

## 6

### 本邦の医療機関およびフィリピンの環境から分離された *Aeromonas* 属の分子遺伝学的解析

◎田内 絢子<sup>1)</sup>、北川 大輔<sup>2)</sup>、阿部 教行<sup>3)</sup>、小泉 章<sup>4)</sup>、宇井 孝爾<sup>4)</sup>、李 相太<sup>4)</sup>、大西 雅人<sup>4)</sup>、間本 佳予子<sup>4)</sup>

奈良県立医科大学微生物感染症学講座<sup>1)</sup>、地方独立行政法人奈良県立病院機構 奈良県総合医療センター臨床検査部<sup>2)</sup>、公益財団法人天理よろづ相談所病院臨床検査部<sup>3)</sup>、奈良県立医科大学附属病院中央臨床検査部<sup>4)</sup>

【背景】*Aeromonas* 属は河川などの様々な水環境に常在し、ヒトに対しては主に腸管感染症を引き起こすことのあるグラム陰性桿菌である。現在 30 菌種以上報告されているが、その分類は以前の生化学的性状によるものから遺伝学的手法の導入により細分化している。本研究では、本邦の医療機関およびフィリピンの環境から分離された *Aeromonas* 属について遺伝学的手法を用いて同定、解析を行った。【対象と方法】臨床分離株は奈良県内の医療機関から、環境分離株はフィリピンの病院排水や河川からそれぞれ分離され、質量分析器(MALDI-TOF; VITEK MS)により *Aeromonas* 属と同定された臨床分離株 21 株、環境分離株 89 株を対象とした。菌種同定は RNA-polymerase  $\beta$ -subunit (*rpoB*) の DNA シークエンスにより行った。カルバペネマーゼ産生性を CIM 法により決定した。各種プラスミド性カルバペネマーゼ遺伝子および染色体性カルバペネマーゼ遺伝子である *cphA* の保有の有無を PCR 法により行った。

【結果】*rpoB* 解析による同定において、臨床分離株は *A. caviae* が 8 株(38.2%), *A. dhakensis* 4 株(19.0%), *A. veronii* 4 株

(19.0%), *A. hydrophila* 3 株(14.3%)、その他 1 菌種 2 株(9.5%)であった。環境分離株では *A. caviae* 57 株(64.1%), *A. veronii* 9 株(10.1%), *A. hydrophila* 6 株(6.7%), *A. dhakensis* 6 株(6.7%)、その他 4 菌種 11 株(12.4%)であった。VITEK MS では *A. hydrophila/punctata(caviae)* や *A. sobria* or *A. veronii* などに同定され、1 菌種と決定することはできなかった。環境分離株の *A. caviae* から NDM 型が 6 株(10.5%), KPC 型 4 株(7%), IMP 型 3 株(5.3%), GES 型 1 株(1.8%), KPC 型 +GES 型が 2 株(3.5%)検出された。臨床および環境分離株の全ての *A. hydrophila* および *A. veronii*, *A. dhakensis* は CIM 陽性であり *cphA* を保有していた。【考察】*Aeromonas* 属は多様な菌種が分離され、さらにカルバペネマーゼ遺伝子保有株を多数検出した。VITEK MS では複数の可能性のある菌種が同定されたこと、網羅されている菌種が少ないことから *Aeromonas* 属の菌種同定は困難であったが、遺伝子解析を実施することで同定することができた。また *cphA* の保有率が高い菌種も報告されているため、正確な菌種の同定が有用であると考えられた。(連絡先:0744-29-8839)