

バングラデシュ国クルナ市スラム地区における病原性大腸菌の実態調査

藤森 悠司

キーワード: 病原性大腸菌,バングラデシュ国クルナ市,スラム,衛生,次世代シーケンサー

1. 背景および目的

大腸菌は糞便以外にはほとんど存在せず、環境中では増殖しないこと、大腸菌の多くは病原性がないことなどから糞便汚染指標とされている。しかし、一部の病原性大腸菌には病原性があることが分かっており、コレラ様下痢症、急性胃腸炎などをもたらすため、病原性大腸菌による汚染を把握することは重要である。本研究の対象地であるバングラデシュは後発開発途上国に分類されており、基本的な衛生環境が整わないスラムが数多く存在している。本研究では、劣悪な水供給・衛生環境に伴い健康リスクの高さが懸念される同国クルナ市郊外スラム地区を対象に、①糞便性微生物汚染の実態の定量的な把握、②曝露経路ごとの全細菌種の把握、③病原性大腸菌の病原性タイプごとの汚染の定量的な把握、を目的とした調査を実施した。

2. 調査および実験の方法

2014年8月～10月の3ヶ月間に、バングラデシュ国クルナ市郊外スラム地区にて、調査・実験を実施した。まず、大腸菌および大腸菌 O157 を測定した。家庭貯留水、井戸水、土壌、池、手指、食器、野菜はメンブレンフィルター法を用い、し尿は平板塗抹法を用いて測定した。同試料に対して 16S rRNA 遺伝子の配列決定による群集解析を行った。また、家庭貯留水とし尿に対して XM-G および CHROMagar 培地を用いて単離したコロニーを対象に PCR と次世代シーケンサーを用いた 8 種類の病原性大腸菌の同定を行った。また、単離した大腸菌がヒト由来かどうかを確かめる起源推定も行った。

3. 結果および考察

調査対象スラムにおいて、17/18 家庭で家庭貯留水から大腸菌が検出された(最大 100 cfu/100mL)。飲用用途の井戸水からは大腸菌が検出されなかったが(0/4 地点)、非飲用用途の井戸水で大腸菌が検出された(2/4 地点)。家庭貯留水は貯留中にコンタミネーションが起こっていることが示唆された。16S rRNA の群集解析結果では、曝露経路ごとに、また同じ経路の中でもサンプルごとに細菌の属レベルの構成が異なっていた。家庭貯留水で 9/10、井戸水で 6/6、土壌で 3/4、池で 2/2、手指で 8/8 のサンプルにおいて、存在割合上位 10 位の中に病原性細菌を含む属が含まれていた。表 1 に 8 種類の病原性大腸菌の同定結果を示す。サンプルごとに病原性大腸菌の種構成が異なるため、仮に培養法で同じ大腸菌濃度であっても、ヒトへの危険性が異なることが示唆された。起源推定結果では、家庭貯留水中の 7.8% がヒト由来であったため、調査対象家庭の貯留水がヒト由来の糞便で汚染されている可能性が示唆された。

4. 結論

調査対象スラムの環境試料中から大腸菌が検出され、家庭貯留水は貯留中にコンタミネーションが起きていることが示唆された。環境試料の 16S rRNA 遺伝子のコピー数と群集構造を把握することができ、池を除く全経路で病原性細菌を含む Acinetobacter 属が優勢であることが分かった。今後は大腸菌以外の病原性細菌についても調査を行う必要がある。

表1 病原性大腸菌の割合

種類	総コロニー数	病原性大腸菌	検出数	割合 (%)	大腸菌濃度 (cfu/100mL)	病原性大腸菌濃度 (cfu/100mL)			
家庭貯留水 (XM-G寒天培地)	357	EAEC	1	0.28	17.10	4.8×10^{-2}			
		EIEC	1	0.28			4.8×10^{-2}		
		ETEC	3	0.84				1.4×10^{-1}	
		ExPEC	3	0.84					1.4×10^{-1}
		EPEC	4	1.12					
し尿 (XM-G寒天培地)	264	EAEC	2	0.76	2.7×10^6				
		ExPEC	3	1.14		4.0×10^6			
		ETEC	55	20.83			7.4×10^7		
し尿 (CHROMagar O-157)	96	EIEC	1	1.04	8.3×10^5				
		ExPEC	1	1.04		8.3×10^5			
		ETEC	36	37.50			3.0×10^7		