pISSN 1229-1153 / eISSN 2465-9223 *J. Food Hyg. Saf.*
Vol. 32, No. 2, pp. 147~153 (2017)
https://doi.org/10.13103/JFHS.2017.32.2.147

Journal of Food Hygiene and Safety
Available online at http://www.foodhygiene.or.kr

농업환경에 서식하는 파리에서 분리된 *E. coli*의 병원성 유전자 및 항생제 내성 조사

윤보현[1] · 장윤정[1] · 김연록[1] · 김황용[2] · 김원일[1] · 한상현[1] · 김세리[1] · 류재기[1] · 김현주[1]*
[1]국립농업과학원 농산물안전성부 유해생물팀, [2]농촌진흥청 기술협력국 국제기술협력과

Virulence Profile and Antimicrobial Resistance of *Escherichia coli* from Flies Captured from Agricultural Environment

Bohyun Yun[1], Youn Jung Jang[1], Yeon Rok Kim[1], Hwang-Yong Kim[2], Won-Il Kim[1], Sanghyun Han[1], Se-Ri Kim[1], Jae-Gee Ryu[1], and Hyun Ju Kim[1]*
[1]*Microbial Safety Team, Agro-Food Safety & Crop Protection Department, National Institute of Agricultural Sciences (NAS), Rural Development Administration (RDA), Wanju, Korea*
[2]*Technology Cooperation Bureau, RDA, Jeonju, Korea*
(Received December 21, 2016/Revised January 22, 2017/Accepted March 27, 2017)

ABSTRACT - The purpose of this study was to isolate *Escherichia coli* from flies and to assess pathogenic genes and antibiotic resistance of the isolates. A total of 188 flies were captured in agricultural environment including fruits farms (n = 19), fermented soybean farms (n = 9), municipal waste (n = 46), livestock farms (n = 66), slaughterhouses (n = 38), and manure ground (n = 10). *E. coli* isolates of captured flies were tested for pathogenic gene and antibiotic resistance using PCR methods and VITEK2 systems. As a result, *E. coli* from 63% (119/188) of the captured flies has been detected, and the detection rate of *E. coli* was the highest (89%, 31/34) in flies captured at particular slaughterhouse. Of the 34 isolates, 94% (32/34) were pathogenic gene (ST gene) positive. Twenty-six percent (31/119) of the *E. coli* isolates were observed being resistant to one or more antibiotics. Markedly, one of *E. coli* isolates from Livestock farms was resistant to 7 antibiotics including ampicillin, ampicillin/sulbactam, cefazolin, cefotaxime, gentamicin, levofloxacin, and trimethoprim/sulfamethoxazole. In addition, it was ESBL positive. The results of the present study may suggest a risk of transmission of pathogenic and antimicrobial resistant bacteria from flies to livestock environment Therefore, it may need to prevent introducing flies into the agricultural production environment for safe food production.

Key words : Antibiotic resistant bacteria, *Escherichia coli*, Flies, Agricultural environments

파리는 동물의 분변, 썩은 고기, 부패한 과채, 하수구 등 비위생적인 환경에서 알을 낳고 유충이 되어 성장하게 된다[1-3]. 이러한 파리의 서식환경은 병원성 미생물을 포함한 다양한 미생물군집이 존재하게 되며, 그 환경에서 성장한 파리 또한 병원성 미생물을 포함한 다양한 미생물군집을 보유함과 동시에 농식품의 병원성 미생물 매개체 역할을 하게 된다[4].

파리는 다음과 같은 몇 가지 특성 때문에 병원성 미생물을 매개 할 수 있다. 첫 번째, 파리는 비위생적인 환경에서 성장하는 것이다. 파리의 생애주기는 알, 유충, 번데기, 성충의 단계를 거치며 비위생적인 환경에서 알을 낳고 성장하기 때문에 병원성 미생물을 보유하게 될 가능성이 높아진다. Echeverria 등[5]은 태국 북동 지역에서 들, 가축사육시설, 침실, 부엌에서 수집한 파리에서 *Escherichia coli*, *Shigella* spp., *Vibrio cholera* 등이 검출되었다고 보고하였고, Rochon 등[6]은 파리의 유충에 감염된 *E. coli*가 성충이 되었을 때에도 검출이 된다고 보고하였다. 이는 파리는 알을 제외한 모든 생애주기에 병원성 미생물을 보유할 수 있다는 것이다. 두 번째는 파리는 배설물과 음식물을 모두 선호하기 때문에 배설물과 음식물을 교차로 이동하게 됨으로써 배설물의 병원성 미생물을 음식물로 교차오염 시킬 수 있다는 것이다. Kobayashi 등[7]의 연구에 따르면 파리가 *E. coli*를 섭취한 후에도 *E. coli*가 파리 장내에서 살아남아 배출될 뿐 아니라 몸 표면에서도 생존하여 병원성 미생물을 식품으로 옮길 수 있다고 보고하였다. 다

