

## 科学研究費助成事業 研究成果報告書

平成 29 年 6 月 13 日現在

機関番号：17601

研究種目：基盤研究(C) (一般)

研究期間：2014～2016

課題番号：26340085

研究課題名(和文)水環境における院内感染原因菌の薬剤耐性獲得・伝達ポテンシャルの評価

研究課題名(英文)Evaluation of Antimicrobial Susceptibility and Antibiotic Resistance Gene Transfer of Enterococci in Water Environment

研究代表者

鈴木 祥広 (Suzuki, Yoshihiro)

宮崎大学・工学部・教授

研究者番号：90264366

交付決定額(研究期間全体)：(直接経費) 3,600,000円

研究成果の概要(和文)：水環境におけるVREならびに薬剤耐性腸球菌の分布状況と拡散実態を把握し、環境中に存在するVREから耐性遺伝子の伝播の可能性を検討した。バンコマイシン耐性遺伝子の一つであるvanC2/C3を保有するVREが都市河川(八重川)流域の全調査地点から検出され、広範囲に拡散していることが確認された。想定される環境を模擬したin vitro実験によって、vanA保有VREの耐性遺伝子の伝播ポテンシャルを評価した。その結果、河川底質と活性汚泥の条件においてvanA遺伝子の伝播が確認され、伝播率はそれぞれ $10^{-7}$ と $10^{-8}$ であった。

研究成果の概要(英文)：VREs cause nosocomial infectious diseases in medical institutions, also exist in environmental water sources. In this study, the distribution of VRE and the resistance of enterococci isolates to various antibiotics were investigated in the urban river. The vanC1 and vanC2/3 were detected in the isolates from river water. Furthermore, the isolates containing vanC2/3 were confirmed in all sampling sites. For the next objective, the in vitro transfer experiments were performed with donor/recipient ratio of 1:1 under the following conditions: filter mating, broth mating, and autoclaved river water and sediment. Transconjugants were confirmed by determining their phenotypic and genotypic properties. The transfer frequencies of vancomycin resistance by filter mating experiments were  $10^{-7}$  to  $10^{-9}$  per recipient cell to three different enterococcus strains.

研究分野：環境保全学

キーワード：都市河川 薬剤耐性菌 腸球菌 バンコマイシン 流域拡散

### 1. 研究開始当初の背景

水環境において、腸球菌は、河川、湖沼、および沿岸域といった、ふん便汚染の指標細菌として適用されている。腸球菌は、元来複数の抗菌薬に自然耐性を有する細菌であるが、獲得耐性によって高度耐性化した薬剤耐性腸球菌が出現し、院内感染症の治療を困難にしている。さらに、グラム陽性細菌の特効薬であるバンコマイシンに対して耐性を獲得したバンコマイシン耐性腸球菌 (vancomycin-resistant enterococci, VRE) は、最も注意を要する薬剤耐性菌の1つである。近年、VREによる院内感染症は世界中で発生しており、中でもアメリカ、ヨーロッパ、および南アジアなどでは発症件数が増加している。我が国のVREの臨床分離報告数は、欧米諸国と比較して少ないものの、VREが原因菌となる院内感染の広がりが危惧されている。

VREや多剤耐性腸球菌の出現に伴い、環境から普遍的に検出される腸球菌の中に、VREや重要な抗菌薬へ耐性を獲得した腸球菌が存在し、これらが耐性株や耐性遺伝子の拡散・伝播に寄与する可能性は否定できない。我が国の水環境を対象とした薬剤耐性菌の調査事例では、大腸菌や緑膿菌で耐性菌の存在が確認されている。しかしながら、水環境におけるVREの調査事例は見当たらず、バンコマイシンを含むその他の抗菌薬に対する腸球菌の薬剤耐性に関する情報や知見は極めて少ない。

### 2. 研究の目的

本研究では、地方都市である宮崎市を対象として、VREと薬剤耐性腸球菌の存在実態を調査した。はじめに、下水処理施設の流入下水と宮崎市内を流下する河川の年間モニタリング調査を実施した。次に、河川上流から都市部の河口に至る流域調査を実施し、VREの拡散実態を調査した。最後に、水環境を模擬した *in vitro* 伝達実験を実施し、水環境中で腸球菌の耐性遺伝子が伝播する可能性を評価した。

