

厚生労働科学研究費補助金補助金（食品の安全確保推進研究事業）
分担研究報告書

研究課題名：食品由来薬剤耐性菌のサーベイランスのための研究
分担課題名：食品中の耐性菌汚染、と畜場等における交差汚染の役割解析

研究分担者：浅井鉄夫 岐阜大学大学院連合獣医学研究科・教授
研究協力者：杉山美千代（岐阜大学大学院連合獣医学研究科）
岩田 康一 （名古屋市食肉衛生検査所）
佐々木貴正 （国立医薬品食品衛生研究所）

研究要旨

フードチェーンにおける薬剤耐性菌の制御は重要な課題である。本研究で、肉用鶏の薬剤耐性サルモネラの汚染が種鶏場や孵化場で使用される抗菌剤と関連すること、肉用鶏農場での抗菌薬使用が薬剤耐性プラスミドの分布に関連することを示唆した。食肉処理場での交差汚染は、搬入動物の腸内細菌と関連するが、その程度を評価する場合、同一農場で同居する動物（豚）には同一の遺伝子型の細菌を保有することを考慮する必要がある。生産農場に浸潤する *E. albertii* は豚農場で持続的に汚染すること、家畜関連メチシリン耐性黄色ブドウ球菌（LA-MRSA、豚）や *mcr* 保有コリスチン耐性大腸菌（鶏）には多様性があることなどを明らかにした。生産段階に分布する薬剤耐性菌は食肉汚染の要因となることから、農場及び食肉を対象に継続的な薬剤耐性モニタリングが重要と考えられた。

A. 研究目的

食品を介して人へ伝播する薬剤耐性菌を制御する上で、フードチェーンにおける情報の収集・分析が重要な課題である。食肉を汚染する薬剤耐性菌は、家畜が食肉処理される過程において家畜由来の薬剤耐性菌による交差汚染が影響すると考えられる。そのため、食肉処理施設における耐性菌の交差汚染を制御することは、食肉の薬剤耐性菌汚染を防止する重要な課題と考えられる。

食肉処理施設では HACCP の導入により衛生管理状況は改善されてきているが、依然として食肉から薬剤耐性菌が分離される。薬剤耐性菌は腸内の細菌中に一定の割合で存在するため、細菌汚染が高度である場合には薬剤耐性菌が含まれる。本研究では、食肉処理施設へ搬入（出荷）された家畜が保有する薬剤耐性菌が食肉処

理される各過程で汚染する状況を解明することを目的とする。

1年目には、各段階の薬剤耐性菌汚染は、素畜（ひな）、飼育期間に感染した家畜の食肉処理施設への搬入、食肉処理工程での環境等複数の要因が存在することを示唆した。そこで、2年目に、飼育動物と処理工程の低減対策と豚における家畜関連メチシリン耐性黄色ブドウ球菌（LA-MRSA）のモニタリング方法について検討した。最終年には、枝肉由来腸内細菌科細菌の解析、種鶏場・孵化場・生産農場における抗菌剤の使用と薬剤耐性菌の分布状況の関係、食肉由来薬剤耐性菌のゲノム解析を行った。

B. 研究方法

（1）市販肉の交差汚染経路の解析

2018年度に愛知県内の食肉処理施設において、

「と畜場における枝肉の微生物汚染実態調査」により枝肉等のふき取り材料から分離された大腸菌と *Klebsiella* 等を対象に PFGE 解析を実施した。

さらに、同一農場出荷豚において、同じ PFGE 型の大腸菌が認められたことから、1 豚房で飼育される複数の豚が保有する大腸菌の類似性を検討した。岐阜県内 1 養豚場の同一豚房で飼育する 3 頭の豚から大腸菌を分離し、薬剤感受性と PFGE 解析した。

