

第 386 回雑誌会

(Oct. 27, 2022)

(1) Pathogen and surrogate survival in relation to fecal indicator bacteria in freshwater mesocosms

Baker, A., Almeida, G., Lee, J. and Gibson, E.

Applied and Environmental Microbiology, **8**, 1-14, 2021.

Reviewed by Y Kato

灌漑用水を介して、ヒトの健康に害となる病原体が生鮮食品に混入する可能性をひめていることは、従来から認識されている。一般的な大腸菌と腸球菌は、病気を引き起こす病原体と同様の生存特性を持つとされ、健康リスクの予測因子となる糞便指標細菌 (FIB) として長い間採用されてきた。しかし、実際にヒトが感染している病原体の定量化の事例は少なく、病原体と FIB の関連研究は、淡水域およびその堆積物ともに限られているのが現状である。そこで本研究では、水および堆積物メソコスムにおける FIB (大腸菌, 腸球菌), 代替物質 (*Listeria innocua*, *Listeria seeligeri*, *Salmonella enterica serovar Typhimurium*, PRD1), 病原体 (病原大腸菌, *Listeria monocytogenes*, *Salmonella serovars*) の生残時間の評価を目的とした。水サンプルは、アーカンソー州北西部のホワイト川とビーバー湖から、堆積物サンプルはウェディントン湖とイリノイ川からそれぞれ採取した。メソコスム実験については、採取した水と堆積物を混合し、各メソコスム内に 100 ml あたり 8 log CFU または PFU の微生物 (大腸菌, 腸球菌, 病原性大腸菌, *S. serovars*, *L. innocua*, *L. seeligeri*, *L. monocytogenes*) を任意の組み合わせで接種した。メソコスムにおける細菌の生残性実験は、春, 夏, 秋, 冬の各シーズンで 28 日間行われ、最初の 7 日間は毎日、その後は毎週サンプル (底質/水) を採取して菌数を計数した。なお、この実験は連続式で行われた。FIB 大腸菌・腸球菌に対する病原微生物の生存率を比較するために曲線下面積 (AUC) を求めた。

サンプルの種類と季節がすべての微生物の生存に影響を与えていることが確認された。湖沼と河川のメソコスムでは、生残率の差はほとんど見られなかった。しかし、水中と堆積物中での微生物の生残率を比較すると、堆積物中の微生物の方が水中よりも 2.2 倍ほど有意に長く生存した。FIB 大腸菌の生残期間は、この研究で評価した病原性細菌の生存期間よりも長く、FIB 腸球菌の生残期間は短かった。曲線下面積の差を用いて、FIB に関連する病原体および代替物質の生残率を比較すると、試料の種類や季節の影響にかかわらず、病原性 *Salmonella* 属菌の生残率は FIB 大腸菌と同様であり、*L. monocytogenes* と病原性大腸菌の生残率は FIB 腸球菌とも同様であった。以上より、堆積物中の病原体の蓄積と生存に関連する潜在的なリスク、ならびに生鮮食品の生産に使用される農業用水汚染の可能性が示唆された。

(2) Differential survival of potentially pathogenic, septicemia- and meningitis-causing *E.coli* across the wastewater treatment train

Daniel, Yu., Kanghee, Ryu., Simon, J.G. otto., Paul, Stothard., Graham, Bantng., Norma, Ruecher., Norman, F. Neumann., and Shuai, Zhi.

Npj clean water, 5, 33 (2022).

Reviewed by R. Matsuyama

下水処理は、水質保全や微生物による汚染を防止する上で重要な役割を持つ。しかしながら、一部の腸管外病原性大腸菌 (ExPEC) は、下水処理プロセス後も生存可能であると予測されている。そこで本研究では、下水処理場に存在する大腸菌の ExPEC 毒性調査を行い、血液媒介性大腸菌 (BBEC) と新生児髄膜炎性大腸菌 (NMEC) の下水処理耐性の獲得について検討した。試料は、カナダの下水処理場の紫外線消毒後放流水から、排水処理耐性株を単離した。さらに、下水処理場から流入水を回収し、米国環境保護庁 (EPA) の試験手順に従い、塩素消毒を行い、処理後の試料から塩素耐性株を単離した。回収された単離株は、菌種同定を行い、大腸菌と判定された株からゲノム DNA を抽出した。ゲノム DNA は PCR 試験に供し、ExPEC 関連病原遺伝子保有を検査した。また *uspC-IS30-flhDC* マーカーを用いて帰化排水大腸菌を判定し、除外した。3 つ以上の ExPEC 関連病原遺伝子、新生児髄膜炎性大腸菌 (NMEC) 関連 *ibeA* 遺伝子、または ExPEC 関連 ST131 遺伝子を保有する株を推定排水 ExPEC 株とし、全ゲノムを解析した。血液由来菌血症、髄膜炎に関連する臨床 ExPEC (C-ExPEC) 株とのコアゲノム SNP 解析、ペアワイズ全ゲノム比較を行った。また、推定排水 ExPEC 株と C-ExPEC 株との系統学的な分類を行い、推定排水 ExPEC 株と C-ExPEC 株の病原性遺伝子 (VG)、薬剤耐性遺伝子 (ARG) の組成を比較をした。

無作為に回収された排水大腸単離株 637 株のうち、247 株が ExPEC 関連遺伝子を少なくとも 1 つ以上保有していた。その中で最も一般的な病原遺伝子は、*fyuA* および *chuA* であった。推定排水 ExPEC 株は 86 株検出され、C-ExPEC 株とコアゲノム類似性を比較した結果、37 株の推定排水 ExPEC 株が高い類似性を示した。アクセサリーゲノムクラスタリングツリー解析による系統学的分類の結果、推定排水 ExPEC 株は、C-ExPEC 株とクラスター化された。推定排水 ExPEC 株は C-ExPEC 株と類似した VG を保有していた。さらに、推定排水 ExPEC 株は C-ExPEC 株と類似した ARG プロファイルも確認された。以上の結果から、髄膜炎や敗血症を引き起こす大腸菌は、下水処理プロセス後も生存し、下水処理場放流水中において病原性が伝播している可能性があることが示唆された。