

平成24-26年度食品安全確保推進研究事業

「食品由来細菌の薬剤耐性サーベイランスの強化と国際対応に関する研究」

分担課題名：家畜由来薬剤耐性菌のサーベイランスに関する研究

分担研究者：川西路子（農林水産省動物医薬品検査所）

研究協力者：小池良治（農林水産省動物医薬品検査所）

研究協力者：比企基高（農林水産省動物医薬品検査所）

研究協力者：佐々木貴正（農林水産省動物医薬品検査所）

研究協力者：浅井鉄夫（岐阜大学大学院連合獣医学研究科）

研究協力者：黒田 誠（国立感染症研究所）

研究協力者：関塚剛司（国立感染症研究所）

研究要旨

家畜衛生分野における薬剤耐性菌実態調査システムである Japanese Veterinary Antimicrobial Resistance Monitoring System（JVARM）事業より、収集された健康なブロイラー由来の大腸菌において、人の医療で重要とされる第3世代セファロスポリンに対する耐性率は、2000~2003年では3.8%であったが、2010~2012年では約20%と増加が顕著であった。このことを受けた国内の養鶏団体がセフチオフルの使用に関する自主規制（2012年3月）を行った結果、ブロイラーにおけるセファロスポリン耐性の割合は2012年-2013年度には、2011年度と比べて有意に減少した。なお、自主規制前後で優勢なβ-ラクタマーゼ遺伝子（*bla_{CMY2}*）、レプリコン型（IncK）は変わらず、人の臨床分離株で主に報告される遺伝子（*bla_{CTX-M}*）とは異なった。

家畜由来メチシリン耐性黄色ブドウ球菌（MRSA）について、2010年に牛由来MRSA（sequence type（ST）121）1株が分離され、2012年に1農家の豚4頭よりMRSA（ST398）11株が分離された。本MRSA ST398のSCC*mec*型は、classA-A1B3で新規の型であった。当該MRSA ST398の起源を探るべく豚由来メチシリン感受性黄色ブドウ球菌（MSSA）の遺伝子型及び薬剤耐性型並びにメチシリン耐性コアグラゼ陰性ブドウ球菌（MRCNS）のSCC*mec*型を調べたが、起源と考えられるMSSA及び遺伝子は認められなかった。

また、JVARMで収集した健康家畜由来カンピロバクターにおいて2013年中国の豚由来*Campylobacter coli*で初めて報告されたマクロライド耐性因子*erm*(B)の保有状況を調査したところ、1農場から分離された*C. coli*において可動性遺伝因子*erm*(B)を保有が確認された。

A. 研究目的

家畜に由来する薬剤耐性菌が畜産食品を介して人に伝播し、人の健康に危害を与える可能性について評価するため、国内では家畜における薬剤耐性菌のモニタリング体制（JVARM）が構築されている。

JVARMの調査において2004年以降ブロイラーに

おいて、医療上極めて重要な成分（食品安全委員会の抗菌性物質リストランクI）の一つである第3世代セファロスポリンに対する耐性割合が増加した。米国やカナダのブロイラーにおいてセファロスポリン耐性の大腸菌やサルモネラが増加した要因として、ヒナの大腸菌症の予防等のために、第3世代セ

ファロスポリンの一つであるセフトフル（CTF）がワクチンと混合して卵内接種されることに起因することが報告されている。

これを受けて、2012年3月に国内の生産者団体からCTF使用の自主的な注意喚起が通知された。そこで、この措置の効果を評価するため、国内のプロイラーにおけるセファロスポリン耐性の動向について継続して調査するとともに、耐性因子に関する情報収集を行った。

メチシリン耐性黄色ブドウ球菌(MRSA)は、院内感染や市中感染の原因菌として問題であるが、家畜にも分布することが知られている。ヨーロッパを中心に家畜関連MRSA(Livestock-associated MRSA: LA-MRSA :sequence type (ST)398)が注目されているが、国内の家畜に由来するMRSAの報告は少ない。国内で分離された家畜由来MRSAについて情報を蓄積するため、各種薬剤に対する感受性及び分子遺伝疫学解析を実施する。さらに、LA-MRSAの起源を確認するため、家畜由来メチシリン耐性コアグラーゼ陰性ブドウ球菌(MRCNS)、メチシリン感受性黄色ブドウ球菌(MSSA)及びMRSAについて各種薬剤に対する感受性試験及び分子遺伝疫学解析を実施した。

