# 原 著

# ブロイラー農場における薬剤耐性カンピロバクターと サルモネラ出現の関連性

相場政人 中馬猛久 間本嘉六

鹿児島大学農学部 (〒890-0065 鹿児島市郡元1-21-24)

(2011年3月4日受付・2011年8月18日受理)

# 要 約

2005年9月から2009年1月にブロイラーから分離されたカンピロバクターとサルモネラを用いオフロキサシン (OFLX) とアンピシリン (ABPC) に対する感受性を調べた。両菌株が同時に分離された35農場のうちOFLX についてカンピロバクターが11農場,サルモネラ株が6農場でOFLX耐性であり,両菌株がともに耐性であったのは4農場であった。ABPC 耐性はカンピロバクターで4農場,サルモネラで14農場認められ,両菌とも耐性の農場はなかった。OFLX耐性誘導試験に供したすべてのカンピロバクターで耐性変異株が出現したが,サルモネラでは出現しなかった。サルモネラにおいてはABPC 耐性と $\beta$ -ラクタマーゼの関連性が推察された。以上から,サルモネラよりカンピロバクターでOFLX 耐性の出現頻度は高くなるものと推察された。ABPC 耐性株出現の様式は両菌属間で異なるものと考えられた。——キーワード:ブロイラー,カンピロバクター,耐性,サルモネラ。

カンピロバクターとサルモネラは人の細菌性胃腸炎を引き起こす重要な細菌として知られている。両菌ともにブロイラーの腸管内に生息しており、食鳥処理過程でブロイラー生産物が両菌を含む腸内容物によって汚染されることが報告されている[1]。そのためカンピロバクターとサルモネラはブロイラー生産物と関係する最も重要な病原体であると報告されている[2]。人のサルモネラ症ではアンピシリン及びフルオロキノロン系抗菌剤が、カンピロバクター症ではフルオロキノロン系抗菌剤が、カンピロバクター症ではフルオロキノロン系抗菌剤が治療薬として一般的に使用されている[3]。またブロイラー生産においても大腸菌症や呼吸器性マイコプラズマ病など治療にこれらの薬剤が使用されている。そのため家禽由来の病原菌がこれらの薬剤に耐性化した場合、人の感染症の治療に大きな障害となり得る。

サルモネラを含む腸内細菌のDNAの転写・複製にはおもにDNAジャイレースとトポイソメレースIVが関与しているが、菌のフルオロキノロン耐性化にはこれらの酵素をコードする遺伝子に変異がみられる [4]. 一方、カンピロバクターの耐性化にはジャイレースのみが関与することから、より容易にフルオロキノロン耐性株とな

り得ると考えられている [5]. アンピシリン耐性化機構 はおもに  $\beta$ -ラクタム環を加水分解し無効化する  $\beta$ -ラクタマーゼをコードする遺伝子の獲得によるものである. サルモネラではこのような耐性遺伝子がプラスミドなど を介して他菌へ伝達することが報告されている [6]. しかしカンピロバクターでは耐性遺伝子の伝達は知られていない.

ブロイラー由来カンピロバクターとサルモネラそれぞれで、フルオロキノロン及びアンピシリン耐性状況の遺伝子型や分子疫学的報告は多くなされている [7-16]. しかし両菌が同時に分離されたブロイラー農場を対象に両菌のフルオロキノロン及びアンピシリン耐性状況について報告されたものはなく、両菌の薬剤耐性出現の関連性は明らかではない.

そこで本実験では同一農場由来のカンピロバクターとサルモネラの耐性株出現状況を比較し、それらの耐性株出現様式について検討を行うために、両菌が同時に分離された農場を対象にした分離菌の薬剤感受性試験及び両菌のオフロキサシン耐性変異株誘導試験そして両菌の $\beta$ -ラクタマーゼ保有状況を調べた.

