

## 南極およびオホーツク海で採取した流氷における 構成菌種の同定と薬剤耐性遺伝子の検出

登坂唯香<sup>1</sup>、中島千絵<sup>2</sup>、大久保寅彦<sup>1</sup>、石原加奈子<sup>1</sup>、鈴木定彦<sup>2</sup>、伊村智<sup>3</sup>、田村豊<sup>1</sup>

<sup>1</sup>酪農学園大学獣医学部

<sup>2</sup>北海道大学人獣共通感染症リサーチセンター

<sup>3</sup>国立極地研究所

### Detection of bacterial flora and antimicrobial resistant genes in drift ice collected from the Antarctic and Okhotsk oceans.

Yuika Tosaka<sup>1</sup>、Chie Nakazima<sup>2</sup>、Torahiko Ohkubo<sup>1</sup>、Kanakano Ishihara<sup>1</sup>、Yasuhiko Suzuki<sup>2</sup>、Satoshi Imura<sup>3</sup>、Yutaka Tamura<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Rakuno Gakuen University School of Veterinary Medicine

<sup>2</sup>Hokkaido University Research Center for Zoonosis Control

<sup>3</sup>National Institute of Polar Research

Antibiotic-resistant bacteria has increased rapidly in half century, as widespread use of antibiotics by human. However, antibiotic-resistant bacteria and genes were detected in the polar region where antibiotic use by humans has been limited. In this study, we used drift ice collected from Antarctic and Okhotsk ocean where the human intervention was different. Then we identified the composition bacteria and compared with the spread of antimicrobial resistant genes. We founded *vanA* gene in drift ice collected from Okhotsk ocean but not Antarctic ocean. Consequently, these data suggested that the human activity related to the spread of antimicrobial resistant genes.

抗菌薬は使用量の増加と共にわずか半世紀で数多くの薬剤耐性菌を生み出してきた。しかし、人の介入が極めて少ない極域においてもいくつかの薬剤耐性菌の分離が報告され、薬剤耐性遺伝子の起源に興味を持たれている。また最近の研究では、環境微生物の多くは難培養性であることが明らかとなっており、環境微生物の研究を阻害している。本研究では、高精度な直接 DNA 抽出法を用いて、人の介入による影響に違いがあると考えられる2地域の流氷の構成細菌の同定と、人による介入と薬剤耐性遺伝子の拡散との関連性を評価した。直接 DNA 抽出法により各サンプルから細菌 DNA を抽出し、16s rRNA 遺伝子の塩基配列による菌種同定を行った結果、南極およびオホーツク海の流氷サンプル共に、 $\gamma$  プロテオバクテリア網細菌が優占菌であった。第二優占菌は、南極流氷サンプルでは  $\alpha$  プロテオバクテリア網、オホーツク海流氷サンプルではフラボバクテリア網の細菌であった。さらに、新規細菌と考えられる細菌が両サンプル合わせて5.9%検出された (Fig.1)。また、薬剤耐性に関与する各種遺伝子を検索したところ、オホーツク流氷サンプルのみでグリコペプチド系抗菌薬耐性遺伝子 *vanA* が検出され、また両サンプルでクラス2インテグロンインテグラーゼ遺伝子 *intI2* が検出された。本研究の成績から、人の介入と薬剤耐性遺伝子の拡散に関連性があることが示唆された。また、直接 DNA 抽出法により、新規細菌の検出が可能であることが示されたため、今後、この方法を用いて極域の永久凍土や氷河に含まれる細菌 DNA を分析することで、薬剤耐性遺伝子の起源を探ることが可能であると考えられた。

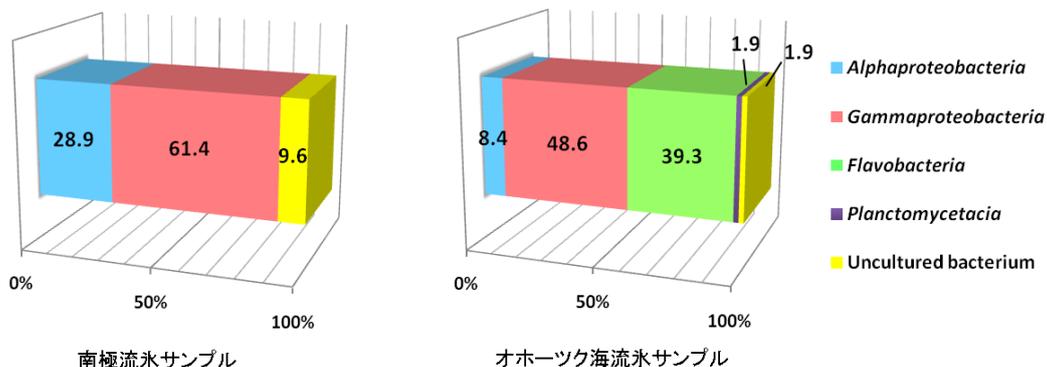


Fig 1. 南極流氷サンプル及びオホーツク海流氷サンプルの構成細菌