人のカンピロバクター腸炎は、主にマクロライド系抗菌性物質製剤で治療される。カンピロバクターにおいてマクロライド耐性は主に染色体上の遺伝子の突然変異の結果として発現するが、2013年に中国の豚から分離された*C. coli*が可動性遺伝因子 $erm(B)$ を獲得していることが初めて報告された(Qinら2013)。 $erm(B)$ は染色体上の多剤耐性遺伝子が集積した領域(multidrug-resistant genomic island:MDRGI)に存在し、 $erm(B)$ 保有株は多剤耐性株であった。そこで、国内における家畜由来マクロライド耐性カンピロバクターにおける $erm(B)$ の保有状況を調査した。

B. 研究方法

(1) 第3世代セファロスポリン耐性大腸菌の性状解析

2010～2013年にJVARMで収集した健康なプロイラー由来の大腸菌のCTF及びセフトキサシム

(CTX)の薬剤感受性をClinical and Laboratory Standards (CLSI)に準拠した微量液体希釈法で測定し、各年毎の耐性率についてFisher直接確立検定を実施した($p < 0.05$)。

2010～2013年にプロイラーから分離された第3世代セファロスポリン耐性(CTX: 4 μ g/ml)大腸菌84株を対象に耐性遺伝子の同定及び各種セフェム系薬剤に対する感受性試験を微量液体希釈法で実施した。

耐性遺伝子の検索は、ダブルディスク法を実施後、Dallenneらの報告したmultiplex PCRでスクリーニングし、PCRにより全長を増幅後、ダイレクトシークエンスにより決定した。

混合培養法でプラスミド伝達試験を行い、得られたトランスコンジュガントを用いて、レプリコン型をPCR法で決定した。

(2) LA-MRSAの調査

1) 各種家畜由来MRSAの分布調査及びMRSAの遺伝子型及び抗菌性物質に対する感受性

2010年に家畜から分離された黄色ブドウ球菌122株の薬剤感受性を調べた。アンピシリン(ABPC)耐性9株を対象にオキサシリン(OXA)感受性と耐性遺伝子($mecA$)に基づきMRSAを検索した。牛から分離されたMRSA1株の遺伝子型を調べた。遺伝子型は、multilocus sequence typing (MLST)、SCC mec 型と spa typeを決定した

2) 豚農場由来MRSAの分布調査及び性状解析

2012年に、東北、関東、中部及び九州地方の計50農場、500頭の豚を対象とした調査より関東の2農場5頭よりMRSA14株(1検体最大3株)が分離された。本研究では、1頭当たり1株を代表株として、薬剤感受性、MLST、SCC mec 型と spa typeを検索し、その後、ST398を示した株については次世代シーケンサーを用いて全ゲノムを解析した。

3) 国内豚由来MRSA ST398の起源に関する調査

2010～2013年に豚から分離された黄色ブドウ球菌15株についてCLSIに準拠したE-testにてOXA及びセフトキサシム(CFX)のMICを測定し、MSSAと決定した後にそれぞれの株についてEnrightらの方法によるmultilocus sequence typing (MLST)及び

Ridom SpaServer の方法による spa type を決定した。各種薬剤の MIC は CLSI に準拠した微量液体希釈法にて ABPC、シプロフロキサシン(CPFX)、エリスロマイシン(EM)、テトラサイクリン(TC)、ゲンタマイシン(GM)及びクロラムフェニコール(CP)を対象に測定した。

さらに、と畜場由来 MRCNS10 株の SCCmec 型を確認するため、Kondo らの方法により mec gene complex を確認し、ccr gene complex を MRSA ST398 の ccr gene complex-A1B3 を検出するプライマーを以下のとおり作成し、PCR により検出した。

```
ccrA-398P1:5 '
-GGAATCAGTCTCAATCAGTGCT-3
ccrB-398P1:5 '
-CATGAGTTCGTGTTTATTGTCTGGA-3 '
```

