

令和 4 年 6 月 15 日現在

機関番号：11501

研究種目：国際共同研究加速基金（国際共同研究強化(B)）

研究期間：2018～2021

課題番号：18KK0114

研究課題名（和文）都市下水モニタリングによるアジアの薬剤耐性菌蔓延の実態調査

研究課題名（英文）Survey on prevalence of antibiotic resistant bacteria by monitoring urban sewage in Asia

研究代表者

渡部 徹（Watanabe, Toru）

山形大学・農学部・教授

研究者番号：10302192

交付決定額（研究期間全体）：（直接経費） 13,800,000円

研究成果の概要（和文）：タイの都市下水サンプルから、ESBL産生大腸菌（ESBL-EC）とCP産生大腸菌（CP-EC）を分離した。ESBL-EC分離株の80%とCP-EC分離株のすべては多剤耐性であった。ESBL-EC分離株は、日本での分離株と比較して、GM、TC、CPに対する耐性率が明らかに高かった。ESBLとCPの両方を産生する遺伝子を保有する1株に対する全ゲノム解析の結果、薬剤耐性と病原性に関連した多くの遺伝子を運ぶ3つのプラスミドを見出した。さらに、下水由来株のSMG配列データをもとに各国の下水中の薬剤耐性プロファイルの特徴を明らかにし、気温と医療系抗菌薬使用量が影響していることを示した。

研究成果の学術的意義や社会的意義

薬剤耐性菌は我々の健康に対する脅威の一つであり、耐性菌の発生をできる限り抑制するため、先進国では抗菌薬の使用が厳しく管理されているが、アジア諸国では抗菌薬の不適切な使用のため、耐性菌が生まれやすい状況にある。これらの国々では、医療機関へのアクセスも十分でないために、医療機関で耐性菌の蔓延状況を把握することは難しい。本研究では、住民が保有する耐性菌（特に腸内細菌）がもれなく集まる都市下水をモニタリングすることで、将来重大な被害を引き起こすかもしれない耐性菌を発見できることを、タイにおけるESBL-ECおよびCP-ECを例に示した。

研究成果の概要（英文）：ESBL- and CP-producing Escherichia coli (ESBL-EC and CP-EC) was isolated from municipal wastewater in Thailand. 80% of ESBL-EC isolates and all of CP-EC isolates were multiple antibiotic-resistant. The ESBL-EC isolates showed much higher resistant rates to GM, TC and CP than those in Japan. The whole genome sequencing analysis applied for an important ESBL-EC isolate able to produce both ESBL and CP found three plasmids carrying a variety of genes coding antibiotic-resistance and virulence. Moreover, based on the data of shotgun meta-genomic sequencing obtained from wastewater in several countries, the antibiotic-resistance profile in each country was characterized, indicating the impacts of temperature and medical usage of antibiotics.

研究分野：水環境工学

キーワード：薬剤耐性菌 アジア 都市下水 モニタリング 遺伝子解析

1. 研究開始当初の背景

抗生物質は、医療現場のみならず畜産業や水産業でも広く用いられ、人間の健康増進と食料生産の両方に大きな貢献を果たしている。その一方で、抗生物質の普及にともなう薬剤耐性菌の発生は避けられず、衛生環境が行き届いた現代の先進諸国に暮らす人々にとって、薬剤耐性菌は残された健康に対する脅威の一つと言える。

耐性菌の発生をできる限り抑制するため、先進諸国においては抗生物質の使用が厳しく管理されている。それでも耐性菌が減らない理由の一つとして、途上国からの持ち込みがある。途上国では、感染症治療のための抗生物質の不適切な使用（医師の処方箋が不要）や、畜産や水産での過剰投与のために、先進諸国に比べて薬剤耐性菌が生まれやすい状況にある。医療現場では、あらゆる抗生物質に耐性を示す「スーパー耐性菌」も検出され問題視されているが、耐性菌の保菌者すべてが医療機関を訪れるわけではない。特に、医療機関が十分に整備されていないアジア諸国では、医療機関で耐性菌の蔓延状況を把握することは難しい。

そのような中で、「アジア諸国ではどの程度、耐性菌が蔓延しているのか？」が、本研究の核心をなす学術的な「問い」であり、それを調べる手段として「都市下水のモニタリング」を実施する。下痢症などの腸管感染を引き起こす病原菌は、ほとんどすべて下水道に流れ込む。その中に存在する耐性菌ももれなく下水道に集まる。この都市下水をモニタリングすることで、人間に重大な被害を引き起こすかもしれない耐性菌の出現を、病院からの報告に頼らずに捉えようとする点が本研究の特色である。

2. 研究の目的

本研究では当初、日本との交流が盛んなアジアの4ヵ国（タイ、カンボジア、ベトナム、インド）をフィールドとして、都市下水に存在する耐性菌をモニタリングすることによって、世界的に重要視されている耐性菌の蔓延の実態を明らかにすることを第一の目的としていた。そこで分離された菌株が有する耐性遺伝子の進化的相同性から、耐性菌の広域拡散や出現に関わる因子を明らかにすることを第二の目的としていた。

