

# Humán és brojler csirke eredetű *Salmonella* Infantis törzsek antibiotikumrezisztenciája és klonalitása

Nógrády Noémi<sup>1</sup>, Imre Ariel<sup>2</sup>, Kostyák Ágnes<sup>3</sup>, Pászti Judit<sup>1</sup>  
és Nagy Béla<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Országos Epidemiológiai Központ, Fágtipizálási és Molekuláris  
Epidemiológia Osztály

<sup>2</sup>Magyar Tudományos Akadémia Állatorvostudományi Kutatóintézete

<sup>3</sup>Mezőgazdasági Szakigazgatási Hivatal Központi Élelmiszer- és  
Takarmánybiztonsági Igazgatóság, Mikrobiológiai Osztály

A szalmonellózis (a campylobakterózis mellett) napjainkban is egyike a legjelentősebb számban előforduló humán enterális megbetegedéseknek. Mivel azonban zoonózisról van szó, a szalmonellózis által okozott károk súlyosan érintik az állattartást, elsősorban a baromfi szektort. Hazánkban a 2000-es évekig (Európa sok más országával megegyezően) hagyományosan két szerotípus, a *Salmonella* Enteritidis és a *Salmonella* Typhimurium állt mind a humán, mind a baromfi eredetű megbetegedések élén. Napjainkra a helyzet azonban - elsősorban a húscsirkék esetében - jelentősen megváltozott. Míg a fentebb említett két kórokozó száma - vélhetően az ellenük bevetett vakcinázási programok sikere révén - jelentősen lecsökkent, addig egy másik szerotípus, a *Salmonella* Infantis izolálási aránya drámaian megemelkedett, és napjainkra a brojler csirke állományainkban 70% körüli értéket ért el. Hasonló, de szerencsére sokkal kevésbé jelentős emelkedés volt az elmúlt években tapasztalható a *Salmonella* Infantis okozta humán megbetegedések terén is; 2004-2005-ben e szerotípus a harmadik leggyakrabban izolált szerotípussá vált.

E megfigyelésektől vezérelve azt a célt tűztük ki, hogy jellemezzünk és hasonlítsunk össze a humán megbetegedésekből, valamint brojler csirkékből származó recens izolátumokat egymással, illetve a régebben, még e jelentős emelkedés előtti időben izolált törzsekkel.

## Módszerek

### *A törzsgyűjtemény összeállítása*

Összesen 138 *Salmonella* Infantis törzset gyűjtöttünk össze. Hat törzs (egy humán és öt csirkehús eredetű) 1994-ből, a Magyar Tudományos

Akadémia Állatorvostudományi Kutatóintézetének törzsgyűjteményéből származott. A további 132 törzset 2004-2005 során izolálták. Ezek közül 56 származott emberi megbetegedés során vett székletmintákból, amelyeket fágtipizálás céljára az ország legkülönbözőbb pontjairól az Országos Epidemiológiai Központ Fágtipizálási és Molekuláris Epidemiológiai Osztályára küldtek. A 29 csirke bélsár, valamint a 31 nyers és feldolgozott csirkehús eredetű törzset, amelyek szintén az ország legkülönbözőbb pontjairól származtak, a szalmonella gyérítési program keretében ugyanebben az időszakban az Országos Élelmiszervizsgáló Intézet (OÉVI) Mikrobiológiai Osztályán izolálták. Összehasonlításképpen az OÉVI rutin anyagából 16 egyéb állatból, illetve takarmányból származó izolátumot is beválogattunk a gyűjteménybe. A törzseket törzsagaron tartottuk fenn és vizsgálatig -8 °C-on tároltuk.

### ***Fenotipizáló módszerek***

A törzsek szerotipizálását a Kauffmann-White séma alapján (Popoff et al., 2001), fágtipizálásukat a magyar fagsorozattal és sémával (László et al., 1988) végeztük.

