

豚疣贅性心内膜炎型敗血症由来 β 溶血性レンサ球菌の 薬剤感受性と耐性遺伝子保有状況

藤元英樹^{1)†} 田中輝美¹⁾ 西屋秀樹¹⁾ 郡司康宏¹⁾
宇都誠二¹⁾ 井之上盛男¹⁾ 中馬猛久²⁾

1) 鹿児島県志布志食肉衛生検査所 (〒899-7104 志布志市志布志町安楽5972-10)

2) 鹿児島大学農学部 (〒890-0065 鹿児島市郡元1-21-24)

(2012年1月16日受付・2012年10月29日受理)

要 約

鹿児島県における畜検査で発見された豚の心疣贅部から分離された *Streptococcus dysgalactiae* subsp. *equisimilis* (*S. equisimilis*) 91株, *S. porcinus* 10株を用いて, PCRによる人の病原性に関与する遺伝子の検索, 薬剤感受性試験及び薬剤耐性遺伝子の保有について検討した. Lancefieldの型別では *S. equisimilis* 91株中74株はC群で, 17株は型別不能であった. 病原性関連遺伝子は *sagA* が75株から検出されたが, *slo* 及び *skcg* は検出されなかった. 薬剤感受性については, アミノグリコシド (AG) 系, テトラサイクリン (TC) 系及びマクロライド (ML) 系薬剤に対する耐性株が存在し, 耐性遺伝子は, AG系の *aph* (3')-IIIa が19株, TC系の *tet* (O) 及び *tet* (M) がそれぞれ46株, 17株, ML系の *ermB* 及び *mefA* がそれぞれ31株, 6株から検出された. 薬剤耐性遺伝子を保有する *S. equisimilis* の存在が確認されたことから, 今後豚における本菌の継続的な監視が必要であることが示唆された.

——キーワード: 薬剤耐性, *S. equisimilis*, 豚疣贅性心内膜炎.

----- 日獣会誌 66, 138~142 (2013)

β 溶血を示すレンサ球菌は, Lancefieldの凝集反応によってA, B, C, F及びG群に分類されるが, 生化学性状に基づき同一の菌種として同定された株でも複数の血清群に分類されることがある [1]. 1996年に *Streptococcus dysgalactiae* の亜種として提唱された *S. dysgalactiae* subsp. *equisimilis* (*S. equisimilis*) [2] の株の中にも, A, C及びG群の抗血清に凝集する株が含まれる [3]. また, 人の劇症型溶血性レンサ球菌症の主要な原因菌はA群 *S. pyogenes* (GAS: Lancefield Group A Streptococci) であるとの認識のもと, C群 (GCS) やG群 (GGS) 溶血性レンサ球菌は, 病原性に乏しい菌種として臨床的に重要視されなかった. しかしながら, 2000年頃からGGSによる人の症例が散見されるようになり [4], それらの症例から *S. equisimilis* が分離され, 病原性に関わる数種の遺伝子を保有していることが報告された [5, 6]. さらに, その病原性関連遺伝子は, *S. pyogenes* と共通していることも明らかになっ

てきた [7]. 一方, 人のGASによる呼吸器感染症の治療面では, ペニシリンに代る推奨薬であるマクロライド系薬剤に対する耐性株の増加が報告され, 問題となっている [8].

これまで, と畜検査時に発見される豚の疣贅性心内膜炎型敗血症 (septicemia-type verrucous endocarditis: SeEV) からは, α 溶血を示す *S. suis* が最も多く検出されているが, 近年, β 溶血を示す *S. equisimilis* 及び *S. porcinus* もSeEVから分離されるようになってきた [9]. そこで本研究では, 疣贅性心内膜炎を呈する敗血症の豚から分離された β 溶血性レンサ球菌について, 人由来株で認められる病原性関連遺伝子の保有, 薬剤感受性及び薬剤耐性遺伝子保有状況について検討した.

