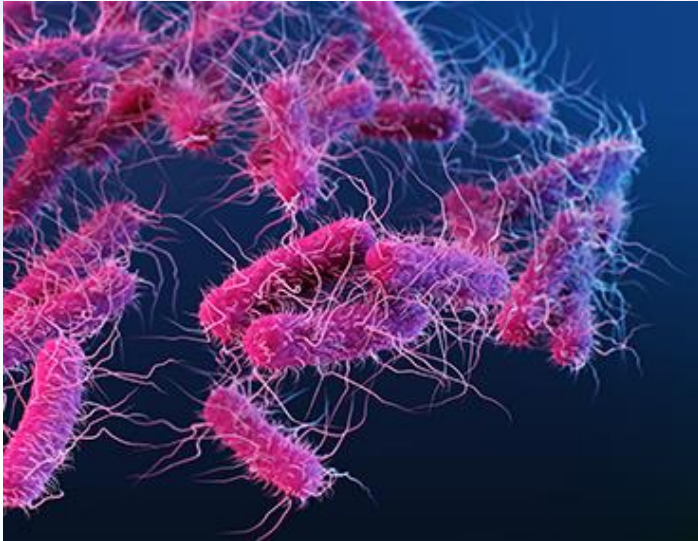


伴侶動物における薬剤耐性菌の 性状解析に関する研究



<https://www.cdc.gov/hai/organisms/ESBL.html>

- プロジェクトメンバー
(グループリーダー)
農学部 共同獣医学科
准教授 原田 和記
他機関 共同研究者

研究概要

伴侶動物における薬剤耐性菌分布把握のための大規模調査

- ・これまで薬剤耐性分布に関する知見が乏しかった、伴侶動物由来の各種グラム陰性桿菌について、薬剤耐性菌の疫学調査を実施しました。
- ・結果として基質特異性拡張型 β -ラクタマーゼ (ESBL) 産生株を含む多剤耐性菌の流行と異なる犬猫間で極めて類似した性状の薬剤耐性菌が分離されることを明らかにしました。
- ・このことから、医療分野で問題視されている多剤耐性菌が伴侶動物間で水平伝播して広がっていること、さらには本菌が飼い主等へ伝播することにより公衆衛生上の影響も生じさせる可能性があることが示唆されました。

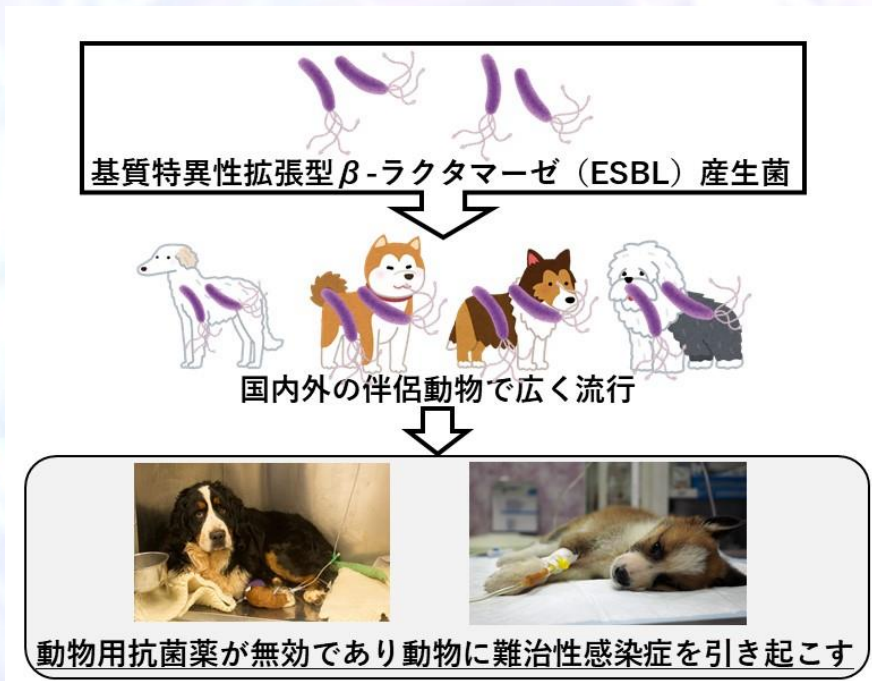


図. 伴侶動物におけるESBL産生菌の分布とその影響

薬剤耐性菌対策の中でヒトを含めた各種動物における薬剤耐性菌分布の把握は急務でしたが、伴侶動物に関する大規模調査は実施されていませんでした。そこで本研究では、伴侶動物由来薬剤耐性菌の疫学調査を実施しました。

これまで薬剤耐性分布に関する知見が乏しかった、伴侶動物由来の*Klebsiella*属菌、*Citrobacter*属菌、*Serratia*属菌及び*Enterobacter*属菌の各種菌種について国内における疫学調査を実施しました。

結果として、いずれの菌種においても多剤耐性菌の一種である基質特異性拡張型β-ラクタマーゼ (ESBL) 産生株が比較的高率に分布されることが明らかになりました。さらに、異なる個体から同一または極めて近似性の高い性状を示すESBL産生菌が分離されたことから、ESBL産生菌の拡大要因として犬猫間での水平伝播が関与していることを明らかにしました。