また、食肉処理場に搬入された豚の糞便由来 *Escherichia albertii* の薬剤感受性と PFGE 解析を行った。

細菌の同定は生化学的性状に基づく API20E または自動同定システム(バイテック)を用い、薬剤感受性は市販の微量液体希釈法で実施した。供試薬剤は、アンピシリン、セファゾリン、セフォタキシム、メロペネム、ゲンタマイシン、カナマイシン、テトラサイクリン、ナリジクス酸、シプロフロキサシン、コリスチン、クロラムフェニコール、トリメトプリム・スルファメトキサゾールの 12 剤を用いた。PFGE は、CDC のパルスネットのプロトコールに準拠して実施した。

(2) 鶏肉のフードチェーンにおける腸内細菌の薬剤耐性獲得ポイントの推定

前年度までの研究により、肉用鶏群から分離されるサルモネラの薬剤耐性は種鶏場及び孵卵場で細菌感染症予防に使用される抗菌薬の影響にされることが示唆された。今年度は、新たに鶏肉生産者 2 社の協力の下で、肉用鶏群から分離されるサルモネラの薬剤耐性を調査した。薬剤感受性試験は、微量液体希釈法を用い、12 剤(アンピシリン、セファゾリン、セフォタキシム、ストレプトマイシン、ゲンタマイシン、カナマイシン、テトラサイクリン、ナリジクス酸、シプロフロキサシン、コリスチン、クロラムフェニコール及びトリメトプリム)について実施した。

細菌感染症の治療に使用する抗菌薬が明らかな肉養鶏農場で分離した ESBL 産生大腸菌のプラスミドを、次世代シーケンサーを用いて解析し、変異プラスミドの出現状況と抗菌剤使用の影響を検討した。

(3) 食肉等から分離された薬剤耐性菌の分子疫学解析

昨年度、と畜場で採材した豚耳から分離した家畜関連黄色ブドウ球菌(LA-MRSA) 8 株、岐阜大学で保存していた市販国産鶏肉から分離された *mcr* 保有コリスチン耐性大腸菌 12 株を次世代シーケンサーで解析した。

(倫理面への配慮)

特になし

C. 研究結果

(1) 市販肉の交差汚染経路の解析

【大腸菌】2018 年に 5 農場 8 頭の豚枝肉から分離された大腸菌 21 株を PFGE 解析したところ、同一の PFGE パターンが 2 つ認められた(図 1)。一方は、9 月 10 日にと殺された PF8 農場出荷豚 P141 と P142、10 月 1 日にと殺された PF9 農場出荷豚 P120 由来株であった。P142 由来 3 株は、肛門周囲部と胸部から分離され、P141 の胸部、P120 の胸部から分離された株と同一の PFGE パターンであった。もう一方は、9 月 25 日にと殺された PF12 農場出荷豚 P2007 と P2009 由来株で、肛門周囲部で分離された。

図 2 は、P-1 個体のと畜工程で分離された大腸菌 16 株の PFGE 解析を示す。複数の株を含む 2 パターンには、洗浄前後の腹部、洗浄後のモモ、洗浄水で同一株が認められた。

1 養豚場の 1 豚房飼育する豚 3 頭から分離した大腸菌 30 株の PFGE パターンは、11 に分類された。その内、2 パターンは、3 頭に共通に認められた(図 3)。

【*Klebsiella*】2018 年に 3 農場 6 頭の豚枝肉か

ら分離された *K. pneumoniae* 14 株を PFGE 解析したところ、複数の個体から同一の PFGE パターンが認められた (図 4)。8 月 27 日にと殺された PF3 農場出荷豚 P93 と P102、9 月 25 日にと殺された PF12 農場出荷豚 P2001 と P2009、10 月 1 日にと殺された PF9 農場出荷豚 P126 由来株であった。

牛では、1 農場から出荷された牛 2 頭から分離された *K. oxytoca* 10 株では、C2002 から分離された 8 株は、C2004 から分離された 2 株のうち 1 株と同一 PFGE パターンを示した。

