

第 425 回雑誌会

(May. 21, 2025)

(1) Sewage Protein Information Mining: Discovery of Large Biomolecules as Biomarkers of Population and Industrial Activities

Carrascal, M., Jiménez, E., Fang, J., López, C., Ginebreda, A., Barceló, D. and Abian, J.
Environmental Science & Technology, 57, 10929, 2023.

Reviewed by R. Tachibana

下水化学情報マイニング (SCIM) は、下水から集団の健康状態や生活習慣を評価する手法である。近年、SCIM のバイオマーカーとしてタンパク質の利用が提案されているが、下水中に存在するプロテオームは未だ解明されていない。そこで本研究では、下水中のプロテオームを明らかにするとともに、プロテオームと人為的な活動の相関を分析し、SCIM に有用なタンパク質バイオマーカーの特定を目的とした。試料水は、処理人口および産業活動が異なるカタルーニャ州の 10 か所の下水処理場において、2020 年 12 月、2021 年 4 月、7 月の計 3 回、流入下水を採取した。遠心分離によって試料中のタンパク質を可溶性タンパク質と粒状タンパク質に分画し、トリプシンを用いてそれぞれの分画をペプチドに消化した。得られたペプチドを LC-MS/MS によって分析し、下水中の主要なタンパク質と供給源を特定した。さらに、各下水処理場のプロテオームを比較し、試料の採取時期や集水域の土地利用との関係について検討した。

LC-MS/MS による分析の結果、4,318 種のペプチドが同定され、827 種のタンパク質が流入下水中に存在していることが判明した。流入下水中にはヒト由来のアミラーゼなどの膵臓酵素や家畜の血液由来のアルブミンが多量に含まれていたため、下水中の主なタンパク質の供給源はヒトの排泄物と家畜の血液であることが明らかになった。流入下水中のヒトアミラーゼの存在量が下水処理場の処理人口に比例して増加する傾向が確認されたため、ヒトアミラーゼの存在量から人口をリアルタイムで推定できる可能性が示された。家畜由来のアルブミンは、下水集水域の家畜数よりも食肉加工場の存在との間で相関が確認された。また、健康バイオマーカーとして注目されているヒト免疫グロブリンを分析したところ、採取地点ごとのヒト免疫グロブリンの存在量は、試料の採取時期によって、最大で 8,105 倍に変動した。これは、旅行や観光によって、下水処理場の利用人口の変動が原因であると考えられた。そこで、採取時期におけるヒト免疫グロブリンをヒトアミラーゼで正規化した。その結果、時期による変動を最大で 11 倍に抑制できた。したがって、ヒトアミラーゼをはじめとした流入下水中の豊富なヒト由来のタンパク質は、他のヒト由来のタンパク質の正規化に有用であることが示された。以上のことから、下水中のアミラーゼ、免疫グロブリン、およびアルブミンは、SCIM におけるバイオマーカーとして有望であることが示唆された。

(2) Bacteriophages from faecal contamination are an important reservoir for AMR in aquatic environments

Nolan, T. M., Sala-Comorera, L., Reynolds, L. J., Martin, N. A., Stephens, J. H., O'Hare, G. M. P., O'Sullivan, J. J. and Meijer, W. G.

Science of The Total Environment, **900**, 165490, 2023.

Reviewed by M. Hayashida

形質導入によるファージを介した薬剤耐性遺伝子（ARGs）の伝播は水環境中における薬剤耐性菌の増殖に関連しており、ファージは ARGs の貯蔵庫として推察されている。また、糞便汚染源マーカーである crAss ファージはヒトの腸内に大量に存在することから、糞便汚染による水環境中へのファージの負荷は、形質導入による遺伝子の伝播を促進する可能性がある。そこで本研究では、糞便汚染がファージと ARGs の濃度に与える影響について評価することを目的とした。試料は、2019 年 5 月～2020 年 5 月の期間、3 つの河川の源流部、都市部、および農業地域から採取した（全 14 地点、231 サンプル）。crAss ファージを含む体細胞感染性大腸菌ファージは、プラーク法によって検出した。河川水 100 mL を 0.22 μm フィルターでろ過し、フィルターとろ液のそれぞれから DNA を抽出した。qPCR 法によって、crAss ファージの検出と各分画の DNA 中に含まれる ARGs（blaTEM, qnr S, tetO, sul 1）を定量し、ファージの ARGs 保有率を評価した。さらに、ファージ濃度と ARGs 濃度との相関関係を求め、糞便汚染と ARGs の関係を評価した。

3 つの河川の全ての地点から体細胞性大腸菌ファージと crAss ファージが検出された。crAss ファージの検出率は、源流部が最も低く（6 %～24 %）、次いで農業地帯（34 %～71 %）、都市部（61 %～91 %）であった。このことから、下流に向かうにつれて糞便汚染が進行していることが示唆された。また、4 種類の ARGs も全ての地点のファージ分画から検出された。ARGs の検出率も源流部が最も低く（0 %～19 %）、農業地域と都市部が高い傾向にあった（6 %～72 %）。さらに、2 つのファージと ARGs 濃度には有意な相関が確認され、糞便汚染レベルが高いほど、ARGs の濃度も増加する傾向にあった。特に、体細胞感染性大腸菌ファージは、全ての ARGs と有意な相関が確認された（ $p \leq 0.001$ ）。これらの結果から、農業や都市活動による糞便汚染によってファージ中の ARGs 濃度が増加することが示唆された。また、水環境中において、ファージは細菌よりも環境ストレスに強く、生存能力が高いことから、対象とした河川ではファージが ARGs の貯蔵庫として機能している可能性がある。細菌だけを対象とした ARGs の解析ではファージ中の ARGs は見過ごされ、実際の水環境中における ARGs の動態を過小評価する恐れがある。本研究によって、ファージ中の ARGs に着目する必要性が強調された。