(3)家畜由来カンピロバクターにおける erm(B)保有状況の確認

2011～2013 年に JVARM で健康家畜より分離された EM 耐性 *Campylobacter coli*69 株について Qin らが報告した PCR により erm(B)の有無を確認した。PCR 陽性株についてダイレクトシーケンスにより塩基配列を確認した。

C. 研究結果

(1) 第3世代セファロスポリン耐性大腸菌

2010～2013 年に収集した健康プロイラー由来大腸菌における第3世代セファロスポリンに対する耐性率は、2010年に19.1%(36/188)、2011年に18.0%(29/161)であったのに対し、2011年と比べて2012年は9.7%(20/206)、2013年は4.6%(6/131)と有意に減少した(p<0.05)

(図1)。

耐性株が保有するβ-ラクタマーゼ型は、いずれの年も bla_{CMY-2} が優勢であった(2010年55.6%(20/36)、2011年75.9%(22/29)、2012年55.0%(11/20)、2013年83.3%(5/6)) (図2)。このように、2012年、2013年におけるプロイラー由来大腸菌の第3世代セファロスポリン耐性の割合の低下は、2004年以来優勢な bla_{CMY-2} を維持したまま減少したことが示唆された。伝達株のプラスミドのレプリコン型別では、各年度

とも IncK が優勢であった(図3)。

次に、2010年と2013年に分離された株の耐性率の比較では、プロイラー由来大腸菌の全体集計においてカナマイシン(KM)、ストレプトマイシン(SM)及びCPの耐性率の有意な上昇が認められた。また第3世代セファロスポリン耐性株ではSM及びKMの耐性率の有意な上昇が認められた(p<0.05)(表1)。

接合伝達試験により bla_{CMY-2} を保有するプラスミドは、2010年以降、β-ラクタム系以外TC単剤のみ耐性もしくは感受性型のIncK及びIncI1が主要なレプリコン型として認められ、多剤耐性を示すIncA/C型のプラスミドは2013年で1株認められたものの減少傾向であった(表2)。

(2) LA-MRSA の調査

1) 各種家畜由来 MRSA の分布調査及び MRSA の遺伝子型及び抗菌性物質に対する感受性

黄色ブドウ球菌122株(牛由来109株、豚由来5株及び鶏由来8株)の薬剤感受性試験には、7薬剤を供した。いずれの薬剤に対する耐性率も10%未満であった(表5)。

ABPC耐性は、牛由来6株と豚由来3株で認められ、起立不能牛の後肢関節膿瘍由来1株が、MRSAであった。MRSA1株では、OXAのMICが4μg/ml(Etest)で、SCCmecV型、MLST型はST121で、spa-typeはt5110であった。耐性型は、β-ラクタム系以外にGM耐性であった。

2) 豚農場由来 MRSA の性状解析

1農場4頭由来11株は、全てST398で、SCCmec型とspa typeは欧米で報告されているものとは異なる新規のものであった。薬剤耐性型は、ABPC-TC-EM-SM-CP-GM耐性、または、ABPC-TC-EM-SM-CP耐性を示した。

全ゲノム解析では、ST3984株中1株(No.274-1)で比較的良好に解読できた。コアゲノムはST398の08BA02176株と非常に近いが、SCCmec型は、新規の型であるclassA-A1B3と同定された。本株は、mecaの他、フルオロキノロン(norA)、マクロライド(erm(B)、erm(T))、テトラサイクリン耐性(tet(38)、tet(L)、tet(M)、tet(S))遺伝子を保有していた。本株は、ヘモリジン遺伝子は保有したが、PVLやエンテロ

トキシンの遺伝子は保有していなかった。

他 1 農場で分離された MRSA は、ST5 で、SCC*mec* 型と spa type は t002 であった。薬剤耐性型は、ABPC-EM-TC-CP 耐性を示した。

