pISSN 1229-1153 / eISSN 2465-9223 *J. Food Hyg. Saf.*
Vol. 40, No. 3, pp. 243~254 (2025)
https://doi.org/10.13103/JFHS.2025.40.3.243

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

경남지역 집단식중독 환자에서 분리된 병원성대장균의 항생제 내성 연구

권소정 · 이다은 · 황나람 · 채지윤 · 설희경 · 박여진 · 김영록 · 김영민*
경상남도 보건환경연구원 식중독검사팀

Antimicrobial Resistance Analysis of Pathogenic *Escherichia coli* Isolated from Food Poisoning Patients in Gyeongsangnam-do, South Korea

So-Jung Kwon, Daeun Lee, Na-Ram Hwang, Ji-Yoon Chae, Hui-Gyeong Seol, Yeo-Jin Park, Young Rok Kim, Young-Min Kim*
Foodborne Disease Inspection Team, Gyeongsangnam-do Research Institute of Public Health and Environment, Jinju, Korea

(Received April 2, 2025/Revised June 11, 2025/Accepted June 11, 2025)

ABSTRACT - Pathogenic *Escherichia coli*, a causative agent of diarrhea and enteritis, is the most common pathogen of opportunistic infections and a resistance indicator. In this study, we investigated the incidence trends and molecular genetic characteristics (including pathogenicity type, virulence genes, and antibiotic resistance genes) of pathogenic *E.coli* isolated from patients with foodborne illness in Gyeongsangnam-do from 2022 to 2024. We observed that pathogenic *E. coli* could be most commonly isolated during June-August from 20-29-year-old patients. We categorized a total of 283 pathogenic *E. coli* isolates, comprising enteropathogenic (118; 43.7%), enterotoxigenic (80; 28.3%), enteroaggregative (73; 25.8%), and enterohemorrhagic (11; 3.9%) *E. coli*. *E. coli* isolates demonstrated the highest resistance to ampicillin (57.6%) and cefazolin (39.3%). Among the resistant isolates, the most prevalent (i.e., 42.6 %) multidrug resistance (MDR) pattern was that to the four below-mentioned antimicrobial agents. Notably, 30.5% of all the isolates exhibited concurrent resistance to ampicillin, amoxicillin/clavulanic acid, cefazolin, and cefoxitin, representing a substantial proportion of the MDR profiles. Resistance gene distribution primarily involved *bla*CTX-M (48.9 %) and *bla*TEM (24.9 %), whereas *bla*OXA could not be detected. The results of this study could contribute to establishing the foundations of public health management in preventing pathogenic *E. coli*-caused foodborne illnesses and resistant strain spreading.

Keywords: Pathogenic *Escherichia coli*, Antimicrobial resistance, Resistant genes, Foodborne illness patient

항생제는 인체 세균 감염증의 치료제로 사용될 뿐 아니라, 농·축·수산물의 감염증의 치료제로 폭넓게 사용되고 있다. 항생제 사용의 증가는 필연적으로 항생제 내성(antimicrobial resistant, AMR) 세균의 출현과 확산을 초래하였고 AMR 세균의 확산은 감염증 환자의 사망률을 높이고, 높은 이환율 및 장기 입원에 따른 생산성 저하로 의료비 및 사회적 비용을 증가시켜 의료 및 사회·경제적 측면에서도 큰 부담이 되고 있다[1,2]. 국가·지역 간 인적, 물적 교류의 증가로 인해 국지적으로 제한되었던 AMR 세균의 세계적인 확산이 가속화되고 있으며 다양한 항생제에 내성을 가지는 다제내성균의 출현 등 AMR 세균 문제 해결을 위해 국가별, 지역별 노력을 연계한 전 세계적인 대응이 필요하다[1,3].

2015년 제68차 세계보건총회에서 항균제 내성으로 인한 보건 위협 증가에 대처하기 위해 항균제 내성에 관한 '글로벌 행동 계획'이 채택되었고, 전 세계 항생제 내성 현황을 모니터링하고 신속대응체계를 갖추기 위하여 국제적으로 표준화된 항생제 내성 감시체계인 Global Antimicrobial Resistance Surveillance System (GLASS)을 도입하였다[4].

우리나라는 2016년 5월에 AMR 세균 문제에 대응하는 국가행동계획의 일환으로 World Health Organization (WHO) GLASS의 기준에 부합하고 국내 실정을 반영한 AMR 세균 감시체계, Global Antimicrobial Resistance Surveillance System in Korea (Kor-GLASS)를 설립하여 국

*Correspondence to: YoungMin Kim, Gyeongsangnam-do Research Institute of Public Health and Environment, Jinju 52732, Korea
Tel: +82-55-254-2262, Fax: +82-55-254-2249
E-mail: benhae@korea.kr

Copyright © The Korean Society of Food Hygiene and Safety. All rights reserved. The Journal of Food Hygiene and Safety is an Open-Access journal distributed under the terms of the Creative Commons Attribution Non-Commercial License(http://creativecommons.org/licenses/by-nc/3.0) which permits unrestricted non-commercial use, distribution,and reproduction in any medium, provided the original work is properly cited.

내 종합병원 중 500-1000병상 규모의 병원을 거점별 수집 센터로 선정, 종합병원 분리 주요 병원체의 항생제 내성 현황을 분석하고 있다[1,2]. 항생제 내성 문제는 주로 병원 유래 내성균 중심으로 논의되어 왔으나, 최근에는 사람 간 전파 외에도 동물 또는 환경, 식품 등을 통해서도 전파가 가능한 지역사회 유래 내성균에 대한 공중보건학적 중요성이 강조되고 있으며, 이에 항생제 내성으로 인한 공중보건 위기를 극복하기 위해 사람-식품-환경 연계 원헬스(One Health) 차원의 항생제 내성 관리가 필요하다[5].

식품 매개 질환은 식품 매개 감염 또는 식중독으로 분류되고, 세균, 바이러스, 곰팡이, 기생충, 화학물질 등 다양한 원인 물질에 따라 세분화된다[6]. 국내에서 세균성 식중독 원인균으로 원인이 규명된 식중독 가운데 병원성대장균은 많은 발생건수와 환자수를 기록하고 있으며[7], 가장 흔한 기회감염의 병원체로서 지역사회 건강인의 내성에 대한 지표로도 사용되고 있다[8].

사람과 포유류의 장 속에 살며 혐기적 환경을 조성하여 각종 병원성 세균의 장관 내 서식을 억제하는 등 숙주와 이로운 공생관계를 형성하고 대부분 병원성이 없는 대장균(*Escherichia coli*)과 달리 병원성대장균은 비병원성인 일반적인 대장균이 동종, 이종 간 수평적으로 병원성 유전자를 주고받음으로써 병원성을 획득한 집단으로 사람에게 급성위장염을 일으킨다[9]. 병리학적 기전, 혈청형, 독소의 생산능력 등에 따라 장관병원성 대장균(enteropathogenic *E. coli*, EPEC), 장관독소원성 대장균(enterotoxigenic *E. coli*, ETEC), 장관출혈성 대장균(enterohemorrhagic *E. coli*, EHEC), 장관응집성 대장균(enteroaggregative *E. coli*, EAEC), 장관침입성 대장균(enteroinvasive *E. coli*, EIEC) 등으로 분류된다[9,10].

2022년부터 2024년까지 경상남도에서 발생한 식중독에서 검출된 세균성 원인균 중 병원성대장균의 검출 건수는 매년 증가하는 추세이며 식품의약품안전처 식중독 통계자료[11]에 따르면 해당 3년간 국내 병원성대장균 발생 건수는 122건, 환자 4,135명으로 전체 식중독 환자의 18.1%를 차지하며 세균성 식중독 주요 원인균으로 나타났고 매년 발생건수가 증가하고 많은 환자 수를 기록하고 있다.

세균 감염 치료를 위해 항생제를 섭취할 때, 공생 대장균은 이러한 항생제에 노출되어 자연선택을 통해 항생제에 내성을 갖게 될 수 있으며, 실제로 공생 대장균은 플라스미드 교환을 통해 다른 병원성 세균에 항생제 내성을 전파하는 주요 저장소 중 하나이다. 많은 연구에 따르면 의료 환경에서 병원성 세균 및 공생 세균에 의한 항생제 내성 유병률이 높은 것으로 나타났다[12]. 지역사회와 병원에서의 항생제 내성 유병률을 비교한 일부 연구에서는 모두 큰 차이 없이 일관되게 높은 수치를 보였음에도 불구하고, 전 세계적인 항생제 내성 위기를 극복하기 위한 의료환경 외에 지역사회 차원의 관심은 부족한 실정이다[12,13].