*Correspondence to: Hyun Ju Kim, Microbial Safety Team, Agro-Food Safety & Crop Protection Department, NAS, RDA, Wanju 55365, Korea
Tel: 82-63-238-3394, Fax: 82-63-238-3840
E-mail: yaehyunj@korea.kr

른 연구자들의 연구에서도 파리가 *E. coli*, *Salmonella* spp., *Campylobacter* spp., *Shigella* spp., *E. coli* O157:H7 같은 병원성 미생물을 전파하는 질병 매개능력을 가지고 있다고 보고되고 있다[8-12]. 세 번째로 파리는 24시간 동안 약 8 km을 이동할 수 있는 것이다[13]. 이는 파리가 병원성 미생물을 보유하고 반경 8 km 이상의 장소까지 병원성 미생물을 오염시킬 수 있다는 것을 말한다. 이러한 사실을 미루어보아 파리는 주요한 병원성 미생물 매개체이며 농산물 및 식품의 위생관리에 있어서 중요한 관리 대상이라고 할 수 있다.

하지만 국내에서는 파리의 병원성 미생물 오염도 및 파리에서 분리된 미생물의 특성 연구는 전무한 상태이다. 따라서 본 연구는 파리의 식중독세균 매개 가능성을 평가하기 위한 기초자료의 일환으로 국내 다양한 환경에서 파리를 채취하여 *E. coli*와 병원성 미생물의 오염도를 조사하여 보고하고자 한다.

Materials and Methods

파리 시료 채집

파리 채집을 위하여 전북 부안군에 위치한 오디농장에서 11개체, 경기도 포천시에 위치한 포도농장에서 8개체, 총 19개체를 과일농장에서 채집하였다. 장류생산농장(n = 9)은 음성에 1개의 농장에서 9개체를 채집하였다. 생활쓰레기 야적장(n = 46)은 오디농장 근처의 쓰레기 야적장에서 2개체, 완주인근의 생활쓰레기 야적장에서 30개체, 천안인근의 생활쓰레기 야적장에서 14개체를 채집하였다. 축산환경(n = 66)은 전라북도 소재의 양돈, 우사, 계사에서 각각 22개체씩 채집하였다. 도축장(n = 38)은 평창인근의 1개의 도축장에서 38개체를 채집하였다. 퇴비장(n = 10)은 정읍인근의 1개의 퇴비장에서 10개체를 채집하였다. 파리의 채집은 각각의 개체를 멸균된 50 mL의 튜브에 1개체씩 채집하였다(Table 1).

Table 1. Detection rates of *Escherichia coli* from flies captured from agricultural environment

Classification		Region	Number of isolates (%)
Fruits	Mulberry	Buan (n = 11)	8(73)
	Grape	Pocheon (n = 8)	5(63)
Fermented soybean products		Eumseong (n = 9)	1(11)
Municipal waste		Buan (n = 2)	1(50)
		Wanju (n = 30)	15(50)
		Cheonan (n = 14)	9(64)
Livestock farms	Pig farm	Gimje (n = 12)	12(100)
		Gimje (n = 10)	6(60)
		Gimje (n = 2)	2(100)
	Cow farm	Gimje (n = 10)	6(60)
		Jeongeup (n = 10)	4(40)
	Poultry farm	Gimje (n = 10)	7(70)
		Jeongeup (n = 10)	1(10)
		Buan (n = 2)	1(50)
Slaughterhouses		Pyeongchang (n = 38)	34(89)
Manure ground		Jeongeup (n = 10)	7(70)
Total		(n = 188)	119(63)

파리 분비물 중 *E. coli* 분리 및 동정

다양한 농업환경으로부터 채집한 파리는 각각 50 mL 튜브에서 2일간 상온에 사육하며 파리의 분비물 (토사물 및 배설물)이 배출되도록 하였다. 파리 분비물로부터 *E. coli*를 분리하기 위해 파리 생체를 제거하고 파리 분비물의 일정량을 10 mL의 멸균생리식염수와 함께 균질화 하여 시험용액으로 사용하였다. 시험용액 1 mL를 3개의 10 mL의 EC broth (Difco, Sparks, ME, USA)에 접종하여 44°C에서 24시간 배양 후 가스발생 양성인 경우 eosin methylene blue 한천배지(EMB 한천배지: Oxoid, Hampshire, UK)에 접종하여 35°C에서 24시간 배양 하였다. EMB 한천배지에서 배양된 전형적인 *E. coli* 의심집락을 보통한천배지에 순수분리한 후 배양된 균주를 Vitek 2 GN ID card (bio-Mérieux, Marcy-l'Etoile, France)를 사용하여 동정하였다.