3) 国内の豚由来 MRSA ST398 の起源に関する調査

豚由来黄色ブドウ球菌 15 株は全て OXA (MIC:0.09-0.75 μ g/ml)及び CFX (MIC:2-3 μ g/ml)に対して感受性であった。MLST 型は ST398 が 7 株(46.7%)、ST433 が 5 株(33.3%)、ST9 が 2 株(13.3%)及び ST2113 が 1 株(6.7%)で、spa type は 15 株で 13 種類の型が認められた。(表 3)各種薬剤に対する感受性は、ST398 の 7 株及び ST9 の 2 株は全て ABPC 及び TC に対して耐性を示した(表 3)。

と畜場由来の MRCNS において *mec* gene complex は、A 型が 1 株のみであり、*ccr* gene complex-A1B3 を検出する PCR で陽性の株は認められなかった。つまり、国内で分離された MRSA ST398 と同じ SCC*mec* 型は認められなかった(表 4)。

(3)家畜由来カンピロバクターにおける *erm*(B)保有状況の確認

PCR により豚由来エリスロマイシン耐性 *C. coli* の 2 株(同一農場)が、*erm*(B)遺伝子を保有していることが確認された。2 株は EM の他ナリジク酸 (NA)、CPFX、CP に耐性を示した(表 6)。ダイレクトシークエンスにより *erm*(B)遺伝子は、Qin らの報告した MDRGI 領域ではなく、Jost らが報告する *Arcanobacterium pyogenes* の染色体上の orf181 から orf の 5' 側の領域と相同な遺伝子配列が認められた。

D. 考察

1999 年の JVARM の開始時から、プロイラー由来大腸菌で第 3 世代セファロスポリン耐性株が継続的に分離され、2004 年以降、増加傾向が認められた。セファロスポリンは、鶏の治療薬として承認されていないことから、セファロスポリン耐性株の性状解析を行ったところ、2004~2009 年に収集した第 3 世代セファロスポリン耐性大腸菌の解析では、*bla*_{CMY-2} が優勢であり、この耐性遺伝子の分布に

IncI1、IncI γ 、IncA/C 及び IncB/O の 4 種類のレプリコン型のプラスミドが関与し、これらのプラスミドのうち IncA/C が多剤耐性プラスミドであることを明らかにしてきた(Hiki et al. 2013)。

2012 年 3 月に国内の生産者団体から CTF の使用に関する注意喚起が自主的に行われた。2012 年および 2013 年のプロイラーにおけるセファロスポリン耐性は、2011 年に比べて有意に減少した。

一方、セファロスポリン耐性率の減少とは対称的に KM および SM の耐性率の上昇がプロイラー由来大腸菌全体およびセファロスポリン耐性株に認められた。KM や SM と同系統薬剤である GM はアメリカやカナダで CTF の代替薬として卵内接種されており、今後の KM や SM の耐性率の動向に注視する必要があると考えられた。

-ラクタマーゼ遺伝子の解析では、2010 年から 2013 年の分離株においても *bla*_{CMY-2} が優勢であり人由来のセファロスポリン耐性株で主に報告される β -ラクタマーゼ遺伝子 *bla*_{CTX-M} とは異なった。

トランスコンジュガントの解析では *bla*_{CMY-2} を保有するプラスミドのレプリコン型は、2010 年から 2013 年の分離株においていずれの年も IncK が継続的に認められ、IncI1 も IncK に次いで主要なレプリコン型として認められた。その一方で多剤耐性プラスミドである IncA/C は 2013 年に 1 株認められたものの減少傾向にあり、このことは CTF の自主規制に伴う当該薬剤の選択圧の減少によって、プラスミドの維持に関連する負荷(biological cost)の差異が関連したと推察された。

欧米では家畜関連 MRSA ST398 が大きな話題となっている。2005 年にオランダで家畜、特に豚における ST398 の保菌が問題となり、欧米で大規模な豚農場における MRSA の浸潤調査が行われている。また、米国の豚からも分離され、ST398 の汚染拡大が懸念されている。アジアでは、シンガポール、タイ、中国で ST398 が分離されている。