しかし、研究期間の途中で新型コロナウイルス感染症の世界的流行が始まり、期間終了まで、現地への渡航ができなかった。そこで、研究計画の見直しを行い、流行以前にタイで収集できた下水試料を用いて、第一の目的に関する研究を実施した。第二の目的については、現地で試料を収集できない分を、日本、中国、米国、欧州の下水及び活性汚泥試料のメタゲノムデータを実験あるいはデータベースから取得することで代替し、薬剤耐性プロファイルの比較を行うとともに、同プロファイルの多変量解析により、各国において特徴的な薬剤耐性遺伝子を推定した。

3. 研究の方法

3.1 都市下水からの薬剤耐性菌の分離と特徴づけ

1) 都市下水のサンプリングと耐性菌の分離

2019年11月から2020年2月にかけて月2回の頻度で、バンコク市内の2つの都市下水処理場から流入下水を採取し、選択培地（CHROMagar™ ESBL）での培養により、基質拡張型ラクタマーゼ産生大腸菌（ESBL-EC）を分離した。同様に、選択培地（CHROMagar™ mSuperCARBA™）を用いて、カルバペネマーゼ産生大腸菌（CP-EC）を分離した。それぞれの分離株について、PCRによってuidA遺伝子を検出することで大腸菌であることを確認した。

2) 薬剤感受性試験およびESBL-EC、CP-ECの確認

1) で得られた大腸菌分離株に対して、CLSIとEUCASTの方法に従ったディスク拡散法により、18種類の抗菌薬に対する感受性試験を行った。ESBL-ECについては、セファロスポリン系の抗菌薬（CTX, CXM, CFX, CFP）への耐性と、さらに、ESBLの働きを阻害するクラブラン酸を用いたダブルディスク法によって確認した。CP-ECについては、カルバペネム系の抗菌薬（IMP, MPM）に耐性を示した株を対象に、改良カルバペネム不活化法（mCIM）を用いることで確認した。

3) 薬剤耐性遺伝子（ARG）と病原遺伝子の検出

2) で確認されたESBL-ECおよびCP-ECの分離株に対して、ESBL産生遺伝子とCP産生遺伝子を検出するためのPCRを行った。さらに、病原遺伝子を検出するためのPCRも行った。

4) MLST解析

3) で病原遺伝子が検出されたESBL-ECおよびCP-ECの分離株に対して、MLST解析を行った。ESBLとCPの両方を産生する大腸菌株についてもMLST解析を行った。解析にはAchtmanスキームを採用し、得られた配列をもとにデータベースEnterobaseを利用して、ST型を決定した。

5) 全ゲノム解析

ESBLとCPの両方を産生する大腸菌株については全ゲノム解析を行い、Resfinder, VirulenceFinder, Plasmidfinderを用いて、ARG, 病原遺伝子, プラスミド型の解析を行った。

3.2 国別の薬剤耐性プロファイルの比較と特徴的な耐性遺伝子の推定

1) サンプリングおよびDNA抽出

国内の処理方式の異なる5つの下水処理場において、2018年12～2月（冬季）及び2019年6

～8月(夏季)の2期間において3回ずつ、各処理場の流入下水及び活性汚泥50を採取した。サンプルは速やかに10,000×g, 4℃で15分間遠心分離し、沈殿物を-20℃で冷凍保存した。

冷凍保存した汚泥試料を融解し、FastDNA SPIN Kit for Soil(フナコシ)を用いてDNA抽出を行った。抽出DNAの濃度を測定し、同一処理場・同一採水時期に得られた3回分の抽出DNAを等量ずつ取り、コンポジット試料を得た。

3) 次世代シーケンシング

Qubit(Thermo Fisher Scientific)とdsDNA HS Assay Kit(Thermo Fisher Scientific)を用いて、DNA溶液の濃度測定を行った。次にCovaris S220(Covaris inc.)を用いて、500bpの断片長になる条件でDNAの断片化を行った。続いて、DNA(15ng)とKAPA HyperPlus Kitを用いてライブラリーを作製し、その濃度測定を行った。この時、PCRによりライブラリーを増幅した。またFastGene Adapter Kit(FastGene)のアダプターを使用した。さらにFragment Analyzer(Agilent)とdsDNA 915 Reagent Kit(Advanced Analytical Technologies)を用いて、作製されたライブラリーの品質確認を行った。作製されたライブラリーは、HiSeq X(Illumina)を用いて2x151bpの条件でシーケンシングを行った。

4) 海外のメタゲノムデータの取得

国立遺伝学研究所のデータベースを用いて海外の下水処理場における活性汚泥のメタゲノムデータを収集し、そのうち、米国、中国、欧州で得られた下水17件、汚泥31件を選んだ。