【*Enterobacter gergoviae*】豚では、1 農場から出荷された豚 2 頭から分離された 4 株は、すべて異なる PFGE パターンを示した (図 5)。

牛では、1 農場から出荷された牛 2 頭から分離された 4 株では、すべての株が同一のバンドパターンを示した (図 5)。

【*Escherichia albertii*】

食中毒菌として注目される豚由来 *E. albertii* の性状を解析した。2018~2019 年に分離された 20 株と 2020 年に 3 養豚場の追跡調査で得られた 18 株の薬剤に対する感受性は、テトラサイクリン耐性が最も多く認められたが、フルオロキノロンや第 3 世代セファロスポリンに対する耐性は認められなかった。これらの *E. albertii* 株の PFGE 像は、農場ごとにクラスターを形成し (図 6)、養豚場内で継続汚染するが示唆された。

(2) 鶏肉のフードチェーンにおける腸内細菌の薬剤耐性獲得ポイントの推定

前年度までの研究により、肉用鶏群から分離されるサルモネラ株の薬剤耐性は種鶏場及び孵卵場で細菌感染症予防として使用されている抗菌薬の影響を強く受けている可能性が高示唆された。今年度は、この可能性を確認するために、新たに鶏肉生産者 2 社の協力の下で、肉用鶏群から分離されるサルモネラ株の薬剤耐性を調査した。種鶏場でテトラサイクリン (TC)、孵卵場

でカナマイシン (KM) を使用している C 社 (九州地方) の 8 鶏群 (各 5 羽) の盲腸内容物を食鳥処理場で採取し、7 鶏群 (88%) からサルモネラ (すべて *S. Schwarzengrund*) が分離された。TC 及び KM の耐性率はどちらも 85% (6/7) と高率であった (表 1)。一方、自社で種鶏場も孵卵場も所有せず、素ビナを購入している D 社 (東海地方) の 7 鶏群では、5 鶏群 (71%) からサルモネラ (すべて *S. Schwarzengrund*) が分離された。分離株の TC 耐性率は 100% (5/5)、KM 耐性率は 80% (4/5) であった (表 2)。なお、今回調査した両社の 15 鶏群については、ブロイラー農場において抗菌剤は投与されていなかった。

昨年度、飼育期間中に分離された ESBL (CTX-M-3) 産生株由来プラスミドは酷似することを報告したが、*aadA2* と *dfiA12* を保有するクラス 1 インテグロン領域の欠損が認められた ESBL プラスミドは、19 日齢で分離された ESBL 産生エンテロバクター由来であった。調査した農場では、24~26 日齢で ST 合剤を使用されており、ST 耐性に関係する耐性因子を欠損したプラスミドは認められなくなった。

(3) 食肉等から分離された薬剤耐性菌の分子疫学解析

昨年度、と畜場で採材した豚耳から分離した LA-MRSA (ST398) 8 株は、全て *blaI*、*blaZ*、*ermC*、*tet(38)*、*tet(M)* と *czrC* 陽性であった。7 株が SCCmecIVb で、1 株が SCCmecV だった。SCCmecIVb 7 株のうち、3 株がフロルフェニコール耐性遺伝子 (*fexA*)、4 株が消毒薬耐性遺伝子 (*qacG*) を保有していた。SCCmecV 1 株は、多剤耐性株で、アミノグリコシド (*ant(6)-Ia*)、トリメトプリム (*dfiG*)、フロルフェニコール (*fexA*)、リンコマイシン (*lnu(B)*、*lsa(E)*) およびテトラサイクリン (*tet(K)*) の耐性遺伝子を保有していた (表 3)。