따라서 본 연구에서는 경남지역 집단식중독 의심환자와 종사자에서 분리된 병원성대장균을 대상으로 발생 추이와 병원성 유전자, 항생제 감수성 및 다제내성 양상과 내성 유전자를 분석하여 지역사회 항생제 내성 실태를 파악함으로써 식중독 예방 및 감염 관리를 위한 대책 마련의 기초자료를 제공하고자 한다.

Materials and Methods

병원성대장균 분리 및 동정

2022년 1월부터 2024년 10월까지 경상남도내 집단식중독으로 인한 급성장관염으로 의심되는 환자와 종사자들의 분변 가검물 267건에서 분리한 병원성대장균 283주를 시험대상으로 하였다.

직장면봉법을 통해 채취된 검체를 감별배지인 MacConkey agar (Becton Dickinson, Sparks, MD, USA) 평판배지에 도말한 후 37°C에서 18-24시간 배양하였다. 의심집락으로 분홍색 집락을 선택하여 *E. coli* PCR kit (Genetbio, Daejeon, South Korea)를 사용하여 병원형을 확인하였다. 병원형이 확인된 균을 tryptic soy (TSA, Becton Dickinson) 평판배지에 배양하여 순수 분리한 후, VITEK 2 Compact (BioMerieux, Marcy-l'Étoile, France) 등 생화학적 검사로 대장균임을 최종적으로 확인하였다. Microbank (Pro-lab diagnostics, Richmond hill, Canada)에 분리된 균주를 넣어 -70°C deep freezer (Ilshinbiobase, Dongducheon, Korea)에 보관하였다가 다음 실험에 사용하였다.

병원성 유전자 분석

TSA 평판배지에 순수분리된 균을 200 μL 멸균증류수에 현탁하여 105°C에서 15분간 끓인 다음 15,600 × g에서 5분간 원심분리하여 상층액을 PCR 주형 DNA로 사용하였다. 병원성 유전자 확인을 위해 *E. coli* PCR kit (Genetbio)를 사용하여 제조사 실험 조건에 따라 유전자 분석을 수행하였다. PCR에 사용된 target 유전자로는 EHEC는 *VT1*과 *VT2*, ETEC는 *ST*와 *LT*, EPEC는 *eaeA*와 *bfpA*, 그리고 EAEC는 *aggR*이었다.

항생제 감수성 시험

항생제 감수성 시험은 clinical and laboratory standards institute (CLSI)의 방법에 따라 진행하였다[14].

총 24종의 항생제(Table 3) 중 23종인 ampicillin (10 μg), piperacillin (100 μg), ampicillin-sulbactam (10 μg/10 μg), amoxillin-clavulanic acid (20 μg/10 μg), aztreonam (30 μg), cefazolin (30 μg), cefotaxime (30 μg), ceftazidime (30 μg), cefepime (30 μg), cefoxitin (30 μg), imipenem (10 μg), meropenem (10 μg), ertapenem (10 μg), amikacin (30 μg), gentamicin (10 μg), tobramycin (10 μg), chloramphenicol

(30 μg), tetracycline (30 μg), tigecycline (15 μg), naldixic acid (30 μg), ciprofloxacin (5 μg), trimethoprim/sulfamethoxazole (1.25 μg/23.75 μg), nitrofurantoin (300 μg)은 디스크 확산법으로, polymyxins (colistin)은 액체배지미량희석법으로 감수성을 시험하였다. 분리·동정된 병원성대장균을 TSA 평판배지에 37°C에서 24시간 배양하여 단일 집락을 0.85% 멸균 식염수(saline)에 접종하고 균액의 탁도를 McFarland의 0.5로 조정하여 균 현탁액을 디스크확산법과 액체배지미량희석법에 사용하였다.

디스크확산법은 멸균된 면봉에 균액을 묻혀 Mueller-Hinton agar (MHA) 한천배지(Navibiotech, Cheonan, Korea)에 고르게 펴 바르고, 3-5분 후에 물기가 마르면 dispenser를 이용해 항생제 디스크(Oxoid, Basingstoke, UK)를 배지 위에 부착시켰다. 디스크까지 접종한 배지는 37°C에서 16-18시간 배양한 후, 증식이 완전히 억제된 투명한 영역의 지름을 재어 CLSI 기준에 따라 감수성과 내성을 판독하였고[15], CLSI 판독기준이 없는 일부 항생제는 European committee on antimicrobial susceptibility testing (EUCAST)의 기준을 적용하여 판정하였다[16].

액체배지미량희석법은 균액 10 μL를 Mueller Hinton broth (MHB) (Thermo, Waltham, MA, USA) 11 mL에 혼합하여 Colistin MIC plate (Sensititre Customized Gram-Negative Plate KNIHCOL, TREK Diagnostic System, UK)의 각 well에 50 μL를 접종하고 37°C에서 18시간 배양하였다. Colistin은 ≥4 mg/L 의 MIC를 내성으로 판단하였다.

감수성 시험에 사용한 정도관리 균주로 E. coli ATCC 25922를 사용하였다.

항생제 내성 유전자 분석

항생제 감수성 시험결과에 따라 내성을 가장 많이 보이는 항생제와 관련된 내성 유전자를 확인하기 위해 PCR을 수행하였다. 표적유전자와 관련된 프라이머를 선정하여[17] Table 1과 같이 제작하였다(Bionics, Seoul, Korea). 유전자 분석을 위해 HyQTM HotStart PCR Premix (SNC, Hanam, Korea)를 이용하여 각 10 pmole 프라이머 1 μL와 주형 DNA 2 μL를 첨가하고 제조사 실험 조건에 따라 유전자 분석을 수행하였다. PCR 증폭 산물은 최종적으로 자동전기영동장비(QIAxcel, QIAGEN, Hilden, Germany)로 확인하였다.

자료 분석

내성양상을 보인 병원성대장균의 β-lactam계열 항생제 내성유무와 해당 항생제 내성유전자 검출 간의 통계적 유의성이 있는지 알아보기 위하여 도출한 결과를 바탕으로 SPSS Statistics version 27을 활용하여 교차분석인 카이제곱검정을 수행하였으며, *p*-value가 0.05미만일 경우 유의성이 있다고 판단하였다.

Results and Discussion

병원성대장균 분리 경향

2022년 1월부터 2024년 10월 경남지역에서 발생한 식중독 의심환자 및 종사자의 분변가검물 2,704건 중 267건(9.9%)에서 병원성대장균을 분리하였다. 연도별 전체 검사건수 대비 병원성대장균 검출 건수를 살펴보면 2022년 536건 중 44건, 2023년 1229건 중 88건, 2024년 939건 중 135건으로 매년 증가하는 경향을 보였고, 특히 2024년도 병원성대장균 양성률은 2023년 대비 23.6% 감소된 검체에도 불구하고 2배 이상 증가하였다(Fig. 1A).