5) ショットガンメタゲノム(SMG)配列解析

実験及びデータベースより取得した配列データ(約150bp)について、Eneveomics(Ver.1.2.2)を用いて1本が2x150bpのDNAの配列データをクオリティトリミングした。その後、コマンドBLASTnを用いて薬剤耐性遺伝子データベースCARDと照合し、遺伝子の種類を特定した。最後に、16SrRNA遺伝子配列からサンプル中の微生物の種類と割合を得るためにBLASTしたメタゲノムデータにParallel-META(Ver.3.5.1)を使用した。

6) 主成分分析

5)で得られた薬剤耐性遺伝子データにおいて、各国サンプルにおける薬剤耐性プロファイルの類似性や特徴的な薬剤耐性遺伝子を検討するため、主成分分析を実施した。

4. 研究成果

4.1 都市下水からの薬剤耐性菌の分離と特徴づけ

1) ESBL-ECとCP-ECの検出・分離

2つの都市下水処理場から、合計75株のESBL-ECと10株のCP-ECが分離された。ESBL-ECの分離株数には、2つの処理場の間で差はなかった。一方、CP-ECは一方の処理場のみから分離されており、下水から分離される耐性菌については、同一市内でも場所による変動があるかもしれない。月別のESBL-ECの分離株数は、11～12月に比べて1～2月で低下していた。

2) 分離株の薬剤感受性

すべてのESBL-EC分離株は、3～12種類の抗菌薬に耐性を示した。個々の抗菌薬に対する耐性率を図1に示すが、ABP, CXM, CTXに対する耐性率は100%であった。他にも、TC, AZT, CIP, GM, ST, CPに対する耐性率も高かった。特筆すべきは、比較的新しい第4世代セファロsporin系の抗菌薬であるCFPへの耐性率が71%と高い点であり、これはタイにおけるESBL-ECの急速な進化を示している。興味深いことに、ESBL-EC分離株のうち2株は、カルバペネム系抗菌薬に対しても耐性を示し、うち1株はESBLとCPを同時に産生していた。

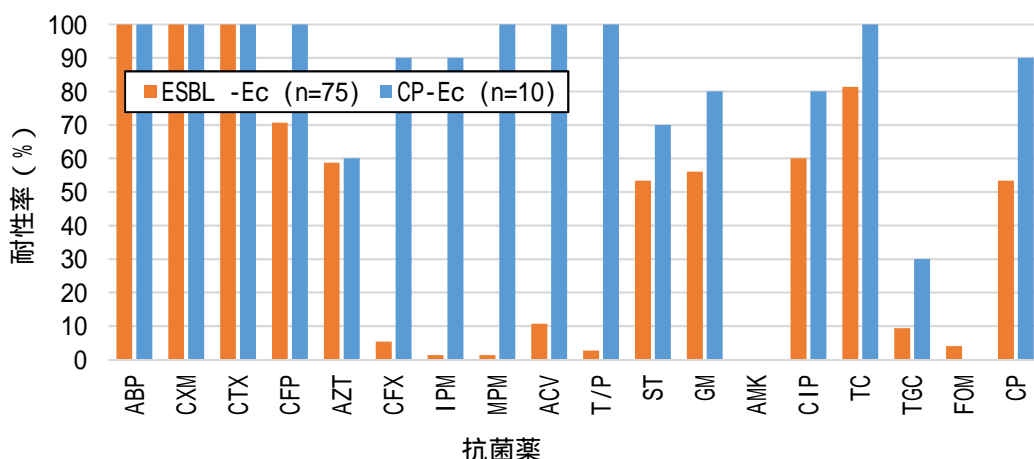


図1. タイの都市下水から分離されたESBL-EC, CP-ECの各抗菌薬に対する耐性率

CP-EC分離株は、ESBL-EC分離株よりも多い13～15種類の抗菌薬に耐性を示した。すべてのCP-EC分離株は、ABP, 第3および第4世代セファロsporin系抗菌薬(CXM, CTX, CFP), MPM, ACV, T/P, TCに耐性を示した。他の抗菌薬に対する耐性も高く、抗菌薬治療の切り札の一つとされるTGCへの耐性率もすでに30%まで上昇していた。

ESBL-EC分離株の薬剤耐性率(図1)は、抗菌薬使用量が比較的小さい日本での同分離株に比べて明らかに高く、特に、GM, TC, TGC, CPに対する耐性率が顕著に高かった。このうちTCと

TGCはタイでの使用量が日本よりも多く、それが耐性率を上昇させたのかもしれない。

4) 薬剤耐性遺伝子の検出

ESBL-EC および CP-EC 分離株からの ESBL 産生遺伝子と CP 産生遺伝子の検出率を図 2 に示す。ESBL-EC 分離株からは *bla*_{CTX-M} が最も頻りに検出された。そのうち 96% が group 1 であり、16% が group 2、13% が group 9 であった。*bla*_{TEM} もまた頻りに検出され、そのほとんど (67%) が *bla*_{CTX-M} と *bla*_{TEM} の両方を保有していた。その他の ESBL 産生遺伝子では、*bla*_{OXA-1,4,30} が 9%、*bla*_{SHV} が 5%、*bla*_{OXA-48-like} が 1% の頻度で検出された。