파리 분비물 중 병원성 미생물 분리 및 동정

병원성 미생물은 *E. coli* 분리 및 동정 방법과 같이 파리 분비물에 10 mL의 멸균생리식염수 첨가하여 균질화하여 시험용액으로 사용하였다. *E. coli* O157:H7, *Staphylococcus aureus*, *Listeria monocytogenes*, *Salmonella* spp.는 시험용액 1 mL를 각각 취하여 10 mL의 발효관이 든 modified EC broth (Oxoid, Hampshire, UK), 10 mL의 10% NaCl이 들어간 tryptic soy broth, Fraser Listeria broth, Rappaport Vassiliadis R10 Broth에 접종하여 각각 42°C, 37°C, 30°C, 37°C에서 24시간 배양시켰다. 이후 양성 의심시료를 CHROMagar O157 (CHROMagar™, Paris, France), CHROMagar Staphy, palcam agar (Oxoid), xylose lysine tergitol-4 (XLT: Oxoid)에 접종하여 각각 24시간 동안 37°C, 37°C, 30°C, 37°C에 배양 후 전형적인 의심집락을 NA에 순수분리 및 배양 한 다음 VITEK (VITEK-2 compact, Biomerieux, l'Etoile, France)으로 확인하였다.

분리된 *E. coli*의 병원성 유전자 분석

PowerChek™ Diarrheal *E.coli* 4-plex Detection Kit I과 Kit II (Kogenebiotech, Seoul, Korea)를 사용하여 multiplex PCR 방법으로 8가지 병원성 *E. coli* 유전자(LT, ST, VT1, VT2, *bfpA*, *aggR*, *ipaH*) 여부를 분석하였다. 병원성 *E. coli*

유전자 분석을 위하여 순수 분리된 *E. coli*을 Tryptic soy agar (TSA: Difco)에 37°C로 24시간 배양하여 생성된 colony를 1 loop 취하여 500 μL의 Diethyl pyrocarbonate water (Bioneer, Daejeon, Korea)에 현탁 시킨 후 Incolone™ Genomic DNA Prep Kit를 이용하여 PCR에 사용될 template DNA를 추출하였다. PowerChek™ Diarrheal *E.coli* 4-plex Detection Kit는 2 X premix solution 10 μL, Template DNA 5 μL, primer mixture 5 μL로 total volume 20 μL로 하였다. PCR condition은 95°C에서 10분간 예비가열한 후 95°C에서 30초, 60°C에서 20초, 72°C에서 40초를 32 cycles 실시하고, 72°C에서 5분간 반응하였다. PCR 반응액은 2% agarose gel에서 전기영동하여 병원성 유전자를 확인하였다.

분리된 *E. coli*의 항생제 내성 검정

분리 동정된 *E. coli* 균주에 대해서 Nutrient agar (NA: Difco)에서 37°C 24시간 배양 후 0.45% sodium chloride inhalation 용액 3 mL에 0.6 MacFaland로 탁도를 맞춘 후 시험 균액 145 uL를 새로 준비된 0.45% sodium chloride inhalation 용액 3 mL에 혼합하여 균의 탁도를 조절하였다. 탁도를 맞춘 시험 균액은 AST-N211 card에 채운 후 VITEK 2를 사용하여 항생제 감수성 검사를 하였다. 검사 결과는 Clinical and Laboratory Standards Institute (CLSI 2011) 에 따라 판정하였다. 항생제 내성을 위한 표준 균주로는 *E. coli* ATCC 25922, *E. coli* ATCC 35218을 사용하였다.

Results and Discussion

E. coli 및 병원성미생물 분리

본 연구에서는 과일농장, 장류생산농장, 생활쓰레기 야적장, 축사, 도축장, 퇴비장들을 비롯한 농업환경에서 파리를 채집하여 파리의 분비물에 대한 *E. coli* 오염도를 조사하였다. 실험 결과, 도축장, 퇴비장, 과일농장, 축사, 생활쓰레기 야적장, 장류생산농장에서 각각 89%(34/38), 70%(7/10), 68%(13/19), 59%(39/66), 54%(25/46), 11%(1/9) 검출되었다(Table 1). 하지만 병원성미생물인 *E. coli* O157:H7, *S. aureus*, *L. monocytogenes*, *Salmonella* spp. 은 분리되지 않았다(data not shown). Butler 등[14]은 레스토랑의 쓰레기통 주변의 파리를 채집하여 *E. coli*을 포함한 총 11종의 병원성 미생물을 분리하였다고 보고하였다. 또한 나이지리아의 Ekpoma 지역에서 파리를 채집하여 확인한 결과 *E. coli*, *Salmonella* spp. 등의 병원성 미생물들이 분리되었으며, 특히 낙농가 근처에서 다른 지역에 비하여 총 세균수가 높게 검출되었다고 보고하였다[15]. Khalil 등[16]의 연구에 따르면 도시 주변의 파리에서는 *E. coli*, *Salmonella* spp., *Campylobacter* spp., *Shigella* spp. 등의 병원성 미생물이 검출되었으며, 흥미롭게도 생활환경이 비교적 깨끗한 중산층 계급의 주택단지에서 채집된 파리에서도 *E. coli*, *Salmonella*, *Campylobacter*가 각각 10.5%, 5.3%, 2.6%로 분리되었다. 이들의 결과를 미루어 볼 때 파리는 *E. coli*를 비롯한 병원성 미생물이 빈번히 검출되고 있음을 알 수 있다.