† 連絡責任者:中馬猛久(鹿児島大学農学部獣医公衆衛生学教室)

〒890-0065 鹿児島市郡元1-21-24 ☎099-285-8734 FAX 099-285-8735

E-mail: chuma@agri.kagoshima-u.ac.jp

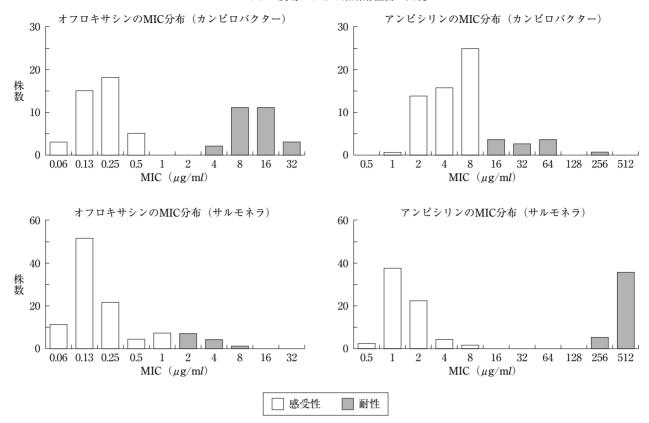


図1 カンピロバクター (68株) 及びサルモネラ (106株) に対するオフロキサシンとアンピシリンの MIC 分布

# 材料及び方法

**菌株**: 2005年9月から2009年1月の間で鹿児島県内の食鳥処理場から隔週ごとに2農場(1農場あたり16検体)のブロイラー盲腸の採材を行い(計158農場2,528検体),盲腸便から常法に従い分離されたカンピロバクター68株(68農場由来 Campylobacter jejuni 60株、C. coli 8株),サルモネラ106株(52農場由来,すべて Salmonella Infantis)を使用した。これらの農場のうち35農場でカンピロバクターとサルモネラが同時に分離された。

薬剤感受性試験:薬剤はオフロキサシンとアンピシリンを使用した.最小発育阻止濃度(MIC)の測定はカンピロバクターで微量液体希釈法を,サルモネラで寒天平板希釈法を用いた.微量液体希釈法,寒天平板希釈法ともにミューラーヒントン培地(MH培地:Oxoid,England)を用いCLSI(米国臨床検査標準委員会)に準拠した[17].MIC測定の精度管理のため,カンピロバクターにはCampylobacter jejuni ATCC 33560株を,サルモネラにはStaphylococcus aureus ATCC 29213株、Enterococcus faecalis ATCC 29212 株,Escherichia coli ATCC 25922株を用いた.カンピロバクターに対するオフロキサシンの耐性限界値は,二峰性分布を示したMIC の中間値を採用した.サルモネラに対するオフロキサシン及びカンピロバクターに対するアンピシリンの

耐性限界値は、JVARM(国内の家畜衛生分野における耐性菌のモニタリング)で使用される値を採用した[18]. サルモネラに対するアンピシリンの耐性限界値は、CLSIで規定される値を採用した.

オフロキサシン耐性変異株誘導試験: オフロキサシン感受性のブロイラー由来 C. jejuni 01, 02, 03と C. jejuni ATCC 33560, オフロキサシン感受性のブロイラー由来サルモネラ株である Salmonella Infantis 01, 02, 03, 04と S. Chorelasuis ATCC 7001の菌縣濁液 (カンピロバクター:  $\geq 10^8$  CFU/ml, サルモネラ:  $\geq 10^9$  CFU/ml) を作製し、各株ごとに0.1mlの菌縣濁液をオフロキサシン(2 $\mu$ g/ml) 含有 MH寒天培地と薬剤非含有 MH寒天培地に塗布・培養を行った。オフロキサシン含有 MH寒天培地に発育したコロニーをオフロキサシン耐性変異株とし、その菌数(CFU)を計測して接種菌数で除することにより各株のオフロキサシン耐性変異頻度を求めた。

**gyrAキノロン耐性決定領域の塩基配列決定:**オフロキサシン耐性変異株誘導試験で得られた耐性カンピロバクター株とその親株について*gyrA*キノロン耐性決定領域を含む領域を5'-CTTTGCCTGACGCAAGAGAT-3'と5'-CAGGTTCACTTCTGAACCA-3'の primer セット [12] を用いて増幅した. 得られた PCR 産物(372 bp)を精製し、BigDye Terminator v3.1(Applied Biosystems Japan、東京)と Primer 5'-GCTATGCA