CP-EC 分離株からは、3 種類の遺伝子 (*bla*_{CTX-M}、*bla*_{OXA-1,4,30}、*bla*_{OXA-48-like}) のみが検出された。ESBL-EC 分離株と同様に、*bla*_{CTX-M} が卓越していた (70%)。その内訳は、group 1 が 50%、group 2 と 9 がそれぞれ 60% であった。*bla*_{SHV} は検出されなかったが、*bla*_{OXA-1,4,30} と *bla*_{OXA-48-like} はそれぞれ 20%、30% で検出された。*bla*_{OXA-48-like} を保有していた分離株 (n=3) はすべて、*bla*_{CTX-M} (主に group 2 と 9) も保有していた。うち 1 株は、*bla*_{OXA-1,4,30} も保有していた。このように、CP-EC 分離株の 10% は ESBL 産生遺伝子と CP 産生遺伝子の両方を保有していた。

5) 病原型の決定と病原株の ST 型

ESBL-EC 分離株の 13% と CP-EC 分離株の 20% は、病原遺伝子を保有していた。ESBL-Ec 分離株は EPEC (4%) と ETEC (9%) に分けられ、CP-Ec 分離株はすべて EPEC であった。

病原性のある分離株に対する MLST 解析では、ESBL-EC 分離株は 10 種類の ST 型に割り当てられ、ST2040 が最も多かった (n=3、すべて ETEC)。ETEC と EPEC の分離株の中には、世界的に流行している ST10 と ST38 に分類される株もあった。その他、ETEC の分離株からは ST46、ST226、ST654 が、EPEC の分離株からは ST443 と ST1177 が検出された。CP-Ec 分離株は、世界的に流行している ST48 と ST410 に割り当てられた。

6) ESBL と CP を同時に産出できる分離株のさらなる特徴づけ

ESBL と CP を同時に産出できる大腸菌株が 2019 年に分離された。この分離株は、ESBL 産生遺伝子として *bla*_{CTX-M} group 1、*bla*_{TEM}、*bla*_{SHV}、CP 産生遺伝子として *bla*_{OXA48-like} を保有していた。18 種類の抗菌薬のうち 11 種類 (ABP、CMX、CTX、CFP、AZT、CFX、IPM、ACV、T/P、CIP、TC) に耐性を示し、ラクタム系抗菌薬を広く分解できる菌株であった。一方で、この分離株は、本研究で試験した病原遺伝子は有していなかった。

この特徴ある菌株についてナノポアシーケンサーによるロングリードシーケンシングと Miseq によるショットガンシーケンスを組み合わせた全ゲノム解析を実施した結果、3 つのプラスミドが見つかった (図 3)。