### 3. 研究の方法

#### (1) 調査概要

年間モニタリングは、宮崎県内のA下水処理施設と宮崎市内を流れる一級河川の八重川(流路延長8.4 km, 流域面積17.6 km<sup>2</sup>)の定点から採取した。流域調査は、同河川の上流から下流に至る3地点(上流からSt. 1, St. 2, St. 3とする)から試料を採取した。宮崎市の人口は約400,000人であり、流域の排水処理施設として、下水処理施設または浄化槽が整備されている。A下水処理施設は、約14,000人の人口を対象とした処理能を有し、平均処理流量は6,300 m<sup>3</sup>day<sup>-1</sup>である。八重川の上流域に位置する清武町は、人口約29,000人の街であり、下水道整備が完了しているものの、未水洗化の地区や家屋が一部存

在している。そのため、八重川上流域は、河川流量に対する生活排水流入の割合が高くなっている。モニタリング調査は、2011年6月から2012年7月までの月1回(計10回)実施した。流域調査は、2013年12月、2014年5月、7月、および9月の計4回実施した。

#### (2) 細菌計数法

大腸菌群と大腸菌は、特定酵素基質法であるColilert-18 (IDEXX Laboratories, Westbrook, ME, USA)を用いて測定した。滅菌蒸留水で100 mLとした検水に試薬を加え、十分混合した後、全量をColilert-18スナップパックに入れ、37±0.5 °Cで18時間培養した。培養後、黄色に変化したウェルを大腸菌群陽性、黄色に変化し、かつ365 nm波長のUVランプを照射して、青白く発光したウェルを大腸菌陽性と判定した。陽性と判定されたウェル数から大腸菌群数、大腸菌数を最確数(MPN 100 mL<sup>-1</sup>)にて算出した。腸球菌の計数は、メンブランフィルター法によって実施した。試料は、メンブランフィルターで吸引し、腸球菌選択培地であるmembrane-Enterococcus Indoxyl-D-Glucoside寒天培地(mEI培地, 寒天1.5%)上に置き、41±0.5 °Cで24時間培養した。加えて、試料中に存在する腸球菌の中からバンコマイシンに耐性を有する菌株をスクリーニングするため、バンコマイシン添加mEI培地を作成し、上記の方法と同様に培養した。計数後、年間モニタリングでは、月ごとに下水と河川水からそれぞれ、27株ずつ単離した。

#### (3) 単離菌株の菌種同定とvan遺伝子の検出

単離した腸球菌株の菌種同定とバンコマイシン耐性遺伝子(van遺伝子)の検出には、Multiplex PCR法を用いた。腸球菌の菌種同定は、*Enterococcus faecalis*, *Enterococcus faecium*, *Enterococcus gallinarum*, および *Enterococcus casseliflavus* のを対象とした。また、バンコマイシン耐性遺伝子の検出には、vanA, vanB, vanC1, および vanC2/C3 を対象とした。単離菌株のDNA抽出は、Insta Gene Matrixを使用した。PCR産物の増幅は、KAPA taq Extraを用いた。なお、菌種同定のPositive Controlとして、製品評価技術基盤機構(NBRC)から分譲された、*E. faecalis* NBRC100481, *E. faecium* NBRC100486, *E. gallinarum* NBRC100478, および *E. casseliflavus* NBRC 100675を使用した。

#### (4) 最小発育阻止濃度試験(MIC試験)

各抗菌薬の最小発育阻止濃度(Minimum Inhibitory Concentration, MIC)は日本化学療法学会が定める寒天平板希釈法によって測定した。本研究で使用した抗菌薬は、アンピシリン(ABPC), ペンジルペニシリン(PCG), クロラムフェニコール(CP), シプロフロキサシン(CPFX), エリスロマイシン(EM), ゲンタマイシン(GM), ストレプトマイシン

