

OC5) Metagenomics를 이용한 하수처리시설 항생제 내성 미생물 검측 연구

이기한·유근제

한국해양대학교 환경공학과

1. 서론

산업화 및 도시화와 최근의 기후변화로 인해, 도시 물순환 및 수질에 하수 유출수가 미치는 영향이 증가하였으며, 특히, 다른 환경매체와 달리 하수환경은 항생제 내성 유전자 및 박테리아의 다양성이 비교적 높고, 다양한 항생제 내성 유전자와 박테리아가 유입되고 증식될 수 있는 hotspot으로 여겨지고 있다 (Guo et al., 2017; Yoo et al., 2020). 하지만, 이에 대한 관리방안을 마련해야 할 필요성이 국제적으로 증대되고 있음에도 불구하고, 여전히 도시 하수처리시설 내 항생제 오염에 대한 현황과 실태에 대한 조사가 매우 미비한 실정이다 (Guo et al., 2017; Yoo et al., 2020). 이에 본 연구에서는 빅데이터 기반의 Shotgun Metagenomics 기술을 활용하여 도시 하수처리시설 내 항생제 내성 유전자 및 박테리아의 분포와 항생제 오염 실태를 신속하게 파악하고자 한다.

2. 자료 및 방법

본 연구에서는 네 군데의 부산시 하수처리시설의 협조를 통해 유입수-생물반응조-유출수 샘플을 채취하였다. 채취한 샘플별로 DNA를 추출한 후, quality filtering이 통과된 샘플들만 마이크로젠에 sequencing을 진행하였다. low quality 염기서열을 제거한 뒤, 현재 국제적으로 구축되어 있어 데이터베이스의 공신력이 높은 Comprehensive Antibiotic Resistance Database (CARD)를 이용하여 항생제 내성 유전자 분석을 진행하였다 (<https://card.mcmaster.ca/>). 보다 정확한 미생물 군집 파악을 위해 의료 및 미생물 생태, 환경 분야에서 널리 활용하고 있는 MetaPhlan2 프로그램(<http://huttenhower.sph.harvard.edu/metaphlan/>)을 해당 사이트에서 다운로드 받아 활용하였으며, 모든 bioinformatics 분석은 linux 환경에서 수행되었다.

3. 결과 및 고찰

본 연구에서 조사를 진행한 네 군데의 하수처리시설에서 검출된 항생제 내성물질은 총 24개 물질이었으며, multidrug resistance와 MLS resistance, tetracycline resistance가 높은 빈도로 검출이 되었다. 이 세 가지 항생제가 전체 검출된 항생제의 약 70% 이상을 차지하고 있는 것으로 나타났다. 항생제 내성 유전자는 처리과정을 거치면서 제거가 되는 것으로 나타났으나, aac2-1, OXA resistance gene, ermF, ceoB, tetG, tetP 일부 내성 유전자는 유출수에서도 제거가 되지 않거나 처리 과정 중 증가하는 것으로 나타났다. 본 연구를 통해 부산시 하수처리시설이 항생제에 이미 오염이 되었으며, 유출수에서 항생제 내성이 전파되고 전이될 수 있을 가능성이 있음을 확인할 수 있었다.

4. 참고문헌

- Guo, J., Li, J., Chen, H., Bond, P. L., Yuan, Z., 2017, Metagenomic analysis reveals wastewater treatment plants as hotspots of antibiotic resistance genes and mobile genetic elements. *Water Res.*, 123, 468-478.
- Yoo, K., Yoo, H., Lee, J., Choi, E., Park, J., 2020, Exploring the antibiotic resistome in activated sludge and anaerobic digestion sludge in an urban wastewater treatment plant via metagenomic analysis. *J. Microbiol.*, 58, 123-130.