Az antibiotikumérzékenységet Mueller-Hinton agaron, korongdiffúziós módszerrel (Oxoid korongokkal), a CLSI előírása szerint (CLSI, 2005), a következő antibiotikumokkal szemben teszteltük: ampicillin, cefotaxim, kloramfenikol, ciprofloxacín, gentamicin, kanamycin, nalidixinsav, streptomycin, szulfonamid, szulfamethoxazole/trimethoprim és tetraciklin.

### ***Genotipizáló módszerek***

Egyes antibiotikumrezisztencia gének valamint az 1-es típusú integronok jelenlétének kimutatása

A törzsek 1-es típusú integron hordozását a Lévesque és munkatársai (Lévesque et al., 1995) által leírt PCR módszerrel mutattuk ki. A szulfonamid rezisztenciát kódoló sul1 gén jelenlétét a Sandvang és munkatársai (Sandvang et al., 1998), a tet(A) és tet(B) gének jelenlétét a Guerra és mtsai (Guerra et al., 2001) illetve a Guillaume és mtsai (Guillaume et al., 2000) által leírt PCR módszerekkel vizsgáltuk. A kimutatott 1-es típusú integron variábilis régiójában kódolt rezisztencia gént három, különböző forrásból származó törzs esetében, a PCR során használt primerek segítségével végzett szekvenálással mutattuk ki. A kapott szekvenciáknak a Génbanki szekvenciákkal való összehasonlítására a BLAST programmal került sor (<http://www.ncbi.nih.gov>).

## ***Pulzáltatott mezejű gélelektroforézis***

A törzsek pulzáltatott mezejű gélelektroforézisét (PFGE) a CDC PulseNet által megalkotott és nemzetközileg elfogadott leírás szerint végeztük, a javasolt XbaI restrikciós enzimet használva (Swaminathan et al., 2001). A gélfotók kiértékelésére (a DNS mintázatok összehasonlítása a genetikai rokonság megállapítására) a Bio-Rad által forgalmazott Fingerprinting II programot használtuk.

## ***Plazmid preparálás, konjugáció és restrikciós emésztés***

A plazmid preparálás a Kado és Liu által leírt (Kado and Liu, 1981) alkalikus lízis módszerrel történt. A gélelektroforézist vertikális rendszerben, 0,75%-os agaróz gélben végeztük. A kapott plazmid méretét ismert méretű referencia plazmidokéhoz való hasonlítással, a Bio-Rad Quantity One programja segítségével határoztuk meg.

A nagyplazmid más törzsbe való átvihetőségének vizsgálatára konjugációs kísérleteket végeztünk. Három különböző eredetű, de csak nagyplazmiddal rendelkező törzset választottunk donornak, míg recipiensként a plazmidmentes *E. coli* J 5-3 Rif<sup>R</sup> törzs szolgált. A kapott transzkonjugáns törzsek kiszelektálására 10mg/L tetraciklinnel, valamint 300 mg/L rifamicinnel kiegészített Mueller-Hinton agaron került sor. A konjugáció révén a transzkonjugánsokba átkerült rezisztencia tulajdonságok vizsgálata az előzőekben említett módszerekkel volt elvégezhető. Az átvitt nagyplazmid tisztítását, valamint restrikciós hasítását – EcoRI enzimmel – a standard módszerek segítségével végeztük.

## **Eredmények**

A törzsek eredetére, antibiotikumrezisztencia típusára, fág típusára, 1-es típusú integron hordozására, plazmid tartalmára valamint pulzotípusára (PFGE mintázatára) vonatkozó adatokat az 1. táblázat foglalja össze. Látható, hogy a törzsek többsége (68%-a) két fág típusba (213 és 217) tartozott. A törzsek 72%-ára volt jellemző a nalidixinsav-streptomycin-szulfonamid-tetraciklin többszörös rezisztencia kép, amely rezisztenciák olykor még továbbiakkal egészültek ki. Így például az előbbi rezisztenciákon túl 8 törzs volt rezisztens még az ampicillinre, 1 a kloramfenikolra, 3 a ciprofloxacinnra, 2 a kanamycinre és további 3 a szulfonamid/trimetoprim kombinációjára is. Érdeemes megjegyezni, hogy amíg a recens izolátumok között alig találtunk néhányat, amelyek érzékenyek a megvizsgált antibiotikumokkal szemben (mindösszesen 2004-ből 2, 2005-ből pedig 5 humán eredetű törzs bizonyult csak érzékenynek, és

az állati törzsek mindegyike legalább a nalidixinsavra rezisztensnek bizonyult), addig az 1994-ből származó összes törzs érzékeny volt.