(STM), テトラサイクリン (TC), イミペナム (IMP), およびバンコマイシン (VCM) を用いた。MIC 値の判定基準は, Clinical Laboratory Standards Institute (CLSI) に従った。

#### (5) VRE の遺伝子型の取得と類似性の比較

流域調査において, スクリーニング培地から単離し, 腸球菌と同定された菌株について, パルスフィールド・ゲル電気泳動法 (PFGE 法) によって, 遺伝子型 (PFGE 型) を取得した。DNA 断片の画像データは, 解析ソフト Gene Profiler を用いて系統樹解析を作成した。PFGE 型の類似度は Dice 係数によって算出され, 非荷重結合法によって, バンドパターンの類似度によるクラスタリングを実施し, デンドログラムを作製した。

#### (6) 伝播ポテンシャルの評価に使用した菌株と抗菌薬濃度

供与菌は, 外国産食肉から単離したバンコマイシン高度耐性遺伝子 (vanA) を保有した VRE を使用した。受容菌は, 水環境から単離した 3 種の薬剤感受性腸球菌株 (*E. faecalis*, *E. faecium*, *E. hirae*) に, リファンピシンとフシジン酸に対する薬剤耐性マーカーを導入した突然変異株を作製し, 試験に供した。各腸球菌株は, BHI 液体培地で 37 °C で培養した。

#### (7) 薬剤耐性遺伝子の in vitro 伝達実験

薬剤耐性遺伝子の伝播実験は, 供与菌と受容菌の菌体濃度を  $10^8$  CFU $\cdot$ mL $^{-1}$  に調整し, 混合比を 1 : 1 で実施した。伝播実験は, 以下の 5 条件で実施した: Filter mating 法, Broth mating 法, 河川水, 河川底質, 活性汚泥。は, 供与菌と受容菌の混合液をメンブランフィルターに濾過し, BHI 寒天培地上で実施した。は, BHI 液体培地において, 各経過時間 (3, 6, 12, 24, および 48 h) に実施した。は, 滅菌した河川水, 河川底質, および活性汚泥に混合液を摂取し, 37 °C で培養した。各条件で培養した後, 受容菌, 供与菌, および耐性遺伝子が伝播した接合完了体のコロニー数を計数した。薬剤耐性遺伝子の伝播率は, 受容菌に対する接合完了体の比によって評価した。

## 4. 研究成果

### (1) 下水と河川水の定点における薬剤耐性腸球菌の年間モニタリング

#### 流入下水の腸球菌の薬剤感受性

調査期間を通じて単離した全 239 株の腸球菌から, VRE は検出されなかった。しかしながら, バンコマイシンに対して, 中度耐性を示した腸球菌が 10% (24 株) 検出された。しかし, 本研究で対象とした流入下水から VRE は検出されず, 諸外国の VRE 検出率と比較して, 極めて低いことが明らかとなった。また, 調査期間を通じて単離した全 239 株の腸球菌

はテトラサイクリンとエリスロマイシンのいずれかに対して, 中度耐性または耐性を示した。テトラサイクリンとエリスロマイシンに中度耐性または耐性を示した菌株は, それぞれ 45% (108 株) と 60% (144 株) であった。これらは, ヒトのみならず畜産や養魚場で使用される汎用性の高い抗菌薬である。下水に存在する腸球菌の大部分は, 汎用性の高い抗菌薬に耐性を示すことが明らかとなった。

#### 河川の腸球菌の薬剤感受性

バンコマイシンに耐性を示した腸球菌は, 調査期間を通じて検出されなかった。しかしながら, 下水の場合と同様に, 河川水からも中度耐性を示した腸球菌が 5.7% (15 株) 検出された。その他の抗菌薬について見てみると, 河川水から単離された全ての腸球菌は, ペンジルペニシリン, テトラサイクリン, およびエリスロマイシンのいずれかの抗菌薬に対して, 中度耐性または耐性を示す腸球菌が存在した。テトラサイクリンに中度耐性と耐性を示した菌株は, それぞれ 11% (29 株) と 32% (83 株) であった。河川の腸球菌は, テトラサイクリンへの耐性株が水環境中に存在していることがわかった。また, エリスロマイシンに中度耐性と耐性を示した菌株は, それぞれ, 52.9% (138 株) と 8.0% (21 株) であり, 河川中に存在する腸球菌の大部分はエリスロマイシンに耐性を示した。