연도별로 병원성대장균 월별 발생 양상을 보면 2022년은 7월에 첫 번째 피크로 정점을 찍은 후 8, 9월에 감소하였으며 10월에 다시 소폭 증가하여 두 번째 피크를 찍은 이후 감소하였다. 2023년의 경우 3-5월과 6-8월에 비슷한 증감 패턴을 보이다가 9월에 27건으로 크게 정점을 찍은 후 감소하는 경향을 보였다. 2022년, 2023년과 다르게 2024년에는 4월부터 증가하기 시작하여 6월에 검출 건수가 급격히 증가하여 62건에 도달하였고 3년 중 가장 큰 증가폭을 보였다. 이후 7월부터 감소하는 추세를 보이며 8월 이후에 낮은 수준으로 유지되었다(Fig. 1B). 병원성 대장균 식중독은 기온이 높은 하절기에 발생건수와 환자수가 높은 경향을 보이는데[18,19] 3개년 모두 여름철에 병원성대장균 검출률이 높았으며, 특이적으로 2023년 9월과 2024년 6월에 검출 건수의 급격한 증가를 보였다. 이것은 식품의약품안전처 통계자료에서 전국적으로 2023년 9월과

Table 1. Sequences of primer sets used in this study

Target gene	Primer	Sequence (5'-3')	Size (bp)
*bla*TEM	TEM-F	ATA AAA TTC TTG AAG ACG AAA	1080
	TEM-R	GAC AGT TAC CAA TGC TTA ATC	
*bla*OXA	OXA-F	TCA ACT TTC AAG ATC GCA	591
	OXA-R	GTG TGT TTA GAA TGG TGA	
*bla*CTX-M	CTX-M-F	CGC TTT GCG ATG TGC AG	550
	CTX-M-R	ACC GCG ATA TCG TTG GT	

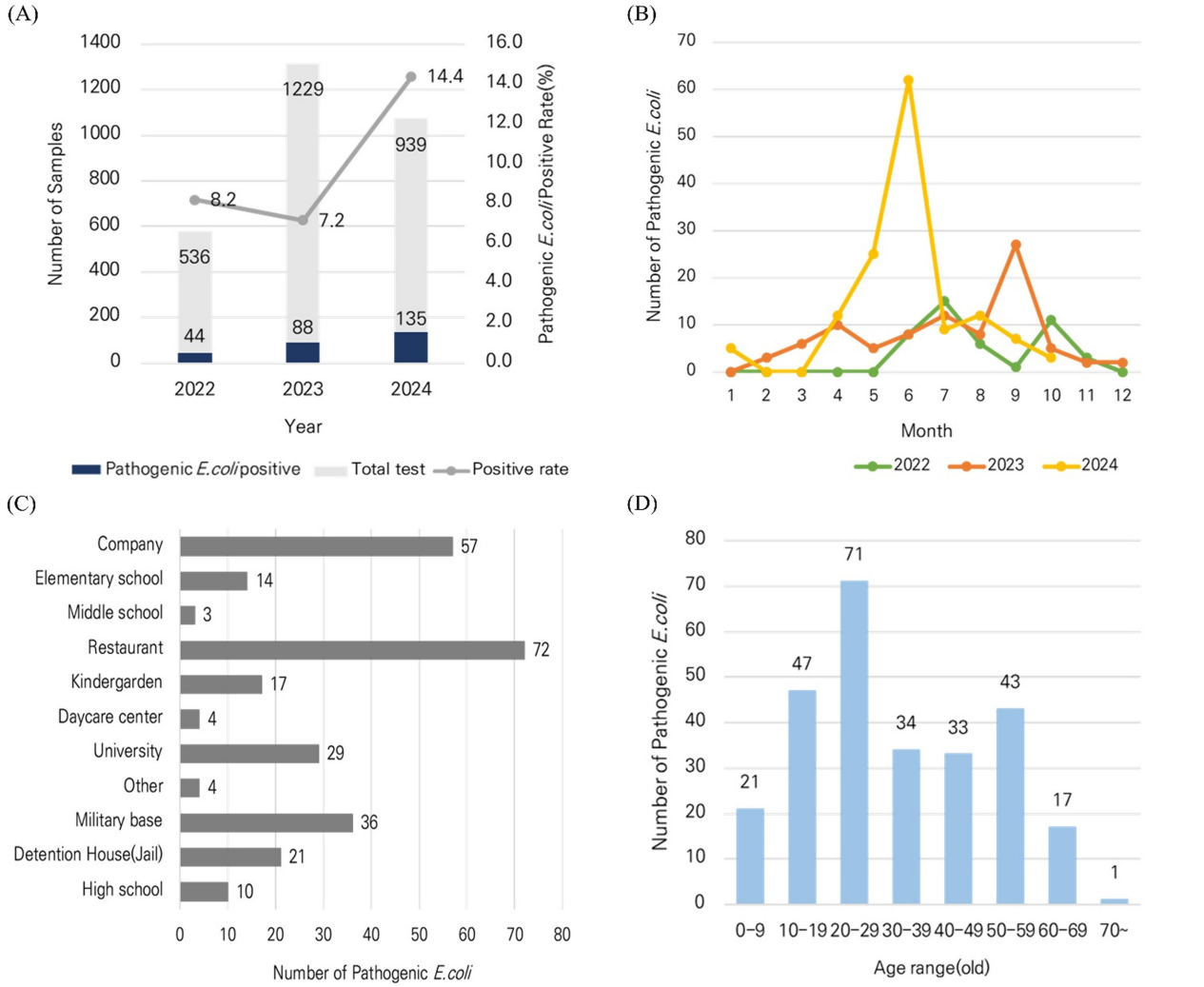

Fig. 1. The Trend of isolated pathogenic *E.coli* from 2022 to 2024 in Gyeongsangnam-do. (A) Number and incidence rate of pathogenic *E.coli* positive samples compared to total test sample. (B) Number of monthly pathogenic *E.coli* detections from 2022 to 2024. (C) Number of pathogenic *E.coli* detections per outbreak location. (D) Incidence rate of pathogenic *E.coli* cases by age.

2024년 6월에 병원성대장균에 의한 식중독의 발생건수와 환자수가 높다고 보고된 결과와 유사하였다[20]. 이러한 결과가 현재 우리나라의 기후변화 등 다른 요인과 연관이 있는지 후속연구가 필요해 보이며 여름철이외의 계절에도 개인위생, 식품보관온도 유의 등 식중독예방을 위한 관리가 필요하다고 생각된다.

발생장소별 병원성대장균 검출 건수를 보면 가장 많이 발생한 장소는 음식점으로 28%를 차지하였으며, 그 뒤로 각각 21.5%, 13.1%의 검출률을 보인 기업체, 군부대를 포함하여 학교, 구치소 등 집단 급식을 이용한 장소가 71.5%를 차지하였다(Fig. 1C). 단체급식의 경우 집단 환자 발생이 대규모로 일어나는 경우가 많기 때문에[9,21] 이에 관해 중점적인 위생관리가 필요하다. 음식점에서 28%로 높게 검출되는 것은 야외활동으로 인한 외식 문화 증가, 음식배달서비스 산업의 발달 등 식문화 변동으로 인한 것으로 추정된다[21].

다음으로 연령별 병원성대장균 분리 경향을 살펴보면 20-29세가 26.6%(71건)로 가장 높았고 그 다음으로 10-19세가 17.6%(47건)를 차지하였다. 50대 이상의 경우 22.9%(61건)이 분리되었는데 이 중에서 44.3%(27건)이 식당 및 급식 조리 종사자였다(Fig. 1D). Hong 등[19]의 연구에 따르면 병원성대장균이 전 연령대에서 분리되었으나 영유아와 아동 연령에서 가장 높은 분리율을 보였다고 보고하였지만 본 연구에서는 영유아, 아동보다는 10대 이상에서 높은 분리율을 보였으며 전반적으로 단체급식과 관련된 사례가 많아 단체급식 이용이 병원성대장균 발생의 가장 큰 원인이라고 추정된다.

병원성 형별 및 독성유전자 분포

2022년부터 2024년까지 경남지역에서 검출된 병원성대장균의 종류와 병원성유전자 특성을 살펴보았다. 병원성

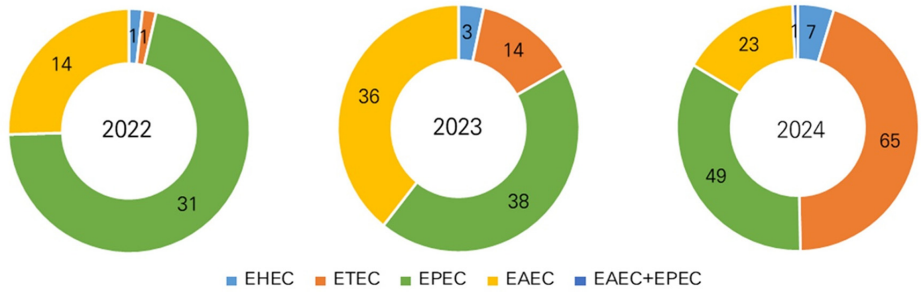

Fig. 2. Distribution of detection of pathogenic *E.coli* by type in Gyeongsangnam-do from 2022 to 2024.