**1. táblázat: Emberi székletmintákból, brojler csirkék bélsár és húsmintáiból és egyéb forrásokból 1994-ben, valamint 2004 és 2005 folyamán Magyarországon izolált összesen 138 *Salmonella* Infantis törzs tulajdonságai**

Az izolálás éve	Eredet <sup>a)</sup>	Rezisztencia típus <sup>b)</sup>	Fágtípus <sup>c)</sup>	1-es típusú integron	>168 kb. plazmid	Pulzotípus <sup>c)</sup>
<b>1994</b> (n=6)	HS (n=1)	-	883	-	-	A1
	CM (n=2)	-	883	-	-	A1
	CM (n=1)	-	313	-	-	A1
	CM (n=1)	-	213	-	-	A3
	CM (n=1)	-	111	-	-	A1
<b>2004</b> (n=63)	HS (n=2)	ANxSSuT	213, 653	+	+	B2
	HS (n=21)	NxSSuT	213 <sup>19</sup> , 217 <sup>2</sup>	+	+	B1 <sup>2</sup> , B2 <sup>18</sup> , C2
	HS (n=9)	NxSSuT	Egyéb <sup>*)</sup>	+	+	B1, B2 <sup>7</sup> , E
	HS (n=3)	Nx	213, 217, 637	-	+	B1 <sup>2</sup> , B2
	HS (n=2)	-	513, 111	-	-	A1, A3
	CM (n=14)	NxSSuT	213 <sup>10</sup> , 217 <sup>4</sup>	+	+	B1, B21 <sup>1</sup> , B3, B5
	CF (n=1)	ACCipKNxSSuSxtT	217	+	+	D1
	CF (n=1)	AKNxSSuSxtT	213	+	+	D2
	CF (n=1)	CipNxSSuT	Nt <sup>d)</sup>	+	+	C1
	CF (n=1)	CipNx	213	-	+	B2
	CF (n=1)	ANxSSuT	217	+	+	B2
	CF (n=7)	NxSSuT	111 <sup>3</sup> , 213 <sup>3</sup> , 217	+	+	B2 <sup>4</sup> , A2 <sup>3</sup>
<b>2005</b> (n=69)	HS (n=1)	ANxSSuSxtT	217	+	+	B2
	HS (n=2)	ANxSSuT	213, 217	+	+	B2
	HS (n=10)	NxSSuT	213 <sup>4</sup> , 217 <sup>6</sup>	+	+	B2
	HS (n=1)	SSuT	213	+	-	A1
	HS (n=5)	-	111, 213, 214, 451, 481	-	-	A1, A4 <sup>2</sup> , B4 <sup>2</sup>
	CM (n=6)	NxSSuT	217	+	+	B1, B2 <sup>5</sup>
	CM (n=8)	NxSSuT	111, 6174, 637, 687, 817	+	+	B2 <sup>6</sup> , A2 <sup>2</sup>
CM (n=3)	Nx	217 <sup>2</sup> , 617	-	+	B2	