表 1 カンピロバクターとサルモネラが同時に分離された35 農場を分離菌のオフロキサシン感受性で分けた 農場数

		カンピロバクター		計
		感受性	耐 性	п
サルモネラ	感受性 耐 性	22	7	29
 計	1101 177	24	11	35

表 2 カンピロバクターとサルモネラが同時に分離された 35 農場を分離菌のアンピシリン感受性で分けた農場数

		カンピロ	計		
		感受性	耐 性	βļ	
サルモネラ	感受性	18	4	22	
	耐 性	13	0	13	
計		31	4	35	

AAATGATGAGGC-3' [19] を用いてサイクルシークエンシングを行い、54位から160位までのアミノ酸をコードする塩基配列を決定した.

 $\beta$ -ラクタマーゼの活性と遺伝子の検出:サルモネラ 106 株 については TEM-F Primer(5'-GCACGAGT GGGTTACATCGA-3') と TEM-R Primer(5'-GGTC CTCCGATCGTTGTCAG-3') のセット [20] を用いて PCR 法により  $\beta$ -ラクタマーゼ遺伝子(blaTEM)の検 出を行った。カンピロバクター65 株については  $\beta$ -ラクタマーゼ遺伝子の検出法が確立していないため、Nitrocefin(Oxoid)と  $\beta$ -Lactamase Identification Sticks (Oxoid)を用いて、使用説明書に従い  $\beta$ -ラクタマーゼ 活性の検出を行った。

#### 成 績

分離菌株に対するオフロキサシン及びアンピシリンの MIC 分布:カンピロバクター属菌 68 株及びサルモネラ 属菌 106 株に対するオフロキサシンとアンピシリンの MIC 分布を図1 に示した.オフロキサシンの MIC 分布 についてカンピロバクターでは明瞭な二峰性がみられ、 $4 \sim 32 \mu g/ml$  の薬剤濃度で耐性株群のピークがみられた.一方でサルモネラでは明瞭な二峰性がみられず,カンピロバクターと比べて低い薬剤濃度( $2 \sim 8 \mu g/ml$ )で耐性株の分布がみられた.アンピシリンの MIC 分布についてカンピロバクターでは二峰性はみられなかったが,高度アンピシリン耐性株が一株みられた.サルモネラでは明瞭な二峰性がみられ, $256 \mu g/ml$  から耐性株の分布がみられた.アンピシリン耐性株はサルモネラで 40 株(37.7%),カンピロバクターで 12 株(17.6%)であった.オフロキサシン耐性株はサルモネラで 12 株

表3 オフロキサシン感受性株のMIC値と変異頻度

菌種と菌株	MIC値 (µg/ml)	接種 菌数 (×10 <sup>8</sup> CFU)	変異 菌数 (CFU)	変異 頻度 (×10 <sup>-8</sup> )	変異株 のMIC 値 (µg/ml)
C. jejuni 01	0.125	2.0	3	1.5	16
C. jejuni 02	0.25	2.5	16	6.4	16
C. jejuni 03	0.5	2.1	1	0.48	8
C. jejuni 33560	0.5	0.35	2	5.7	64
S. Infantis 01	0.0625	7.1	ND*	**	
S. Infantis 02	0.25	5.4	ND	_	
S. Infantis 03	0.5	36.0	ND	_	
S. Infantis 04	1.0	5.5	ND	_	
S. Cholerasuis 7001	0.0625	2.4	ND	_	

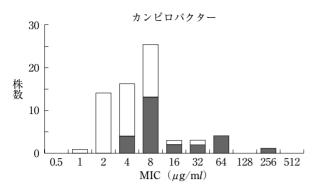
\*ND: not detected. \*\*-: 検出限界(×10<sup>-9</sup>)以下

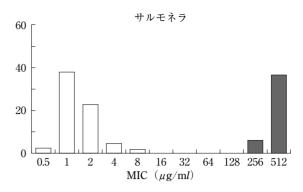
(11.3%), カンピロバクターで27株(39.7%) であった. 両剤に耐性を示したサルモネラは4株, カンピロバクターは5株であった.