材料及び方法

2005年4月~2010年3月に鹿児島県内の6と畜場で

† 連絡責任者(現所属): 藤元英樹 (鹿児島県末吉食肉衛生検査所)

〒899-8604 曾於市末吉町諏訪方8608-10

☎0986-76-1299 FAX 0986-76-1309

E-mail: fujimoto-hideki@pref.kagoshima.lg.jp

と畜された南九州由来の豚で、と畜検査時に疣贅性心内膜炎を呈した部位から分離された β 溶血性レンサ球菌101株を用いた。分離株の同定及び血清群別についてはRapid ID32 STREP (BioMerieux, France) 及びストレプトコッカス群別キット (ユニブルー, Oxoid, U.K.) を用いた。遺伝子学的検査については, Insta-Gen Matrix (BioRad, U.S.A.) を用いて分離株のDNAを抽出後、以下に示す各検査を行った。

病原性関連遺伝子については, *S. pyogenes* の病原因子と近似するStreptolysin Oをコードする*slo* [10], 組織壊死に関わるStreptolysin Sをコードする*sagA* [6], ストレプトキナーゼをコードする*skcg* [11] の保有の有無をPCR法により調べた。

分離株の薬剤感受性は, ペニシリン (PC)・セフェム (CE) 系のPenicillin G (PCG), Ampicillin (ABPC), Cefotaxim (CTX), アミノグリコシド (AG) 系のKanamycin (KM), Streptomycin (SM), マクロライド (ML) 系及び類型のErythromycin (EM), Clarithromycin (CAM), Azithromycin (AZM), Lincosamin (LCM), テトラサイクリン (TC) 系のOxytetracycline (OTC), クロラムフェニコール (CP) 系のChloramphenicol (CP), フルオロキノロン (FQ) 系のOfloxacin (OFLX), Levofloxacin (LVFX) 及びVancomycin (VCM) について, 1濃度ディスク法 (センシディスク, 日本ベクトン・ディッキンソン(株), 東京) で測定した。さらに, EM及びOTCについては, 微量液体希釈法により最小発育阻止濃度 (MIC) を求めた [12]。耐性限界値は, 臨床検査標準協会 (CLSI) のガイドライン [13] で規定している値を引用した。

ML系薬剤耐性遺伝子は, *ermB* [14, 15], 及び*ermA* (*ermTR*) [14, 16], *mefA* [14, 17] の有無について検討した。AG系薬剤耐性遺伝子は*aph* (3')-III*a* 及び*ant* (4')-I*a* についてJericら [18] の報告に従いPCRを行った。TC系薬剤耐性は, 抗菌性物質を効率よく細胞外へ排出させる機能により薬剤耐性を獲得することが知られており, *tet*(K), *tet*(L), *tet*(M) 及び*tet*(O) について検索した。また, LCM及びCP耐性遺伝子については, グラム陽性球菌での報告を参考に*cat*_{pC194} [19], *lnu*(A) [20] 及び*lnu*(C) [21] について検索した。

成 績

分離株の同定及び病原遺伝子保有状況: 豚の疣贅性心内膜炎から分離された β 溶血を示すレンサ球菌101株のうち, 91株 (90.1%) が*S. equisimilis*, 10株 (9.9%) が*S. porcinus*と同定された。*S. equisimilis*と同定された91株中74株 (81.3%) は, Lancefield型C群であり, 他の17株 (18.7%) は型別不能であった。

病原性関連遺伝子について, *S. equisimilis* 91株中

表1 豚から分離された β 溶血性レンサ球菌の菌種・血清群と病原遺伝子の保有状況

菌 種 ¹⁾	血清群 ²⁾	菌株数	病原遺伝子		
			<i>sagA</i>	<i>slo</i>	<i>skcg</i>
<i>S. equisimilis</i>	C	74	59 (79.7) ³⁾	ND	ND
	不明	17	16 (94.1)	ND	ND
	小計	91	75 (82.4)	ND	ND
<i>S. porcinus</i>	NT	10	ND	ND	ND