Az izolálás éve	Eredet <sup>a)</sup>	Rezisztencia típus <sup>b)</sup>	Fágtípus <sup>c)</sup>	1-es típusú integron	>168 kb. plazmid	Pulzotípus <sup>c)</sup>
2005 (n=69)	CF (n=8)	NxSSuT	217	+	+	B1, B2 <sup>7</sup>
	CF (n=7)	NxSSuT	117, 211, 213, 617 <sup>3</sup> , 687	+	+	B1, B2 <sup>6</sup>
	CF (n=2)	Nx	217	-	+	B1
	OS (n=9)	NxSSuT	217	+	+	B1 <sup>4</sup> , B2 <sup>5</sup>
	OS (n=1)	NxSSuT	213	+	+	B2
	OS (n=6)	-	113 <sup>3</sup> , 213 <sup>1</sup> , 217 <sup>2</sup>	-	-	A3 <sup>2</sup> , A5, A <sup>6</sup> , B4 <sup>2</sup>

a) HS: emberi széklet, CM: brojler csirke hús, CF: brojler csirke bélsár, OS: egyéb források, amelyek a következők voltak: szarvasmarha (2), sertés (8), vaddisznó (3), tojáspor (1) és takarmány (2)

b) A: ampicillin (10 µg), C: kloramfenicol (30 µg), Cip: ciprofloxacín (5 µg), K: kanamycin (30 µg), G: gentamicin (10 µg), Nx: nalidixinsav (30 µg), S: streptomycin (10 µg), Su: szulfonamid (300 µg), Sxt: trimetoprim/szulfametoxazol (1.5 µg/ 23.75µg), T: tetraciklin (30 µg).

c) A felső indexben szereplő számok az adott fág- vagy pulzotípushoz tartozó törzsek számát jelentik, amennyiben az adott kategóriában többféle fág-, illetve pulzotípus volt megfigyelhető és oda egynél több törzs tartozott.

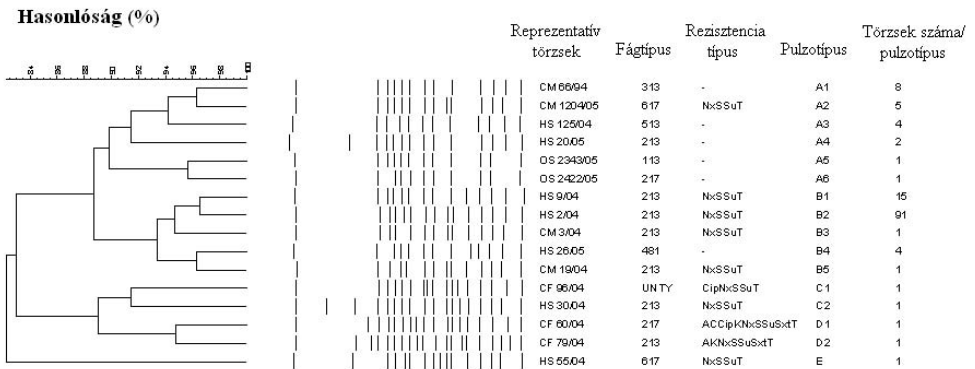
d) Ez a törzs a magyar fágSORozattal nem volt tipizálható.

\*) 113, 117<sup>2</sup>, 613, 617, 627, 653, 683, 817.

A recens rezisztens izolátumok csaknem mindegyikében (pontosan 92%-ukban) találtunk egyetlen, PCR-el körülbelül 1,0 kilobázis méretű terméket adó 1-es típusú integront, amely viszont az 1994-es izolátumokból hiányzott. Eme integronnak három különböző forrásból származó reprezentatív törzsen végzett szekvenálásával azt találtuk, hogy az integron variábilis régiója a streptomycin-spectinomycin rezisztenciáért felelős aadA1 gént kódolja. A szulfonamid rezisztencia hátterében minden szulfonamid rezisztens törzs esetében (110/110) - a szintén ezen az integronon elhelyezkedő - sul1 gént mutattuk ki. A tetraciklin rezisztenciát a 110 tetraciklin rezisztens törzs közül 103-ban a tet(A) gén kódolta, tet(B) gént egyetlen törzsből sem mutattunk ki. A törzsek nalidixinsav rezisztenciájának hátterében a bakteriális kromoszóma giráz és/vagy topoizomeráz enzimeket kódoló, egy vagy több génjében bekövetkezett mutáció(k) sejthető(k), ám ennek kiderítése külön vizsgálat sorozat célja.