両菌が同時に分離された農場を対象にした両菌の薬剤 感受性状況:両菌が同時に分離された35 農場を対象に した両菌のオフロキサシン及びアンピシリンの薬剤感受 性状況をそれぞれ、表1と表2に示した。オフロキサシ ンについてはカンピロバクター株が11 農場(31.4%)、 サルモネラ株が6 農場(17.1%)で耐性であり、両菌株 がともに耐性であったのは4 農場(11.4%)であった (表1). アンピシリンではカンピロバクター株が4 農場 (11.4%)、サルモネラ株が13 農場(37.1%)で耐性で あり、両菌株とも耐性の農場は認められなかった(表 2).

オフロキサシン耐性変異株出現頻度と gyrA キノロン耐性決定領域における遺伝子変異:オフロキサシン耐性変異株誘導試験により,カンピロバクターとサルモネラのオフロキサシン耐性変異株出現頻度をそれぞれ,表3に示した.カンピロバクターでは  $4.8 \times 10^{-9} \sim 6.4 \times 10^{-8}$  の頻度ですべての株に耐性変異株が出現した.耐性株の MIC 値は親株の  $16 \sim 128$  倍上昇していた.一方,サルモネラでは耐性変異株の出現はみられなかった.オフロキサシン耐性変異株誘導試験で得られたカンピロバクター耐性変異株の gyrA キノロン耐性決定領域の塩基配列を解読した結果,すべての耐性変異株に Thr86  $\rightarrow$  Ile(ACA  $\rightarrow$  ATA)の変異がみられた.

アンピシリンのMIC 分布と $\beta$ -ラクタマーゼ保有の関連:カンピロバクター及びサルモネラの $\beta$ -ラクタマーゼ保有状況とアンピシリンの MIC 分布との関連を図2に示した。カンピロバクター65株のうち,アンピシリン耐性13株,感受性株52株中それぞれ11株 (84.6%),15株 (28.8%) に $\beta$ -ラクタマーゼ活性がみられた。サルモネラ 106 株のうちアンピシリン耐性を示した 40 株すべてが $\beta$ -ラクタマーゼ遺伝子 (blaTEM) を保有し





β-ラクタマーゼ保有株

図2 カンピロバクター (65株) 及びサルモネラ (106株) に対するアンピシリンの MIC 分布と β-ラクタマーゼ保有状況の関連

ていた.

# 考 察

オフロキサシンについてサルモネラでは耐性限界値の 4倍までの MIC 値( $2\sim8~\mu g/ml$ )で耐性株の分布がみられたが,カンピロバクターでは耐性限界値の 2 倍から 16 倍までの MIC 値( $4\sim32~\mu g/ml$ )で耐性株の分布が みられた.したがって,カンピロバクターではサルモネラよりもオフロキサシン高濃度耐性化が進行していると 推測される.一方,アンピシリンについてカンピロバクターでは 1 株を除くすべての耐性株が耐性限界値から 2 倍までの MIC 値( $32\sim64~\mu g/ml$ )に分布し,サルモネラでは MIC 値が  $256~\mu g/ml$  以上で耐性株が分布して おり,高濃度アンピシリンに対する耐性株出現がカンピロバクターよりも進行していることが明らかになった.

サルモネラとカンピロバクターそれぞれについて,フ ルオロキノロン及びアンピシリン耐性状況の報告は多く されている。 ブロイラー由来サルモネラのフルオロキノ ロン耐性株出現率はブラジルの3.75% [21], 韓国の 0% [9], 国内の他調査の0% [18] などの報告があり 本実験の耐性株出現率 (11.3%) と比較すると、鹿児島 県内のブロイラーは他の地域よりもフルオロキノロン耐 性サルモネラを高率に保有していることがわかった. カ ンピロバクターについてフルオロキノロン耐性株出現率 は本実験で39.8%, デンマークで14% [7], 中国で 98%以上 [8], オーストラリアで0% [14] という報告 があり地域によってさまざまであった. オーストラリア で家禽へのフルオロキノロンの使用が禁止されているこ とを考慮すると [14], カンピロバクターの耐性株出現 にはフルオロキノロン使用状況が影響している可能性が 考えられる. ブロイラー由来サルモネラのアンピシリン 耐性株出現率は韓国で50% [9]、オーストリアで0% [10], フランスで11% [10], オランダで40% [10], イタリアで33% [10], 国内の他調査で3.6% [11] で あった. 本実験の耐性株出現率は38.7%でイタリアや

