

琵琶湖流域を対象とした薬剤耐性遺伝子の分布図の作成
Antibiotic resistance genes in the Lake Biwa watershed

立命館大学 理工学部 環境都市工学科 沈 尚

研究成果概要

河川および下水処理場は、薬剤耐性遺伝子(ARG)を湖沼へと輸送する。ARGとそのキャリアを同時に網羅的に解析し、湖沼内での持続性を追跡した研究は依然として限られている。本研究では、日本の琵琶湖、流入河川 11 地点、および 1 カ所の下水処理場から細菌画分およびウイルス画分を採取し、ショットガンメタゲノム解析を実施した。その結果、326 の細菌染色体ゲノム、7,917 のプラスミドコンティグ(うち 472 は接合関連遺伝子を保有)、および 32,375 のウイルスコンティグを再構築した。染色体上には 1,502 個の ARG が同定され、その多くはフルオロキノロン系およびグリコペプチド系耐性に関連していた。プラスミドは、25 の薬剤クラスにまたがる排出ポンプ型(efflux)および標的改変型(target alteration)の耐性決定因子をコードしていた。ウイルスゲノムのうち ARG を保有していたのは 3.6%にとどまり、その主な内訳は *qnr* および *dfir* であった。ARG クラスの組成はキャリア間で異なり、土地利用や家畜密度とは無関係に空間的モザイク構造を形成していた。ARG を保有する細胞およびウイルスのうち 85~97% は湖内では検出されず、希釈および環境適応の失敗が示唆された。染色体比較により 1,809 件の水平伝播イベントが推定され、そのうち 2.1%は湖内のみで検出される細菌と系外(河川あるいは下水処理場)のみで検出される細菌間の水平伝播であった。ARG プロファイルはキャリアの種類に応じて異なっていた。以上より、琵琶湖は流入する ARG 保有細胞およびウイルス粒子を除去する「フィルター」として機能する一方で、水平伝播を通じて外来 ARG を湖内常在細菌へ統合し得る「サイレントハブ」としても同時に機能している可能性が示唆された。本研究は、大規模淡水生態系における薬剤耐性の評価および管理に向けた基盤的知見を提供するものである。

発表論文(謝辞あり)

Shang Shen, Koichi Shimotori, Kenji Tsuchiya, Sora Shigeta, Masanao Sueyoshi, Tomonari Matsuda, Yoshihisa Shimizu: Carrier-resolved metagenomics suggests the dual “filter–hub” function of a large freshwater lake toward incoming antibiotic resistance genes, *Science of The Total Environment*, **1010**, 2026, 181145, <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2025.181145>.