1) Rapid ID32 STREPによる同定結果

2) ストレプトコッカス群別キットによるLancefield群別結果

3) 病原遺伝子の保有菌株数 (%)

NT: 検査せず ND: 検出されず

75株 (82.4%) で*sagA*が確認されたが, *slo*及び*skcg*は確認されなかった。これらを血清型でみると, 血清型C群の74株中59株 (79.7%) が*sagA*を保有していたのに対し, 血清型別不能群では17株中16株 (94.1%) であった。また, *S. porcinus*では, 3遺伝子とも確認されなかった (表1)。

分離株の薬剤感受性: 今回分離された101株における薬剤感受性試験において, すべての薬剤に感受性を示す株は3株あった。14薬剤のうちPCG, ABPC, CTX, OFLX, LVFX及びVCMの6薬剤に対してはすべての分離株が感受性を示した。一方, 耐性または中間値を示した割合は, AG系のKM, SMに対して27.7%, 78.2%, ML及び類系のEM, CAM, AZM, LCMに対して38.6%, 38.6%, 38.6%, 86.1%, TC系のOTCに対して82.2%, CP系のCPに対して6.9%であった。また, 8剤に対して耐性を示した多剤耐性株が1株, 4剤以上に耐性を示した株が半数以上認められた。菌種別では, *S. equisimilis*はML系薬剤に対して41.8%が耐性を示したのに対し, *S. porcinus*は10.0%であった。他の薬剤に対しては両菌種間に大きな差は認められなかった (表2)。EMに対するMIC値は, 大きく2つのグループに分けられ, 耐性を示した35株 (38.5%) はすべて512 μ g/ml以上であった。また, OTCのMIC値の分布は, 明確な2峰性を示さなかったが, 32 μ g/ml以上の耐性を示した株は67株 (73.6%) であった (図1, 2)。

分離株の薬剤耐性遺伝子保有状況: 今回分離された101株のうち, AG系耐性遺伝子の*aph* (3')-III*a*が19株 (18.8%) から, TC系耐性遺伝子の*tet*(L)が1株 (1.0%), *tet*(M)が17株 (16.8%) 及び*tet*(O)が54株 (53.5%) から検出された。このうち, 3株は*tet*(M)と*tet*(O)の複数の遺伝子を保有していた。*tet*(O)保有株のうち, 8株のMIC値は8~16 μ g/mlで感受性であったが, *tet*(M)及び*tet*(L)保有株はすべて32 μ g/ml以上の耐性を示した。ML系耐性遺伝子の*ermB*が31株

豚敗血症由来β溶血性レンサ球菌の薬剤感受性

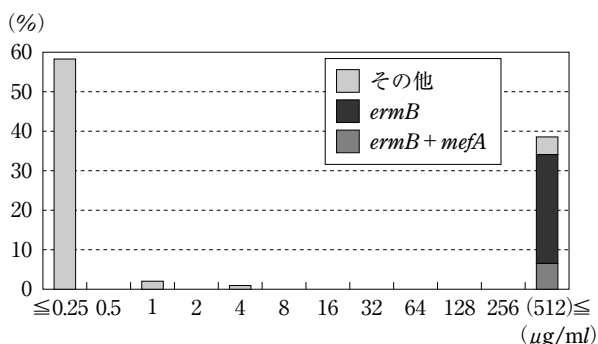


図1 エリスロマイシンのMIC分布と耐性遺伝子保有状況 (*S. equisimilis* n = 91)

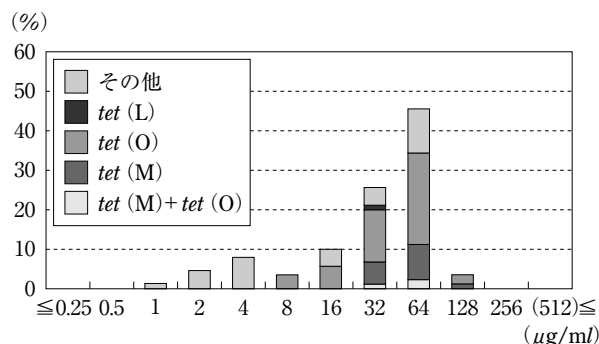


図2 オキシテトラサイクリンのMIC分布と耐性遺伝子保有状況 (*S. equisimilis* n = 91)