本調査では、2010 年に牛由来の MRSA (ST121) が分離された。その遺伝子型は、国内(佐渡島)の小児の鼻粘膜及び皮膚病変から分離された株と同一であったが、薬剤耐性型は GM のみに耐性で小児分離株と異なっていた。また 2012 年、1 農場の豚にお

いて MRSA ST398 の分布が確認されたが、ゲノム解析により SCC_{mec} 型が欧米等で報告されているものとは異なる新規のものであった。この MRSA の起源を探るため国内の豚から分離された MSSA の遺伝子型及び薬剤耐性型、MRCNS の SCC_{mec} 型を調べた。その結果今回調べた MSSA には ST398 が高率に認められたが、昨年分離された MRSA ST398 と同じ spa 型かつ薬剤耐性型、また MRCNS には同じ SCC_{mec} 型の株は認められなかった。以上より MRSA ST398 の起源は特定できなかったが、国内ではこれ以外に MRSA ST398 が分離されたとの報告はないことから、今後 MRSA ST398 の浸潤状況に注意を払う必要があると考えられた。

また、本研究により、家畜由来 *C. coli* において可動性遺伝因子 *erm(B)* を保有する株が我が国に分布することが確認された。人におけるカンピロバクターによる食中毒の報告はその多くが *C. jejuni* であり、治療にはマクロライド系薬剤が使用される。1999 年から 2015 年までの JVARM の調査では家畜由来 *C. jejuni* においてマクロライド系薬剤の EM の耐性は確認されていない。今回確認された *erm(B)* は Qin らの報告した多剤耐性遺伝子が集積した領域にはなく、*erm(B)* 保有菌株も EM 以外 CP とキノロン剤にのみ耐性であった。*erm(B)* を含む可動性遺伝因子が伝達された菌株が、EM 以外の多剤耐性となる可能性は低いと考えられた。しかし、*erm(B)* は *C. coli* から *C. jejuni* に伝達されることが報告されていることから、今後 *C. jejuni* におけるマクロライド耐性をモニタリングし、その出現により一層の注意を払う必要があると考えられた。

E. 結論

プロイラーにおけるセフトオフルの使用に関する自主規制(2012 年)後、セファロスポリン耐性大腸菌は有意に減少した。

国内の 1 農家の豚より MRSA ST398 が分離され、欧米の LA-MRSA とは異なる新規の SCC_{mec} 型であった。本 MRSA ST398 の起源と考えられる MSSA 及び遺伝子は認められなかった。家畜由来 *C. coli* において可動性遺伝因子 *erm(B)* を保有する株が認められた。

F. 健康危害情報

なし

G. 研究発表

1. Asai, T., Hiki, M., Baba, K., Usui, M., Ishihara, K., Tamura, Y. 2012. Presence of *Staphylococcus aureus* ST398 and ST9 in swine in Japan. *Jpn. J. Infect. Dis.* 65: 551-552.
2. Kawanishi, M., Ozawa, M., Hiki, M., Abo, H., Kojima, A., Asai, T. 2013. Detection of *aac(6)-Ib-cr* in avian pathogenic *Escherichia coli* isolates in Japan. *J Vet Med Sci.* 19(5):823-5.

