第 437 回雑誌会
（Sep. 17, 2025）

(1) Detection of faecal bacteria and antibiotic resistance genes in biofilms attached to plastics from human-impacted coastal areas

Liang, H., de Haan, William P., Cerda-Domenech, M., Mendez, J., Lucena, F., Garcia-Aljaro, C., Sanchez-Vidal, A. and Balleste, E.

Environmental Pollution, **319**, 120983, (2023).

Reviewed by K. Okuno

プラスチック表面は細菌によるバイオフィルムが形成されやすいことから，プラスチックは病原細菌の拡散や薬剤耐性遺伝子（ARGs）の水平伝播に関連している可能性がある。また，下水処理場からは処理されなかった一部のマイクロプラスチックが排出されており，海洋プラスチックの汚染源となることが報告されている。そこで本研究では，下水処理場などの人為的影響を受ける 2 か所の異なる海洋を対象に，海水，海底堆積物，およびプラスチックの試料に存在する糞便指標細菌，病原細菌，ARGs の存在実態を調査した。試料は，スペインの下水処理水が流入する海洋から海水，浮遊プラスチック，および海底堆積物を採取し，海底堆積物に含まれるプラスチックを回収した。そして，各試料について糞便性細菌の大腸菌と腸球菌を計数した。また，プラスチックに存在する病原性細菌の *Vibrio* 属と *Pseudomonas* 属を選択培地で計数した。さらに，各試料から DNA を抽出し，qPCR によって，大腸菌，腸球菌，ヒトの糞便に特有なウイルスである crAssphage，および ARGs（*sulI*，*tetW*，bla_{TEM}）を定量した。

両地点で採取した海水から大腸菌と腸球菌が，それぞれ 0.3～5.7×10^2 CFU/100ml と 0.7～2.1×10^2 CFU/ml で検出された。また，crAssphage が全海水サンプルの 88 %から検出されたことから，海水は下水の影響を受けていることがわかった。16S rRNA で正規化した糞便性細菌の相対存在量は，海水と海底堆積物よりもプラスチックの方が多く，プラスチックは糞便性細菌が保持されやすいことが示唆された。浮遊プラスチックからは *Vibrio* 属と *Pseudomonas* 属がそれぞれ 3.9×10^2 CFU/mm^2 と 4.1 CFU/mm^2，一方の海底堆積物プラスチックからは 1.25 CFU/mm^2 と 0.25 CFU/mm^2 で検出され，病原細菌数は浮遊プラスチックの方が多かった。ARGs は，浮遊プラスチック試料の 60％以上から検出され，*sulI*，*tetW*，bla_{TEM} は，それぞれ 1.9×10^2 gene copies (gc)/mm^2，62 gc/mm^2，18 gc/mm^2 で検出された。また，16S rRNA で正規化した *sulI* と *tetW* の相対存在量は，プラスチック試料が最も多かった。以上の結果から，海水と堆積物と比較して，プラスチックは糞便性細菌と ARGs が保持されやすいことが明らかになった。病原細菌を保持した浮遊プラスチックによって，海洋中で病原細菌を輸送拡散させるリスクが懸念される。

(2) Evidence of horizontal gene transfer and environmental selection impacting antibiotic resistance evolution in soil dwelling Listeria

Goh, Y. X., Anupoju, S. M. B., Nguyen, A., Zhang, H., Ponder, M., Krometis, L. A., Pruden, A. and Liao, J. Nature Communications, 15(1), 10034 (2024).

Reviewed by K. Ohwada

土壌は，薬剤耐性遺伝子（ARG）の天然の貯蔵庫として機能しており，新たな薬剤耐性菌の出現や拡散と関連している。特に，*Listeria monocytogenes* は土壌に生息する病原細菌であり，臨床環境や食品加工工場などから薬剤耐性菌として検出されている。しかしながら，*Listeria* 属細菌の薬剤耐性に関する研究において，自然環境由来の薬剤耐性や環境条件が *Listeria* 属細菌の保有する ARG に及ぼす影響に関する知見は乏しい。そこで本研究では，自然環境由来の *Listeria* 属細菌における薬剤耐性プロファイルと環境要因の関係性を検討した。試料は，アメリカの人為的影響が少ない自然環境から 1,004 地点の土壌サンプルを採取し，ストレス応答調節に関与する固有の *sigB* 遺伝子を有する *Listeria* 属細菌 594 株を選別して用いた。*Listeria* 属細菌の機能的な ARG は，遺伝子解析によって同定した。*Listeria* 属細菌における水平伝播の実態を評価するため，各細菌が保有する ARG の系統解析を実施し，ARG の相同組み換えの履歴から水平伝播の証拠を検索した。また，細菌の DNA から水平伝播に関連する可動性遺伝要素を検索した。さらに，環境データ（地理情報，土壌を構成する物質の存在量，気象データ，周辺地域の土地利用）と ARG の保有数・遺伝的多様性の相関を機械学習によって解析し，*Listeria* 属が保有する ARG に影響を与える環境要因を明らかにした。

遺伝子解析の結果から，*L. monocytogenes* の近縁種であるほど，5 つの機能的な ARG である *lin*（82.66%），*mprF*（82.32%），*sul*（81.14%），*fosX*（60.77%），および *norB*（58.42%）を保有していることが確認された。また，これらは臨床治療で使用される抗菌薬に耐性を与える ARG ではなかった。水平伝播の履歴は，*L. monocytogenes* の近縁種内で確認されたが，近縁種と遠縁種間では確認されなかった。また，遺伝子解析の結果から，トランスポゾン，挿入配列，プラスミド，およびプロファージなどの接合伝達や形質導入を介して獲得した ARG は少なかった。しかし，遊離 DNA の取り込みに関連する遺伝子や鞭毛関連遺伝子を持つ *L. monocytogenes* の近縁種が多いことから，形質転換によって ARG を獲得することが示唆された。また，環境要因と ARG の相関を解析した結果，ARG の保有数は土壌中のアルミニウム濃度と正の相関を示したが，マグネシウム濃度とは負の相関を示した。さらに，ARG の遺伝的多様性と周囲の森林被覆率に正の相関が確認された。このことから，野生動物の糞尿を媒介に多様な ARG が蔓延していることが示唆された。