

## 第 321 回雑誌会

(Aug.23rd,2019)

### (1) Diversity and abundance of bacterial pathogens in urban rivers impacted by domestic sewage

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

Environmental Pollution, **249**, 24-35 (2019).

Reviewed by H. Shimizu

都市河川などの水環境に存在している病原微生物を原因とする感染症が問題となっている。そのため、水環境中の病原微生物による感染症のリスクを調査することは、非常に重要である。しかしながら、都市河川に存在する病原細菌の多様性と分布に関する情報は非常に少ない。そこで本研究では、都市河川と下水処理施設から採取した水試料について、NGS 法によって病原細菌の多様性を調べた。また、qPCR 法によって 13 種類の病原細菌の特異遺伝子を定量後、環境因子との関係を調査した。調査は 2016 年 4 月から 5 月において、中国の常州市に位置する 15 の都市河川と 2 つの下水処理施設（流入水と処理水をそれぞれ 1 試料ずつ）を対象に、合計 19 の水試料を採取した。DNA 抽出後、16S rRNA を標的とした NGS 法によって遺伝子解析を行った。次に、16S rRNA 遺伝子と 2 つの FIB (*E. coli*, *Enterococcus faecalis*), 3 つの腸内病原体 (*Salmonella*, *Campylobacter jejuni*, *Arcobacter cryaerophilus*), および 7 つの環境病原体 (*Acinetobacter johnsonii*, *A. lwoffii*, *Aeromonas* spp., *Legionella pneumophila*, *Mycobacterium avium*, *Pseudomonas aeruginosa*, *Staphylococcus aureus*) の特異遺伝子を qPCR 法によって定量した。さらに、相関分析によって環境要因との関係を明らかにした。

NGS 法で遺伝子解析を行った結果、75 の病原細菌属と 49 の病原細菌種が検出された。下水流入水試料と処理水試料の病原細菌種の相対存在割合は、それぞれ 8.30~9.73%と 1.17~1.51%であり、*A. cryaerophilus*, *A. butzleri*, および *Bacteroides* spp. が主要な細菌種であった。また、都市河川水試料の病原細菌種の相対存在割合は、0.50~6.39%であり、主要な細菌種は、*A. cryaerophilus*, *A. butzleri*, *Bacteroides* spp., *P. aeruginosa*, *A. johnsonii*, および *A. lwoffii* であった。特異遺伝子を測定すると、*A. johnsonii*, *A. lwoffii*, および *Aeromonas* spp. の特異遺伝子が全試料中から検出され、濃度の中央値はそれぞれ  $5.77\text{-log}_{10}$  (copies/100 mL),  $5.75\text{-log}_{10}$  (copies/100 mL), および  $5.13\text{-log}_{10}$  (copies/100 mL) であった。さらに、病原細菌と環境因子の関係を評価したところ、*A. johnsonii*, *A. lwoffii*, および *Aeromonas* spp. は、それぞれ可溶性全リン (DTP) と溶存有機炭素 (DOC), DOC と SS, および  $\text{NH}_3\text{-N}$  と DTP に対して正の相関を示した。以上のことから、NGS 法と qPCR 法を用いることによって、水環境中における病原細菌の存在状況を包括的に把握することが可能である。