表2 豚から分離されたβ溶血性レンサ球菌の菌種・血清群別薬剤耐性 (ディスク法)

菌種	血清群	菌株数	薬剤 ¹⁾ 耐性							
			KM	SM	OTC	CP	LCM	EM	CAM	AZM
<i>S. equisimilis</i>	C	74	23 (31.1) ²⁾	60 (81.1)	62 (83.8)	6 (8.1)	64 (86.5)	28 (37.8)	28 (37.8)	28 (37.8)
	不能	17	3 (17.6)	12 (70.6)	12 (70.6)	ND	15 (88.2)	10 (58.8)	10 (58.8)	10 (58.8)
	小計	91	26 (28.6)	72 (79.1)	74 (81.3)	6 (6.6)	79 (86.8)	38 (41.8)	38 (41.8)	38 (41.8)
<i>S. porcinus</i>	NT	10	2 (20.0)	7 (70.0)	9 (90.0)	1 (10.0)	8 (80.0)	1 (10.0)	1 (10.0)	1 (10.0)
合計		101	28 (27.7)	79 (78.2)	83 (82.2)	7 (6.9)	87 (86.1)	39 (38.6)	39 (38.6)	39 (38.6)

1) KM: カナマイシン, SM: ストレプトマイシン, OTC: オキシテトラサイクリン, CP: クロラムフェニコール, LCM: リンコマイシン, EM: エリスロマイシン, CAM: クラリスロマイシン, AZM: アジスロマイシン
 2) 耐性または中間値を示した菌株数 (%)
 NT: 検査せず ND: 検出されず

表3 豚から分離されたβ溶血性レンサ球菌の薬剤耐性遺伝子の保有状況

菌種	血清群	菌株数	AG系 ¹⁾		TC系 ²⁾				ML及び類系 ³⁾					CP系 ⁴⁾
			<i>aph-IIIa</i>	<i>ant-Ia</i>	<i>tet (L)</i>	<i>tet (M)</i>	<i>tet (O)</i>	<i>tet (K)</i>	<i>ermB</i>	<i>ermTR</i>	<i>mefA</i>	<i>lnu (A)</i>	<i>lnu (C)</i>	<i>Cat_{PC194}</i>
<i>S. equisimilis</i>	C	74	16 (21.6) ⁵⁾	ND	1 (1.4)	16 (21.6)	35 (47.3)	ND	21 (28.4)	ND	2 (2.7)	13 (17.6)	ND	ND
	不能	17	3 (17.6)	ND	ND	1 (5.9)	11 (64.7)	ND	10 (58.8)	ND	4 (23.5)	ND	ND	ND
	小計	91	19 (20.9)	ND	1 (1.1)	17 (18.7)	46 (50.5)	ND	31 (34.1)	ND	6 (6.6)	13 (14.3)	ND	ND
<i>S. porcinus</i>	NT	10	ND	ND	ND	8 (80.0)	ND	ND	ND	ND	ND	ND	ND	ND
合計		101	19 (18.8)	ND	1 (1.0)	17 (16.8)	54 (53.5)	ND	31 (30.7)	ND	6 (5.9)	13 (12.9)	ND	ND

1) AG: アミノグリコシド系 2) TC: テトラサイクリン系 3) ML: マクロライド系
 4) CP: クロラムフェニコール系 5) 各耐性遺伝子保有菌株数 (%)
 NT: 検査せず ND: 検出されず

(30.7%) 及び *mefA* が6株 (5.9%) から検出された。*mefA* 保有株はすべて *ermB* も保有しており、これらの株の EM に対する MIC 値は 512 μg/ml 以上であった。また、LCM 耐性遺伝子の *lnu (A)* が13株 (12.9%) から検出された。菌種別にみると *S. porcinus* では、8株か