다른 분리원천과 비교해보면, 식품 중 수산물에서는 평균적으로 12.2%의 *E. coli*가 분리되었고[17], 소고기에서는 9.8%[18], 농산물인 혼합 채소 샐러드에서 13.6%, 유기농 상추에서 14.3%, 깻잎에서 7.1% 검출된다고 보고되고 있어 파리에서의 *E. coli*의 분리율과 비교 하였을 때 매우 낮은 검출율을 보인다[19]. 또한 같은 곤충류에서 대장균의 검출율을 비교해보면, 귀뚜라미, 흰점박이꽃무지, 갈색거지리 등에서는 *E. coli*가 검출되지 않았으나[20-22], 모기에서는 *E. coli*가 검출되었다[23]. 이러한 결과는 파리의 서식환경이 분변에 접촉 가능성이 높기 때문에 다른 곤충보다 높은 *E. coli* 검출율을 보이는 것으로 판단된다.

분리된 *E. coli*의 병원성 유전자 분석

파리에서 분리된 *E. coli*의 병원성 유전자 보유 여부를 확인하였다. 생활쓰레기 야적장에서 채집된 파리에서는 25주의 *E. coli* 중 1 주에서 VT2 유전자가 검출되었다. 축사에서는 39 주의 *E. coli* 중 3 주에서 VT2 유전자가 검출되었으며, 1 주에서는 *eaeA* 유전자가 검출되었다. 도축장에서는 34 주의 *E. coli* 중 31 주에서 ST 유전자가 검출됨으로써 가장 높은 비율로 병원성 대장균이 검출되었다. 그 외 환경에서 채집된 파리에서는 병원성 유전자를 지닌 *E. coli*들은 분리되지 않았다(Table 2).

종합하면, 과일농장, 장류생산농장, 퇴비장에서 채집한 파리에서는 *E. coli*은 분리되었지만, 병원성 유전자를 지닌 *E. coli*은 분리되지 않았다. 그러나 생활쓰레기 야적장에서는 약 4%의 *E. coli*가 병원성 유전자를 지녔으며, 축사에서는 약 11%, 도축장에서는 91%로 가장 높은 확률로 병원성 유전자를 지닌 *E. coli*가 분리되었다. 또한 농업환경에서 분리된 *E. coli* 중 병원성 유전자는 ST (26%), VT (3%), *eaeA* (1%)로 ST 유전자를 지닌 *E. coli*가 가장 많이 분리되었다(Table 2). 대부분의 파리에서 분리된 *E. coli*의 병원성 유전자 관련 연구는 *E. coli* O157:H7에 관한 연구들이 주로 이루어지고 있다. Iwasa 등[12]의 연구에서는 소, 돼지, 닭을 사육하는 축사환경에서 파리를 수집하여 *E. coli* O157:H7을 분리하였으며, *stx1*, *stx2* 유전자를 확인하였다. Moriya 등[24]의 연구에서는 보육원에서 발생한 *E. coli* O157:H7 관련 식중독에 관하여 역학조사를 수행하여 확인한 결과 근처 축사의 파리에서 같은 타입의 *E. coli* O157:H7을 분리 하였다. 또한 캔자스 지역의 우사에서 채집된 파리에게서 *stx1*, *stx2*, *eaeA*, *filC* 유전자를 보유한 *E. coli* O157:H7이 분리되었다고 보고하였다[25]. 본 연구에서는 기존의 연구와는 달리 *E. coli* O157:H7은 분리되지 않았으나, ST, VT2, *eaeA* 유전자를 보유하는 *E.*