(2) 海外

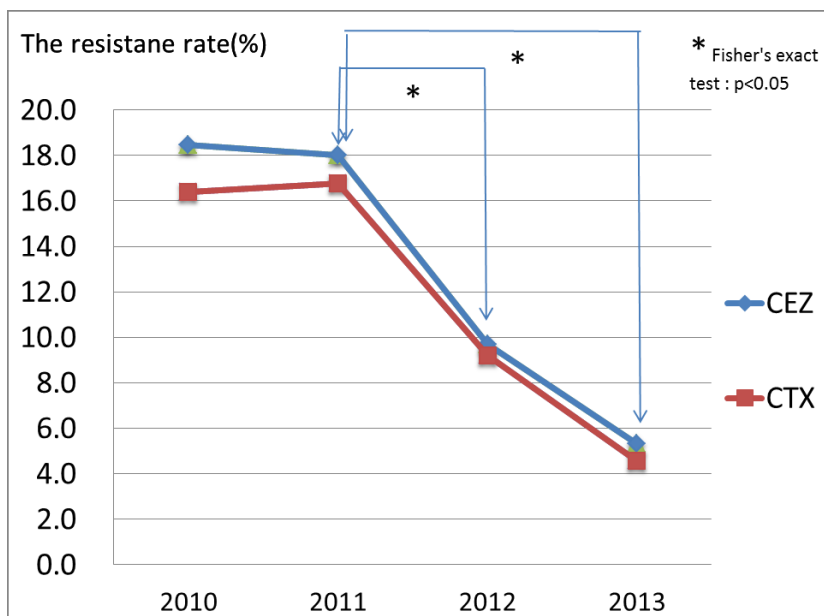
1. Hiki, M., Usui, M., Kojima, A., Ozawa, M., Ishii, Y., Asai, T. 2013. Diversity of plasmid replicons encoding the *bla*CMY-2 gene in broad-spectrum cephalosporin-resistant *Escherichia coli* from livestock animals in Japan. *Foodborne Pathog Dis.* 10(3): 243-249.
2. Usui, M., Nagai, H., Hiki, M., Tamura, Y., Asai, T. 2013. Effect of antimicrobial exposure on *acrAB* expression in *Salmonella enterica* subspecies *enterica* serovar *Choleraesuis*. *Front Microbiol.* 4:53, 2013.
3. Hiki, M., Usui, M., Akiyama T., Kawanishi, M., Tsuyuki, M., Imamura, S., Sekiguchi, H., Kojima A., Asai, T. 2014. Phylogenetic grouping, epidemiological typing, analysis of virulence genes, and antimicrobial susceptibility of *Escherichia coli* isolated from healthy broilers in Japan. *Irish Veterinary Journal.* 67:14 isolated from healthy broilers in Japan. *Irish Veterinary Journal.*

H. 知的財産権の出願・登録状況

なし

JVARM 事業を通して菌株の提供等ご協力いただきました全国の家畜保健衛生所の諸先生方に深謝いたします。

図1 第3世代セファロスポリン耐性大腸菌の推移



セファゾリン (CEZ)、セフトキシム (CTX)