Adatainkat más országok kutatóinak a témában elért és a szakirodalomban fellelhető eredményeivel összevetve azt az érdekességet fedeztük fel, hogy a magyarországi adatokhoz hasonlóan magas streptomycin és tetraciklin rezisztenciát, valamint az általunk is kimutatott

integron jelenlétét mutatták ki Japán szerzők is recens, Japán húscsirke eredetű *Salmonella* Infantis törzsekből (Kukada et al., 2006 és Shahada et al., 2006). Az antibiotikumrezisztencia vizsgálatokon túl Kukada és mtsai PFGE vizsgálatokat is végeztek. Brojler csirkék kloaka tampon mintáiból és húsból izolált törzsek PFGE mintázatát emberi megbetegedésekből izolált törzsekével összevetve nem találtak a törzsek között genetikai kapcsolatot. A mi PFGE vizsgálataink ezzel ellentétes eredményre vezettek. Habár a megvizsgált 138 törzs összesen öt genetikai csoportba osztható 16 különböző PFGE mintázatba (pulzotípusba) volt sorolható (1. ábra), a recens törzsek döntő zöme (66%) egyetlen pulzotípusba (a B2 típusba) tartozott, azaz azonos genetikai klónt képviselt, humán vagy állati eredetétől függetlenül. Más szavakkal: a 138 törzsből 91 recens törzs (41 humán, 19 csirke bélsár, 25 csirkehús és 6 egyéb eredetű törzs) PFGE mintázata teljesen megegyezett, azaz ezek a törzsek genetikailag azonosnak (egy klónba tartozónak) tekinthetők. Érdeemes megjegyezni, hogy a '94-es törzsek nem csak antibiotikum érzékenységgükkel és integron mentességükkel különböztek el a recens törzsektől, de teljesen más pulzotípusokba (A1 és A3) is tartoztak.

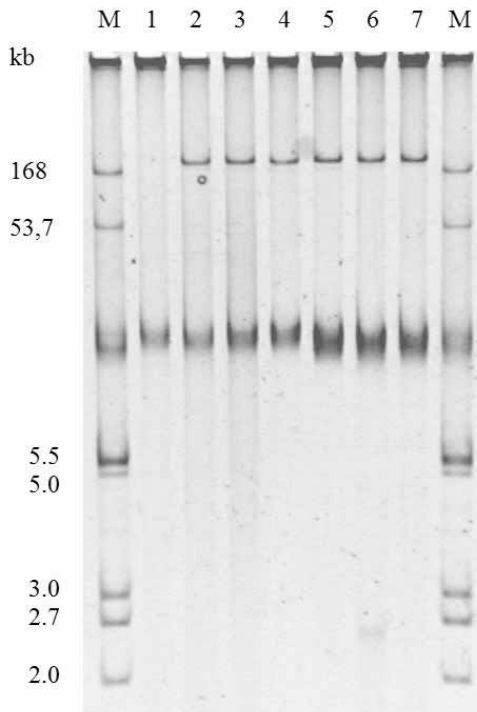


### 1. ábra: A megvizsgált 138 *Salmonella* Infantis izolátum által képviselt 16 különböző PFGE mintázat alapján készült családja

A 138 *Salmonella* Infantis izolátum teljes genomialis DNS-ének XbaI enzimmel végzett hasítása 16-féle különböző PFGE mintázattal eredményezett, amelyeket 5 nagy rokonsági csoportba (A-E-ig jelölve) soroltunk. Azokat az izolátumokat, amelyek mintázata legalább 90%-ban hasonlított egymásra, azonos csoportba soroltuk. Egy adott csoporton belül az egymástól legalább egy sávban eltérő mintázatokat altípusoknak tekintettük és ezeket a csoport neve mellé illesztett arab számokkal jelöltük (pl.: A1).