Table 2. Prevalence of virulence factors of pathogenic *E.coli* isolated from 2022 to 2024 in Gyeongsangnam-do

Toxin	No. of isolates (283)				
	EHEC (11)	ETEC (80)	EPEC (118)	EAEC (73)	EAEC+EPEC (1)
vt1	3	0	0	0	0
vt1-eaeA	1	0	0	0	0
vt2	1	0	0	0	0
vt2-eaeA	4	0	0	0	0
vt1-vt2	1	0	0	0	0
vt1-vt2-eaeA	1	0	0	0	0
lt	0	6	0	0	0
sth	0	68	0	0	0
stp	0	6	0	0	0
eaeA	0	0	116	0	0
eaeA-bfpA	0	0	3	0	0
aggR	0	0	0	73	0
aggR-eaeA	0	0	0	0	1

대장균 종별로 살펴보면 분리된 균주 수는 2022년 47주, 2023년 91주, 2024년 145주로 전체 283주 중 EPEC 118주(41.7%), ETEC 80주(28.3%), EAEC 73주(25.8%), EHEC 11주(3.9%), EAEC+EPEC 1주(0.4%) 순이었으며 EPEC가 가장 빈번하게 검출되었다. 연도별로 살펴보면 EPEC, ETEC, EHEC의 분리균주 수는 매년 증가하는 경향을 보였으며, EAEC는 2023년에 큰 폭으로 증가하였다가 2024년에 감소하는 경향을 나타냈다(Fig. 2). 특히 ETEC의 경우 가장 큰 변화를 보였다. ETEC는 여행자 설사의 가장 흔한 원인균으로서 알려져 있으나 최근 오염된 음식이나 물에 의해 비여행자 사이의 집단발병도 늘어나고 있는 추세이므로[22,23] ETEC에 의한 집단식중독에 각별한 주의가 필요해 보인다.

병원성대장균에서 병원성유전자를 확인한 결과(Table 2), 베로독소(verotoxin)를 생성하는 EHEC에서는 용혈성요독증후군(hemolytic uremic syndrome, HUS)과 같은 증상 발현에 관련 있는 유전자인 *vt2*가 5건으로 가장 많았고, *vt1* 4건, *vt1*+*vt2* 2건 순으로 나타났으며, 베로독소 유전자와 *eaeA*를 동시에 가지고 있는 EHEC가 6건(54.5%)으로 확인되었다. 베로독소 중에서도 특히 *vt2*는 *eaeA*와 같은 부착관련유전자와 함께 존재할 경우, 베로독소만 가지는 EHEC보다 중증 질환을 일으킬 위험이 더 큰 것으로 보고된 바 있어 주의가 필요하다[24]. ETEC는 *sth* 68건, *stp* 6건, *lt* 6건이 검출되었으며 분리된 ETEC의 92.5%가 내열성독소 유전자인 *st*를 보유함을 확인하였다.

EPEC는 개발도상국에서 주로 발생하는 typical EPEC (*bfpA*+)와 선진국에서 주로 발생하는 atypical EPEC (*bfpA*-, *eaeA*+)가 보고되고 있는데[25], 본 연구에서 경남지역의 경우 atypical EPEC (*bfpA*-, *eaeA*+)가 116건(97.5%), typical EPEC (*bfpA*+)가 3건(2.5%)을 차지하였다. 이는 국내 수인성·식품매개감염병 병원체 감시사업(Enter-Net)의 EPEC 병원성 유전자 검출률 결과와 비슷한 것으로 나타났다[26]. EAEC의 경우 응집에 관여하는 유전자 *aggR*가 72건 검출되었고, EAEC와 EPEC의 독소유전자인 *aggR*와 *eaeA*가 같이 검출된 경우도 1건 확인되었다.

Table 3. Antimicrobial resistance rate of pathogenic *E.coli* isolated from food poisoning patients in Gyeongsangnam-do

Class	Antimicrobial agents (Abbreviation)	No. of isolates (%, n=283)		
		Resistant	Intermediate	Susceptible
Penicillins	Ampicillin (AMP)	163 (57.6)	3 (1.1)	117 (41.3)
	Piperacillin (PIP)	48 (17.0)	8 (2.8)	227 (80.2)
β-Lactams/ β-Lactamase inhibitors	Amoxicillin/Clavulanic acid (AMC)	98 (34.6)	2 (0.7)	183 (64.7)
	Ampicillin/Sulbactam (SAM)	3 (1.1)	15 (5.3)	265 (93.6)
Monobactam	Aztreonam (ATM)	3 (1.1)	2 (0.7)	278 (98.2)
Cephalosporins	Cefazolin (CFZ)	113 (39.9)	12 (4.2)	158 (55.8)
	Cefepime (FEP)	2 (0.7)	3 (1.1)	278 (98.2)
	Cefoxitin (FOX)	78 (27.6)	0 (0.0)	205 (72.4)
	Cefotaxime (CTX)	22 (7.8)	25 (8.8)	236 (83.4)
	Ceftazidime (CAZ)	2 (0.7)	6 (2.1)	275 (97.2)
Cabapenem	Imipenem (IMP)	0 (0.0)	0 (0.0)	283 (100)
	Meropenem (MEM)	0 (0.0)	0 (0.0)	283 (100)
	Ertapenem (ETP)	0 (0.0)	1 (0.4)	282 (99.6)
Aminoglycosides	Amikacin (AMK)	0 (0.0)	0 (0.0)	283 (100)
	Gentamicin (GEN)	14 (4.9)	0 (0.0)	269 (95.1)
	Tobramycin (TOB)	1 (0.4)	1 (0.4)	281 (99.3)
Tetracycline	Tetracycline (TET)	64 (22.6)	0 (0.0)	219 (77.4)
	Tigecycline (TGC)	0 (0.0)	0 (0.0)	283 (100)
Phenicol	Chloramphenicol (CHL)	14 (4.9)	1 (0.4)	268 (94.7)
Quinolones	Nalidixic acid (NAL)	40 (14.1)	5 (1.8)	238 (84.1)
	Ciprofloxacin (CIP)	4 (1.4)	2 (0.7)	277 (97.9)
Sulfonamides	Trimethoprim/Sulfamethoxazole (TMP/SMX)	62 (21.9)	38 (13.4)	183 (64.7)
Nitorfuran	Nitrofurantoin (NIT)	0 (0.0)	0 (0.0)	283 (100)
Polymyxin	Colistin (CST)	0 (0.0)	0 (0.0)	283 (100)

항생제 감수성 특성

경남지역 식중독 환자로부터 분리된 병원성대장균의 24종 항생제에 대한 내성을 분석하였고 항생제 내성 분포는 Table 3과 같다. 병원성대장균 283주 중 197주에서 항생제에 대해 내성을 나타내었다. 가장 높은 내성을 보인 항생제는 ampicillin이며 내성률이 57.6%(163주)으로 가장 높았다. 그 뒤로 cefazolin 39.9%(113주), amoxicillin/clavulanic acid 34.6%(98주)이었으며, cefoxitin과 tetracycline, trimethoprim/sulfamethoxazole이 각각 27.6%(78주), 22.6% (64주), 21.9% (62주)를 차지하였다. Ciprofloxacin, ampicillin/sulbactam, aztreonam, cefepime, ceftazidime, tobramycin 에는 각각 1.4%(4주), 1.1%(3주), 1.1%(3주), 0.7%(2주), 0.7%(2주), 0.4%(1주)의 낮은 내성률을 보였다. 집단 식중독 등 급성 장관감염증 환자에서 검출된 병원성대장균의 항생제 내성을 연구한 경기와 인천지역의 결과와 유사하게 ampicillin이 내성률이 가장 높은 항생제였으며, cephalosporin 계열의 1세대 항생제인 cefazolin과 2세대 항생제인 cefoxitin의 내성률은 각각 39.9%, 27.6%로 두 가지 항생제에 대해 23% 이하의 내성률을 보인 경기, 인천지역과 달리 본 연구에서는 높은 내성률을 보였다[8,9,27]. 다음으로 중등내성률을 살펴보면 trimethoprim/sulfamethoxazole이 13.4%, cephalosporin 계열 3세대 항생제인 cefotaxime 8.8%, β-lactams/β-lactamase inhibitors로 분류되는 ampicillin/sulbactam이 5.3%의 내성률을 보였으며 24종 항생제 중 15종에서 중등내성이 진행 중인 것을 확인하였다. 모든 균주에서 감수성을 보인 항생제는 carbapenem 계열의 imipenem, meropenem과 aminoglycosides 계인 amikacin, tetracycline계 tigecycline, nitrofuran 계열인 nitrofurantoin, polymyxin 계열의 colistin이었다.

