

## 第 302 回雑誌会

(Sep. 21, 2018)

### (1) Occurrence of antibiotic resistance genes and bacterial pathogens in water and sediment in urban recreational water

Dong, P., Cui, Q., Fang, T., Huang, Y. and Wang, H.

Journal of Environmental Sciences, doi 10.1016/j.jes.2018.06.011 (2018).

Reviewed by A. Jikumaru

水環境において、微生物学的汚染物質である薬剤耐性遺伝子 (ARGs) や病原体などによるヒトへの曝露の危険性が懸念されている。しかしながら、ヒトが水と頻繁に接触するレクリエーション水域において、これら汚染物質に関する知見は限られている。そこで本研究では、都市のレクリエーション湖から採取した湖水と堆積物を対象とし、qPCR法によってARGsと病原細菌を定量した。さらに、次世代シーケンシング (NGS) 法によって病原細菌の多様性を調査した。調査は、2014年の9月と11月とし、北京の都市部に位置する3つの湖 (Ao湖, Hong湖, Tao湖: 各2地点) から、湖水と堆積物を採取した。全試料からDNA抽出後、6種類のARGs (*sul1*, *sul2*, *tetW*, *tetX*, *bla*<sub>-TEM</sub>, *bla*<sub>-SHV</sub>), インテグラーゼ遺伝子 (*intI1*), 病原細菌である *Salmonella enterica* (*invA*), *Aeromonas* spp. (*aerA*), *Mycobacterium avium* (16S), および *Pseudomonas aeruginosa* (*oaa*) とふん便指標細菌である *E.coli* (*uidA*) の特異遺伝子をqPCR法によって定量した。定量したARGsについて、二変量解析によって各ARGs濃度と *intI1* の濃度との相関関係を調べた。また、全試料を対象に、16S rRNAを標的としたNGS法によって遺伝子解析を実施した。得られた細菌遺伝子は、以前の研究で作成されたヒト病原細菌のデータベース (145属) を基に分類した。

湖水と堆積物における各ARGsと *intI1* の濃度は、それぞれ  $4.58 \times 10^0$ - $5.0 \times 10^5$  copies/mL と  $5.78 \times 10^3$ - $5.89 \times 10^8$  copies/g dry weight (dw) の範囲であった (*bla*<sub>-SHV</sub> は定量下限値以下)。その中でも、*sul1* は双方の試料において最も高い濃度で定量された ( $10^4$ - $10^5$  copies/mL,  $10^6$ - $10^8$  copies/g dw)。各ARGsと *intI1* との相関関係を確かめたところ、湖水では *sul1*, *bla*<sub>-TEM</sub>, および *tetX*, 堆積物では *sul1* と *tetX* に対して有意な正の相関を示した ( $p < 0.05$ )。これは、*intI1* が上記のARGsの増加に寄与していることが考えられる。4種類の病原細菌と *E.coli* の特異遺伝子を定量した結果、湖水と堆積物において、それぞれ  $10^3$ - $10^5$  copies/mL と  $10^4$ - $10^6$  copies/g dw の範囲であり (*invA* は定量下限値以下)、全試料の25%から全ての特異遺伝子が検出された。また、NGS法を行ったところ、68属の潜在的な病原細菌が検出され、主要な10属の中には、*Aeromonas*, *Mycobacterium*, および *Pseudomonas* が含まれていた。以上のことから、レクリエーション湖において、ARGsや病原細菌が広範囲に分布しており、公衆衛生向上のためには、これらの継続的な調査の必要性が示唆された。