ら *tet (O)* のみが確認されたが、他の遺伝子は確認されなかった (表3)。

考 察

今回、豚の疣贅性心内膜炎から分離された101株のβ

溶血性レンサ球菌は、Rapid ID32 STREPにより *S. equisimilis* 及び *S. porcinus* と同定された。 *S. equisimilis* と同定された91株中74株 (81.3%) は、Lancefieldの分類ではC群に分類されたが、他の17株 (18.7%) は型別不能であった。勝見ら [9] は、1988～1995年に東日本で豚心臓部から分離されたβ溶血性レンサ球菌61株のうち、*S. dysgalactiae* が93.4%、*S. porcinus* が6.6%であり、*S. dysgalactiae* の86.0%がC群であったと報告している。今回の結果でも分離された菌種とその割合及び *S. dysgalactiae* の中でC群の占める割合など同様の結果となった。このことから、わが国の豚疣贅性心内膜炎を引き起こすβ溶血性レンサ球菌分布は、地域的、時間的な変動は少ないものと推察される。

人の臨床分離株は *sagA*、*slo* 及び *skcg* 病原遺伝子を高率に保有している [4]。今回検討した豚由来 *S. equisimilis* は *sagA* を比較的高率に保有していたが、*slo* 及び *skcg* は保有しておらず、また、*S. porcinus* はいずれの遺伝子も保有していなかった。これらのことから、豚SeEV由来 *S. equisimilis* と *S. porcinus* が人の疾病に対し、直接的に関与している可能性は低いと思われた。

これまで豚由来β溶血性レンサ球菌の薬剤耐性に関する報告は、ほとんどみあたらない。本研究において、多くの豚由来レンサ球菌に対して抗菌作用を有するとされるEM、LCM及びOTCに対し耐性株が多数検出された。さらに *S. equisimilis* では、各種の耐性遺伝子を保有していることが明らかとなった。特に、EM等のML系薬剤に対しては、MIC値が512μg/ml以上の株が35株 (38.5%) も存在し、このうち6株が *ermB* 及び *mefA* の両方の耐性遺伝子を、25株が *ermB* を保有していることが判明した。 *ermB* 保有株は高度耐性を示しやすく、*mefA* 保有株は軽～中等度の耐性を示すことが報告されているが [15]、今回検討した *mefA* 保有株は、すべて *ermB* も保有していたため高度の耐性を示したと思われた。また、萩田ら [8] によると、2004年に人の口腔から分離されたGASのEMに対する薬剤耐性率は19%であると報告しているが、今回の豚分離株の耐性率は38.6%と高かった。さらに、人で使用されているニューマクロライド系のCAM及びAZMの耐性菌が豚から分離されたことは、公衆衛生上も重要な知見であることから、豚や豚肉と接触する機会が多い人への耐性菌の伝播等には注意を払う必要があると思われた。また、複数のTC系の耐性遺伝子が確認され、特に *tet(M)* 保有株のすべてはOTCのMIC値が32μg/ml以上の耐性を示したことから、*tet(M)* 保有株は高度耐性を示すことが推察された。

今回多くの耐性株が認められたEM、LCM及びOTC等の薬剤は、豚の呼吸器及び消化器感染症治療に対する

承認薬である。したがって、肥育時には耐性菌の出現を考慮した薬剤使用法の検討が必要と思われる。さらに、今後も継続的に *S. equisimilis* をはじめとする豚由来レンサ球菌について、各種薬剤に対する耐性状況の推移を注視していくことが家畜衛生上重要であると思われた。