#### 下水と河川水における薬剤耐性腸球菌の周年変化

バンコマイシンに中度耐性を示した菌株のうち, 腸球菌と同定された菌株は, 下水と河川水でそれぞれ, 20 株と 5 株であった。全腸球菌株 (バンコマイシン無添加の mEI 培地) に対するバンコマイシンに中度耐性を示す腸球菌株の割合は, 下水と河川水でそれぞれ, 8.4% (20 株/239 株) と 2% (5 株/261 株) であった。モニタリング調査の結果, 下水と河川水からバンコマイシンに中度耐性を示す腸球菌が検出され, 水環境中においてもバンコマイシン耐性腸球菌の存在が示唆された。調査期間における 2 剤耐性以上を示した腸球菌株の割合は, 下水と河川水でそれぞれ, 28% (66 株) と 18% (46 株) であった。全腸球菌数に対する多剤耐性腸球菌の割合を算出すると, 水環境に存在する腸球菌の約 2~3% が多剤耐性腸球菌であり, 比較的高濃度で存在していることが明らかとなった。約 1 年間のモニタリング調査において, 薬剤耐性腸球菌の検出率は各月で変化するものの, 季節変化は関係なく, 水環境中に普遍的に存在することがわかった。

### (2) 河川流域を対象とした VRE の拡散実態

#### 河川流域の各調査地点における細菌数

4 回の調査の各調査地点における大腸菌と腸球菌の菌数は, 上流地点の St.1 で高く, それぞれ  $1.0 \times 10^2 \sim 3.3 \times 10^3$  MPN 100 mL $^{-1}$  と

$2.9 \times 10^2 \sim 3.7 \times 10^3$  CFU  $100 \text{ mL}^{-1}$  であった。各ふん便指標細菌は上流域である St.1 で高い傾向を示した。これは、八重川の上流域に位置する清武町は未水洗化地区が一部存在しているため、生活排水の流入によって各ふん便指標細菌が増加したと考えられる。その一方で、St.3 における大腸菌群、大腸菌、および腸球菌の菌数は最も低い値となった。海水の流入による河川水の希釈効果、あるいは塩分影響による細菌数の減少が考えられる。

#### 腸球菌種の存在割合の変化

全ての調査期間を通じて、バンコマイシン無添加の培地から単離した全 473 株は、*E. faecalis* 16.7% (78 株)、*E. faecium* 16.5% (79 株)、*E. gallinarum* 1.3% (6 株)、*E. casseliflavus* 13.3% (63 株)、および、これらの腸球菌以外の腸球菌あるいは非腸球菌 (Others) が 52.2% (247 株) と同定された。一方、バンコマイシンを添加したスクリーニング培地から単離した全 227 株は、*E. faecalis* 0.88% (2 株)、*E. faecium* 0% (0 株)、*E. gallinarum* 1.8% (4 株)、*E. casseliflavus* 44% (101 株)、および *Enterococcus* 属以外 53% (120 株) と同定された。

#### 抗菌薬に対する腸球菌種ごとの薬剤感受性

バンコマイシン無添加と添加 mEI 培地から単離した全 700 株のうち、4 種のいずれかの腸球菌と同定された 333 株について薬剤感受性試験を実施した。年間モニタリングと同様に、バンコマイシンに耐性を示す腸球菌は検出されなかった。バンコマイシンに中度耐性を示した菌株が *E. casseliflavus*、*E. gallinarum*、*E. faecium* から検出され、それぞれ 9 株、3 株、1 株であった。テトラサイクリンとシプロフロキサシンに対して耐性を示す菌株は、全ての腸球菌種から検出された。エリスロマイシンに対して耐性を示す腸球菌種は、*E. faecalis*、*E. faecium*、*E. casseliflavus* であった。*E. faecium* は、エリスロマイシンとシプロフロキサシンに対して耐性を示す菌株の割合がそれぞれ 81% と 80% であり、大部分の菌株が耐性を示した。また、*E. faecium* 株中に、ペンジルペニシリンに耐性を示す菌株が 1 株存在した。*E. gallinarum* は、テトラサイクリンに対して耐性を示す菌株が 60% (6 株/10 株) 存在し、他の腸球菌種と比較して耐性を有する割合が著しく高かった。各腸球菌種における異なる 3 つの抗菌薬に耐性を獲得した多剤耐性腸球菌の割合は、6.3~10% の範囲であり、菌種関係なく多剤耐性菌が存在した。

