

第 401 回雑誌会

(Aug. 2, 2023)

(1) Taxon-specific aerosolization of bacteria and viruses in an experimental ocean-atmosphere mesocosm

Michaud, J. M., Thompson, L. R., Kaul, D., Espinoza, J. L., Richter, R. A., Xu, Z. Z., Lee, C., Pham, K. M., Beall, C. M., Malfatti, F., Azam, F., Knight, R., Burkart, M. D., Dupont, C. L., and Prather, K. A.

Nature Communication, **9(1)**, 2017, 2018.

Reviewed by R. Funaguma

海洋飛沫エアロゾル (SSA) は、海洋と大気のマイクロバイオームをつなぐ重要なプロセスである。SSA は、海水表面 1-1000 μm の海面微小層 (SSML) で発生する気泡の破裂により発生することが報告されている。しかしながら、海洋から大気への微生物の移行を制御する要因に関する知見は少ない。そこで本研究では、実環境を模擬した 13,000 L の海洋大気施設で、海水、SSML 中に存在する細菌とウイルスの SSA への移行の実態を検討した。実験は 34 日間実施し、フローサイトメトリーと落射蛍光顕微鏡を使用して試料中の細菌とウイルスを計数した。34 日間の中で、植物プランクトンが増殖した期間中に、海水 (2 L)、SSML (200 mL)、および SSA を採取し、DNA 抽出に供した。SSA はエアサンプラーで 450 L/min で 3 時間採取した。各試料水は、孔径の異なる 3 μm \cdot 0.2 μm \cdot 0.025 μm の 3 種類のフィルターを用いて孔径の大きい順にろ過し、それぞれのフィルターから DNA を抽出した。illumina HiSeq シーケンサーを用いてショットガンメタゲノムシーケンシングを行った。その後、海水と SSML 中に存在する細菌・ウイルスと SSA 中に存在する細菌・ウイルスの存在量の比を求め、各細菌・ウイルスの SSA への移行のしやすさを評価した。

細菌とウイルスを計数した結果、海水と SSML の細菌数は正の相関を示し、海水と SSA の細菌数は負の相関を示した。また、海水中のウイルス数は、細菌数の 10 倍以上で計数されたが、SSA 中の細菌とウイルスの濃度はほぼ同等であった。このことから、ウイルスよりも細菌の方が優先的に海水、SSML から SSA へ移行されやすいことが示唆された。細菌の中では *Actinobacteria* 綱と *Bacillus* 綱、ウイルスではエンベロープウイルスの *Polydnaviridae* 科や *Alloherpesviridea* 科は、海水と SSML と比較して SSA 中での存在量が増加し、海水と SSML から SSA へ移行しやすい傾向が確認された。一方で、非エンベロープウイルスの *Podoviridae* は海水と SSML と比較して SSA 中での存在量が減少し、海水と SSML から SSA へ移行しにくい傾向を示した。これらの結果から、細菌とウイルスの分類学的特徴によってエアロゾル化の傾向が異なることが確認された。

(2) Pervasive transmission of a carbapenem resistance plasmid in the gut microbiota of hospitalized patients

León-Sampedro, R., DelaFuente, J., Díaz-Agero, C., Crellen, T., Musicha, P. *et al.*
Nature microbiology, **6(5)**, 606-616, 2021.

Reviewed by S.Tamai

臨床環境において、カルバペネマーゼ産生腸内細菌（CPE）による感染症が問題となっている。病院内での薬剤耐性菌の拡散は、プラスミドの伝播によって引き起こされるが、伝播の頻度や院内感染の蔓延にどのような影響を及ぼすかは明らかになっていない。そこで本研究では、カルバペネマーゼをコードする OXA-48 プラスミド（pOXA-48）を対象とし、患者間における薬剤耐性菌の拡散と患者の腸内におけるプラスミドの伝播を追跡することで、pOXA-48 の伝播過程・メカニズムの特定を目的とした。1つの病院の異なる病棟（消化器科、脳神経外科、呼吸器科、泌尿器科）において、サンプルとして 9275 人の患者の直腸スワブを 28,089 個採取した。採取した直腸スワブは、ESBL 選択培地と OXA-48 型 CPE 選択培地に塗抹し、生育した株は MALDI-TOFMS で菌種を同定した。そして、ディスク法によって同定株の OXA-48 型 CPE の確定試験を行い、さらに、PCR 法によって *Bla*-OXA48 遺伝子と pOXA-48 の保有を確認した。その後、pOXA-48 保有腸内細菌単離株の DNA を抽出し、ショットガンメタゲノムシーケンシングによって配列情報を取得した。配列情報は系統樹の作成と contig の構築に使用し、ゲノムの相同性から遺伝子の伝播経路を推定した。さらに、本研究から得られた特異的な pOXA-48 バリエントの接合伝達能力を評価するため、高頻度で検出されるバリエント（pOXA-48_K8）との接合伝達頻度を比較した。

各病棟における pOXA-48 腸内細菌保有患者の割合は、0.5–1.5%であり、*Klebsiella pneumoniae*（63.2%, 108/171 株）と *Escherichia coli*（26.3%, 45/171 株）が優占種であった。続いて、pOXA-48 *K. pneumoniae* および *E. coli* の病院内での拡散の経路を推定するモデルを作成したところ、脳神経外科と呼吸器科では、pOXA-48 *K. pneumoniae* を保有する患者が存在する場合、他の患者が pOXA-48 *K. pneumoniae* を獲得する確率が高くなった。一方で、pOXA-48 *E. coli* からは同一の傾向は確認されず、*K. pneumoniae* は *E. coli* よりも患者間で拡散しやすいことが示唆された。また、腸管内で pOXA-48 クローンを保有していた場合、異なる種の pOXA-48 を保有する確率が飛躍的に高まることが確認され、患者の腸内でのプラスミドの伝播の重要性が示唆された。本研究において検出された、4つの特異的な pOXA-48 バリエントの接合伝達能力を評価したところ、形質転換頻度は高頻度で検出される pOXA-48 バリエント（pOXA-48_K8）と有意差はなく、腸内細菌叢における pOXA-48 の水平伝播が頻繁に行われていることが示唆された。