引用文献

- [1] Ruoff KL, Whiley RA, Beighton D : Streptococcus, Manual of Clinical Microbiology, American Society for Microbiology, Murray PR, Baron EJ, Jorgensen JH, Pfaller MA, Tenover FC, Tenover FC eds, 405-421, ASM Press, Washington DC (2003)
- [2] Vandamme P, Pot B, Falsen E, Kerster K, Devriese LA : Taxonomic study of Lancefield Streptococcal groups C, G, and L (*Streptococcus dysgalactiae*) and proposal of *S. dysgalactiae* subsp. *equisimilis* subsp. nov, Int J Syst Bacteriol, 46, 774-781 (1996)
- [3] 砂押克彦, 油橋宏美, 小林玲子, 山本芳尚, 奥住捷子, 吉田 敦, 三澤慶樹, 安達桂子, 生方公子 : *Streptococcus dysgalactiae* subsp. *equisimilis* の遺伝子解析による *emm* 型別と経口抗菌薬感受性, 感染症誌, 80, 488-495 (2006)
- [4] 生方公子, 砂押克彦, 小林玲子, 奥住捷子 : C群およびG群溶血性レンサ球菌による侵襲性感染症についてのアンケート調査, 感染症誌, 80, 480-487 (2006)
- [5] Ikebe T, Murayama S, Saitoh K, Yamai S, Suzuki R, Isobe J, Tanaka D, Katsukawa C, Tamaru A, Katayama A, Fujinaga Y, Hoashi K, Watanabe H : Surveillance of severe invasive group-G streptococcal infections and molecular typing of the isolates in Japan, Epidemiol Infect, 132, 145-149 (2003)
- [6] Hashikawa S, Iinuma Y, Furushita M, Ohkura T, Noda T, Torii K, Hasegawa T, Ohta M : Characterization of group C and G streptococcal strains that cause streptococcal toxic shock syndrome, J Clin Microbiol, 42, 186-192 (2004)
- [7] Kalia A, Enright MC, Spratt BG, Bessen DE : Directional gene movement from human-pathogenic to commensal-like Streptococci, Infect Immun, 69, 4858-4869 (2001)
- [8] 萩田純子, 黒崎知道, 藤崎和仁, 牧野 巧, 石和田稔彦, 河野陽一 : 最近10年間のA群溶血性連鎖球菌における薬剤感受性, 特にマクロライド耐性の推移について, 感染症誌, 79, 871-875 (2005)
- [9] 勝見正道, 片岡 康, 高橋樹史, 菊池直哉, 平棟孝志 : と畜場搬入豚から分離されたβ溶血性レンサ球菌の性状と血清群, 日獣会誌, 60, 129-131 (1998)
- [10] Ferretti JJ, McShan WM, Adjić D, Savic DJ, G Savic, Lyon K, Primeaux C, Sezate S, Suvorov AN, Kenton S, Lai HS, Lin SP, Qian Y, Jia HG, Najjar FZ, Ren Q, Zhu H, Song L, White J, Yuan X, Clifton SW, Roe BA, McLaughlin R : Complete genome sequence of an M1 strain of *Streptococcus pyogenes*, Proc Natl Acad Sci USA, 98, 4658-4663 (2001)
- [11] Walter F, Siegel M, Malke H : Nucleotide sequence of the streptokinase gene from a group G Streptococcus, Nucleic Acids Res, 17, 1262 (1989)

