

第 399 回雑誌会

(Jul 19, 2023)

(1) Integrative survey of 68 non-overlapping upstate New York watershed reveals stream features associated with aquatic fecal contamination

Green, H., Wilder, M., Wiedmann, M., and Weller, D.

Frontiers in Microbiology, **12**, 684533 (2021).

Reviewed by R. Matsuyama

糞便汚染源の特定は、公衆衛生上重要である。糞便汚染は、糞便性指標細菌によって評価されるが、汚染源等の特定は困難である。一方で、微生物源追跡 (MST) 技術は、宿主特異的な細菌やウイルスを用いて定量的に汚染源を特定できるほか、物理的データと融合させてモデル化することで、汚染の支配要素の推定も可能になる。そこで本研究では、微生物学的データと物理化学的データを用いた MST 技術によって、糞便汚染の発生・増減に関連する影響要因を特定することを目的とした。試料は、五大湖とフィンガーレイクス流域において、異なる 68 地点から河川表流水を採取した。その後、Colilert Quanti-Tray 2000 キットによって大腸菌数を計数した。また、試料水から DNA 抽出し、ヒト (HF183)、反芻動物 (Rum2Bac)、イヌ (DG3)、および鳥類 (GFD) の 4 つの宿主遺伝子を qPCR 法によって定量した。次に、地点周辺の空間データの取得において、採取地点周辺の土地被覆を逆距離加重 (IDW) によって特徴づけた。気象データは、環境気象応用ネットワーク測候所より取得した。河川の特徴は、全米水文学データセット等を用いて整理した。得られた全てのデータを基に、一般化線形混合モデルと条件付き CART モデルによって、糞便汚染の影響要因の特定を行った。

大腸菌は全検体から検出され、大腸菌数は平均 212 MPN/100mL であった。これに対して、宿主遺伝子の検出率は低く、196 検体のうち、38% (74/196 検体) であった。また、採取検体数当たりで確認すると、HF183 は 25% (49/196 検体)、Rum2Bac は 17% (34/196 検体)、GFD は 4% (8/196 検体)、DG3 は 0.5% (1/196 検体) の順に検出率が高かった。モデルを用いて糞便汚染の影響要因を検討したところ、調査日前日～当日の降雨や採取地点の上流における養豚場の密度、雨水管の存在は、大腸菌数の増加に影響を与えることがわかった。ヒトによる糞便汚染は、調査前日の降雨や上流の雨水管の存在、各調査地点から 60 m 圏内に開発地域の存在が影響していた。反芻動物による糞便汚染は、調査日前日～当日の降雨や各調査地点の 60 m 圏内に存在する牧草地、流域内における農地、森林、湿地の存在が影響していた。イヌと鳥類は、検出率が低く、糞便汚染の要因の特定は困難であった。以上のことから、糞便汚染は、汚染源によって発生要因が異なるものの、降雨や流域の人工開発の有無、流域付近の牧草地等の存在が影響を与えていると考えられる。