Trimethoprim/sulfamethoxazole, tetracycline, nalidixic acid와 β-lactam계열의 amoxicillin/clavulanic acid, amipicillin (penicillin계), cefazolin, cefoxitin, cefotaxime (cephalosporin계) 등의 항생제 대부분에서 내성률이 높은 편이었다. 내성률이 높은 항생제 대부분이 사용한지 오래된 항생제이

며 많은 연구에서 항생제사용과 내성률 사이에 명백한 관계가 있다고 보고되고 있는 것처럼[28] 항생제 사용에 대해 의료 환경 및 지역 사회 모두에서 중요한 공중보건 문제로 인식하고 지속적인 관리가 필요하다고 생각된다.

분리균의 다제내성 양상

중등내성을 보이는 항생제를 제외하고 내성 기준에 들어가는 항생제를 선별하여 다제내성 양상을 분석하였다. 1가지 이상의 항생제에 내성을 보인 분리균 197주에서 4제 내성이 42.6%로 다제내성률이 가장 높았으며, 3제 내성 18.3%, 1제 내성 12.2%, 5제 내성 11.2% 순이었고, 6제 이상의 항생제에 다제내성을 보이는 것도 확인하였다 (Fig. 3).

다제내성 양상과 연령대 사이의 관계를 살펴본 결과 (Fig. 4), 연령대 전반적으로 3제, 4제 내성이 많았으며, 10세미만의 아동에서 7종 이상의 항생제에 내성을 보이는 것처럼 고령층이 아닌 연령대에서도 6제 이상의 다제내성이 확인되었다. 연령대에 국한되지 않고 많은 종류의 항생제에 내성이 있는 균에 감염될 수 있으며 이러한 균주는 감염 치료의 실패를 유발하여 항생제 내성으로 인한 사망률을 높일 가능성이 있으므로 이에 대한 집중적인 감시와 더불어 항생제 오·남용 방지 등 항생제 사용 지침을 강화할 필요가 있다고 생각된다.

다제내성 양상 유형과 더불어 병원성대장균 종류별로 나타난 양상을 확인한 결과 (Table 4), EPEC, EAEC, ETEC, EHEC는 항생제 24종 중 각각 13종, 12종, 11종, 3종의 항생제에 내성을 보였으며 총 59가지의 다제내성 양상을 확인하였다. EAEC가 35가지로 가장 많은 양상을 보였고, EPEC 23가지, ETEC 11가지, EHEC 2가지 순으로 나타났다. ETEC와 EAEC는 다제내성을 보이는 균이 각각 77건과 70건으로 제일 많았으나 다제내성 양상에는 큰 차이를 보였다. EAEC에서는 1제부터 9제까지 다제내성의 다양한 유형이 나타났으며 NAL이 9건으로 가장 많았고, ETEC의 경우에는 4제 내성인 AMP-AMC-CFZ-FOX가 58건으로 가장 많이 확인되었다. EPEC는 TET이 8건, EHEC는 TET-CHL-TMP/SMX가 6건으로 가장 많이 나타났다.

AMP-AMC-CFZ-FOX이 확인된 ETEC 57건의 경우 2024년에 발생한 집단식중독 사례 2건에서 분리된 균으로 각각 경남도내 다른 지역(거창, 마산)에서 발생하였다.

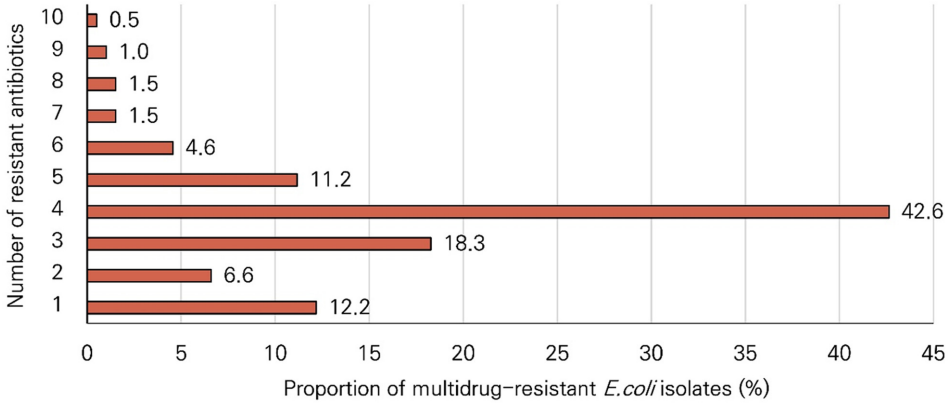

Fig. 3. Distribution of multidrug resistance of pathogenic *E.coli* isolated from patients with food-borne illness in Gyeongsangnam-do.

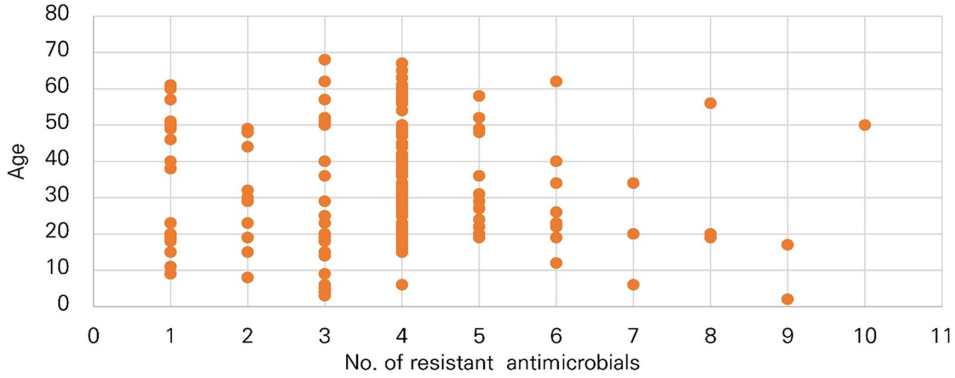

Fig. 4. Distribution of antimicrobial resistance counts in pathogenic *E.coli* isolates, stratified by patient age, in food-borne illness cases from Gyeongsangnam-do.

Table 4. Antimicrobial multidrug resistance patterns of pathogenic *E.coli* isolated from food-borne outbreaks in Gyeongsangnam-do