A plazmid profil vizsgálatok arra derítettek fényt, hogy a recens rezisztens törzsek (egyetlen kivétellel) egységesen rendelkeztek egy nagy (168 kilobázisnál nagyobb méretű) plazmiddal, amely az érzékeny

törzsekből - így a '94-es törzsekből is - hiányzott. Ez a megfigyelés felvetette a nagyplazmidnak az utóbbi években, horizontális transzfer útján való felvételének lehetőségét, amely egyes antibiotikumrezisztenciák felvételével is együtt járhatott. Ennek az elképzelésnek az alátámasztására (vagy elvetésére) konjugációs kísérleteket végeztünk 3 kiválasztott (különböző eredetű, de a klónra jellemző tulajdonságokat mutató) recens törzset használva plazmid donorként, és a plazmidmentes *E. coli* J 5-3 törzset választva recipiensként (2.A ábra).

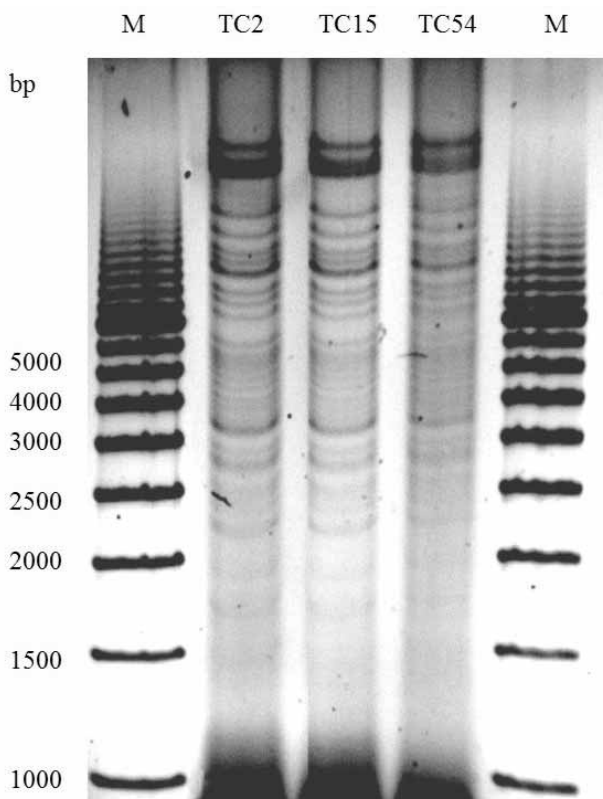


**2.A ábra: Három különböző eredetű (humán, csirkehús és csirke bélsár, HS2/04, CM15/04 valamint CF54/04 jelzéssel) *Salmonella* Infantis izolátum, valamint a belőlük származó transzkonjugánsok (TC2, TC15 és TC54) plazmid mintázata**

A minták sorrendje a gélben: M: ismert mólsúlyú marker plazmidok keveréke, 1: plazmidmentes *E. coli* J 5-3, 2:HS2/04, 3:CM15/04, 4:54/04, 5:TC2, 6:TC15 és 7:TC54. A mólsúlymarker plazmidok mérete (kilobázisban megadva) a gélfotó mellett szerepel.

A kapott transzkonjugánsok vizsgálatával fény derült arra, hogy a nagyplazmid átvitele együtt járt a tet (A) gén, valamint az 1-es típusú integron átvitelével (azaz ezek az antibiotikumrezisztenciát meghatározó genetikai elemek a nagyplazmidon helyezkednek el és azzal együtt

terjednek). A transzkonjugásokból tisztított nagyplazmidok restrikciós emésztéssel nyert mintázata azonosnak bizonyult (2.B ábra), ami azt bizonyítja, hogy a különböző forrásokból nyert nagyplazmidoknak nem csak a mérete, de a szerkezete is megegyező.



