第 456 回雑誌会

（Jul. 24, 2026）

(1) Plastisphere Microbial Community and Functional Differences with Risk of Antibiotic Resistance Gene Transmission Throughout Wastewater Treatment

Zhang, J., Liu, H., Ye, J., Jia, Q., Zhu, Y., Yi, Y., Li, Z. and Chen, Y.

Water, **18**, 593 (2026).

Reviewed by K. Okuno

マイクロプラスチック（MP）の表面に形成されるプラスチスフィアには，薬剤耐性遺伝子（ARGs）が高濃度で存在し，環境における ARGs の拡散源となることが懸念されている。下水処理場は，MP 除去機構を備えているものの，多量の排水を処理する過程で一部の MP が自然環境へ流出する可能性が指摘されている。プラスチスフィアの細菌群集や ARGs は，MP の種類や周辺環境により変化することが明らかであるが，下水処理場内で形成されたプラスチスフィアに関する知見は乏しい。本研究では，下水処理プロセス中で形成されたプラスチスフィアの細菌群集と ARGs，可動性遺伝因子（MGEs）の実態を調査した。また，プラスチスフィアと処理プロセス内の処理水を比較し，MP を介した ARGs の拡散の可能性を検討した。生分解性 MP と非分解性 MP の 2 種類の MP（ポリ乳酸：PLA，ポリエチレンテレフタラート：PET）を下水収集管に浸漬し，プラスチスフィアを形成させた後，下水処理場の各処理槽（最初沈殿池，嫌気槽，無酸素槽，好気槽，最終沈殿池，消毒槽）に浸漬させた。MP 表面から超音波処理でプラスチスフィアを剥離させ，DNA を抽出した。各処理槽から採取した下水は，0.22 μm フィルターでろ過し，DNA を抽出した。qPCR により ARGs と MRGs を定量化し，メタゲノム解析により，MP と処理水における細菌群集，ARGs，MGEs の存在実態を比較した。相関解析を行い，ARGs の存在量に寄与する要因を推定した。

ARGs と MGEs の存在量は，消毒槽において，処理水では 42～43%に減少した一方で，PLA と PET では 28%～46.5%に増加した。細菌群集は，最初沈殿池で異なる細菌が優占したが，その他の処理工程では PLA および PET で *Bacteroidota* 門が下水と比較して有意に増加し，菌叢は近似した。α 多様性は，群集変化に伴って推移し，下水と比較して MP で有意に高くなった（$p < 0.05$）。パスウェイ解析の結果，MP において，リボソームや細菌分泌系などに関連する遺伝子が下水よりも有意に濃縮され（$p < 0.05$），MP と下水で機能的な差が認められた。PLA では，β ラクタム耐性に関連する遺伝子が下水よりも有意に濃縮され（$p < 0.05$），ARGs が濃縮されやすい可能性が示唆された。また，MP の ARGs は，下水における細菌群集の多様性，総リン量，COD などと正の相関を示したことから，細菌群集や周辺環境が ARGs の保持に関与する可能性が示唆された。以上より，MP 表面のプラスチスフィアは ARGs を保持し，水環境への拡散に寄与する可能性がある。

(2) Nodules of wild legumes as unique natural hotspots of antibiotic resistance genes

Liu, B., Zhang, D., & Pan, X.

The Science of The Total Environment, *839*, 156036. (2022).

Reviewed by K. Ohwada

近年，自然環境から臨床環境への薬剤耐性遺伝子（ARGs）の伝播が確認されており，自然環境における ARGs の動態を把握することが求められている。しかし，自然環境における ARGs の調査は, 河川や土壌を対象としたものが多く, 植物に存在する ARGs に関する知見は不足している。マメ科植物の根粒（RN）には，高密度の根粒菌が存在し，一部は複数のプラスミドを保有することが知られている。また，抗菌化合物を産生する根粒菌も存在することから，根粒中でプラスミドを介した水平伝播が発生している可能性が指摘されている。そこで本研究は，野生マメ科植物の RN に着目し，RN および周辺土壌における ARGs 保有宿主を推定した。また，プラスミド中の ARGs を定量するとともに，RN における水平伝播の可能性を検討した。調査は，人為的影響の少ない中国浙江省南峰山で実施し，2 種類のマメ科植物（*M. polymorpha*，*A. sinicus*）の根粒と根圏土壌（RS），および非根圏土壌（BS）を採取した。各試料から DNA を抽出し，Illumina Hiseq 2500 でメタゲノム解析を実施した。得られた配列をデータベースと照合し，ARGs の存在量や種類，細菌群集，およびプラスミド由来配列を解析した。また，共生ネットワーク解析を用いて，ARGs の宿主を推定した。

全てのサンプルから合計 275 種類の ARGs が検出された。これらの ARGs のうち，マクロライド-リンコサミド-ストレプトグラミン B 耐性遺伝子，多剤耐性遺伝子，およびバンコマイシン耐性遺伝子が 67.9 %を占めた。耐性機構別では，排出ポンプ型の遺伝子が 65.3～70.0 %と最も多く検出された。これは，植物や細菌が産生する抗菌化合物への耐性に，排出ポンプが関与するためと考えられる。また，ARGs の存在量は，植物種の違いに関わらず，BS と比較して，RN において有意に高かった（$P < 0.05$）。検出された細菌のうち，根粒菌は *Mesorhizobium* 属，*Ensifer* 属，*Rhizobium* 属，*Bradyrhizobium* 属の 4 属であった。また，根粒菌の存在量は， RN の方が BS よりも有意に高かった（$P < 0.05$）。共生ネットワーク解析の結果，*Mesorhizobium* 属，*Bradyrhizobium* 属，および *Ensifer* 属が ARGs 保有宿主として推定された。*Ensifer* 属は，8～10 種と最も多くの ARGs に対する宿主で，多剤耐性菌であることが示唆された。プラスミドの解析では，2 つ以上の ARGs を含むプラスミドは，RN のみで確認された。以上より，RN は ARGs の貯蔵庫である可能性が示された。さらに，RN は ARGs の水平伝播が生じやすい環境であることが示唆された。