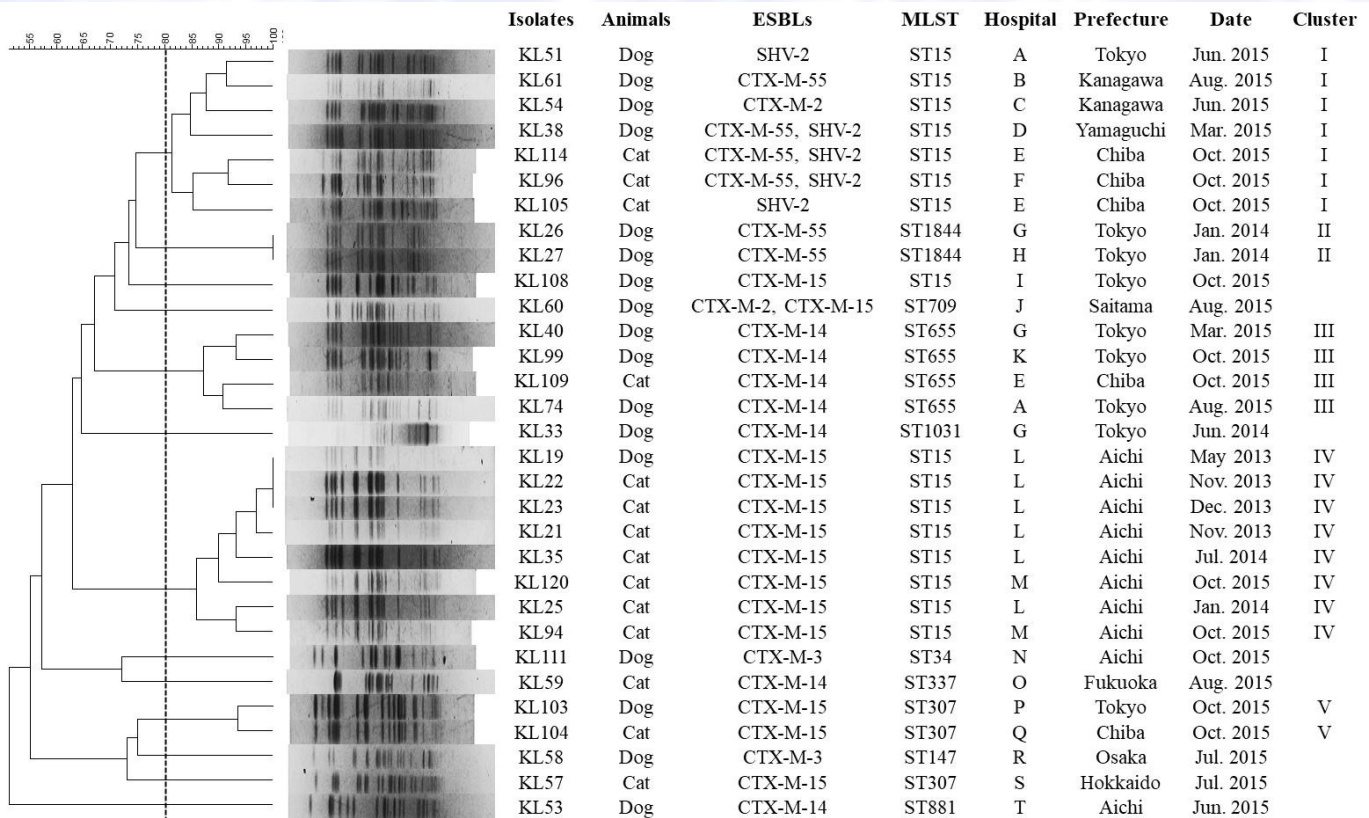


図. 伴侶動物由来*Klebsiella*属菌のESBL産生株の性状解析結果

- (1) Harada K, Shimizu T, Mukai Y, Kuwajima K, Sato T, Usui M, Tamura Y, Kimura Y, Miyamoto T, Tsuyuki Y, Ohki A, Kataoka Y Phenotypic and molecular characterization of antimicrobial resistance in *Klebsiella* spp. isolates from companion animals in Japan: Clonal dissemination of multidrug-resistant extended-spectrum β-lactamase-producing *Klebsiella pneumoniae*. *Frontiers in Microbiology* 7 Manuscript ID 1021 2016. 10.3389/fmicb.2016.01021
- (2) Harada K, Shimizu T, Mukai Y, Kuwajima K, Sato T, Kajino A, Usui M, Tamura Y, Kimura Y, Miyamoto T, Tsuyuki Y, Ohki A, Kataoka Y Phenotypic and molecular characterization of antimicrobial resistance in *Enterobacter* spp. isolates from companion animals in Japan. *PLoS One* 12 Manuscript ID 0174178 2017. 10.1371/journal.pone.0174178
- (3) Harada K, Shimizu T, Ozaki H, Kimura Y, Miyamoto T, Tsuyuki Y Characterization of antimicrobial resistance in *Serratia* spp. and *Citrobacter* spp. isolates from companion animals in Japan: nosocomial dissemination of extended-spectrum cephalosporine-resistant *Citrobacter freundii*. *Microorganisms* 7 Manuscript ID 64 2019. 10.3390/microorganisms7030064