オランダの状況と類似しており、鹿児島県内でもプロイラーにアンピシリン耐性サルモネラが高度に分布していることが示唆される。カンピロバクターのアンピシリン耐性株出現率は本実験では11.8%であった。ブラジルの18% [13]、北アイルランドの32.8% [15]、国内の他調査の39.9% [16] などの報告と本実験の結果を比較すると、鹿児島県内のプロイラーにおけるカンピロバクターのアンピシリン耐性株出現率は低度であることがわかった。

両菌が同時に分離された35 農場のうち、アンピシリン耐性カンピロバクターが認められた農場は4、アンピシリン耐性サルモネラが認められた農場は13 であったが両菌がともに耐性であった農場はなかった。他方、オフロキサシン耐性カンピロバクターが認められた農場は11、オフロキサシン耐性サルモネラが認められた農場は6であり、これらのうち4 農場では両菌がともにオフロキサシン耐性を示したことから、オフロキサシンに対しては同じ農場で両菌同時に耐性が認められる傾向があると思われる。このようにオフロキサシンとアンピシリンで両菌属の耐性の分布に違いが生じていることから、野外においてもin vitroで実証されている各薬剤の耐性化機構が働いていると考えられる [6, 22].

オフロキサシン感受性カンピロバクター株及びサルモネラ株を用いたオフロキサシン耐性変異株誘導試験では,カンピロバクター株で $4.8 \times 10^{-9}$  から $6.4 \times 10^{-8}$  の頻度で耐性変異株が出現した.一方サルモネラ株では変異株が得られず,変異頻度は検出限界値未満( $<3.6 \times 10^{-10}$ )であったと考えられる.他の調査における両菌のフルオロキノロン薬耐性変異株出現頻度は,カンピロバクターで $~4 \times 10^{-9}$  から $~7 \times 10^{-3}$  [23],サルモネラで $8.3 \times 10^{-16}$  から $1.1 \times 10^{-10}$  [24] と報告されている.本実験ではサルモネラでオフロキサシン耐性株が出現しない薬剤濃度( $2 \mu g/ml$ )であっても,カンピロバクターでは接種菌数がやや少なかったものの耐性株が容易に出現することがわかった.得られた耐性変異株

は親株の $16\sim128$  倍の MIC 値の上昇を示した。すべての耐性変異株で一般的に知られているとおりキノロン耐性決定領域(QRDR)の86 位 Thr の Ile へのアミノ酸置換がみられ, $16\sim128$  倍の MIC 上昇と関連していることが裏付けられた。カンピロバクターのキノロン薬耐性機序としては他に排出ポンプなどの存在も知られており,薬剤の細胞内への取り込みの減少が報告されている[25]。したがって耐性変異株における MIC 値変化の差は排出ポンプなど他の要因が影響している可能性も考えられる。

感受性試験で耐性とされたすべてのサルモネラ株 (40/106 株) が  $\beta$  – ラクタマーゼ遺伝子を保有していることから,サルモネラのアンピシリン耐性化にはこの遺伝子が関連しているものと推測される.カンピロバクターについては全体の40% (26/65 株) で $\beta$  – ラクタマーゼを保有していた.しかしサルモネラとは対照的にカンピロバクターではアンピシリン感受性株であっても $\beta$  – ラクタマーゼを保有しており,また耐性株であっても $\beta$  – ラクタマーゼを保有していない株があった.カンピロバクターではアンピシリン耐性遺伝子についての情報は少なく,アンピシリン耐性と $\beta$  – ラクタマーゼの関係は明らかにできなかった.