図2 CEZ 耐性株のラクタマーゼ型別

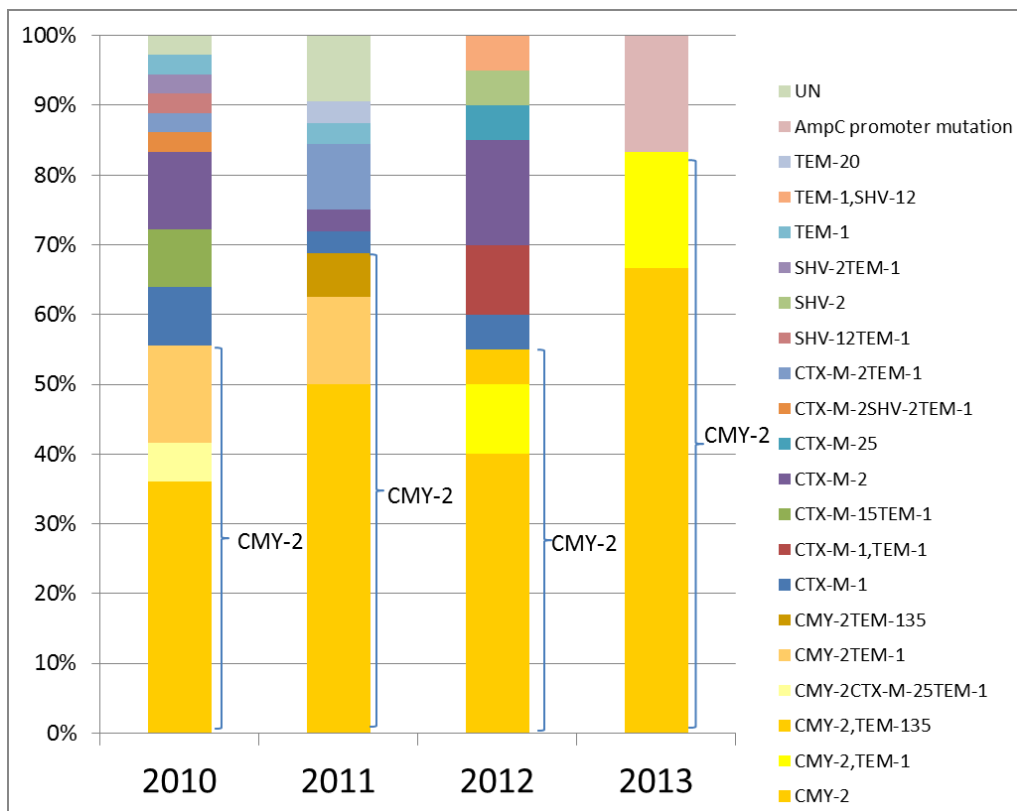


図3 伝達株のレプリコン型別

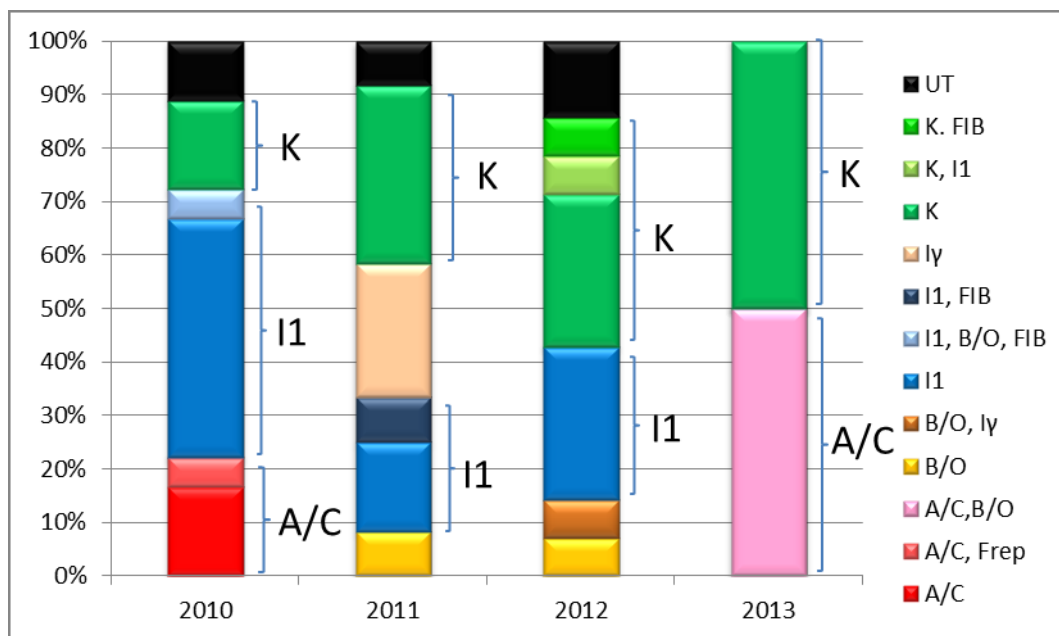


表1 プロイラー由来大腸菌及び第3世代セファロスポリン耐性 (CTX 4 µg/mL) 大腸菌における各種薬剤に対する耐性

	<i>E. coli</i> isolates from broilers(%)				Broad-spectrum cephalosporin resistant <i>E. coli</i> isolates from broilers(%)			
	2010	2011	2012	2013	2010	2011	2012	2013
ampicillin	42.1	42.9	55.8	47.3	100.0	100.0	100.0	100.0
streptomycin	NT	a 24.8	37.9	b 38.2	37.5	a 51.9	52.6	100.0
gentamicin	3.6	3.7	3.4	0.8	9.4	14.8	5.3	0.0
kanamycine	13.3	a 14.3	a 27.7	b 24.4	25.0	a 22.2	a 42.1	83.3
tetracycline	56.4	47.2	58.3	61.8	68.8	66.7	78.9	100.0
nalidixic acid	33.3	31.7	30.1	35.1	59.4	a 59.3	a 26.3	b 50.0
ciprofloxacin	3.6	3.7	7.8	7.6	15.6	11.1	0.0	33.3
colistin	0.5	0.6	0.5	0	3.1	0.0	0.0	0.0
chloramphenicol	10.8	a 9.3	a 16.5	b 22.1	18.8	22.2	21.1	50.0
trimetoprim	NT	23.6	33.0	40.5	NT	25.9	15.8	16.7

A significant difference ($P < 0.05$) in prevalence was observed between a and b.