#### バンコマイシン耐性遺伝子の検出

腸球菌と同定された合計 333 株について、バンコマイシン耐性遺伝子 (*vanA*、*vanB*、*vanC1*、および *vanC2/C3*) の保有を PCR 法で確認した。

河川水において、全ての腸球菌株から *vanA*、および *vanB* は検出されなかった。一方で、*vanC1*、および *vanC2/C3* を保有する菌株がそれぞれ、3% (9 株) と 49% (165 株) 検出され、中でも *vanC2/C3* 陽性株は全調査地点から検出された。St.3 から単離した 70 株は、全て陽性を示した。また、*vanC1* 陽性株は St.1 と St.2 から検出され、それぞれ 8 株と 1 株であった。

#### PFGE に基づくバンコマイシン耐性遺伝子保有菌株の遺伝子型解析

スクリーニング培地を使用して、全調査地点から単離した *vanC2/C3* 保有 *E. casseliflavus* 株 101 株について、PFGE によって遺伝子型を取得した。*vanC2/C3* 保有株は、各菌株のバンドパターンに基づきデンドログラムを作製し、薬剤耐性プロファイルとの関連性を評価した。各調査地点から単離した 101 株の PFGE 型を取得した結果、88 タイプの遺伝子型が検出され、*vanC2/C3* 保有株の遺伝子型は著しく多様化していた。このことから、本研究で対象とした八重川流域には複数の発生源が存在していると考えられる。取得した PFGE 型に基づきデンドログラムを作製し、各バンドパターンの類似性を比較したところ、類似率を 0.8 で上流地点の遺伝子型と下流地点の遺伝子型が類似する菌株が存在した。河川中に分布している一部の VRE は、上流が汚染源となり、下流域に至る広範囲で VRE が拡散していると推察された。また、同一の PFGE 型を有する菌株でも、薬剤耐性プロファイルが異なる菌株が存在した。これは、ヒト消化管内・水環境中のいずれで生じたのかは明らかではないものの、水環境中で耐性遺伝子の伝播を示唆するものであった。

#### (3) 水環境を模擬した in vitro 伝達実験における腸球菌の薬剤耐性遺伝子の伝播ポテンシャル

##### Filter mating 法による耐性遺伝子の伝播

Filter mating 法を用いて異なる 3 種の腸球菌株に対する *vanA* 遺伝子の伝播率を評価した結果、10-7~10-10 であった。食肉から単離した VRE から、水環境に存在する腸球菌に対して *vanA* 遺伝子の伝播が確認された。また、*vanA* 遺伝子が伝播した接合完了体株は、バンコマイシン、エリスロマイシン、およびテトラサイクリンに対して耐性を獲得していた。このことから、バンコマイシンを含む複数の耐性遺伝子の伝播が示唆された。

##### Broth mating 法と河川水中の耐性遺伝子の伝播

Broth mating 法による伝播試験において、全ての腸球菌で *vanA* 遺伝子の伝播は確認されなかった。また、河川水においても、最大 48 時間培養後でも伝播は確認されなかった。したがって、液相や底質中で菌体が分散している状況では、*vanA* 遺伝子が伝播する可能性