以上の成績から、野外でのオフロキサシン耐性菌出現は両菌属ともに同じ様式で生じていると考えられ、オフロキサシンはサルモネラよりもカンピロバクターで高頻度に耐性株を出現させる選択圧になり得ることが示された。そしてアンピシリン耐性化は両菌の間では異なる様式で生じるものと考えられた、このような薬剤耐性菌出現のメカニズムを考慮に入れてブロイラーへの両薬剤の使用は慎重に行われる必要があろう。

# 引 用 文 献

- [1] Cason JA, Baily JS, Stern NJ, Whittemore AD, Cox NA: Relationship between aerobic bacteria, Salmonella and Campylobacter on broiler carcasses, Poult Sci, 76, 1037-1041 (1997)
- [2] Bryan FL, Doyle MP: Health risks and consequences of *Salmonella* and *Campylobacter jejuni* on raw poultry, J Food Prot, 58, 326-344 (1995)
- [3] Allos BM: *Campylobacter jejuni* infections: Update on emerging issues and trends, Clin Inf Dis, 32, 1201-1206 (2001)
- [4] Drlica K, Zhao X: DNA gyrase, topoisomerase W, and the 4-quinolones, Microbiol Mol Biol Rev, 61, 377-392 (1997)
- [5] Smith JL, Fratamico PM: Fluoroquinolone resistance in *Campylobacter*, J Food Prot, 73, 1141-1152 (2010)
- [6] Hradecka H, Karasova D, Rychlik I: Characterization of *Salmonella enterica* serovar Typhimurium conjugative plasmids transferring resistance to antibi-

- otics and their interaction with the virulence plasmid, J Antimicrob Chemother, 62, 938-941 (2008)
- [7] Aarestrup FM, Nielsen EM, Madsen M, Engberg J: Antimicrobial susceptibility patterns of thermophilic Campylobacter spp. from humans, pigs, cattle, and broilers in Denmark, Antimicrob Agents Chemother, 41, 2244–2250 (1997)
- [8] Chen X, Naren GW, Wu CM, Wang Y, Dai L, Xia LN, Luo PJ, Zhang Q, Shen JZ: Prevalence and antimicrobial resistance of *Campylobacter* isolates in broilers from China, Vet Microbiol, 144, 133–139 (2010)
- [9] Cheong HJ, Lee YJ, Hwang IS, Kee SY, Cheong HW, Song JY, Kim JM, Park YH, Jung JH, Kim WJ: Characteristics of non-typhoidal *Salmonella* isolates from human and broiler-chickens in southwestern Seoul, Korea, J Korean Med Sci, 22, 773-778 (2007)
- [10] European Food Safety Authority: The community summary report on antimicrobial resistance in zoonotic and indicator bacteria from animals and food in the European Union in 2008, EFSA Journal, 8, 1658 (2010)
- [11] Ishihara K, Takahashi T, Morioka A, Kojima A, Kijima M, Asai T, Tamura Y: National surveillance of *Salmonella enterica* in food-producing animals in Japan, Acta Vet Scand, 51, 35–39 (2009)
- [12] 柿本将平,福山正文,古畑勝則,大仲賢二,吉浪 誠, 谷川 力,原元 宣,原田誠三郎,齋藤志保子,森 敏彦,武藤哲典,宮井美津夫,渡邊忠男:ヒト下痢便お よび鶏肉,鶏糞便から分離した Campylobacter jejuni 株 の薬剤感受性試験およびキノロン耐性に対する遺伝子変 異に関する検討,感染症誌,81,363-369 (2007)
- [13] Kuana SL, Santos LR, Rodrigues LB, Borsoi A, Moraes HLS, Salle CTP, Nascimento VP: Antimicrobial resistance in *Campylobacter* spp isolated from broiler flocks, Braz J Microbiol, 39, 738–740 (2008)
- [14] Miflin JK, Templeton JM, Blackall PJ: Antibiotic resistance in *Campylobacter jejuni* and *Campylobacter coli* isolated from poultry in the south-east Queensland region, J Antimicrob Chemother, 59, 775–778 (2007)
- [15] Ozal AN, McKennal JP, McDowell SWJ, Menzies FD, Neill SD: Antimicrobial susceptibility of *Campylobacter* spp. isolated from broiler chickens in northern Ireland, J Antimicrob Chemother, 52, 220–223 (2003)
- [16] Suzuki H, Yamamoto S: *Campylobacter* contamination in retail poultry meats and by-products in Japan: A literature survey, Food Control, 20, 531–537 (2009)
- [17] CLSI, Methods for dilution antimicrobial susceptibility tests for bacteria that grow aerobically; approved standard M07-A8, Wayne, PA Clinical and Laboratory Standards Institute (2009)
- [18] Asai T, Esaki H, Kojima A, Ishihara K, Tamura Y, Takhashi T: Antimicrobial resistance in *Salmonella* isolates from apparently healthy food-producing animal from 2000 to 2003: the first stage of Japanese Veterinary Antimicrobial Resistance Monitoring (JVARM), J Vet Med Sci, 68, 881-884 (2006)