Table 2. Virulence gene profile of *Escherichia coli* isolates from fly

Virulence gene	Number of isolates (%)						
	Fruits (n = 13)	Fermented soybean products (n = 1)	Municipal waste (n = 25)	Livestock farms (n = 39)	Slaughterhouses (n = 34)	Manure ground (n = 7)	Total (n = 119)
VT1	-	-	-	-	-	-	0
VT2	-	-	1(4)	3(8)	-	-	4(3)
LT	-	-	-	-	-	-	0
ST	-	-	-	-	31(91)	-	31(26)
eaeA	-	-	-	1(3)	-	-	1(1)
bfpA	-	-	-	-	-	-	0
ipaH	-	-	-	-	-	-	0
aggR	-	-	-	-	-	-	0

Table 3. Antibiotic resistance of *Escherichia coli* from flies captured from agricultural environment

	Number of isolates (%)						
	Fruits (n = 13)	Fermented soybean products (n = 1)	Municipal waste (n = 25)	Livestock farms (n = 39)	Slaughterhouses (n = 34)	Manure ground (n = 7)	Total (n = 119)
ESBL	0	0	0	2(5)	0	0	2(2)
Ampicillin	1(8)	0	4(16)	19(49)	1(3)	0	25(21)
Ampicillin/ Sulbactam	0	0	0	4(10)	0	0	4(3)
Piperacillin/ Tazobactam	0	0	0	0	0	0	0
Cefazolin	0	0	0	1(3)	0	0	1(1)
Cefoxitin	0	0	0	0	0	0	0
Cefotaxime	0	0	0	1(3)	0	0	1(1)
Ceftazidime	0	0	0	0	0	0	0
Cefepime	0	0	0	0	0	0	0
Aztreonam	0	0	0	0	0	0	0
Ertapenem	0	0	0	0	0	0	0
Meropenem	0	0	0	0	0	0	0
Amikacin	0	0	0	0	0	0	0
Gentamicin	0	0	0	4(10)	0	0	4(3)
Levofloxacin	0	0	0	6(15)	0	0	6(5)
Tigecycline	0	0	0	0	0	0	0
Trimethoprim/ Sulfamethoxazole	1(8)	0	1(4)	7(18)	0	0	9(8)

*coli*가 확인되어서 다양한 환경에서 서식하는 파리에서 병원성 유전자를 보유한 *E. coli*가 검출되어 식중독 매개 가능성이 우려된다.

분리된 *E. coli*의 항생제 내성 비율

다양한 환경에서 채집한 총 188 마리의 파리에서 *E. coli*은 총 119주(63%)가 분리되었고 분리된 *E. coli*의 항생제 내성 비율은 Table 3과 같다. 총 18제의 항생제에 대하여 7종의 항생제에 대한 내성이 발견되었으며 각 항생제 별로는 ampicillin (AMP) 21%, ampicillin/sulbactam (SAM) 3%, cefazolin (KZ) 1%, cefotaxime (CTX) 1%, gentamicin (CN) 3%, levofloxacin (LEV) 5%, trimethoprim/sulfamethoxazole (SXT) 8%으로 나타났다. 채집된 파리에서 분리된 *E. coli*의 환경에 따른 항생제 내성 비율은 과일농장에서는 AMP과 SXT에서 각 1주씩 내성을 보였으며, 생활쓰레기 야적장에서는 AMP 4주, SXT 1주, 도축장에서는

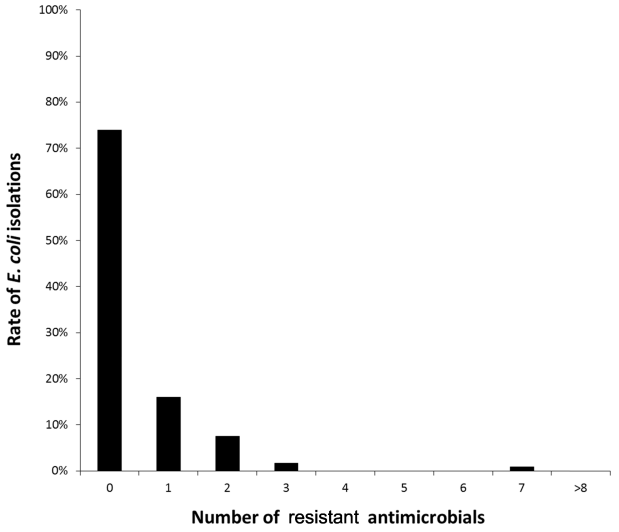

Fig. 1. Multidrug resistance profile of *Escherichia coli* from flies captured from agricultural environment.