表2 プロイラー由来 CMY2 ラクタマーゼ産生株をドナーとして作出した
トランスコンジュガントの性状

year	Inc	Resistance pattern	total
2010	I1	None	4
	K	None	3
	A/C, Frep	SM-KM-TC-TMP	1
	A/C	SM-GM-TC-CP	1
		SM-TC-CP	1
		SM-TC	1
2011	I1, FIB	TC	1
	I1	TC	1
		None	1
	I	None	3
	K	None	3
	B/O	None	1
2012	I1	TC	1
	K	None	4
	K, I1	TC	1
	K, FIB	None	1
	B/O, I	None	1
	UT	None	1
2013	K	None	1
	A/C, B/O	SM-TC-CP	1

表3 2011年病勢鑑定材料から分離された黄色ブドウ球菌の薬剤耐性菌の分布

薬剤(Break point)	牛 (n=109)	豚 (n=5)	鶏 (n=8)
Ampicillin (0.5)	6	3	0
Streptomycin (64)	7	0	0
Gentamicin (16)	1	0	0
Tetracycline (16)	0	3	3
Erythromycin (8)	2	1	4
Chloramphenicol (32)	0	1	0
Ciprofloxacin (4)	0	0	2

表4 豚由来メチシリン感受性黄色ブドウ球菌の遺伝子型と薬剤耐性型

ST (n)	spa type	Resistance pattern (n)
398 (7)	t034	ABPC-TC-CP (1)
	t1255	ABPC-TC (1)
	t1456	ABPC-TC-CPFX-CP (2)
	t1606	ABPC-TC-EM-CP (1)
	t5883	ABPC-TC-GM-CP (1)
	t8620	ABPC-TC-EM (1)
433 (5)	t318	EM-CP (2), EM (1)
	t1130	None (1)
	t3427	None (1)
9 (2)	t337	ABPC-TC-EM (1)
	t899	ABPC-TC (1)
2113 (1)	New	None (1)
参考 昨年分離されたMRSA		
398	New	ABPC-TC-EM-CP-GM or ABPC-TC-EM-CP

表5 と畜場由来のメチシリン耐性ブドウ球菌の性状

検体番号	菌種名	mecA	mec complex	ccr A1B3PrimerPCR
NS11	<i>S.lentus</i>	+	A	-
NS24	<i>S.warneri</i>	+	B	-
RC29	<i>S.haemolyticus</i>	+	C	-
RC30	<i>S.haemolyticus</i>	+	C	-
RC68	<i>S.warneri</i>	+	C	-
NS66	<i>S.warneri</i>	+	C	-
NS67	<i>S.haemolyticus</i>	+	C	-
NS68	<i>S.warneri</i>	+	C	-
RC67	<i>S.warneri</i>	+	-	-
NS105	<i>S.spp</i>	+	-	-

表6 家畜由来 *C. coli* のエリスロマイシンに対する MIC 分布

	MIC(mg/L)									菌株数	耐性株	耐性率(%)			
	≤0.12	0.25	0.5	1	2	4	8	16	32				64	128	256
平成25年	3	5	6	12	13	4						18	61	18	29.5
平成24年	1	7	9	15	11	8					3	23	77	26	33.8
平成23年	2	3	10	26	11	11				1	5	19	88	25	28.4
										69株					

表7 *erm(B)*保有株の各種薬剤に対する MIC

NA	CPF	SM	EM	TC	ABPC	GM	CP
128	>64	8	>128	1	16	2	16
128	>64	8	>128	1	16	2	16

図4 *erm(B)*の周辺領域の遺伝子

