

茨城県におけるカルバペネム耐性腸内細菌目細菌の検査状況について

茨城県衛生研究所

○織戸優、石川加奈子、奥村知美、柳岡知子、内田好明、上野絵里

1 はじめに

カルバペネム耐性腸内細菌目細菌（CRE）のうち、カルバペネム分解酵素であるカルバペネマーゼ産生腸内細菌目細菌（CPE）は、カルバペネマーゼ非産生菌（non-CPE）と比較して多剤耐性を示す傾向にある。また、カルバペネマーゼ遺伝子はプラスミド等の可動性遺伝子上に存在するため、菌種を超えて薬剤耐性を伝播する。従って、CPEを判別することは加療選択及び院内感染対策上重要である。今回、県内におけるCREの薬剤耐性機序及び伝播経路の解明を目的として、全ゲノム解析を導入したので、解析結果を報告する。

2 方法

令和元年度から令和6年度までに収集したCRE498株について、PCR法による薬剤耐性遺伝子の検出及びディスク拡散法による β -ラクタマーゼ産生性の確認を行い、CPEか判別した。CPEの場合はシーケンスによりカルバペネマーゼ遺伝子を型別した。また全ゲノム解析による菌種同定、薬剤耐性遺伝子の検出、プラスミド型別、Multilocus Sequence Typing（MLST）を行った。

3 結果

CRE498株のうちCPEは29株(5.8%)であった。カルバペネマーゼ遺伝子保有株の内訳は *bla*_{IMP-1} 21株、*bla*_{IMP-6} 2株、*bla*_{NDM-5} 6株であり、そのほか β -ラクタム系抗菌薬に対する耐性遺伝子としてESBL型及びAmpC型遺伝子、非 β -ラクタム系抗菌薬ではアミノグリコシド系、キノロン系、スルホンアミド系抗菌薬に対する耐性遺伝子を共保有していた。プラスミド型別では、IncHI2、IncN、IncX3などカルバペネマーゼ遺伝子の拡散への関与が報告されているプラスミドが検出された。

MLSTにより *E. hormaechei* ST78（1株）、*E. coli* ST131（1株）、*E. coli* ST410（2株）に分類され、世界中で分離され薬剤耐性の拡散の大きな要因とされているpandemic cloneが検出された。

薬剤感受性試験では、 β -ラクタム系抗菌薬に広範に耐性を示し、アズトレオナム耐性株も認められた。一方で、非 β -ラクタム系抗菌薬では、 β -ラクタム系抗菌薬と比較して感受性を残していた。

4 考察

全ゲノム解析により、薬剤耐性遺伝子及びプラスミドの保有状況を解析可能となった。

本県のCPE検出率は、全国と比較して低いものの、複数の薬剤耐性遺伝子及びプラスミドの保有やpandemic cloneが確認されており、薬剤耐性が拡散する潜在的リスクが示唆された。

日本で多いIMP型CPEは、海外で多いNDM型CPEと比較して非 β -ラクタム系抗菌薬への感受性率が高いと報告されている。しかし国内では、海外型カルバペネマーゼ遺伝子保有株が増加しており、非 β -ラクタム系抗菌薬に対する耐性株の増加が懸念される。今後も発生動向の監視及び情報発信を継続するとともに、更に詳細な解析を行うことにより薬剤耐性機序や伝播経路を解明し、感染症対策の一助となるように努める。