- [19] Wang Y, Huang WM, Taylor DE: Cloning and nucleotide sequence of the *Campylobacter jejuni gyrA* gene and characterization of quinolone resistance mutation, Antimicrob Agents Chemother, 37, 457–463 (1993)
- [20] Carlson SA, Bolton LF, Briggs CE, Hurd HS, Sharma VK, Fedorka-Cray PJ, Jones BD: Detection of multiresistant *Salmonella* Typhimurium DT104 using multiplex and fluorogenic PCR, Mol Cell Probes, 13, 213–222 (1999)
- [21] Cardoso MO, Ribeiro AR, dos Santos LR, Pilotto F, Moraes HLS, Salle CTP, Rocha SLS, Nascimento VP: Antibiotic resistance in *Salmonella* Enteritidis isolated from broiler carcasses, Braz J Microbiol, 37, 368–371 (2006)
- [22] Taylor DE, Courvalin P: Mechanisms of antibiotic

- resistance in *Campylobacter* species, Antimicrob Agents Chemother, 32, 1107–1112 (1988)
- [23] Hänninen ML, Hannula M: Spontaneous mutation frequency and emergence of ciprofloxacin resistance in *Campylobacter jejuni* and *Campylobacter coli*, J Antimicrob Chemother, 60, 1251–1257 (2007)
- [24] Kehrenberg C, Jong A, Friederichs S, Cloeckaert A, Schwarz S: Molecular mechanism of decreased susceptibility to fluoroquinolones in avian Salmonella serovars and their mutants selected during the determination of mutant prevention concentrations, J Antimicrob Chemother, 59, 886-892 (2007)
- [25] Lin J, Michel LO, Zhang Q: CmeABC functions as a multidrug efflux system in *Campylobacter jejuni*, Antimicrob Agents Chemother, 26, 2124–2131 (2002)

\_\_\_\_\_\_

# Relationship of Emergence of Antimicrobial Resistance of *Campylobacter* and *Salmonella* spp. on Broiler Farms

Kazuto AIBA\*, Takehisa CHUMA† and Karoku OKAMOTO

\* Faculty of Agriculture, Kagoshima University, Korimoto 1-21-24, Kagoshima, 890-0065

## **SUMMARY**

The antimicrobial susceptibility of Campylobacter spp. and Salmonella spp. against ofloxacin (OFLX) and ampicillin (ABPC) was determined. The Campylobacter spp. and Salmonella spp. were isolated from broilers during the period from September 2005 to January 2009. Campylobacter and Salmonella spp. were detected simultaneously on 35 farms. Of the 35 farms, OFLX-resistant Campylobacter spp. were isolated from 11 farms, while Salmonella spp. were isolated from 6 farms. Four farms were positive for both OFLX-resistant Campylobacter and Salmonella spp. Meanwhile, ABPC-resistant Campylobacter spp. were isolated from 4 farms while Salmonella spp. were isolated from 14 farms. There were no farms that were positive for both ABPC-resistant Campylobacter and Campylobacter and Campylobacter and Campylobacter spp. In the Campylobacter and Campylobacter spp. In the Campylobacter and Campylobacter spp. These results suggest that OFLX could be selective pressure for both Campylobacter and Campylobacter and Campylobacter and Campylobacter and Campylobacter spp. It is considered that the mechanism of the emergence of ABPC-resistance differed between Campylobacter and Campylobacter spp. It is considered that the mechanism of the emergence of ABPC-resistance, Campylobacter spp.

† Correspondence to : Takehisa CHUMA (Faculty of Agriculture, Kagoshima University) Korimoto 1–21–24, Kagoshima, 890–0065

TEL 099-285-8734 FAX 099-285-8735 E-mail: chuma@agri.kagoshima-u.ac.jp

-J. Jpn. Vet. Med. Assoc., 65,  $147 \sim 152$  (2012)