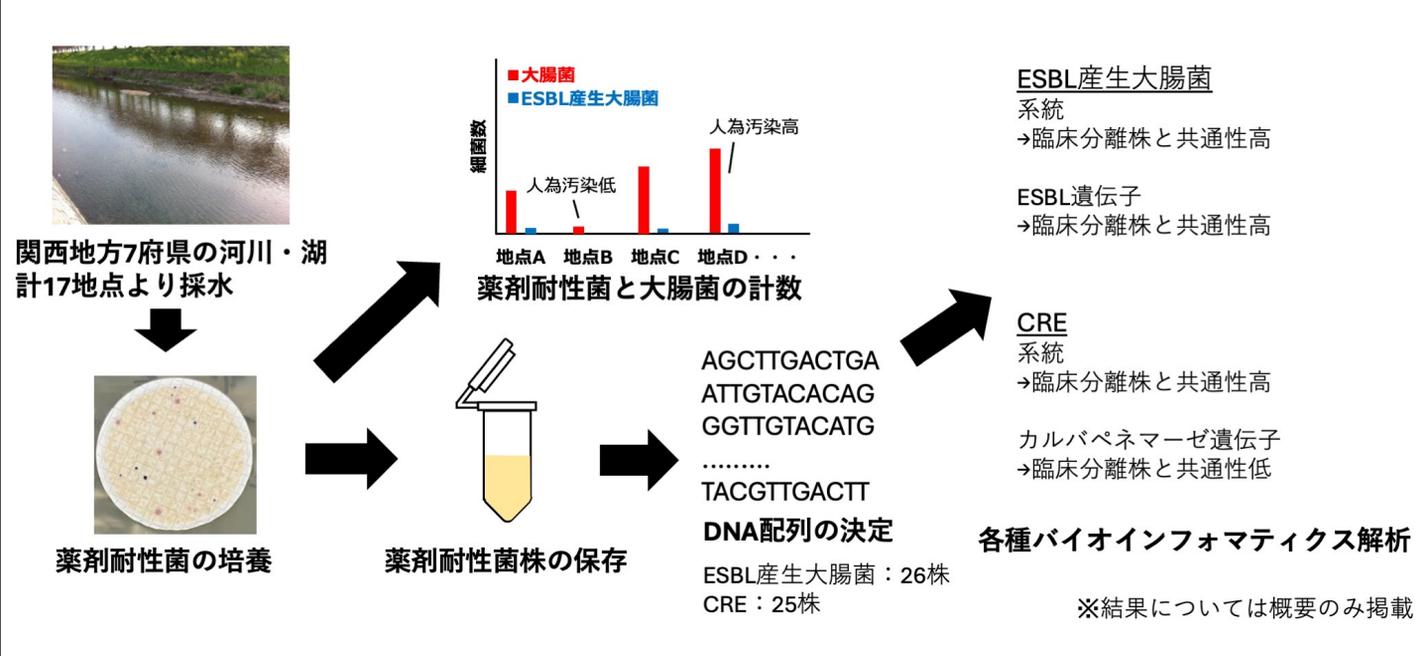


研究課題番号	【5RF-2301】
研究領域	安全確保領域
研究課題	「環境水中の薬剤耐性菌の網羅的ゲノム解析」
研究代表者（所属）	五味良太（国立大学法人京都大学）
研究期間	2023年度～2025年度
研究キーワード	薬剤耐性菌、ゲノム解析、ワンヘルス、環境水、腸内細菌目細菌

## 研究概要と進捗状況（中間の2024年度時点）

近年、抗生物質が効かない細菌（=薬剤耐性菌）が世界中で増加し、大きな問題となっている。一見医療現場だけでの問題と捉えられがちな薬剤耐性菌であるが、実は河川等の環境中にも数多く存在することが知られている。しかし、河川水や湖水といった環境水中の薬剤耐性菌に関する情報は不足しているのが現状である。このことから、本研究では、全国の環境水における薬剤耐性菌の濃度や、それら薬剤耐性菌の遺伝学的性状を明らかにすることを目的とした。

中間報告書作成時点で、関西地方7府県の河川・湖、計17地点より採水を行い、薬剤耐性菌として基質特異性拡張型ベータラクタマーゼ（ESBL）産生大腸菌とカルバペネム耐性腸内細菌目細菌（CRE）の培養検出を行った。結果、地点によって薬剤耐性菌の濃度は大きく異なったが、人為起源の汚染が激しいと考えられる地点においては、薬剤耐性菌濃度や大腸菌に占める薬剤耐性菌の割合が高くなる傾向があることがわかった。また、この過程で単離保存したESBL産生大腸菌26株とCRE25株の全ゲノム配列を決定した。全ゲノム配列を解析したところ、ESBL産生大腸菌については、臨床分離株と系統や保有する薬剤耐性遺伝子に関して共通性が高いということがわかった。一方、CREに関しては、臨床分離株で頻繁に検出される属に分類されたものの、検出されたカルバペネマーゼ遺伝子（カルバペネム分解酵素をコードする遺伝子）については臨床分離株との共通性が少ないことがわかった。



## 環境政策等への貢献

- ・関係省庁で作られた「薬剤耐性（AMR）ワンヘルスプラットフォーム」で今回得られたデータを公開することや、モニタリング調査結果をデータベース化することなどにより、地方自治体やワンヘルスの関係者への普及啓発に寄与することになると考える。
- ・本研究の成果、特にESBL産生大腸菌の濃度と遺伝学的性状に関する情報は、薬剤耐性菌に関する環境基準値設定を検討する際に活用できるものとする。