プラスミド性コリスチン耐性遺伝子 (*mcr-1*) 保有大腸菌 10 株の MLST 型は多様 [ST206 (2 株、

以下 1 株)、ST 10、ST2614、ST101、ST1112、ST135、ST5826、UT (6-5-188-8-24-8-6)、ST1196] であった。*mcr-1* は、IncI2 プラスミド上に存在し、サブタイプは 9 株が *mcr1.1* で 1 株が *mcr1.12* であった。その他、アミノグリコシド耐性遺伝子 [*aadA5*(1 株), *aph(3'')-Ib*(4 株), *aph(6)-Id*(4 株), *aph(3')-Ia*(2 株)]、テトラサイクリン耐性遺伝子 [*tet(A)*、*tet(B)*3 株づつ]などの他、プラスミド性キノロン耐性遺伝子 (*qnrS13*) を保有する 1 株が認められた (表 4)。

D. 考察

(1) 市販肉の交差汚染経路の解析

今年度の研究で、複数の枝肉から同一の PFGE 型の大腸菌や *Klebsiella* が分離され、交差汚染が示唆された。また、食肉処理段階で汚染した細菌は水洗前後においても同一の PFGE 型で、汚染が継続することが示唆された。しかし、同一農場から出荷される豚は個体間で同一の PFGE パターンの大腸菌を保有することも明らかとなった。今回、比較的安価で各検査機関で実施可能な PFGE 型と薬剤感受性型を疫学マーカーとして利用したが、同一農場の出荷動物については、本研究方法では交差汚染を特定することはできないと考えられた。

一方、豚の大腸菌の解析で、別日にと畜された別畜主の個体から、同一の PFGE 型の株が分離され、また、*K. pneumoniae* で認められた共通の PFGE 型株は、出荷農場が異なり、出荷時期 (8, 9, 10 月) も長期間にわたっていた。食肉処理施設の環境汚染に起因するのさらなる調査が必要である。

これらから、流通前の枝肉は腸内細菌で汚染し、食肉処理段階で交差汚染を引き起こすことが示唆された。また、食肉処理工程の水洗・トリミング等の工程で汚染細菌を除去することは困難であると考えられた。

2018~2019 年に分離された *E. albertii* 20 株と 2020 年に 3 養豚場の追跡調査で得られた 18 株

の PFGE 解析により、*E. albertii* は農場ごとのクラスター形成したことから、養豚場内で継続汚染することが示唆された。*E. albertii* は、食中毒菌として注目される菌種ではあるが、疫学的に不明な部分が多い。養豚場の汚染率が 45% (10/22)、出荷豚の保菌率が 16%(20/124)で、比較的浸潤していることがうかがわれる。

(2) 鶏肉のフードチェーンにおける腸内細菌の薬剤耐性獲得ポイントの推定

平成 30 年度に調査した A 社の孵卵場では、C 社が使用していた KM ではなく、SM を使用しており、C 社由来のサルモネラ株 (*S. Manhattan* 及び *S. Schwarzengrund*) には KM 耐性は認められていなかったことから、C 社由来株の高率な KM 耐性は孵卵場における KM 使用が原因と推定された。KM については、2012 年 3 月の孵卵場におけるセフチオフルの使用中止以降、販売量が増加している。また、D 社は、数社の素ビナ生産者から素ビナを購入していたことから、素ビナ生産者は種鶏場で TC、孵卵場で KM を使用している可能性が高いと推定された。以上のことから、ブロイラー鶏群由来サルモネラの薬剤耐性は、ブロイラー農場における抗菌薬使用ではなく、種鶏場及び孵卵場において感染予防目的で使用される抗菌薬の影響を受けていると考えられた。なお、人のコロナウイルス感染症及び鶏の高病原性鳥インフルエンザ感染症の影響で当初協力予定であった鶏肉生産者 3 社の肉用鶏群からのサンプリングが中止された。

一方、飼育期間中の抗菌剤使用が、薬剤耐性菌の選択圧として作用することは知られている。昨年度、飼育期間中に大腸菌を含む腸内細菌科細菌の間で、ESBL (CTX-M-3) プラスミドが伝播することを報告したが、19 日齢で分離された ESBL 産生エンテロバクター由来 ESBL プラスミドにおいて、ストレプトマイシン耐性 (*aadA2*) とトリメトプリム耐性 (*dfpA12*) 遺伝子を保有す

