

## 第 413 回雑誌会

(Jul. 4, 2024)

### (1) Tracking the source of antibiotic-resistant *Escherichia coli* in the aquatic environment in Shiga, Japan, through whole-genome sequencing

Ma, C., Ihara, M., Liu, S., Sugie, Y. and Tanaka, H.

Environmental Advances, 8 ,100185 (2022).

Reviewed by R. Matsuyama

薬剤耐性菌による感染症は、公衆衛生における最重要な問題である。なかでも薬剤耐性大腸菌 (AR-*E. coli*) は、臨床株や動物株から多数検出されている。また、AR-*E. coli* は水環境中にも広く存在し、琵琶湖においても頻繁に検出されている。そこで本研究では、琵琶湖の湖水、流入河川水 (河川水)、琵琶湖周辺の下水処理施設の流入水および放流水の AR-*E. coli* を収集し、その発生源の特定を目的とした。試料水からメンブレンフィルター法で大腸菌を捕捉し、非選択株 98 株、アンピシリン耐性株 (AMP-*E. coli*) 72 株、テトラサイクリン耐性株 (TC-*E. coli*) 47 株、合計 217 株を収集した。各大腸菌株は DNA を抽出し、全ゲノム配列を取得した。大腸菌株の系統群は ClermonTyping によって A, B1, B2, C, D, E, F に分類し、13 種の大腸菌宿主特異的遺伝子マーカー (ヒト 4 種, ウシ 2 種, ブタ 3 種, ニワトリ 4 種) で宿主を決定した。また、宿主の割合から各試料水の大腸菌の類似性を評価した。

非選択株の最優占系統群は、流入水、放流水、湖水において、それぞれ B2 (4/9 株), B1 (19/50 株), B1 (24/39 株) であった。各試料の非選択株における最優占宿主は、流入水ではヒト (3/9 株), 放流水ではヒト (14/50 株), 湖水ではニワトリ (10/39 株) であった。B1 は家畜から分離された大腸菌の主な系統群であるとされており、湖水は主に畜産による糞便汚染を受けていると考えられる。AMP-*E. coli* 株の最優占系統群は、流入水で B2 (7/18 株), 放流水で B1 と B2 (9/30 株), 湖水では D (9/24 株) であった。AMP-*E. coli* 株の宿主は、ニワトリの占める割合が最も多く、流入水で 8 株, 放流水で 11 株, 湖水で 4 株であった。また、TC-*E. coli* 株の最優占系統群は、流入水で B2 (4/11 株), 放流水で B2 (5/12 株), 河川水で B1 (12/24 株) であった。TC-*E. coli* 株の主要な宿主の割合は、流入水でヒト (3/11 株), 放流水でヒトとニワトリ (5/12 株), 河川水でニワトリ (7/24 株) であった。また、Morishita-Horn 指数によって類似性を評価した結果、湖水と放流水の AMP-*E. coli* 株は、宿主の類似度が高かった。一方で、TC-*E. coli* 株は、全てのサンプル間で宿主の類似度は低かった。以上のことから、琵琶湖における AR-*E. coli* は、ニワトリが主な発生源であると推察される。全ゲノム解析と宿主特異的遺伝子マーカーを組み合わせることで AR-*E. coli* の発生源を特定できることが示唆された。