

第 420 回雑誌会

(Oct. 17, 2024)

(1) Submicron aerosols share potential pathogens and antibiotic resistomes with wastewater or sludge

Yang, T., Jiang, L., Bi, X., Cheng, L., Zheng, X., Wang, X. and Zhou, X.

Science of The Total Environment, **821**,153521, 2022.

Reviewed by R. Funaguma

下水処理場 (WWTP) は、病原細菌と薬剤耐性遺伝子 (ARG) を拡散させる重要なスポットである。粒子状物質 (PMs) には、細菌や ARG が含まれ、ヒトの健康に悪影響を与える可能性がある。特に、PM_{1.0} (直径 1.0 μm 未満の PMs) は、ヒトに曝露した場合、脳や心臓などへ運ばれることが報告されている。そこで本研究では、WWTP の PM_{1.0} における病原細菌と ARG の存在実態と PM_{1.0} 中の病原細菌と ARG の発生源や PM_{1.0} への移行機構について検討した。試料は、中国の済南市に位置する WWTP を対象とし、ろ過槽、嫌気槽、曝気槽、汚泥脱水室から PM_{1.0} 試料、下水試料、および汚泥試料を採取した。また、WWTP による PM_{1.0} の影響を調査するために、WWTP の風上地点と風下地点の PM_{1.0} 試料も採取した。各試料から DNA を抽出し、16S rRNA の V4 領域を対象にした菌叢解析を行った。さらに、Illumina HiSeq により配列を取得し、ARG の分類を行った。また、PM_{1.0} で検出された病原細菌と ARG の解析から発生源を追跡した。そして、検出されたそれぞれの病原細菌と ARG について、エアロゾルでの存在量に対する下水、または汚泥での存在量の比から、エアロゾルによる病原性細菌と ARG の拡散を AF_{potential pathogen}、AF_{ARG} として評価した。

PM_{1.0} における病原細菌の相対存在率は、汚泥脱水室が最も高く (29.44%)、ARG の存在量は曝気槽が最も多かった (0.33 copies/16S rRNA)。風上地点と風下地点における病原細菌の相対存在率を比較すると、風下地点の方が約 2.4 倍高く、同様に、ARG の存在量も風下地点の方が約 1.6 倍多かった。さらに、大気中から検出された PM_{1.0} 中の病原細菌と ARG の 37.55~72.45% が下水や汚泥由来であったことから、WWTP から周辺の大気環境へ病原性細菌や ARG が拡散されている可能性が示された。病原細菌と ARG のネットワーク解析を行った結果、病原細菌と ARG に有意かつ強い相関が確認された ($P \leq 0.05$, $r > 0.7$)。また、*Proteobacteria* 門と *Actinobacteria* 門が ARG を保有している主要な細菌であった。さらに、AF_{potential pathogen} と AF_{ARG} は、特に *Mycobacterium* 属 (14.24) と *Pseudomonas* 属 (6.56)、および TEM-101 (23.74) が高く、下水や汚泥から大気へ拡散されやすい細菌と ARG であることが示唆された。以上の結果から、WWTP は、病原性細菌と ARG を大気環境に拡散させる汚染源となっている可能性がある。

(2) The genomic epidemiology of *Escherichia albertii* infecting humans and birds in great britain

Bengtsson, J.R., Baker, S, K., Cunningham, A.A., Greig, R. D., John, K. S., Macgregor, K. S., Seilern-Moy, K., Spiro, S., Chong, C. C., Silva, D. M. P., Jenkins, C. and Lawson, B.
Nature communications, **14**, 1707 (2023).

Reviewed by R. Matsuyama

Escherichia albertii は、志賀毒素産生遺伝子である *stx2* や *eae* などの病原遺伝子を保有しており、人獣共通感染細菌であることが報告されている。しかし、検出や同定、疫学的なデータなどについては知見が乏しい。そこで本研究では、イギリス全土のヒトと鳥類に由来する *E. albertii* の全ゲノムを分析することで、遺伝的な特性について明らかにすることを目的とした。ヒト由来の *E. albertii* は、2014 年から 2021 年の期間における病院患者の糞便検体から *eae* を保有する株を選定し、計 83 株単離した。鳥類由来の *E. albertii* 株も同様に、2000 年から 2019 年の期間において、*E. albertii* に感染した鳥類から *eae* 保有株を計 79 株単離した。単離した *E. albertii* 株 (162 株) の DNA を抽出し、全ゲノム配列を取得した。取得した配列の一塩基多型を用いてベイズ解析を行い、系統分析とクラスタリングを行った。コアゲノムを比較するために、Enterobase に公開されている *E. albertii* (475 株) と本研究の単離株を用いて、コアゲノム MLST ツリーを構築した。さらに、取得配列をデータベースと照合し、病原性遺伝子 (VG) と薬剤耐性遺伝子 (ARG) を検出した。

本研究で解析した 162 株は、7つの系統と 8つのベイズ解析 (BAPS) クラスタに分類された。BAPS の 5つのクラスタ (クラスタ1-5) はヒト由来株のみで構成され (100%)、BAPS クラスタ6 と 7 は主に鳥類由来株で構成された (80%以上)。BAPS によって、本研究のヒト由来株と鳥類由来株を明確に分類することができた。コアゲノムを比較したところ、単離株は各 BAPS クラスタで系統樹に広く分散したことから、コアゲノムは多様であることが示唆された。各 VG 検出率は、*eae* で 99.4% (161/162 株)、細胞致死性膨張毒素産生遺伝子である *cdtA*, *cdtB*, *cdtC* は 94.4% (153/162 株) 以上であった。また、23.4% (38/162 株) の株が *stx2f* を保有していたが、そのうちの 97.4% (37/38 株) が鳥類由来株であった。さらに、全株がホスホマイシン (*uhpT*) とキノロン系抗菌薬 (*parE*) に耐性を示す ARG を保有していた。その他の ARG を保有する 80 株のうちの 79 株がヒト由来株であり、*bla_{TEM-1}* などの β ラクタム系抗菌薬に耐性を示す ARG を保有する株も確認された。以上のことから、鳥類由来の *E. albertii* 株は *stx2f* を保有し、ヒト由来の *E. albertii* 株は、鳥類由来株よりも薬剤耐性遺伝子を多く保有することが明らかになった。