- [12] Ferraro MJ, Wikler MA, Craig WA, Dudley MN, Eliopoulos GM, Hecht DW, Hindler J, Reller LB, Sheldon AT, Swenson JM, Tenover FC, Testa RT, Weinstein MP : An NCCLS global consensus standard, Methods for dilution antimicrobial susceptibility tests for bacteria that grow aerobically, 6th ed, Approved Standard M7-A6, NCCLS, Washington DC (2003)
- [13] Shryock TR, Apley M, Jones RN, Lein DH, Thornsberry C, Walker RD, Watts JL, White DG, Wu CC : An NCCLS global consensus standard, Performance Standards for Antimicrobial Disk and Dilution Susceptibility Tests for Bacteria Isolated from Animals. 2nd ed. Approved Standard M31-A2, NCCLS, Washington DC (2002)
- [14] Cuot PT, Salmeron CP, Carlier C, Courvalin P : Nucleotide sequence of the erythromycin resistance gene of the conjugative transposon Tn 1545, Nucleic Acids Res, 366 (1990)
- [15] 生方公子 : 呼吸器感染症原因微生物の質的变化による薬剤耐性化, 日化療会誌, 54, 69-94 (2006)
- [16] Seppala H, Skurnik M, Soini H, Roberts MC, Huovinen P : A novel erythromycin resistance methylase gene (*ermTR*) in *Streptococcus pyogenes*, Antimicrob Agents Chemother, 42, 257-262 (1998)
- [17] Kamradt AT, Clancy J, Cronan M, Hajj FD, Wondrack L, Yuan W, Sutcliffe J : *mefE* is necessary for the erythromycin-resistant M phenotype in *Streptococcus pneumoniae*, Antimicrob Agents Chemother, 41, 2251-2255 (1997)
- [18] Jeric PE, Azpiroz A, Lopardo H, Centron D : Survey of molecular determinants in Gram-positive cocci isolated from hospital settings in Argentina, J Infect Developing Countries, 1, 275-283 (2007)
- [19] Widdowson CA, Adrian PV, Klugman KP : Acquisition of Chloramphenicol Resistance by Linearization and Integration of the Entire Staphylococcal Plasmid pC194 into the Chromosome of *Streptococcus pneumoniae*, Antimicrob Agents Chemother, 44, 393-395 (2000)
- [20] Luthje P, Blickwede MK, Schwarz S : Identification and characterization of nine novel types of small staphylococcal plasmids carrying lincosamide nucleotidyltransferase gene *lnu(A)*, J Antimicrob Chemother, 59, 600-606 (2007)
- [21] Achard A, Villers C, Pichereau V, Leclercq R : New *lnu(C)* Gene Conferring Resistance to Lincomycin by Nucleotidylation in *Streptococcus agalactiae* UCN36, Antimicrob Agents Chemother, 49, 2716-2719 (2005)

Antimicrobial Susceptibilities and Resistant Genes in β-hemolytic Streptococci Isolated from Endocarditis in Slaughtered Pigs

Hideki FUJIMOTO*†, Terumi TANAKA, Hideki NISHIYA, Yasuhiro GUNJI, Seiji UTO, Morio INOUE and Takehisa CHUMA

* *Shibushi Meat Inspection Center, Kagoshima Prefecture, 5972-10 Anraku, Shibushi, Shibushi, 899-7104, Japan*

SUMMARY

A total of 101 β-hemolytic streptococci isolates including 91 *Streptococcus dysgalactiae* subsp. *equisimilis* (*S. equisimilis*) and 10 *Streptococcus porcinus* (*S. porcinus*) were obtained from septicemia-type verrucous endocarditis samples of pigs slaughtered in Kagoshima Prefecture. These *S. equisimilis* isolates were categorized into Lancefield group C (74 isolates) and untypable (17 isolates). Antimicrobial strains for aminoglycosides, tetracyclines, and macrolides were 72 (79.1%), 74 (81.3%), and 38 (41.8%), respectively. Nineteen aminoglycosides-resistant isolates harbored the *aph* (3')-IIIa gene. The *tet*(O) and *tet*(M) genes were detected from 46 and 17 tetracyclines-resistant isolates, respectively. The *ermB* and *mefA* genes were detected from 31 and 6 macrolides-resistant isolates, respectively. Our study demonstrated that *S. equisimilis* harboring antimicrobial-resistant genes have emerged among pigs in Kagoshima Prefecture.

— Key words : drug resistance, *S. equisimilis*, swine verrucous endocarditis.

† Correspondence to (Present address) : Hideki FUJIMOTO (Sueyoshi Meat Inspection Center, Kagoshima Prefecture)

8608-10 Suwakata, Sueyoshi, Soo, 899-8604, Japan

TEL 0986-76-1299 FAX 0986-76-1309 E-mail : fujimoto-hideki@pref.kagoshima.lg.jp

J. Jpn. Vet. Med. Assoc., 66, 138 ~ 142 (2013)