No. of antibiotics	Multidrug resistance patterns	No. of resistant isolates					Total (%, n=197)
		EHEC (7)	ETEC (77)	EPEC (42)	EAEC (70)	EAEC+EPEC (1)	
1	NAL	0	1	1	9	0	11 (5.6)
	TMP/SMX	0	0	1	0	0	1 (0.5)
	TET	1	3	8	0	0	12 (6.1)
2	AMP-AMC	0	1	0	0	0	1 (0.5)
	AMP-PIP	0	0	4	0	0	4 (2.0)
	AMP-TMP/SMX	0	0	1	0	0	1 (0.5)
	AMP-TET	0	0	4	1	0	5 (2.5)
	CFZ-NAL	0	0	0	1	0	1 (0.5)
	NAL-TET	0	0	0	1	0	1 (0.5)
3	AMP-AMC-CFZ	0	0	0	7	0	7 (3.6)
	AMP-AMC-PIP	0	0	0	1	0	1 (0.5)
	AMP-AMC-TMP/SMX	0	0	0	1	0	1 (0.5)
	AMP-CFZ-CTX	0	0	0	3	0	3 (1.5)
	AMP-NAL-STX/TMP	0	0	0	3	0	3 (1.5)
	AMP-NAL-TET	0	0	0	2	0	2 (1.0)
	AMP-PIP-CFZ	0	0	0	1	0	1 (0.5)
	AMP-PIP-NAL	0	0	1		0	1 (0.5)
	AMP-PIP-TET	0	0	4		0	4 (2.0)
	AMP-TET-CHL	0	0	2	1	0	3 (1.5)
	AMP-TET-TMP/SMX	0	0	2		0	2 (1.0)
	NAL-CIP-TET	0	0	1		0	1 (0.5)
	NAL-TET-TMP/SMX	0	0	0	1	0	1 (0.5)
	TET-CHL-TMP/SMX	6	0	0		0	6 (3.0)
4	AMP-AMC-CFZ-FOX	0	58	0	2	0	60 (30.5)
	AMP-AMC-CFZ-TMP/SMX	0	4	0	4	0	8 (4.1)
	AMP-AMC-PIP-CFZ	0	0	0	1	0	1 (0.5)
	AMP-AMC-TET-CHL	0	0	0	1	0	1 (0.5)
	AMP-CFZ-NAL-CIP	0	0	1	0	0	1 (0.5)
	AMP-GEN-NAL-TMP/SMX	0	0	1	0	0	1 (0.5)
	AMP-GEN-TET-TMP/SMX	0	0	1	1	0	2 (1.0)
	AMP-NAL-TET-TMP/SMX	0	0	0	2	0	2 (1.0)
	AMP-PIP-NAL-CHL	0	0	0	1	0	1 (0.5)
	AMP-PIP-NAL-TMP/SMX	0	0	0	4	1	5 (2.5)
	AMP-PIP-TET-CHL	0	1	0	0	0	1 (0.5)
	AMP-PIP-TET-TMP/SMX	0	0	1	0	0	1 (0.5)
5	AMP-AMC-CFZ-FOX-CTX	0	2	0	0	0	2 (1.0)
	AMP-AMC-CFZ-FOX-NAL	0	1	0	0	0	1 (0.5)
	AMP-AMC-CFZ-FOX-TMP/SMX	0	0	0	1	0	1(0.5)
	AMP-AMC-PIP-CFZ-FOX	0	0	0	4	0	4(2.0)
	AMP-AMC-SAM-CFZ-FOX	0	0	0	1	0	1(0.5)
	AMP-CFZ-CTX-TET-TMP/SMX	0	1	1	9	0	11 (5.6)

Table 4. (Continued) Antimicrobial multidrug resistance patterns of pathogenic *E.coli* isolated from food-borne outbreaks in Gyeongsangnam-do

No. of antibiotics	Multidrug resistance patterns	No. of resistant isolates					Total (%, n=197)
		EHEC (7)	ETEC (77)	EPEC (42)	EAEC (70)	EAEC+EPEC (1)	
5	AMP-CFZ-GEN-TET-TMP/SMX	0	0	0	0	0	1 (0.5)
	AMP-GEN-NAL-CHL-TMP/SMX	1	3	8	0	0	12 (6.1)
	AMP-NAL-TET-CHL-TMP/SMX	0	1	0	0	0	1 (0.5)
	AMP-PIP-CFZ-CTX-TMP/SMX	0	0	4	0	0	4 (2.0)
	AMP-PIP-GEN-TET-TMP/SMX	0	0	1	0	0	1 (0.5)
6	AMP-AMC-CFZ-FOX-TET-TMP/SMX	0	0	4	1	0	5 (2.5)
	AMP-AMC-PIP-CFZ-FOX-CTX	0	0	0	1	0	1 (0.5)
	AMP-PIP-CFZ-CTX-TET-TMP/SMX	0	0	0	1	0	1 (0.5)
	AMP-PIP-CFZ-GEN-NAL-CIP	0	0	0	7	0	7 (3.6)
7	AMP-AMC-CFZ-FOX-CTX-TET-TMP/SMX	0	0	0	1	0	1 (0.5)
	AMP-AMC-PIP-CFZ-FOX-NAL-TMP/SMX	0	0	0	1	0	1 (0.5)
	AMP-PIP-GEN-NAL-CIP-TET-TMP/SMX	0	0	0	3	0	3 (1.5)
8	AMP-AMC-PIP-CFZ-FOX-CTX-NAL-TMP/SMX	0	0	0	3	0	3 (1.5)
	AMP-AMC-PIP-CFZ-FOX-NAL-TET-TMP/SMX	0	0	0	2	0	2 (1.0)
	AMP-AMC-SAM-PIP-CFZ-FOX-CTX-CAZ	0	0	0	1	0	1 (0.5)
9	AMP-AMC-SAM-PIP-ATM-CFZ-FOX-CTX-CAZ	0	0	1	0	0	1 (0.5)
	AMP-PIP-ATM-CFZ-FEP-CTX-GEN-TOB-TMP/SMX	0	0	4	0	0	4 (2.0)
10	AMP-AMC-PIP-ATM-CFZ-FEP-FOX-CTX-NAL-TMP/SMX	0	0	2	1	0	3 (1.5)

[1)]NAL, nalidixic acid; TMP/SMX, trimethoprim/sulfamethoxazole; TET, tetracycline; AMP, ampicillin; AMC, amoxicillin/clavulanic acid; PIP, piperacillin; CFZ, cefazolin; CTX, cefotaxime; CHL, chloramphenicol; CIP, ciprofloxacin; FOX, cefoxitin; GEN, gentamicin; SAM, ampicillin/sulbactam; CAZ, cefrazidime; ATM, aztreonam; FEP, cefepime; TOB, tobramycin.

항생제 내성 유전자 분포

항생제 내성을 보인 197균주를 대상으로 β-lactam 계 항생제 내성 유전자 분포를 확인하였다. 본 연구에서 확인한 β-lactam 계 항생제 내성 유전자는 *bla*CTX-M, *bla*TEM, *bla*OXA이며 이들은 모두 광범위 β-lactam 분해효소(extended-spectrum β-lactamase, ESBL) 유전형으로 알려져 있다. CTX-M유형의 ESBL은 특히 3세대 세팔로스포린에 강한 내성을 나타내며, 최근 전 세계적으로 가장 우세한 ESBL 유전자형으로 보고되고 있다[29]. TEM은 초기에 페니실린계 내성과 관련되었으나, 이후 변이를 통해 ESBL 활성을 획득한 변종들이 확산되었다[30,31]. OXA는 oxacillin 등 페니실린계 및 카바페넴 항생제에 대한 내성과 관련 있으며, 구조적 다양성으로[32-34] 인해 감시의 필요성이 더욱 강조된다.

내성균 197주 중 118주(59.9%)에서 하나 이상의 항생제 내성 유전자가 검출되었다. *bla*CTX-M은 48.9%(96주)로 가장 높은 검출률을 보였다. *bla*TEM이 24.9%(49주)이었으며, *bla*OXA는 모든 균주에서 검출되지 않았다. *bla*CTX-M의 경우 모든 유형의 병원성대장균에서 확인되었으며 ETEC에서 42.7%(41주)로 가장 많이 확인되었다. *bla*TEM은 EHEC를 제외한 병원성대장균 유형에서 검출되었으며, EAEC에서 71.4%(35주)로 가장 높게 나타났다(Fig. 5).

다음으로 β-lactam계 항생제에 내성을 가지는 균주와 내성을 가지지 않는 균주에서 해당 계열의 항생제 내성 유전자의 검출 분포를 살펴보았다(Table 5).

Penicillin계 항생제에 내성을 가지는 165주 중 *bla*CTX-M과 *bla*TEM은 각각 84주(50.9%), 49주(29.7%)에서 검출되었으며, 내성을 가지고 있지 않은 32주에서는 *bla*CTX-M이 12주(37.5%)에서 검출되었고 *bla*TEM은 검출되지 않았다. Cephalosporin계 항생제에 내성을 보이는 115주 중 *bla*CTX-M은 59주(51.3%), *bla*TEM은 21주(18.3%)에서 검출되었고, 내성을 가지지 않는 82주에서 *bla*CTX-M이 37주(45.1%), *bla*TEM이 28주(34.1%)에서 검출되었다.

