

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 沈尚

研究成果概要

2018 年から 2022 年にかけて、琵琶湖(北湖3地点、南湖1地点)および流入河川(12 河川)から採水した(計 69 サンプル)。試料水から細菌およびウイルス DNA を抽出し、ショットガンシーケンスを行った。個々のメタゲノムサンプルから細菌の個別ゲノムを MAGs (Metagenomic Assembled Genomes)として再構築した(MetaWRAP, MAGRE, PlasFlow)。その後、dRep を用いて重複ゲノムを取り除き、種レベルでユニークな MAGs セットを得た。ウイルスゲノムは、SPAdes, VirSorter2, CheckV を用いて再構築した。同種の冗長性を排除するため、塩基配列相同性 95%でクラスタリングを行った。得られた細菌およびウイルスゲノム内の薬剤耐性遺伝子は、RGI(--include_loose)および CARD を用いて検出した。細菌およびウイルスの存在量は TPM(transcripts per million)として計算した。

琵琶湖および流入河川サンプルから 922 個の MAGs、41,824(>5 kbp)のウイルスゲノムを再構築することが出来た。これらのうち、858 MAGs から 33,605 個の薬剤耐性遺伝子が、191 個のウイルスゲノムから 200 個の薬剤耐性遺伝子が検出された。細菌は多剤耐性遺伝子、テトラサイクリン耐性遺伝子を多く保有していた。また薬剤耐性遺伝子プロファイルやその存在量について、地点間で大きな差は見られなかった。一方で、ウイルスは地点間で薬剤耐性遺伝子プロファイルや存在量が異なることが明らかとなった

発表論文(謝辞あり)

Shen S, Tominaga K, Tsuchiya K, Matsuda T, Yoshida T, Shimizu Y.2024.Virus-prokaryote infection pairs associated with prokaryotic production in a freshwater lake. mSystems9:e00906-23.<https://doi.org/10.1128/msystems.00906-23>

発表論文(謝辞なし)