るクラス 1 インテグロン領域の欠損が認められ、飼育期間中に 2 薬剤に感受性を回復した株が出現した。しかし、調査農場では、24~26 日齢で ST 合剤を使用されたことによって、それ以降にトリメトプリム耐性を消失したプラスミドが選択されなかったことが示唆された。

(3) 食肉等から分離された薬剤耐性菌の分子疫学解析

これまでの本課題の調査で、国内の MRSA ST398 では SCCmecIVa と SCCmecV が確認され、*czrC* (カドミウム・亜鉛耐性遺伝子) 保有株は全て SCCmecV であった。しかし、今回 *czrC* を保有する SCCmecIVb が確認され、国内の豚に多様な LA-MRSA が浸潤していることが明らかとなった。また、国内で報告のなかったフロルフェニコール耐性遺伝子 (*fexA*) やリンコマイシン耐性遺伝子 (*lnu(B)*, *lsa(E)*) などの存在も明らかとなった。LA-MRSA の分離率は、農場調査に比べ、と畜場段階で実施した方が高い傾向がある。現在までに、東北~関東の出荷豚の調査を行ったが、中部から九州における調査は未実施である。今後、国内の豚における MRSA の分布実態を明らかにするため、全国調査の実施が望まれる。

プラスミド性コリスチン耐性遺伝子 (*mcr-1*) 保有大腸菌を解析した結果、*mcr-1* サブタイプは *mcr1.1* と *mcr1.12* で、IncI2 プラスミド上に存在していたが、10 株の MLST 型は多様であった。これらのことから、鶏肉を汚染するコリスチン耐性大腸菌は多様で、国産肉用鶏の大腸菌間でプラスミド伝播を伴いながら分布していることが示唆された。また、薬剤耐性の保有状況も株間で異なっていた。アミノグリコシド耐性遺伝子、テトラサイクリン耐性遺伝子、プラスミド性キノロン耐性遺伝子を保有する株も認められ、多剤耐性菌への伝播は抗菌剤治療の選択肢を減少させる原因になるため、継続的な監視が必要である。

近年、豚熱 (豚コレラ) や鶏インフルエンザなどの家畜伝染病の防疫のため、農場採材を継続できなくなることがあり、と畜場段階で採材する方が容易な場合もある。しかし、と畜場搬入された家畜における抗菌剤の使用状況を把握することは、管轄の違いにより困難である。今後、家畜保健衛生所や食肉衛生検査所の協力の下で持続性のあるサーベイランス/モニタリングの耐性を構築する必要がある。

E. 結論

薬剤耐性菌による食品の汚染では、生産段階に分布する薬剤耐性菌がと畜場での食肉処理段階で残存することに起因する。肉用鶏では生産段階での薬剤耐性菌の分布に、種鶏場や孵化場での抗菌剤の使用が関連する。

F. 健康危険情報

(分担研究報告書には記入せずに、総括研究報告書にまとめて記入)

G. 研究発表

1. 論文発表

- ① 佐々木貴正・百瀬愛佳・朝倉 宏・浅井鉄夫
孵化場におけるセフトオフル使用中止後のブロイラー鶏群由来および鶏肉由来サルモネラの薬剤耐性 鶏病研報 56(2), 47-52, 2020.
- ② Sasaki Y, Asai T, Haruna M, Sekizuka T, Kuroda M, Yamada Y. Isolation of methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* ST398 from pigs in Japan. Jpn. J. Vet. Res. 68(3): 197-202, 2020.
- ③ Sasaki Y, Yamanaka M, Nara K, Tanaka S, Uema M, Asai T, Tamura Y. Isolation of methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* ST398 from pigs at abattoirs in Tohoku region, Japan. J Vet Med Sci. 82(9):1400-1403, 2020.
- ④ Yossapol M, Suzuki K, Odoi JO, Sugiyama M, Usui M, Asai T. Persistence of extended-

spectrum β -lactamase plasmids among Enterobacteriaceae in commercial broiler farms. Microbiol Immunol. 64(10):712-718, 2020.