は極めて低いことが示唆された。

河川底質と活性汚泥における耐性遺伝子の伝播

河川底質と活性汚泥における伝播率を推定した結果、vanA 遺伝子の伝播が確認され、伝播率はそれぞれ  $8.3 \times 10^{-8}$  と  $5.2 \times 10^{-8}$  であった。したがって、菌体が集密する環境において、vanA 遺伝子に代表される接合伝達プラスミドの伝播が生じる可能性が考えられた。本研究で使用した河川底質と活性汚泥中の腸球菌数は、それぞれ  $2.6 \pm 0.1 \times 10^4$  CFU dry-100g<sup>-1</sup> と  $2.1 \pm 0.1 \times 10^8$  CFU 100 mL<sup>-1</sup> であり、実際の下水処理施設の活性汚泥中에서도伝播が発生する可能性がある。環境を模擬した *in vitro* 伝達実験によって、水環境で VRE による耐性遺伝子の伝播が生じるには、腸球菌数が 10<sup>8</sup> CFU 以上であり、かつ菌体が集密する環境である必要があると考えられた。

#### (4) まとめ

流入下水と河川流域から単離した全 1,200 株の菌株から、VRE は検出されなかった。しかしながら、バンコマイシンに中度耐性を示す腸球菌は、下水と河川水からそれぞれ、8.4%と2%検出された。

水環境に分布する腸球菌の大部分は、ヒトのみならず畜産や養魚場で使用される汎用性の高い抗菌薬であるエリスロマイシン、あるいはテトラサイクリンのいずれかに耐性を示した。

河川の上流から下流の全地点から vanC2/C3 保有 VRE が検出され、河川中に分布する一部の VRE は、上流が汚染源となり、下流域に至る広範囲で拡散していた。

*in vitro* 伝達実験を実施した結果、腸球菌が高濃度で集積する条件では、薬剤耐性遺伝子の伝播が確認された。水環境に存在する VRE から腸球菌に vanA 遺伝子が伝播する可能性は極めて低いと考えられる。

#### 5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕(計7件)

Nishiyama M, Ogura Y, Hayashi T, Suzuki Y. 2017. Antibiotic resistance profiling and genotyping of vancomycin-resistant enterococci collected from an urban river basin in the provincial city of Miyazaki, Japan. *Water* 9(79):1-17. 査読有

Suzuki Y, Ushijima M. 2016. Distribution of antimicrobial resistant Salmonella in an urban river that flows through the provincial city of Miyazaki, Japan. *Water and Environment Journal* 30:290-297. 査読有

Suzuki Y, Kobayashi T, Nishiyama M, Kono T. 2016. Concentration of MS2 Phage in River Water by a Combined Ferric Colloid Adsorption and Foam Separation-Based Method, with Ms2 Phage Leaching from

Ferric Colloid. *Journal of Bioscience and Bioengineering* 122(2):252-256. 査読有

Nishiyama M, Shimauchi H, Suzuki Y. 2016. Temporal variability in genetic patterns and antibiotic resistance profiles of enterococci isolated from human faeces. *Microbes and Environments* 31(2):182-185. 査読有

西山正晃, 竹下友作, 鈴木祥広. 2015. 下水と河川水における薬剤耐性腸球菌の存在実態とその比較. *水環境学会誌* 38(2):57-65. 査読有

Suzuki Y, Takida T. 2015. Concentration of Cryptosporidium oocysts from river water by coagulation and foam separation combined with acid dissolution of ferric flocs. *Journal of Environmental Science and Health, Part A* 50:311-316. 査読有

Nishiyama T, Iguchi A, Suzuki Y. 2015. Identification of Enterococcus faecium and Enterococcus faecalis as vanC-type vancomycin-resistant enterococci (VRE) from sewage and river water in the provincial city of Miyazaki, Japan. *Journal of Environmental Science and Health, Part A* 50:16-25. 査読有

〔学会発表〕(計14件)

西山正晃, 鈴木祥広. 水環境における腸球菌の薬剤耐性遺伝子の伝播ポテンシャルに関する検討. 第50回日本水環境学会年会講演要旨集:456, 2017年3月15日, 熊本大学(熊本県).  
西山正晃, 鈴木祥広. 水環境における腸球菌の薬剤耐性獲得・伝播ポテンシャルの評価. 第19回日本水環境学会シンポジウム講演集:319-324, 2016年9月14日, 秋田県立大学(秋田県・秋田市).