**2.B ábra: A transzkonjugásokból tisztítással kinyert nagyplazmidok restrikciós hasítás utáni mintázata**

Megjegyzés: A mólsúlymarker sávjainak mérete (bázispárban megadva) a gélfotó mellett szerepel

## Következtetések

Munkánkkal szeretnénk felhívni a figyelmet egy multirezisztens *Salmonella* Infantis klónnak az elmúlt években történt magyarországi megjelenésére és terjedésére. A klónhoz tartozó (a B2 pulzotípusba sorolt) törzseket a 213 vagy 217 fágtípusokba tartozás, a nalidixinsav-streptomycin-szulfonamid-tetraciklin rezisztenciakép, valamint egy nagy, konjugatív plazmid (amely a tetraciklin rezisztencia gént és egy 1-es típusú integront is hordoz) jelenléte jellemzi. Eredményeink arra utalnak, hogy a



brojler csirke lehet a klón rezervoárja, ahonnan a törzsek a csirkehús révén a fogyasztóig is eljutnak. A törzsek multirezisztenciája, különösképpen a kinolon rezisztencia aggodalomra adhat okot, mivel a nalidixinsav rezisztencia csökkent ciprofloxacín érzékenységgel járhat együtt, a fluorokinolonok viszont a súlyos szalmonellózisok kezelésekor az elsőként választandó szerek között szerepelnek.

## Köszönetnyilvánítás

A szerzők hálásan köszönik Király Józsefné, Koppány Péterné és Orbán Lászlóné asszisztensnők kiváló technikai segítségét. A munka részben az NKFP 4/040/2001 konzorcium anyagi támogatásával folyt. Nógrády Noémi köszöni a Magyar Tudományos Akadémia Bolyai János posztdoktori ösztöndíj formájában nyújtott támogatását.

## Irodalomjegyzék

- Clinical and Laboratory Standards Institute/NCCLS. Performance Standards for Antimicrobial Susceptibility Testing (2005) Fifteenth Informational Supplement (CLSI/NCCLS document M100-S15). CLSI, Wayne, PA. USA.
- Guerra B, Soto SM, Argüelles JM et al. (2001) Multidrug resistance is mediated by large plasmids carrying a class 1 integron in the emergent *Salmonella enterica* serotype [4,5,12:i-]. *Antimicrob Agents Chemother.* **45**, 1305-8
- Guillaume G, Verbrugge D, Chasseur-Libotte M-L et al. (2000) PCR typing of tetracycline resistance determinants (Tet A-E) in *Salmonella enterica* serotype Hadar and in the microbial community of activated sludges from hospital and urban wastewater treatment facilities in Belgium. *FEMS Microbiol Ecol.* **32**, 77-85
- Kado CL and Liu ST. (1981) Rapid procedure for detection of large and small plasmids. *J Bacteriol.* **145**, 1365-73
- Kudaka J, Itokazu K, Taira K et al. Characterization of *Salmonella* isolated in Okinawa, Japan. *Jpn J Infect Dis.* 59: 15-9, 2006
- Laszlo VG, Csak K and Csorian ES. (1988) A phage system for *Salmonella infantis*. *Acta Microbiol Hung.* **35**, 55-69
- Levesque C, Piche L, Larose C et al. (1995) PCR mapping of integrons reveals several novel combinations of resistance genes. *Antimicrob Agents Chemother.* **39**, 185-91
- Popoff MY, Bockemuhl J and Gheesling LL. (2003) Supplement 2001 (no. 45) to the Kauffmann-White scheme. *Res Microbiol.* **154**, 173-4

- Sandvang D, Aaerestrup FM and Jensen LB. (1998) Characterization of integrons and antibiotic resistance genes in Danish multiresistant *Salmonella* enterica Typhimurium DT104. FEMS Microbiol Lett, **160**, 37-41
- Shahada F, Chuma T, Tobata T et al. (2006) Molecular epidemiology of antimicrobial resistance among *Salmonella* enterica serovar Infantis from poultry in Kagoshima, Japan. Int J Antimicrob Agents; **28**, 302-7
- Swaminathan B, Barrett TJ, Hunter SB et al. (2001) PulseNet: The molecular subtyping network for foodborne bacterial disease surveillance, United States. Emerg Infect Dis. **7**, 382-9