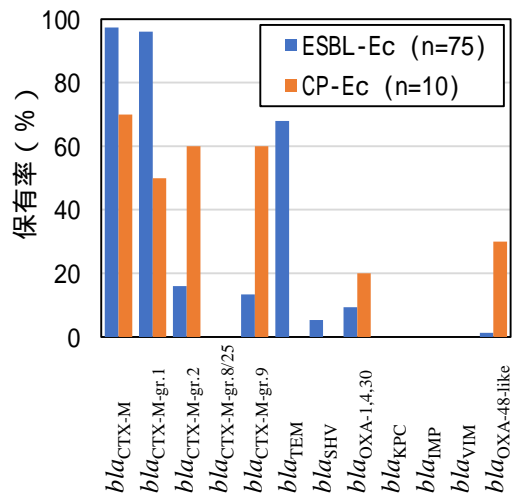


図 2 . 都市下水からの ESBL-EC、CP-EC 分離株の ESBL と CP 産生遺伝子の保有率

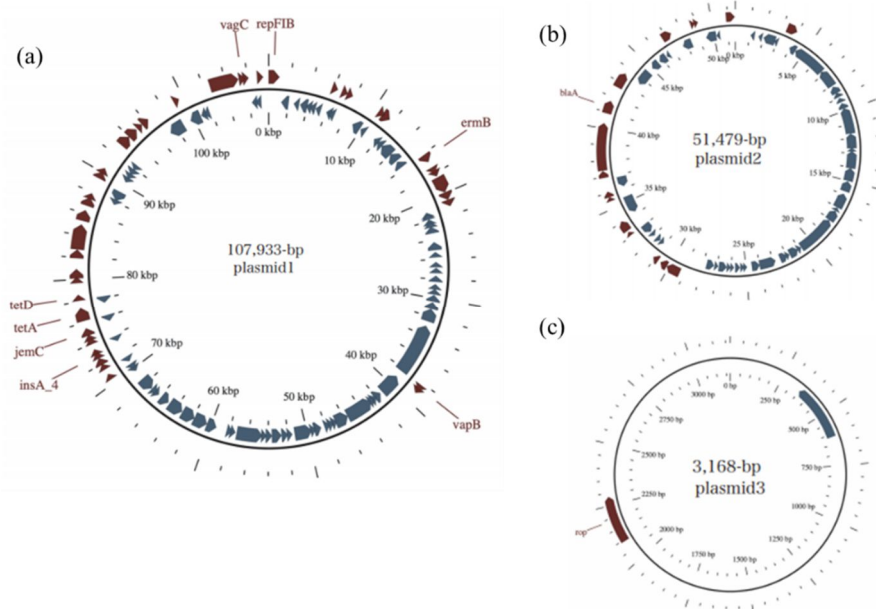


図 3 . ESBL と CP を同時に産出できる大腸菌株が保有するプラスミドの環状ゲノム図

最も大きいプラスミドには、薬剤耐性または病原性に関わる 8 種類の遺伝子が配置されており、テトラサイクリン耐性に関連する *tetA* と *tetD*、マクロライド耐性に関連する *ermB* がコードさ

れていた。次に大きいプラスミドには、*bla* 遺伝子がコードされており、これが ESBL 産生に寄与していたと考えられる。一方、この菌株の染色体上には、複数の病原因子 (*traT*, *gad*, *terC*, *etsC*, *iss*, *lpfA*) が配置されていた。

4.2 国別の薬剤耐性プロファイルの比較と特徴的な耐性遺伝子の推定

1) 薬剤耐性率・耐性メカニズム・多剤耐性

各国の薬剤耐性率は、流入下水では 15~55%であったのに対し、活性汚泥では 5~20%となり、米国・中国・日本・欧州のいずれの国においても、薬剤耐性率は活性汚泥より流入下水で高かった。また耐性メカニズムは活性汚泥・流入下水に関わらず、どの国でも antibiotic inactivation が卓越するサンプルが多数であった。日本では、target replacement に続いて、target replacement 及び efflux の割合が高かった。耐性薬剤数ごとの薬剤耐性遺伝子の割合については、活性汚泥・流入下水とも、1 薬剤だけに耐性を有する遺伝子が半数以上を占めていた。耐性薬剤数が 2 以上の遺伝子は多剤耐性遺伝子と呼ばれ、その数が多いほど今後の脅威となる恐れがある。日本では、同一処理場で取得した活性汚泥であっても、夏季サンプルよりも冬季サンプルにおいて多剤耐性を有する遺伝子が顕著に多かった。一方、米国と中国の活性汚泥の一部では、冬季のサンプルでなくとも多剤耐性遺伝子の割合が極めて高かった。

2) 主成分分析

すべてのサンプルを含めた主成分分析では、第一主成分 (8.4%) の正負により、流入下水と活性汚泥サンプルが分かれ、両者の薬剤耐性プロファイルには大きな違いがあることがわかった。さらに、第二主成分 (6.2%) の正負領域に、米国・欧州と日本の活性汚泥サンプルが分布したことから、活性汚泥の薬剤耐性は地域ごとに異なる特徴を持つことが示唆された。具体的には、日本では *cmIA6* や *MCR_3.8*、米国・欧州では *tetW* や *mel* などが薬剤耐性プロファイルを特徴づける遺伝子として挙げられた

活性汚泥サンプルのみを用いた主成分分析 (図 4) では、第一主成分 (6.8%) で欧州 (デンマーク) とそれ以外の国を区別することができ、第二主成分 (6.2%) を合わせて考慮することで、欧州、日本、米国・中国を 3 グループに大別できた。米国サンプルのうち東部の都市で採取されたものは、欧州のサンプルに比較的近い耐性プロファイルを有することが示唆された。日本では *msbA*、欧州では *mexQ*、米国・中国では *InuB*、*mel*、*varRD* などの遺伝子が特徴的であった。

流入下水サンプルのみを用いた主成分分析では、第一主成分 (12.5%) の正負で、日本と米国・欧州のサンプルが明確に分けられた。日本のサンプルは、さらに第二主成分 (6.8%) により夏と冬のサンプルを区別できた。各サンプルの第二主成分スコアとサンプルが取得された都市の緯度を比較すると、日本と欧州のサンプルでは緯度が高いほど、また、夏よりも冬に、スコア値が高くなる傾向が見られ、気温が下水中の薬剤耐性プロファイルに影響している可能性がある。

