

O22-03

養殖場由来 *Vibrio* sp. が保有する伝達性多剤耐性プラスミドの受容菌染色体への組み込み機構○野中 里佐¹、丸山 史人²、矢野 大和³、大西 勇輝⁴、広瀬 侑⁵、鈴木 聡⁴、増田 道明¹¹獨協医大・医、²京大・医、³東大・新領域、⁴愛媛大・沿岸研セ、⁵豊橋技科大・環境・生命工学・エレクトロニクス先端融合研

【背景・目的】 細菌間における耐性遺伝子伝達機構の解明は、抗菌薬を使用する様々な現場における耐性菌出現・拡大の機構を理解する上で必要不可欠である。本研究では養殖場から分離された多剤耐性菌が保有する伝達性プラスミドのうち、受容菌の染色体に組み込まれるタイプに着目し、その詳細な機構を明らかにすることを目的とした。

【方法】 養殖場底泥より分離した *Vibrio* sp. 04Ya108 および大腸菌 W3110 株を用いて接合伝達実験を行い、得られた接合体 TJ108W0 の全塩基配列を 454 GS FLX+ を用いて決定し *Vibrio* sp. 04Ya108 から大腸菌へ伝達している全遺伝情報を明らかにした。また複数の接合体について、大腸菌染色体上におけるプラスミド挿入部位を明らかにした。

【結果・考察】 *Vibrio* sp. 04Ya108 が保有していたプラスミドは約 330kb であり、type IV secretion 関連遺伝子および 7 つの薬剤耐性遺伝子をコードしていた。接合体の染色体上ではインテグラーゼ遺伝子を含む 13kb の領域が少なくとも 2 コピー存在し、その間にプラスミドゲノムが組み込まれていた。この *Vibrio* 株由来の領域の組み込みの機構として、伝達されたプラスミドからまずインテグラーゼをコードする 13kb の領域が切り出されて、大腸菌染色体へ組み込まれた後、この転移領域と別コピーのプラスミド上の 13kb の領域との相同組換えが生じることでプラスミド全長が染色体へ取り込まれる 2 段階モデルが考えられた。

O22-04

バンコク周辺の水圏環境における薬剤耐性菌とその耐性遺伝子の解析

○大久保 寅彦¹、臼井 優¹、鈴木 聡²、高田 秀重³、田村 豊¹¹酪農学園大・院・獣医、²愛媛大・沿岸研セ、³東農工大・院・農 環境資源

【緒論】 河川等の水圏環境は抗菌性物質を含む排水に曝露されており、薬剤耐性菌や耐性遺伝子が選択・維持されやすい条件にある。また、熱帯アジアでは洪水等による水圏環境の攪乱も生じやすく、水系細菌と病原性細菌との接触の機会が多いことが予想される。そこで、異なる水圏環境における細菌の薬剤耐性状況を明らかにするとともに、水圏環境の耐性菌の存在が医療上のリスクになるかを評価するため、複数の河川から細菌を分離し、その性状を調査した。【方法】 タイ、バンコク市内のチャオプラヤ川（7 地点）、市内の運河（5 地点）及びバンコク郊外のターチン川（3 地点）で採取した水から DHL 培地を用いて細菌を分離し、抗菌薬感受性試験および耐性遺伝子の検出を行った。水系細菌が起源とされるプラスミド性キノロン耐性遺伝子の *qnrVC4* を保有する株については、大腸菌への接合伝達試験を実施した。【結果及び考察】 合計 68 株の細菌が分離された (*Escherichia coli* 2 株、*Enterobacter* spp. 2 株、*Pantoea* sp. 1 株、*Aeromonas* spp. 63 株)。チャオプラヤ川由来の 38 株は他の 30 株と比べてテトラサイクリン (TC) 耐性率および TC 耐性遺伝子保有率が有意に高かった。これは本河川が他の水系に比べて流域が広く、TC 等の抗菌性物質を含んだ排水の流入する機会が多いことによるものと考えられた。*qnrVC4* は *Aeromonas* 1 株から検出され、このプラスミドが 3.5×10^{-7} の頻度で大腸菌に伝達してキノロン感受性を低下させたことから、水系細菌がもつ耐性遺伝子が病原菌へと伝達する可能性が示された。