鈴木祥広, 新名晃宜, 井口純. イオン化飛行型質量分析計(MALDI-TOF MS)による水環境中の大腸菌群の迅速同定. 第19回日本水環境学会シンポジウム講演集:283-284, 2016年9月14日, 秋田県立大学(秋田県・秋田市).

西山正晃, 今福夕貴, 寺西康太郎, 鈴木祥広. 凝集と泡沫分離の複合プロセスによる河川水からの高効率DNA回収法の開発. 第53回環境工学研究フォーラム講演集:7, 2016年12月8日, 北九州国際会議場(福岡県・北九州市).

新名晃宜, 井口純, 鈴木祥広. イオン化飛行型質量分析計(MALDI-TOF MS)による大腸菌群の迅速かつ正確な同定手法の確立. 第50回日本水環境学会年会講演要旨集:318, 2016年3月17日, アスティとくしま(徳島県・徳島市).

寺西康太郎, 西山正晃, 鈴木祥広. レクリエーションビーチの砂浜におけるふん便指標細菌の存在実態と細菌叢解析. 第53回環境工学研究フォーラム講演集:21, 2016年12月8日, 北九州国際会議場(福岡県・北九州市).

Nishiyama M, Suzuki Y. Conjugative transfer of antibiotic resistance from vancomycin- resistance Enterococci to Enterococcus genus in water environment. Water Environment Technology Conference 2016, WET2016 Program and Abstract:26, 2016年8月27日, 中央大学後楽園キャンパス(東京都・文京区).

Hashimoto R, Furukawa T, Suzuki Y. Fate of vancomycin-resistant bacteria and corresponding resistance genes in a sewage treatment plant. Water Environment Technology Conference 2016, WET2016 Program and Abstract:29. 2016年8月27日, 中央大学後楽園キャンパス(東京都・文京区).

Nishiyama M, Shimauchi H, Suzuki Y. Relationships between temporal variability of genetic patterns and antibiotic-resistant profiles of fecal indicator bacteria, enterococci isolated from a human feces. Water Environment Technology Conference, WET2015 Program and Abstract:55, 2015年8月6日, 日本大学駿河台キャンパス(東京都・千代田区).

Niina K, Iguchi A, Suzuki Y. Classification of coliform group bacteria in municipal wastewater using matrix-assisted laser desorption ionization-time of flight mass spectrometry (MALDI-TOF MS). Water Environment Technology Conference, WET2015 Program and Abstract:55, 2015年8月6日, 日本大学駿河台キャンパス(東京・千代田区).

寺西康太郎, 鈴木祥広. 河川に形成する泡沫に濃縮されるふん便指標細菌の実態調査. 平成 26 年度日本水環境学会九州沖縄支部研究発表会講演要旨集:15-16, 2015年2月29日, 鹿児島高専(鹿児島県・霧島市).

西山正晃, 鈴木祥広. 都市を経由する河川流域を対象とした薬剤耐性腸球菌の分布調査. 平成 25 年度日本水環境学会九州支部研究発表会講演要旨集:4-5, 2014年3月1日, 鹿児島高専(鹿児島県・霧島市).

西山正晃, 清水則年, 宇野瑞穂, 鈴木祥広. レクリエーションビーチの砂浜におけるふん便汚染の実態調査. 第 17 回日本水環境学会シンポジウム講演集:217-218, 2014年9月9日, 滋賀県立大学(滋賀県・彦根市).

牛島理博, 鈴木祥広. 市街地を流下する河川流域における薬剤耐性サルモネラの実態調査. 第 51 回環境工学研究フォーラム講演集:57-59, 2014年12月21日, 山梨大学(山梨県・甲府市).

〔図書〕(計0件)

〔産業財産権〕

出願状況(計0件)

取得状況(計0件)

〔その他〕

ホームページ等

宮崎大学工学部社会環境システム工学科  
水環境研究室

<http://www.suzuki-labo.com>

## 6. 研究組織

### (1) 研究代表者

鈴木 祥広 (SUZUKI, Yoshihiro)

宮崎大学・工学部・教授

研究者番号: 90264366