AMP내성균주 1주가 내성을 보였다. 특히 항생제를 많이 사용하는 환경인 축사에서는 AMP 19주, SAM 4주, TZP 4주, KZ 1주, CTX 1주, CN 4 주, LEV 6주, SXT 7주의 *E. coli*이 각각 내성을 보였다. 뿐만 아니라 이 중 2 주의 *E. coli*에서는 다제내성의 지표인 extended spectrum β-lactamases (ESBL) 생성 균주도 분리가 되었으며, 여러 환경 중 축사에서 항생제에 내성을 지닌 *E. coli*가 가장 높은 확률로 검출되었다(Table 3). 또한 항생제 내성 균주 중 항생제 2개 이상 내성을 보이는 균주는 총 12 주였고, 이 중 7개의 항생제에 내성을 지니는 균주도 1주 분리되었으며, 이 또한 축사환경에서 채집된 파리에서 분리된 *E. coli* 이었다(Fig. 1).

Rahuma 등[26]에 따르면 항생제를 많이 사용되는 환경인 병원환경에서 채집한 파리에서 분리된 식중독세균에서 다제내성 미생물들이 분리되었다고 보고하였다. 뿐만 아니라 돼지를 사육하는 축가에서는 파리 및 바퀴벌레에서 항생제 내성을 지닌 *Enterococcus* spp.이 분리되었으며[27], 닭을 사육하는 축가에서는 ESBL 생성 *E. coli*이 파리에서 분리되었다[28]는 보고들로 미루어 볼 때 가축사양 환경에서 분리된 미생물의 항생제 내성율이 높을 수 있음을 시사한다. 실제 가축에서 분리된 *E. coli*의 항생제 내성에 관련된 논문들을 살펴보면 돼지에서 분리된 *E. coli*에서는 tetracycline (TE) 83.6%, AMP 68.2%, streptomycin (S) 60%, chloramphenicol (C) 53.8%, SXT 48.0% 순으로 내성율을 보이고 있다[29]. 다른 축종으로 닭에서는 TE 86.8%, AMP 48.1%, S 61.3%, C 31.1%, SXT 35.8%으로 나타났으며[30], 소에서는 TE 40.8%, AM 11.3%, S 23.5%, C 5.9%로 나타나고 있다[31]. 본 연구에서 AMP 21%, SXT 8%로 다른 연구들과 유사한 결과를 보이고 있다. 이는 축산환경이 다른 환경에 비하여 항생제의 노출확률이 높고 가축의 질병 치료 및 예방의 목적으로 사료에 항생제를 첨가하거나 항생제를 많이 사용하기 때문으로 판단된다.

이러한 결과 축산환경 서식 파리에서 분리된 *E. coli*은 병원성 유전자를 보유하고 있을 가능성이 높을 뿐만 아니라 항생제에 내성을 나타낼 가능성도 높기 때문에 농식품을 생산하는 농장이나 식품공장은 가급적으로 축산환경으로부터 일정한 거리를 두거나 방충망 등의 차단조치가 필요할 것으로 판단된다.

Acknowledgement

본 연구는 농촌진흥청 공동연구사업(과제번호 : PJ0108-5901)의 지원에 의해 이루어진 것임.

국문요약

본 연구는 다양한 농업 환경에서 채집된 파리의 분비물에서 *E. coli*을 분리하고 분리된 *E. coli*의 병원성유전자 및 항생제내성을 조사하기 위하여 수행되었다. 파리는 과일농장(n = 19), 장류생산농장(n = 9), 생활쓰레기 야적장(n = 46), 축사(n = 66), 도축장(n = 38), 퇴비장(n = 10)에서 총 188마리를 채집하여 토사물과 배설물로부터 *E. coli*을 분리 및 동정하였다. 그 결과, 채집된 파리의 63%(119/188)에서 *E. coli*이 검출되었으며 특히 도축장에서 채집된 파리에서 *E. coli*의 검출률이 89%(34/38)로 가장 높았다. 또한 분리된 *E. coli*을 대상으로 병원성 유전자 8종(ST, LT, VT1, VT2, *aggR*, *bfpA*, *eaeA*, *ipaH*)을 조사한 결과, 도축장에서 채집된 파리에서 분리된 *E. coli* 중 91%(31/34)가 장독소를 생산할 수 있는 ST유전자를 보유하고 있었다. 분리된 *E. coli*의 16%(31/188)가 1종 이상의 항생제에 내성을 보였다. 특히, 항생제 사용빈도가 높은 축사에서 채집된 파리의 *E. coli* 경우에는 59%(23/39)가 항생제 내성을 나타내었다. 분리된 항생제 내성 *E. coli* 균주 중 10%(12/119)는 2종 이상의 항생제에 내성을 보였고, 모두 축사 채집 파리에서 분리된 균주였으며, 이 중 2개 균주는 다재내성의 지표인 ESBL (Extended-spectrum beta-lactamase)에 양성을 나타내었다. ESBL 양성균주 중 1 균주는 7종의 항생제에 내성을 보였이는 것으로 조사되었다. 본 연구의 결과, 축산환경 서식 파리에서 분리된 *E. coli*은 병원성 유전자를 보유하고 있을 가능성이 높을 뿐만 아니라 항생제에 내성을 나타낼 가능성도 높기 때문에 농식품을 생산하는 농장이나 식품공장은 가급적 축산환경으로부터 일정한 거리를 두거나 방충망 등의 차단조치가 필요할 것으로 판단된다.