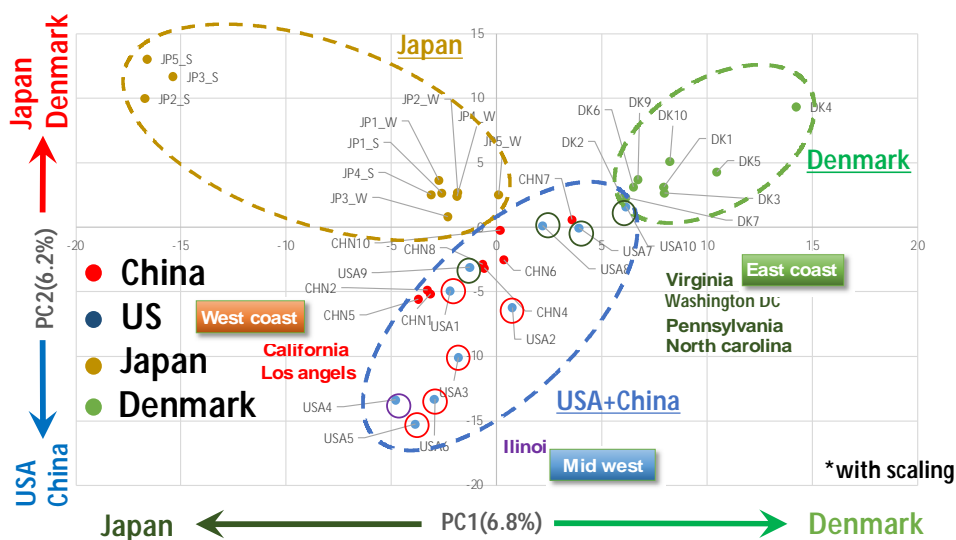


図 4 活性汚泥サンプルを用いた主成分分析の結果

3) 薬剤使用状況

薬剤使用量が流入下水の薬剤耐性に与える影響を検討するため、日本・米国・欧州における医療系抗菌薬の使用割合と、耐性先薬剤ごとの第一主成分のローディング累積値を比較したところ、米国・欧州に対し日本で使用割合の高いセファロスポリンが、日本のサンプルで最もローディング累積値の大きな耐性先薬剤であった。一方、米国・欧州で使用割合の高いペニシリンは、米国・欧州のサンプルで日本に比べて高いローディング累積値を示した。この他、フルオロキノロン、テトラサイクリン、マクロライドなどの抗菌薬が 3 カ国に共通してローディング累積値が上位となった。以上の結果から、各国の下水中の薬剤耐性プロファイルは各国における医療系抗菌薬使用量にも影響を受けていることが示唆された。

5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕 計6件（うち査読付論文 5件/うち国際共著 2件/うちオープンアクセス 3件）

1. 著者名 森祐哉, 西山正晃, 澁木理央, 馬場啓聡, 金森肇, 渡部徹	4. 巻 77(7)
2. 論文標題 都市下水と病院排水中の腸内細菌科細菌が保有するESBL産生遺伝子の特徴	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 土木学会論文集G (環境)	6. 最初と最後の頁 111_199-111_207
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.2208/jscej.77.7_111_199	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -
1. 著者名 S. Sovannlaksmy, Sulfikar, M-Y. Lin, M. Shuto, M. Noguchi, R. Honda, R. Yamamoto-Ikemoto, T. Watanabe	4. 巻 Accepted
2. 論文標題 Potential impact factors on the enhancement of antibiotic resistance in a lake environment	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 Journal of Water and Health	6. 最初と最後の頁 -
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.2166/wh.2022.074	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -
1. 著者名 Masateru Nishiyama, Susan Praise, Keiichi Tsurumaki, Hiroaki Baba, Hajime Kanamori, Toru Watanabe	4. 巻 10
2. 論文標題 Prevalence of antibiotic-resistant bacteria ESKAPE among healthy people estimated by monitoring of municipal wastewater	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 Antibiotics	6. 最初と最後の頁 495
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.3390/antibiotics10050495	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 -
1. 著者名 澁木理央, 西山正晃, Chiemchaisri Chart, Chiemchaisri Wilai, 渡部徹	4. 巻 75(7)
2. 論文標題 抗菌薬存在下での培養による活性汚泥中のESBL産生遺伝子の濃度変化	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 土木学会論文集G (環境)	6. 最初と最後の頁 111_173-111_183
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.2208/jscej.75.7_111_173	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 該当する

1. 著者名 西山正晃, 渡部徹	4. 巻 2(9)
2. 論文標題 活性汚泥に存在する抗菌薬に耐性を示す細菌群集の探索	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 Precision Medicine	6. 最初と最後の頁 83-86
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) なし	査読の有無 無
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -

1. 著者名 三浦逸実, 西山正晃, 浦剣, Prayoga Windra, Chiemchaisri Chart, Chiemchaisri Wilai, 渡部徹	4. 巻 42
2. 論文標題 活性汚泥に存在するシプロフロキサシンとテトラサイクリンに耐性を示す細菌群集の探索	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 水環境学会誌	6. 最初と最後の頁 43-52
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.2965/jswe.42.43	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている(また、その予定である)	国際共著 該当する