Penicillin 및 Cephalosporin계열 항생제에 내성을 가지는 균주에서 *bla*CTX-M의 검출률은 내성 여부와 유의한 관련성을 보이지 않았다. 반면, *bla*TEM의 경우 두 항생제 모두에서 내성 여부와 유의한 연관성이 확인되었다. 특히, penicillin 내성균에서 검출된 *bla*TEM이 내성을 가지지 않

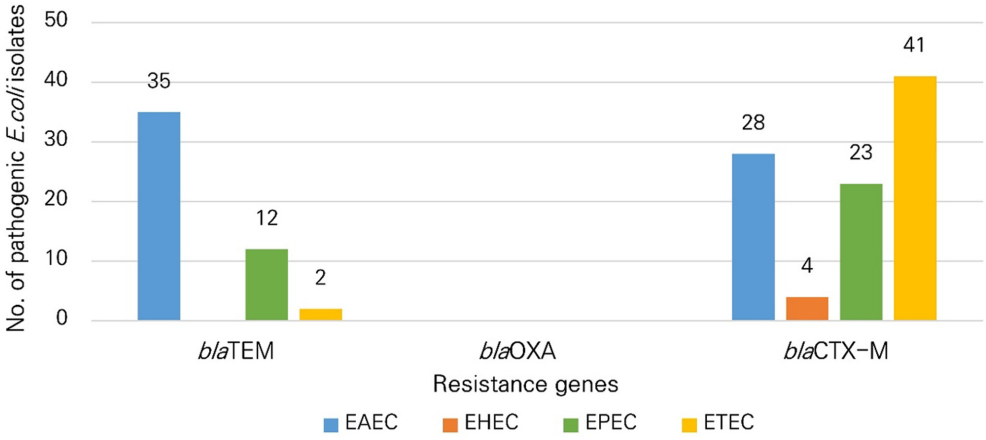

Fig. 5. Antimicrobial resistance genes in pathogenic *E.coli* isolated from food borne outbreaks in Gyeongsangnam-do.

Table 5. Distribution of resistance genes in isolates with and without resistance to β-lactam antibiotics

Antibiotics resistance status	No. of isolates (%)	No. of isolates (%)	
		Resistance genes	
		*bla*CTX-M	*bla*TEM
Penicillin-resistant	165 (83.8)	84 (50.9)	49 (29.7) **
Penicillin-non-resistant	32 (16.2)	12 (37.5)	0 (0.0)
Cephalosporin-resistant	115 (58.4)	59 (51.3)	21 (18.3) *
Cephalosporin-non-resistant	82 (41.6)	37 (45.1)	28 (34.1)

*Significant difference between cephalosporin resistant and non-resistant isolates (P<0.05).
**Significant difference between penicillin resistant and non-resistant isolates (P<0.01).

는 균에서 검출되지 않았다는 점은 해당 유전자가 penicillin계 항생제 내성의 주요 기전 중 하나로 작용할 가능성이 있다고 추정된다. Cephalosporin에 내성이 있는 균에서도 *bla*TEM의 유의성이 관찰되었으나, 내성을 가지지 않은 균에서도 해당 유전자가 높은 빈도로 검출되었다. 이는 *bla*TEM이 cephalosporin 내성에 기여하지만, 다른 요인들과 복합적으로 작용할 수도 있다고 생각된다.

*bla*CTX-M의 검출률이 병원성대장균 EHEC, EPEC에서 높게 나왔다고 보고한 경기지역에서 수행된 연구 결과[27]와 비교하여 본 연구에서는 ETEC와 EAEC에서 *bla*CTX-M이 가장 많이 검출되었다. 이러한 결과는 병원성 대장균의 분포 특성, 환경적 조건, 지역별 항생제 사용 현황 등 다양한 원인에 의해 다를 수 있다고 생각된다.

세균성 질환에 많이 사용되고 있는 β-lactam계 항생제에는 β-lactamase에 의한 가수분해가 내성과 관련된 주요 메커니즘으로 작용한다. 이에 대응하기 위해 새로운 β-lactam계 항생제가 개발되고 있으나 그만큼 항생제에 대한 내성이 빠르게 나타나고 있는 추세이다[30,35]. β-lactam 항생제 내성균의 확산을 억제하기 위해서 광범위한 β-lactam계 항생제에 작용하는 β-lactam 가수분해효소와 관련된 유전자인 *bla*CTX-M 및 *bla*TEM 등 다양한 유전자 검출에 대한 지속적인 모니터링이 필요해 보이며, 특히 시기별, 지역별, 균종별로 항생제 내성 빈도와 내성 유전자 분포에 어떤 차이가 있는지 추가적인 연구를 통해 지역 특성에 맞는 관리 전략을 수립하는 것이 중요하고 판단된다.

Acknowledgements

본 연구는 경상남도 보건환경연구원 연구사업의 지원으로 수행되었으며, 이에 감사드립니다.

국문요약

병원성대장균은 설사 및 장염의 원인균 중 하나이며, 가장 흔한 기회감염의 병원체로서 내성에 대한 지표로도 사용되고 있는 병원체이다. 2022년부터 2024년까지 경상남도 내 식중독 환자로부터 분리된 병원성대장균의 병원성 유형, 독성 유전자, 항생제 내성 및 내성 유전자 등 발생 경향과 분자유전학적 특성을 조사하였다. 병원성 대장균은 월별로 6월부터 8월까지, 연령대별로 20-29세 환자에

게서 가장 많이 분리된 것으로 나타났다. 분리된 총 283건의 병원성대장균은 장병원성대장균(EPEC)(118건 [43.7%]), 장독소형대장균(ETEC)(80건 [28.3%]), 장출혈성대장균(EAEC)(73건 [25.8%]), 장출혈성대장균(EHEC)(11건 [3.9%])으로 분류됐다. 암피실린(57.6%)과 세파졸린(39.3%)에 대한 내성이 가장 높았으며, 내성균주의 다제내성률은 4제 항생제에 대한 내성균주(42.6%)가 가장 많은 것으로 확인되었다. 내성 유전자의 분포는 *bla*CTX-M(48.9%), *bla*TEM (24.9%) 순으로 확인되었고, *bla*OXA는 검출되지 않았다. 이러한 연구 결과는 병원성 대장균으로 인한 식중독 발생을 예측하고, 내성균 확산을 예방하기 위한 공중 보건 관리의 기초자료로 활용될 수 있을 것으로 기대된다.

Conflict of interests

The authors declare no potential conflict of interest.

ORCID

So-Jung Kwon	https://orcid.org/0009-0002-4181-2470
Daeun Lee	https://orcid.org/0009-0003-1628-0385
Na-Ram Hwang	https://orcid.org/0009-0007-3363-9299
Ji-Yoon Chae	https://orcid.org/0009-0009-7716-3434
Hui-Gyeong Seol	https://orcid.org/0000-0002-3350-602X
Yeo-Jin Park	https://orcid.org/0009-0009-3719-3604
Young Rok Kim	https://orcid.org/0009-0002-1005-3651
Young-Min Kim	https://orcid.org/0000-0002-9593-1611