- ⑤ Sasaki Y, Sakurada H, Yamanaka M, Nara K, Tanaka S, Uema M, Ishii Y, Tamura Y, Asai T. Effectiveness of ear skin swabs for monitoring methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* ST398 in pigs at abattoirs. J Vet Med Sci. 83(1):112-115, 2021.
- ⑥ 佐々木貴正・浅井鉄夫 国内養豚場の家畜関連メチシリン耐性黄色ブドウ球菌浸潤状況 All about Swine 57-58:37-44, 2021.

2. 学会発表

浅井鉄夫 家畜・食肉・ヒトにおけるコリスチン耐性菌の分離状況（第94回日本感染症学会総会、2020年8月21日、東京）

H. 知的財産権の出願・登録状況

（予定を含む。）

1. 特許取得

なし

2. 実用新案登録

なし

3. その他

なし

図1 豚枝肉由来大腸菌のPFGE解析

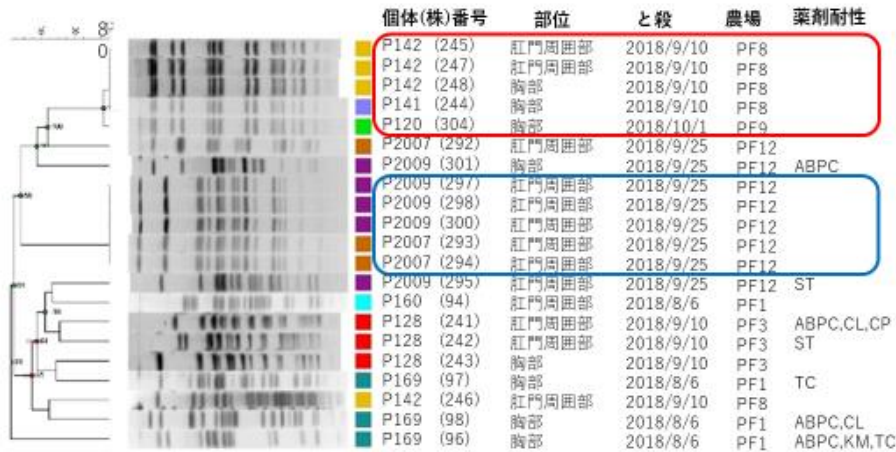


図2 と体の洗浄前後に分離した大腸菌のPFGE解析



図3 農場糞便由来大腸菌のPFGE解析

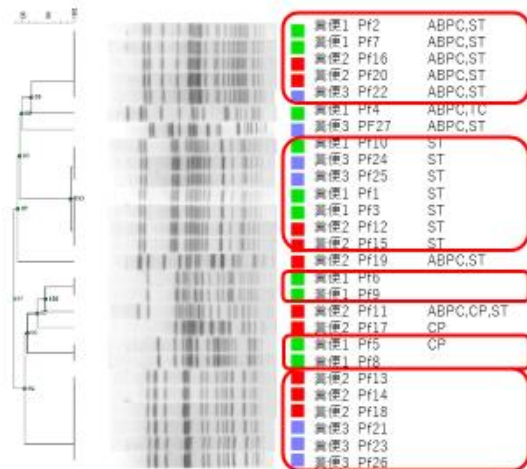


図4 枝肉由来*Klebsiella pneumoniae*のPFGE解析

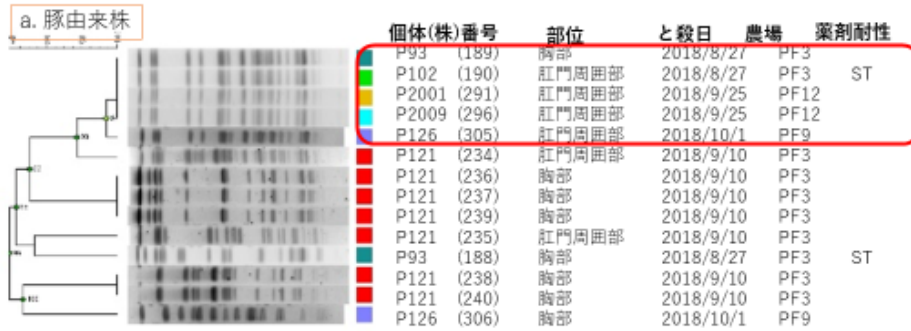


図5 枝肉由来*Enterobacter gergoviae*のPFGE解析



図6 2018~2019年にと場で分離された*E. albertii*