〔学会発表〕 計29件(うち招待講演 3件/うち国際学会 7件)

1. 発表者名 Windra Prayoga, Masateru Nishiyama, Wilai Chiemchaisri, Chart Chiemchaisri, Susan Praise, Toru Watanabe
2. 発表標題 Prevalence of extended-spectrum beta-lactamase and carbapenemase producing Escherichia coli in urban wastewater in Bangkok, Thailand
3. 学会等名 Water and Environment Technology Conference 2021 (国際学会)
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 渡部徹
2. 発表標題 SDGsのもとで途上国の水と衛生問題を考える
3. 学会等名 第33回環境工学連合講演会(招待講演)
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 渡部徹, 澁木理央, 西山正晃, 馬場啓聡, 金森肇
2. 発表標題 都市下水と病院排水から単離したESBL産生大腸菌の遺伝学的特徴
3. 学会等名 第24回日本水環境学会シンポジウム
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 森祐哉, 西山正晃, 渡部徹, Wilai Chiemchaisri, Chart Chiemchaisri
2. 発表標題 日本とタイの下水処理場におけるmcr-1保有腸内細菌科細菌の薬剤感受性
3. 学会等名 第24回日本水環境学会シンポジウム
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 西山正晃, 甲高綾乃, 馬場啓聡, 金森肇, 渡部徹
2. 発表標題 都市下水処理場から単離したバンコマイシン耐性菌の特徴
3. 学会等名 第24回日本水環境学会シンポジウム
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 渡部徹
2. 発表標題 都市下水から見た一般環境中の薬剤耐性菌
3. 学会等名 日本水処理生物学会第57回(神奈川)大会(招待講演)
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 盧歆, 西山正晃, 渡部徹
2. 発表標題 都市下水と病院排水から単離したESBL産生腸内細菌科細菌が保有するプラスミドの特徴
3. 学会等名 令和3年度土木学会東北支部技術研究発表会
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 Yuta Morinaga, Hiroe Hara-Yamamura, Norihisa Matsuura, Toru Watanabe, Ryo Honda
2. 発表標題 Global comparison of antimicrobial resistance genes in wastewater treatment plants based on metagenomic analysis
3. 学会等名 14th Annual Conference on Challenges in Environmental Science and Engineering (国際学会)
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 Yuta Morinaga, Than Van Huy, Sawako Asakura, Sorn Sovannlaksmy, Hiroe Hara-Yamamura, Norihisa Matsuura, Toru Watanabe, Ryo Honda
2. 発表標題 Profiling and international comparison of antibiotic resistome in activated sludge by metagenomic data analysis
3. 学会等名 IWA 9th Microbial Ecology and Water Engineering (MEWE) Specialist Conference (国際学会)
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 Hajime Kanamori, Hiroaki Baba, Yumiko Takei, Makoto Katsumi, Masateru Nishiyama, Toru Watanabe
2. 発表標題 Genomic characteristics of carbaoenemase-producing Enterobacteriaceae from wastewater in northeast Japan
3. 学会等名 31st European Congress of Clinical Microbiology and Infectious Diseases (ECCMID) (国際学会)
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 渡部徹, 西山正晃, 森祐哉, 渋木理央, 金森肇, 馬場啓聡
2. 発表標題 都市下水と病院排水のモニタリングによる薬剤耐性菌のまん延調査
3. 学会等名 第23回日本水環境学会シンポジウム
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 渡部徹
2. 発表標題 病院排水中の耐性菌のモニタリング - 都市下水との比較で分かること -
3. 学会等名 第69回日本感染症学会東日本地方会学術集会・第67回日本化学療法学会東日本支部総会合同学会（招待講演）
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 西山正晃, 渡部徹
2. 発表標題 都市下水と病院排水から単離したESBL産生腸内細菌科細菌が保有する耐性遺伝子の探索
3. 学会等名 第26回庄内・社会基盤技術フォーラム
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 甲高綾乃, 西山正晃, 渡部徹
2. 発表標題 都市下水からのバンコマイシン耐性腸球菌の検出
3. 学会等名 第26回庄内・社会基盤技術フォーラム
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 阿部叶芽, 今立結梨香, 萬年悠真, 有賀梨華, 蛸井颯斗, 森祐哉, 西山正晃, 渡部徹
2. 発表標題 都市下水からのコリスチン耐性菌の検出
3. 学会等名 第26回庄内・社会基盤技術フォーラム
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 森祐哉, 西山正晃, 渡部徹
2. 発表標題 日本とタイの都市下水から分離されたコリスチン耐性菌の薬剤感受性
3. 学会等名 令和2年度土木学会東北支部技術研究発表会
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 甲高綾乃, 西山正晃, 渡部徹
2. 発表標題 都市下水から単離したバンコマイシン耐性腸球菌の薬剤感受性と遺伝子型別
