

第 448 回雑誌会
(May. 20, 2026)

(1) Beach sand plastispheres are hotspots for antibiotic resistance genes and potentially pathogenic bacteria even in beaches with good water quality

Magalhaes, EA., de Jesus, HE., Pereira, PHF., Gomes, AS. and Santos, HFD.

Environmental Pollution, **344**, 123237, (2024).

Reviewed by K. Okuno

マイクロプラスチック（MP）は、砂浜における代表的なプラスチックごみである。MP の表面に形成されるプラスチスフィアは、病原性細菌や薬剤耐性遺伝子（ARGs）のホットスポットとして知られている。一方で、MP における ARGs の実態やプラスチスフィアの構成に寄与する要因に関する知見は不足している。本研究では、漂着 MP における病原性細菌と ARGs の実態、および水質の違いがプラスチスフィアの細菌構造に与える影響について調査した。調査は、ブラジルのリオデジャネイロ州における 4 つの海水浴場で実施した。各ビーチの漂着帯と潮上帯から MP と砂を採取した。各試料から DNA を抽出し、V4-V5 領域を標的とした Illumina MiSeq シーケンサーで解析した。さらに、HT-qPCR によって、16S rRNA 遺伝子と ARGs を定量した。また、順列多変量分散分析（PERMANOVA）で試料の種類と採取場所が細菌群集に与える影響の有意性を評価した。

16S rRNA 遺伝子のコピー数は、MP において 4.0×10^{10} ～ 1.3×10^{11} gene copies (gc)/g であり、砂よりも約 8 倍有意に多かった ($p=0.0001$)。MP と砂の菌叢を比較すると、MP の *Erythrobacter* 属、*Alteromonas* 属など 20 属が砂よりも有意に多く検出された ($p<0.05$)。また、多くの多剤耐性菌を有する *Flavobacteriaceae* 科が、MP で砂の約 8 倍多く検出された。多様性解析の結果、MP と砂は、それぞれが特有の複雑な菌叢を形成していることが明らかとなった。MP の菌叢は、ビーチ間で有意差が確認されなかったことから ($p=0.5049$)、水質はプラスチスフィアの構成に影響を与えないことが示唆された。一方で、漂着帯と潮上帯では、MP の菌叢が有意に異なった ($p=0.00296$)。また、病原性細菌は、MP において、砂よりも 10～100 倍多く、かつ多様な種類が検出された。一方の ARGs では、MP が砂よりも 16 種類多く検出されたが、異なるビーチ間で ARGs の種類や存在量に違いは認められなかった。MP には、薬剤耐性の獲得や水平伝播に関連のある ARGs (*blaKPC*, *tetM*, *mdtE*, *acrB_1*) が数多く存在したことから、MP はビーチにおいて薬剤耐性の拡散源となっている可能性が示唆された。以上より、MP は砂と比較して多様な ARGs や病原性細菌を有していることが明らかとなった。水質の違いにかかわらず、ビーチに漂着する MP はビーチにおける潜在的な感染症リスクとなる可能性がある。

(2) Large-scale biogeographical patterns of antibiotic resistome in the forest soils across China.

Mengke S., Dandan S., Longfei J., Dayi Z., Yingtao S., Guoen C., Huijuan X., Weiping M., Yongtao L., Chunling L., Gan Z.

Journal of Hazardous Materials, 403, 123990. (2021)

Reviewed by K. Ohwada

抗菌薬の不適切な使用によって、薬剤耐性遺伝子（ARGs）が世界中に蔓延している。一方で、薬剤耐性は、古代から存在する自然現象であることが知られており、土壌は、ARGs の天然の貯蔵庫として認識されている。しかし、人為的なく乱が極めて少ない土壌における知見は限定的であり、ARGs や可動遺伝子（MGEs）のバックグラウンド情報が不足している。そこで本研究は、中国全土における原始的な森林土壌を対象に、ARGs の多様性、種類、存在量、および分布を明らかにすることを目的とした。加えて、土壌における ARGs の構成を決定づける自然環境因子や MGEs を介した水平伝播の潜在的なリスクについて検討した。調査は、中国における主要な山岳地帯に位置する 24 カ所の自然保護区で実施した。各調査地点からランダムに 5 つのピットを設け、0~10 cm の表土（植物リターを除く）を採取した。その後、PowerSoil DNA Isolation Kit を用いて DNA を抽出し、HT-qPCR を使用して、30 種の ARGs、5 種の MGEs を定量した。そして、16S rRNA 遺伝子についてゲノム解析して細菌種を同定した。また、6 つの土壌の物理化学特性（含水率、pH、TOC、TN、TP、TK）と、ARGs の共選択因子（カドミウム、クロム、鉛、銅）を誘導結合プラズマ質量分析で検出し、ARGs との関連性を調査した。

HT-qPCR の結果、16S rRNA に対する ARGs の相対発現量は、 $2.0 \times 10^{-3} \sim 1.8 \times 10^{-2}$ と低かったが、原始的な土壌に ARGs が普遍的に存在することが明らかとなった。中でも、アミノグリコシド（平均 36.3 %）とキノロン（平均 27.7 %）の耐性遺伝子が優占的に検出された。耐性メカニズム別では、*aacC* などの抗菌薬の不活性化機構をコードする遺伝子が 55.1 %を占めた。ARGs と MGEs の間で正の相関（ $p < 0.05$ ）が確認されたが、MGEs の検出量が少なく水平伝播の可能性は低いと推察された。ゲノム解析によって、 1.7×10^4 OTU の細菌が同定され、全ての地点において、プロテオバクテリア門、アシドバクテリア門、アクチノバクテリア門、ベルクミクロビア門の細菌が全細菌種の 70 %以上の割合で優占した。また、6 つの土壌物理学的な要因は、ARGs の相対存在量と有意な相関が確認された（ $p < 0.05$ ）。さらに、ARGs の分布と地点距離に有意な関係が示され（ $p < 0.01$ ）、ARGs の地域固有性が明らかとなった。以上より、土壌中存在する ARGs 構造は、主に、土壌の物理化学特性と周辺環境によって変化することが明らかとなった。