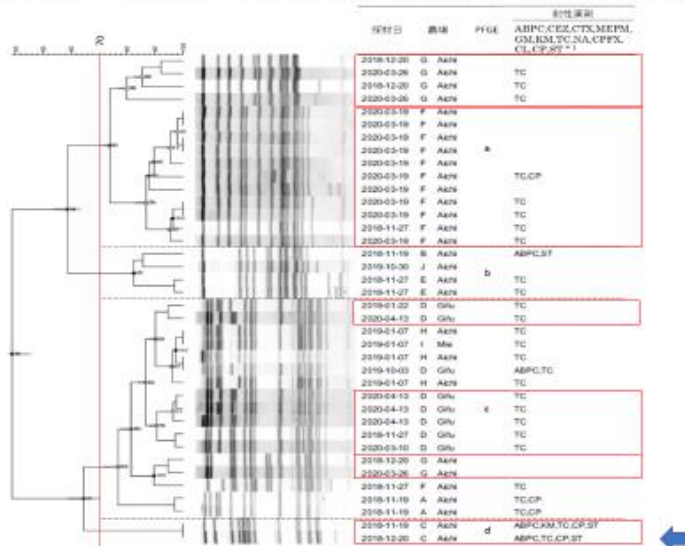


表1 C社の8鶏群に分布するサルモネラの血清型及び薬剤感受性

調査回	採取年月日	陽性羽数 (5羽中)	分離株の血清型及び耐性パターン
1	2020/8/4	1	Schwarzengrund (KM, TMP)
2	2020/8/14	0	
3	2020/8/25	5	Schwarzengrund (SM, KM, TC, TMP)
4	2020/9/1	3	Schwarzengrund (SM, KM, TC, TMP)
5	2020/9/15	1	Schwarzengrund (SM, KM, TC, TMP)
6	2020/9/28	3	Schwarzengrund (SM, KM, TC, NA, TMP)
7	2020/10/6	4	Schwarzengrund (SM, KM, TC)
8	2020/10/20	4	Schwarzengrund (SM, KM, TC, TMP)

表2 D社の7鶏群に分布するサルモネラの血清型及び薬剤感受性

調査回	採取年月日	陽性羽数 (5羽中)	分離株の血清型及び耐性パターン
1	2020/9/15	3	Schwarzengrund (SM, KM, TC, TMP)
2	2020/9/22	1	Schwarzengrund (SM, KM, TC, TMP)
3	2020/9/29	4	Schwarzengrund (SM, KM, TC)
4	2020/10/13	3	Schwarzengrund (SM, KM, TC, TMP)
5	2020/10/20	3	Schwarzengrund (SM, TC, TMP)
6	2020/10/26	0	
7	2020/11/23	0	