3. 学会等名 令和2年度土木学会東北支部技術研究発表会
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 西山正晃, 馬場啓聡, 金森肇, 渡部徹
2. 発表標題 都市下水と病院排水中の腸内細菌科細菌が保有するESBL産生遺伝子の特徴
3. 学会等名 令和2年度土木学会東北支部技術研究発表会
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 森祐哉, 西山正晃, 渡部徹
2. 発表標題 日本とタイの都市下水からのコリスチン耐性菌の検出
3. 学会等名 第55回日本水環境学会年会
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 西山正晃, 馬場啓聡, 金森肇, 渡部徹
2. 発表標題 都市下水と病院排水から単離したメチシリン耐性黄色ブドウ球菌の分子疫学調査
3. 学会等名 第55回日本水環境学会年会
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 R. Shibuki, M. Nishiyama, I. Miura, W. Chiemchaisri, C. Chiemchaisri, T. Watanabe
2. 発表標題 Identification of enteric bacteria resistant to antibiotics in activated sludge for municipal and hospital wastewater treatment using selective culture and next-generation sequencing technique
3. 学会等名 8th IWA Microbial Ecology and Water Engineering Specialist Conference, Hiroshima, Japan (国際学会)
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 M. Nishiyama, H. Mith, S. Nget, S. Say, S. In, J. Pu, T. Watanabe
2. 発表標題 Investigation of antimicrobial resistance of Enterococci collected from drinking water in Tonle Sap Lake, Cambodia
3. 学会等名 4th International Symposium on Conservation and Management of Tropical Lakes, Phnom Penh, Cambodia (国際学会)
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 西山正晃, 浦剣, Mith Hasika, In Sokneang, 渡部徹
2. 発表標題 トンレサップ湖の水上集落における飲み水のふん便汚染と薬剤耐性菌の実態調査
3. 学会等名 令和元年度土木学会東北支部技術研究発表会
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 西山正晃, Mith Hasika, Nget Sovannmony, Say Sreypich, In Sokneang, Pu Jian, 渡部徹
2. 発表標題 カンボジアのトンレサップ湖で水上生活者が利用する飲料水源から単離した腸球菌の薬剤感受性とその遺伝学的特徴
3. 学会等名 第22回日本水環境学会シンポジウム
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 渡部徹, 西山正晃, 鶴巻啓一, 金森肇, 馬場啓聡
2. 発表標題 都市下水のモニタリングによる薬剤耐性菌のまん延調査：病院排水との比較
3. 学会等名 第22回日本水環境学会シンポジウム
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 Masateru Nishiyama
2. 発表標題 Monitoring of antimicrobial resistant bacteria collected from wastewater in Southeast Asia
3. 学会等名 1st Symposium of JSPS Core-to-Core Program "Center of Excellence in Health Risk Assessment for Adaptation to Climate Change" (国際学会)
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 濫木理央, 西山正晃, Chiemchaisri Chart, Chiemchaisri Wilai, 渡部徹
2. 発表標題 抗生物質の添加に対する活性汚泥中の耐性遺伝子の応答
3. 学会等名 平成30年度土木学会東北支部技術研究発表会
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 西山正晃, Chiemchaisri Chart, Chiemchaisri Wilai, 渡部徹
2. 発表標題 タイと日本の活性汚泥からのバンコマイシン耐性腸球菌およびESBL産生大腸菌の検出
3. 学会等名 平成30年度土木学会東北支部技術研究発表会
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 西山正晃, Afriani Dhewi Shinta, Abdurrahman Muhammad Fikri Rasdi, 渡部徹
2. 発表標題 水処理過程から単離した腸球菌の抗菌薬に対する薬剤感受性と病原遺伝子との関係
3. 学会等名 第53回日本水環境学会年会
4. 発表年 2019年

〔図書〕 計0件

〔産業財産権〕

〔その他〕

-

6. 研究組織

	氏名 (ローマ字氏名) (研究者番号)	所属研究機関・部局・職 (機関番号)	備考
研究 分担者	西山 正晃 (Nishiyama Masateru) (10802928)	山形大学・農学部・准教授 (11501)	

6. 研究組織（つづき）

	氏名 (ローマ字氏名) (研究者番号)	所属研究機関・部局・職 (機関番号)	備考
研究分担者	本多 了 (Honda Ryo) (40422456)	金沢大学・理工研究域地球社会基盤学系・教授 (13301)	
研究分担者	原 宏江 (Hara Hiroe) (70823524)	金沢大学・理工研究域地球社会基盤学系・助教 (13301)	

7. 科研費を使用して開催した国際研究集会

〔国際研究集会〕 計1件

国際研究集会 International Workshop on Antibiotic Resistance in Wastewater: Future Perspectives for Monitoring and Reduction	開催年 2019年～2019年
---	--------------------

8. 本研究に関連して実施した国際共同研究の実施状況

共同研究相手国	相手方研究機関			
タイ	カセサート大学			
ベトナム	フエ大学			
カンボジア	カンボジア工科大学			