References

1. Kim, D., Choi, M.H., Hong, J.S., Shin, J.H., Jeong, S.H., Current status and prospects of the national antimicrobial resistance surveillance system, Kor-Glass. *Korean J. healthc. assoc. Infect. Control Prev.*, **27**, 96-103 (2022).
2. Kim, J.W., Bae S M., Lee S.Y., Yoo J.S., Choo S.Y., Kor-Glass group, Trends of antimicrobial resistance rates of major clinical pathogens isolated from general hospitals in Korea in 2016-2019: Results from Kor-glass. *Public Health Wkly. Rep*., **14**, 2007-2024 (2021).
3. Song, J.H., Joo, E.J., The crisis of antimicrobial resistance: Current status and future strategies. *J. Korean Med. Assoc.,* **53**, 999-1005 (2010).
4. Kang, S.W., Lee S.Y., Seo S.H., Lee J.E., Moon D.C., Yoo J.S., Choi Y.H., Antimicrobial resistance of major clinical pathogens isolated from general hospitals in Korea: Results from the 2nd phase (2020-2022) Kor-Glass. *Public Health Wkly. Rep.,* **17**, 1034-1054 (2024).
5. Korea Institute of Science and Technology Information (KISTI), (2024 December 30). Surveillance study of antimicrobial resistant bacteria between host and environment : focused on specific region – antibiotic resistance analysis of food-borne pathogen isolates. Retrieved from https://scienceon.kisti.re.kr/srch/selectPORSrchReport.do?cn=TRKO202000029200
6. Park, S.B., Park, Y.K., Ha, M.W., Thompson, K.D., Jung, T.S., Antimicrobial resistance, pathogenic, and molecular characterization of *Escherichia coli* from diarrheal patients in South Korea. *Pathogens*, **11**, 385 (2022).
7. Ministry of Food and Drug Safety (MFDS), (2024, December 31). 2024 Food&drug statistical yearbook. Retrieved from https://www.mfds.go.kr/brd/m_371/view.do?seq=30723&srchFr=&srchTo=&srchWord=&srchTp=&itm_seq_1=0&itm_seq_2=0&multi_itm_seq=0&company_cd=&company_nm=&page=1
8. Jang, J.S., Huh, M.J., Oh, S.S., Antimicrobial resistance and multi-drug resistance patterns of pathogenic bacteria isolated from food poisoning patients in Incheon. *Korean J. Food Nutr.,* **26**, 132-136 (2013).
9. Kim, K.A., Yong, K.C., Jeong, J.A., Huh, J.W., Hur, E.S., Park, S.H., Choi,Y.S., Yoon, M.H., Lee, J.B., Analysis of epidemiological characteristics, PFGE typing and antibiotic resistance of pathogenic *Escherichia Coli* strains isolated from Gyeonggi-Do. Korean *J. Microbiol.*, **50**, 285-295 (2014).
10. Cha, I.H., Jin, S.H., Park, E.H., Park, S.A., Cho, H.C., Lee, Y.S., Jeong, S.H., Lee, Y.K., Lee, S.H., Serological distribution and properties of antibiotic resistance of *Escherichia coli* from patients with diarrhea. *J. Life Sci.*, **10**, 262-272 (2000).
11. Ministry of Food and Drug Safety (MSFD), (2025, January 24). Food poisoning statistics. Retrieved from https://www.foodsafetykorea.go.kr/portal/healthyfoodlife/foodPoisoningStat.do?menu_no=4425&menu_grp=MENU_NEW02
12. Nji, E., Kazibwe, J., Hambridge, T., Joko, C.A., Larbi, A.A., Damptey, L.A.O., Nkansa-Gyamfi, N.A., Lundborg, C.S., Lien, L.T.Q., High prevalence of antibiotic resistance in commensal *Escherichia coli* from healthy human sources in community settings. *Sci. Rep.*, **11**, 3372 (2021).
13. Dyar, O.J., Hoa, N.Q., Trung, N.V., Phuc, H.D., Larsson, M., Chuc, N.T.K., Lundborg C.S., High prevalence of antibiotic resistance in commensal *Escherichia coli* among children in rural Vietnam. *BMC Infec. Dis.,* **12**, 92 (2012).
14. Clinical and Laboratory Standards Institute (CLSI), 2012. Performance standards for antimicrobial disk susceptibility tests, 11th ed., Wayne, PA, USA, pp.17-30.
15. Clinical and Laboratory Standards Institute (CLSI), 2017. Performance standards for antimicrobial disk susceptibility tests, 27th ed., Wayne, PA, USA. pp.62-70.
16. European Committee on Antimicrobial Susceptibility Testing(EUCAST), (2024, April 1). Breakpoint tables for interpretation of MICs and zone diameters version 7.1. Retrieved from https://www.eucast.org/fileadmin/src/media/PDFs/EUCAST_files/Breakpoint_tables/v_7.1_Breakpoint_Tables.pdf
17. Ahmed, A.M., Motoi, Y., Sato, M., Maruyama, A., Watanabe, H., Fukumoto, Y., Shimamoto, T., Zoo animals as reservoirs of gram-negative bacteria harboring integrons and antimicrobial resistance genes. *Appl. Environ. Microbiol.*, **73**,

6686-6690 (2007).
18. Kim, J.G., Influence of climate factors on the occurrence of pathogenic *Escherichia coli* food poisoning in Korea. *J. Environ. Health Sci.*, **46**, 353-358 (2020).
19. Hong, M.E., Shin, E.K., Kim, J.Y., Yoo, J.I., Laboratory surveillance of waterborne and foodborne infectious disease causing bacteria in the Republic of Korea (2019-2022). *Public Health Wkly. Rep*., **17**, 1941-1955 (2024).
20. Ministry of Food and Drug Safety (MSFD), (2025, January 25). Food poisoning statistics. Retrieved from https://www.foodsafetykorea.go.kr/portal/healthyfoodlife/foodPoisoningStat.do?menu_no=4425&menu_grp=MENU_NEW02
21. Kwun, J.W., Lee, C.H., Trends of recent food-borne disease outbreaks in Korea. *J. Korean Med. Assoc.*, **50**, 573-581 (2007).
22. Park, S.H., Kim, S.H., Kee, H.Y., Seo, J.J., Ha, D.R., Cho, S.H., Lee, B.K., Enterotoxigenic *Escherichia coli* outbreak in a high school. *Infect. Chemother.*, **38**, 30-38 (2006).
23. Jin, Y.H., Seung, H.J., Oh, Y.H., Jung, J.H., Jeon, S.J., Lee, J.K., Kim, C.K, Choi, S.M., Chae, Y.Z., Epidemiological relationship of enterotoxigenic *Escherichia coli* and enteroaggregative *E. coli* isolated from patients with diarrhea in Seoul. *J. Bacteriol. Virol.*, **43**, 37-44 (2013).
24. World Health Organization (WHO) & Food and Agriculture Organization of the United Nations (FAO), 2018. Shiga toxin-producing Escherichia coli (STEC) and food: attribution, characterization, and monitoring: report, WHO, Rome, Italy.
25. Trabulsi, L.R., Keller, R., Gomes, T.A., Typical and atypical enteropathogenic *Escherichia coli*. *Emerg. Infect. Dis.*, **8**, 508-513 (2002).
26. Yun, Y.S., Kim, N.O., Hong, S.H., Chun, J.H., Hwang, K. J., The prevalence of pathogenic *Escherichia coli* isolated by the enteric pathogens active surveillance network (enter-net), 2010-2019. *Public Health Wkly. Rep*., **13**, 2860-2870 (2020).
27. Park, S.J., Jeong, I.H., Kwon, S.M., Hur, E.S., Kang, K.J., Kwon, J.H., Kim, B.H., Park, Y.B., Characterization of pathogenic *Escherichia coli* isolates from food-borne outbreaks in Gyeonggi-do, Korea. *J. Bacteriol. Virol.*, **54**, 155-166 (2024).
28. Schuts, E.C., Boyd, A., Muller, A.E., Mouton, J.W., Prins, J.M., The effect of antibiotic restriction programs on prevalence of antimicrobial resistance: a systematic review and meta-analysis. *Open Forum Infect. Dis.*, **8**, ofab070 (2021).
29. Zeynudin, A., Pritsch, M., Schubert, S., Messerer, M., Liegl, G., Hoelscher, M., Belachew, T., Wieser,A., Prevalence and antibiotic susceptibility pattern of CTX-M type extended-spectrum β-lactamases among clinical isolates of gram-negative bacilli in Jimma, Ethiopia. *BMC Infect. Dis.,* **18**, 524 (2018).
30. Bradford, P.A., Extended-spectrum beta-lactamases in the 21st century: characterization, epidemiology, and detection of this important resistance threat. *Clin. Microbiol. Rev.*, **14**, 933-51 (2001).
31. Castanheira, M., Simner, P.J., Bradford, P.A., Extended-spectrum β-lactamases: an update on their characteristics, epidemiology and detection. *JAC Antimicrob. Resist*., **3,** dlab092 (2021).
32. Evans, B.A., Amyes, S.G., OXA β-lactamases. *Clin. Microbiol. Rev.*, **27**, 241-263 (2014). doi:10.1128/CMR.00117-13
33. Poirel, L., Naas, T., Nordmann, P., Diversity, epidemiology, and genetics of class D beta-lactamases. *Antimicrob. Agents Chemother*., **54**, 24-38 (2010).
34. Hirvonen, V.H.A., Spencer, J., van der Kamp, M.W., Antimicrobial resistance conferred by OXA-48 β-Lactamases: towards a detailed mechanistic understanding. *Antimicrob. Agents Chemother*., **65**, e00184-21 (2021).
35. Bush, K., Jacoby, G.A., Updated functional classification of beta-lactamases. *Antimicrob. Agents Chemother.*, **54**, 969-976 (2010).