

第 385 回雑誌会

(Oct. 20, 2022)

(1) Sub-lethal photocatalysis promotes horizontal transfer of antibiotic resistance genes by conjugation and transformability

Ji, H., Cai, Y., Wang, Z., Li, G. and An, T.

Water Research, **221**, 118808, (2022).

Reviewed by S.Tamai

薬剤耐性遺伝子 (ARG) は新興の汚染物質であり、河川、下水処理場、および浄水場など様々な環境中に存在している。ARG は水平伝播によって新たな薬剤耐性菌の拡散を招くため、適切な処理が必要である。光触媒は、紫外光の吸収によって活性酸素 (ROS) ・過酸化水素を発生させ、細菌を酸化分解する。この処理プロセスは、下水処理等に応用されている高度酸化技術である。しかしながら、一部の細菌は、処理水の水質変動によって致命的な損傷から逃れ、抗酸化酵素が活性化される。抗酸化酵素の活性化は、接合伝達を促進させることから、酸化処理細菌の水平伝播能を明らかにすることは極めて重要である。そこで本研究では、ドナー細菌 (セフトキシム (CTX), またはポリミキシン (MCR) 耐性 *E. coli* DH5 α) とレシピエント細菌 (ストレプトマイシン (Sm) 耐性 *E. coli* C600) に光触媒と紫外線を利用した酸化処理を行い、損傷した細菌の接合伝達能と形質転換能を評価した。また、ROS, 抗酸化酵素, ATP の活性, および水平伝播関連遺伝子の発現量を測定し、水平伝播との関連を評価した。

ドナー細菌のみに酸化処理を行った場合、DH5 α (CTX) と DH5 α (MCR) の接合伝達頻度は 10 分後に最大となり、コントロール試料と比較して、それぞれ 3 倍と 6 倍に増加した。また、ドナー細菌 (DH5 α (CTX)) に 0~120 分間、レシピエント細菌 (C600) に 10 分間の酸化処理を行ったところ、接合伝達頻度は 90 分後に最大となり、コントロール試料と比較して 22 倍に増加した。ドナー細菌、ならびにドナー細菌とレシピエント細菌の損傷は接合伝達頻度を増加させた。一方で、レシピエント細菌のみに酸化処理を行った場合、処理時間の経過とともに接合完了体数は減少した。レシピエント細菌の損傷は接合伝達頻度を低下させることがわかった。続いて、ドナー遺伝子として、酸化処理によって DH5 α (MCR) から放出された細胞外プラスミド、レシピエント細菌として、DH5 α と酸化処理後の C600 を使用して形質転換実験を行ったところ、DH5 α のみで形質転換体が確認された。酸化処理された細菌は、レシピエントとしては機能しないが、放出されたプラスミドによる形質転換が可能であった。細菌の ROS 量, 抗酸化酵素, ATP 量, および遺伝子の発現量の傾向は、接合伝達頻度の傾向と一致しており、酸化処理は細菌の接合伝達を促進させた。これらの結果は、水環境中での水平伝播のリスク評価の改善に寄与する。

(2) Comparison of rhizosphere bacterial communities of reed and *Suaeda* in Shuangtaizi River Estuary, Northeast China

Zhang, X., Zhang, L., Zhang, L., Ji, Z., Shao, Y., Zhou, H., Bao, Y., Qu, Y., Liu, L.
Marine Pollution Bulletin, **140**, 171–178, (2019).

Reviewed by W. Sugiyama

湿地土壌中の微生物は、有機物の分解や栄養塩の循環などの生態学的に重要な役割を担っている。また、湿地に繁茂する植物の根圏は微生物の生息場として機能している。土壌の化学特性や植物種は、根圏微生物群集の構成に影響することが知られているが、湿地植物の植物種が根圏微生物群集の構成や機能に与える影響についての知見はほとんどない。そこで本研究では、湿地植物の根圏微生物群集を明らかにし、その構成と機能を植物種ごとに比較することを目的とした。中国北東部・双台子川河口の *Suaeda* 繁茂地帯 (*Suaeda*)、ヨシ繁茂地帯 (Reed)、*Suaeda*・ヨシ混生地帯 (Hybrids) の 3 地点から土壌試料と水試料を採取した。各試料について、化学特性 (pH, TOC, TP, TN, NO₃⁻-N, NO₂⁻-N, NH₄⁺-N) を測定した。さらに、土壌試料から DNA を抽出後、16S rRNA 遺伝子を標的とした次世代シーケンシング法によって微生物群集を解析した。また、PICRUST 解析によって微生物群集の代謝機能を予測した。

化学分析の結果、各試料の pH はいずれも 8.0 以上であり、Reed 土壌が最も高いアルカリ性を示した。次に、土壌試料の菌叢解析の結果、*Suaeda* は Reed よりも α 多様性指数 (Shannon-Weiner 指数, 均等性指数) が高かった。また、非計量的多次元尺度構成法によって試料間の微生物群集構造を解析した結果、各試料の微生物群集はそれぞれ異なっていた。さらに、微生物群集構造と化学特性の関係を評価するために正準対応分析を行った結果、水中の pH, TP, TN および NO₃⁻-N が微生物群集の構成に大きく影響する可能性が示された。門レベルでは、各試料で *Proteobacteria* 門 (45.7~58.0%) が最も優勢で、次いで *Bacteroidetes* 門 (7.1~12.4%), *Actinobacteria* 門 (6.1~8.5%) が多くみられた。また、*Suaeda* では Reed と比較して *Proteobacteria* 門が多く、*Actinobacteria* 門と *Firmicutes* 門は少なかった。属レベルでは、*Suaeda* と Hybrids では *Thiopfundum* 属が、Reed では *Exiguobacteria* 属が最も多く検出された。続いて、PICRUST 解析によって微生物群集の代謝機能を予測した結果、各試料において、アミノ酸代謝、炭水化物代謝、膜輸送に関する機能遺伝子が検出された。さらに、各試料から、安息香酸やナフタレンなどの汚染物質の分解に関連する機能遺伝子や、窒素代謝および硫黄代謝に関連する機能遺伝子が多く検出された。本研究の結果は、湿地植物における根圏微生物群集の構造や代謝機能の解明に寄与する。