

부산지역 설사환자에서 분리한 *Salmonella* Typhimurium의 항생제 내성 특성

I 연구목적 및 필요성

- 살모넬라균은 전 세계적으로 수인성·식품매개질환의 대표적인 원인 병원체로, 주로 오염된 계란과 닭고기 등을 통해 전파, 감염되어 집단발생 사례의 주요 원인이 되고 있음.
- 2,500여개의 다양한 살모넬라 혈청형 중 식중독 등 집단발생의 주요 원인 혈청형은 *Salmonella* Enteritidis, *Salmonella* Typhimurium 이며, 특히 2021~2023년 부산지역에서는 S. Typhimurium 이 주로 분리됨.
- 따라서 부산지역 5개 협력병원에 내원한 설사 환자 및 식중독 발생 시 의뢰된 검체에서 분리된 S. Typhimurium의 항생제 내성 특성을 분석하여 식중독의 예방 및 역학조사 자료로 활용하고자 함.

II 연구개요

- 기 간 : 2024년 1월 ~ 12월 (1년)
- 대 상 : 2021~2023년 부산지역에서 분리된 S. Typhimurium 균주 100건
- 항 목 : 항생제감수성검사, ESBL·PABL 및 QRDR 유전자 확인검사, 유전자지문분석

III 연구결과

- 항생제 감수성 시험 결과 항생제 17종에 대한 내성은 cefazolin이 26건으로 가장 높았으며, ampicillin·trimethoprim/sulfamethoxazole이 각 19건, cefotaxime·cefoxitin 각 16건 등이었음.
- 17종 항생제 중 1개 이상의 항생제에 내성을 보인 균주는 41건이었으며, 1개의 항생제에만 내성을 보인 균주는 총 13건이었음. 또한 2제 이상의 항생제에 대해서 내성을 갖는 다제내성균은 28건이었으며, 2·3·4·5·6·7·8·9·10제에 대한 내성이 관찰됨.
- ampicillin, cefotaxime, ceftriaxone에 내성을 보인 24개의 균주를 선택하여 ESBL 및 PABL 유형을 확인한 결과 총 12건에서 검출되었으며, ESBL은 TEM 9건, CTX-M-IV 2건, PABL은 CMY-II 1건이었음. 그리고 검출된 CTX-M-IV group 2건은 *bla*_{CTX-M-14} 유전자가 확인됨.
- quinolone계 항생제에 대한 내성기전 확인을 위하여 ciprofloxacin, nalidixic acid에 내성이 확인된 균주 17주를 대상으로 하여 *gyrA*, *parC* 유전자의 QRDR 염기서열을 분석한 결과 모든 균주에서 *gyrA*의 83, 87번째 위치의 아미노산에 변이가 있었으며(S83Y, D87R), *parC* 유전자의 변이는 관찰되지 않았음.

IV 정책연계방안

- 시 관련 부서 조사연구 결과 환류 및 항생제 감수성 등 유전적 특성 자료 제공

V 활용계획

- 집단식중독 발생 시 원인 조기 발견 및 S. Typhimurium으로 인한 집단식중독 발생 대비자료 활용