表 3 豚耳から分離した ST398/t034 MRSA における耐性遺伝子の分布

株	県	SCCmec	czrC	耐性型	耐性遺伝子型	
a-1	A	IVb	+	ABPC, CEZ, TC, EM	<i>mecA,blaI,blaZ,erm(C),tet(38),tet(M)</i>	<i>blaR1,</i>
a-2	A	IVb	+	ABPC, CEZ, TC, CP, EM	<i>mecA,blaI,blaZ,erm(C),tet(38),tet(M)</i>	<i>blaR1,fexA,str,</i>
f-1	B	IVb	+	ABPC, TC, EM	<i>mecA,blaI,blaZ,erm(C),tet(38),tet(M)</i>	<i>blaR1,str,</i>
g-1	C	IVb	+	ABPC, CEZ, TC, EM	<i>mecA,blaI,blaZ,erm(C),tet(38),tet(M)</i>	<i>blaR1,qacG,</i>
h-1	D	IVb	+	ABPC, TC, EM	<i>mecA,blaI,blaZ,erm(C),tet(38),tet(M)</i>	<i>blaR1,qacG,</i>
j-1	A	V	+	ABPC, TC, CP, EM, TMP	<i>mecA,blaI,blaZ,erm(C),tet(38),tet(M)</i>	<i>blaR1,fexA,ant(6)-Ia,dfrG,lnu(B),lsa(E),spw,tet(K)</i>
l-1	A	IVb	+	ABPC, TC, CP, EM	<i>mecA,blaI,blaZ,erm(C),tet(38),tet(M)</i>	<i>blaR1,fexA,qacG,str,</i>
m-1	E	IVb	+	ABPC, TC, CP, EM	<i>mecA,blaI,blaZ,erm(C),tet(38),tet(M)</i>	<i>fexA,qacG,</i>

表4 鶏肉から分離された *mcr* 保有コリスチン耐性大腸菌

Strain No.	Serotype	MLST	<i>mcr</i> gene	Resistance genes against							
			subtype	Aminoglycoside	β -lactam	Phenicol	Trimethoprim	quinolone	Sulfa	Tetracycline	
<u>CL-266</u>	O13/O135:H48	ST 10	<i>mcr</i> -1.1								
<u>CL-276</u>	H34	ST2614	<i>mcr</i> -1.1	<i>aadA5</i> , <i>aph</i> (3'')-Ib, <i>aph</i> (6)-Id			<i>dfrA17</i>	<i>gyrA</i> (S83L)	<i>sul2</i>	<i>tet</i> (B)	
<u>CL-304</u>	H31	ST101	<i>mcr</i> -1.1	<i>aph</i> (3'')-Ib, <i>aph</i> (3')-Ia, <i>aph</i> (6)-Id	<i>bla</i> _{TEM-1B}	<i>catA1</i>	<i>dfrA1</i>	<i>gyrA</i> (S83L)	<i>sul1</i> , <i>sul2</i>	<i>tet</i> (B)	
<u>CL-21</u>	H27	ST1112	<i>mcr</i> -1.12	<i>aph</i> (3'')-Ib, <i>aph</i> (3')-Ia, <i>aph</i> (6)-Id				<i>gyrA</i> (S83L)		<i>tet</i> (B)	
<u>CL-25</u>	O91:H28	ST135	<i>mcr</i> -1.1	<i>aph</i> (3'')-Ib, <i>aph</i> (6)-Id						<i>tet</i> (A)	
<u>CL-480</u>	O81:H7	ST5826	<i>mcr</i> -1.1		<i>bla</i> _{TEM-1B}		<i>dfrA1</i>	<i>gyrA</i> (S83L)	<i>sul1</i>	<i>tet</i> (A)	
<u>CL-230</u>	H52	novel	<i>mcr</i> -1.1					<i>qnrS13</i>	<i>sul2</i>	<i>tet</i> (A)	
<u>CL-184</u>	O91:H28	ST1196	<i>mcr</i> -1.1		<i>bla</i> _{TEM-1B}			<i>gyrA</i> (S83L, D87N)		<i>tet</i> (A)	
<u>CL-859</u>	H5	ST206	<i>mcr</i> -1.1		<i>bla</i> _{TEM-1}						
<u>CL-933</u>	H5	ST206	<i>mcr</i> -1.1		<i>bla</i> _{TEM-1}						