References

1. Förster, M., Klimpel, S., Mehlhorn, H., Sievert, K., Messler,

S., Pfeffer, K.: Pilot study on synanthropic flies (eg *Musca*, *Sarcophaga*, *Calliphora*, *Fannia*, *Lucilia*, *Stomoxys*) as vectors of pathogenic microorganisms. *Parasitol. Res.*, **101**, 243-246 (2007).
2. Graczyk, T.K., Knight, R., Gilman, R.H., Cranfield, M.R.: The role of non-biting flies in the epidemiology of human infectious diseases. *Microb. Infect.*, **3**, 231-235 (2001).
3. Moon, R.D.: Muscid flies (*Muscidae*). *Med. Vet. Entomol.*, 279-301 (2002).
4. Gupta, A.K., Nayduch, D., Verma, P., Shah, B., Ghate, H.V., Patole, M.S., Shouche, Y.S.: Phylogenetic characterization of bacteria in the gut of house flies (*Musca domestica* L.). *FEMS Microbiol. Ecol.*, **79**, 581-593 (2012).
5. Echeverria, P., Harrison, B., Tirapat, C., McFarland, A.: Flies as a source of enteric pathogens in a rural village in Thailand. *Appl. Environ. Microbiol.*, **46**, 32-36 (1983).
6. Rochon, K., Lysyk, T., Selinger, Persistence, L.: Persistence of *Escherichia coli* in immature house fly and stable fly (Diptera: Muscidae) in relation to larval growth and survival. *J. Med. Entomol.*, **41**, 1082-1089 (2004).
7. Kobayashi, M., Sasaki, T., Saito, N., Tamura, K., Suzuki, K., Watanabe, H., Agui, N.: Houseflies: not simple mechanical vectors of enterohemorrhagic *Escherichia coli* O157: H7. *Am. J. Trop. Med. Hyg.*, **61**, 625-629 (1999).
8. Choo, H., Kim, H., Lee, D., Park, Y.: Microbial control of fly maggots with entomopathogenic nematodes and fungus in outhouses of farmhouses. *Korean J. Appl. Entomol.*, (Korea Republic) (1996).
9. Gestmann, F., Förster, M., Mehlhorn, H., Sievert, K., Messler, S., Neuhausen, N., Petersdorf, S., Pfeffer, K.: Flies as vectors of microorganisms potentially inducing severe diseases in humans and animals. *Arthropods as vectors of emerging diseases*: Springer Berlin Heidelberg, pp. 195-226 (2012).
10. Wales, A., Carrique-Mas, J., Rankin, M., Bell, B., Thind, B., Davies, R.: Review of the carriage of zoonotic bacteria by arthropods, with special reference to *Salmonella* in mites, flies and litter beetles. *Zoonoses Public Health*, **57**, 299-314 (2010).
11. Olsen, A.R., Hammack, T.S.: Isolation of *Salmonella* spp. from the housefly, *Musca domestica* L., and the dump fly, Hydrotaea aenescens (Wiedemann) (Diptera: Muscidae), at caged-layer houses. *J. Food Prot.*, **63**, 958-960 (2000).
12. Iwasa, M., Makino, S.I., Asakura, H., Kobori, H., Morimoto, Y.: Detection of *Escherichia coli* O157: H7 from *Musca domestica* (Diptera: Muscidae) at a cattle farm in Japan. *J. Med. Entomol.*, **36**, 108-112 (1999).
13. Wasala, L., Talley, J.L., DeSilva, U., Fletcher, J., Wayadande, A.: Transfer of *Escherichia coli* O157: H7 to spinach by house flies, *Musca domestica* (Diptera: Muscidae). *Phytopathology,* **103**, 373-380 (2013).
14. Butler, J.F., Garcia-Maruniak, A., Meek, F., Maruniak, J.E.: Wild Florida house flies (*Musca domestica*) as carriers of pathogenic bacteria. *Fla. Entomol.*, **93**, 218-223 (2010).
15. Nmorsi, O., Agbozele, G., Ukwandu, N.: Some aspects of epidemiology of filth flies: *Musca domestica*, *Musca domestica vicina*, *Drosophilia melanogaster* and associated bacteria pathogens in Ekpoma, Nigeria. *Vector Borne Zoonotic Dis.*, **7**, 107-117 (2007).
16. Khalil, K., Lindblom, G.B., Mazhar, K., Kaijser, B.: Flies and water as reservoirs for bacterial enteropathogens in urban and rural areas in and around Lahore, Pakistan. *Epidemiol. Infect.*, **113**, 435-444 (1994).