## **Humán és brojler csirke eredetű *Salmonella* Infantis törzsek antibiotikumrezisztenciája és klonalitása**

### **Összefoglalás**

A vizsgálat során emberi megbetegedésekből, brojler csirkék bélsár és húsmintáiból valamint néhány egyéb állati mintából izolált, 2004-2005-ből származó összesen 132 recens és 6 1994-ben izolált *Salmonella* Infantis törzsből álló gyűjteményt jellemeztünk fenotípus- és genotípusjellemzőkkel.

Meghatároztuk a törzsek fágtípusát és vizsgáltuk a jelentősebb antibiotikumokkal szembeni érzékenységüket. Az egyes tapasztalt antibiotikumrezisztenciák hátterében álló géneket, valamint ezek esetleges integronos elhelyezkedését PCR módszerrel tártuk fel. A törzsek közötti genetikai rokonságot pulzáltatott mezejű gélelektroforézissel és plazmid mintázat analízissel határoztuk meg. A kimutatott plazmid átvihetőségét konjugációs kísérletekben vizsgáltuk.

Az ország legkülönbözőbb helyeiről származó recens törzseink többsége – a régebbi izolátumokkal szemben – 2 egymáshoz közeli rokon fágtípusba, a 213 és 217 fágtípusokba tartozott és multirezisztensnek bizonyult, jellemzően nalidixinsav-streptomycin-szulfonamid-tetraciklin rezisztenciaképpel. E rezisztenciák közül a streptomycin és szulfonamid rezisztenciákat egy 1-es típusú integron, a tetraciklin rezisztenciát pedig a tet(A) gén kódolja. Az integron és a tet(A) gén is – a törzsek zömében megtalálható – nagy plazmidon helyezkednek el, amely plazmid segítségével – konjugáció révén, horizontális géntranszferrel – más törzsekbe is átjuthatnak. A törzsek 66%-a ugyanabba a genetikai klónba tartozónak bizonyult emberi, illetve állati eredetüktől függetlenül.

Eredményeink szerint úgy tűnik, hogy a brojler csirke rezervoárja lehet a jellemzett multirezisztens *Salmonella* Infantis klónhoz tatózó törzseknek, amelyek a csirkehússal a fogyasztóig is eljuthatnak.

## **Antibiotic resistance and clonal relationship of *Salmonella* Infantis strains isolated from broiler chickens and humans in Hungary**

### **Abstract**

In this study a *Salmonella* Infantis strain collection, which was set up from 132 recent (2004-2005) and 6 older (1994) isolates originating from broiler chicken faeces and meat as well as from human stool samples, was characterised by pheno- and genotyping methods.

All strains were phage typed and their susceptibility to 10 important antimicrobial agents was tested. The presence of the antimicrobial resistance genes and their possible location on a class 1 integron was investigated by PCR. Genetic relatedness of the isolates was tested by PFGE and plasmid profiling. The transferability of the detected large plasmid was tested in conjugation experiments.

In contrast to the older isolates the recent ones belonged to only two, closely related phage types, the phage types 213 and 217 and were characterised by nalidixic acid-streptomycin-sulphonamide-tetracycline resistance type. Out of these resistances the streptomycin and sulphonamide were encoded by the *aadA1* and *sul1* genes, both of which were located on a class 1 integron. In most cases the tetracycline resistance was coded by the *tet(A)* gene. The class 1 integron and the *tet(A)* gene were located on a large, conjugative plasmid, which can promote the spread of these resistance elements (e. g. via horizontal gene transfer). A 66% of the isolates represented one genetic clone, irrespectively of the origin, as determined by XbaI PFGE fingerprinting.

It seems that broiler chicken constitute a reservoir for one large (and few smaller) multidrug-resistant *Salmonella* Infantis clones in Hungary, which might have spread to humans through chicken meat.