17. Lee, J.I., Han, G.Y., Park, H.H.: Characteristics and antibiotics susceptibility of *Escherichia coli* isolated from fishery products. *Korean J. Food Nutr.*, **16**, 111-115 (2003).
18. Kim, H.T., Jung, K.T., Lee, D.S., Lee, K.W.: Study on antimicrobial resistance of *Escherichia coli* isolated from domestic beef on sale (2). *Korean J. Vet. Serv.*, **32**, 93-102 (2009).
19. Jo, M.J., Jeong, A.R., Kim, H.J., Lee, N.R., Oh, S.W., Kim, Y.J., Chun, H.S., Koo, M.S.: Microbiological quality of fresh-cut produce and organic vegetables. *Korean J. Food Sci. Technol.*, **43**, 91-97 (2011).
20. Yoo, J., Hwang, J.S., Goo, T.W., Yun, E.Y.: Comparative analysis of nutritional and harmful components in Korean and Chinese mealworms (*Tenebrio molitor*). *J. Korean Soc. Food Sci. Nutr.*, **42**, 249-254 (2013).
21. Chung, M.Y., Gwon, E.Y., Hwang, J.S., Goo, T.W., Yun, E.Y.: Analysis of general composition and harmful material of *Protaetia brevitarsis*. *J. Life Sci.*, **23**, 664-668 (2013).
22. Kim, E.M., Lim, J.H., Chang, Y.J., An, S.H., Ahn, M.Y.: Changes in the quality characteristics of cricket (*Gryllus bimaculatus*) under various processing conditions. *Korean J. Food Preserv.*, **22**, 218-224 (2015).
23. Azambuja, P., Garcia, E.S., Ratcliffe, N.A.: Gut microbiota and parasite transmission by insect vectors. *Trends Parasitol.*, **21**, 568-572 (2005).
24. Moriya, K., Fujibayashi, T., Yoshihara, T., Matsuda, A., Sumi, N., Umezaki, N., Kurahashi, H., Agui, N., Wada, A., Watanabe, H.: Verotoxin-producing *Escherichia coli* O157: H7 carried by the housefly in Japan. *Med. Vet. Entomol.*, **13**, 214-216 (1999).
25. Alam, M.J., Zurek, L.: Association of *Escherichia coli* O157: H7 with houseflies on a cattle farm. *Appl. Environ. Microbiol.*, **70**, 7578-7580 (2004).
26. Rahuma, N., Ghenghesh, K., Ben Aissa, R., Elamaari, A.: Carriage by the housefly (*Musca domestica*) of multiple-antibiotic-resistant bacteria that are potentially pathogenic to humans, in hospital and other urban environments in Misurata, Libya. *Ann. Trop. Med. Parasitol.*, **99**, 795-802 (2005).
27. Ahmad, A., Ghosh, A., Schal, C., Zurek, L.: Insects in confined swine operations carry a large antibiotic resistant and potentially virulent enterococcal community. *BMC microbiol.*, **11**, 23 (2011).
28. Du, B., Long, Y., Liu, H., Chen, D., Liu, D., Xu, Y., Xie, X.: Extended-spectrum beta-lactamase-producing *Escherichia coli* and *Klebsiella pneumoniae* bloodstream infection: risk factors and clinical outcome. *Intensive Care Med.*, **28**, 1718-1723 (2002).
29. Jeong, K.O., Heo, J.H., Lee, J.M., Yun, I.R., Choi, Y.J., Kim, J.S.: Surveillance of antimicobial resistance ratio of *E. coli*

and *Enterococcus* spp. isolated from fecal and carcasses of pigs in slaughterhouse. *Korean J. Vet. Serv.*, **33**, 241-248 (2010).
30. Kim, A.R., Cho, Y.M., Lim, S.K., Her, M., Jeong, W.S., Jung, S.C., Kown, J.H.: Antimicrobial resistance of commensal bacteria isolated from food-producing animals 3. Antimicrobial resistance of *Escherichia coli* and *Enterococcus* spp. isolated from chicken faecal samples. *Korean J. Vet. Public Health.*, **31**, 41-49 (2007).
31. Lim, S.K., Lee, H.S., Byun, J.R., Park, S.Y., Jung, S.C.: Antimicrobial resistance of commensal bacteria isolated from food-producing animals 1. Antimicrobial resistance of *Escherichia coli* and *Enterococcus* spp. isolated from cattle faecal samples. *Korean J. Vet. Public Health.*, **31**, 21-29 (2007).