

第 219 回雑誌会

(Jun. 16, 2015)

(1) Sediment and nutrient dynamics during storm events in the Enxoé temporary river , southern Portugal

Tiago, B. R., Maria, C. G., Maria, A. B., David, B., Sara, R., José-Miguel, S., Sabine, S., Ângela, P., José, C. M., Manuel, L. F., Fernando, P. P.

Catena, **127**, 177-190 (2015).

Reviewed by K. Kihara

地中海性気候に位置するポルトガル南部の Enxoé 川流域では、干ばつ後の降雨イベントによって、農業地からの土砂や栄養塩輸送に起因する貯水池内の富栄養化が問題となっている。しかしながら、汚染物質の輸送と降雨イベントの直接的な関係は、水文・地形学、土地利用や管理、土砂や汚染物質の再運搬などの問題によって複雑化している。特に、降雨に起因して断続的に発生する河川を対象とした、嵐イベント時の土砂や栄養塩の動態に関する研究例は見当たらない。そこで本研究では、農業流域の断続的に形成する河川において、嵐イベントと土砂や栄養塩の輸送の関係について調査した。調査は、2010年9月～2013年10月において、Enxoé 流域の富栄養化が顕在する貯水池の上流地点を対象とし、15分間隔で河川の水位および濁度のモニタリングを実施した。さらに水質測定のため、嵐イベント時と平水時において、合計176の試料を採水した。水質測定項目は、濁度、浮遊懸濁物質濃度 (SSC)、全リン (TP)、粒子状リン (PP)、溶存反応性リン (SRP)、および硝酸性窒素 (NO_3^-) の濃度とした。各成分の輸送量は、マニングの式を用いて水位データから見積った流量に、土砂や栄養塩の濃度を乗じて輸送量を見積った。

調査期間における SSC, TP, PP, SRP, および NO_3^- の濃度は、以下のように推移した: SSC, 1.6~3790.1 mg/L ; TP, 0.05~11.4 mg/L ; PP, 0~7.6 mg/L ; SRP, 0~0.67 mg/L ; NO_3^- , 0~27.84 mg/L。SSC, TP, および PP 濃度は、長期的な干ばつ後の最初の嵐イベントにおいて最大値を示した。流量から年間の総水量を見積ったところ、嵐イベントにおける割合は、年間の16~43%程度と低かった。しかしながら、嵐イベントにおける SS と TP の輸送量は、年間の60~92%を占めており、多くが嵐イベント時に輸送されていると見積られた。これに対して、 NO_3^- の輸送量は、干ばつ後の嵐イベント時に最大値を示したものの、年間の総輸送量に占める割合は17~20%と小さく、平水時に高い傾向を示した。以上の結果から、SS と TP は、干ばつの期間、あるいは平水時において河床に蓄積され、嵐イベントによって、貯水池へと輸送されることが考えられた。その一方で、 NO_3^- の輸送に対する嵐イベントの影響は小さく、総水量の多い平水時に輸送されることが考えられた。

(2) Diurnal variation in *Enterococcus* species composition in polluted ocean water and a potential role for the enterococcal carotenoid in protection against photoinactivation

Maraccini, P. A., Ferguson, D. M., Boehm, A. B.

Applied and Environmental Microbiology, **78**, 305-310 (2012).

Reviewed by M. Uno

腸球菌は、沿岸域のふん便汚染を評価する指標細菌として、広く用いられている。しかしながら、海水中の腸球菌は、日光照射に伴って生成する活性酸素種、または日光中の UV-B (280~320 nm) による DNA の損傷に起因して不活化する。現在までに、活性酸素種消去能を有する、カロテノイド色素を保有した腸球菌株が報告されているが、カロテノイド色素と光不活化の関係性は明らかとなっていない。そこで本研究では、アメリカのカリフォルニア州に位置するビーチの海水を対象として、カロテノイド色素保有した腸球菌の存在ならびに日中・夜間の菌種構成を調査した。試料水は、2008年8月の3日間、毎時1回採取し、mEI培地を使用して菌株(690株)を単離した。その後、菌種はAPI 20Sで同定し、TSA培地を使用して可視的に着色しているコロニーをカロテノイド色素保有菌とした。菌種構成の評価は、類似度行列分析(ANOSIM)によって実施した。さらに、海水環境の模擬実験を行い、腸球菌が保有するカロテノイド色素と、光不活化の関係性を評価した。なお、供試菌株は、*E. faecalis* (カロテノイド色素無)、*E. faecalis* AB (カロテノイド色素有)、*E. casseliflavus* (カロテノイド色素有)とした。

単離した690株のうち、563株(82%)が腸球菌と同定された。*E. faecalis*と*E. faecium*は、日中と比較して、夜間に多く検出された。その一方で、*Enterococcus* spp. (*E. casseliflavus*, *E. durans*, *E. cecorum*, *E. mundtii*)は夜間と比較して、日中に多く検出された。菌種構成について、日中・夜間の間に有意差($P=0.002$)が認められた。このことから、日光照射は、海水中での菌種構成に影響を与える因子であることが示唆された。また、腸球菌563株のうち、88株(16%)がカロテノイド色素を保有していた。カロテノイド色素を保有する腸球菌は、日中・夜間の間に有意差($P<0.0001$)が認められ、日中に多く検出された。さらに、海水環境の模擬実験を行った結果、*E. faecalis*, *E. faecalis* AB, および*E. casseliflavus*の不活化率はそれぞれ、 -0.1 ± 0.005 /min, -0.08 ± 0.006 /min, および -0.06 ± 0.007 /minであり、カロテノイド色素を保有した腸球菌は、日光照射による不活化率が有意に低下した($P<0.05$)。

以上の結果から、カロテノイド色素は、日光照射による腸球菌の不活化に影響を与える因子であることが示唆された。

(3) Characterization of different food-isolated *Enterococcus* strains by MALDI-TOF mass fingerprinting

Qulntela-Baluja, M., Böhme, K., Fernández-No, I. C., Morandi, S., Alnakip, M. E., Caamaño-Antelo, S., Barros-Velázquez, J. and Calo-Mata, P.

Electrophoresis **34**, 240-2250 (2013).

Reviewed by K. Niina

腸球菌 (*Enterococcus*) は、ヒトを含むほ乳類の腸管内に存在する常在菌であり、臨床、河川、および食品などの分野で検出される。中でも、*Enterococcus faecalis* と *Enterococcus faecium* は、院内感染の原因菌として挙げられる。腸球菌の菌種同定試験は、16S rRNA 遺伝子を対象としたシーケンシング解析をはじめとする分子生物学的手法が用いられているが、操作が煩雑であり時間と労力も必要である。そこで本研究では、たんぱく質やペプチドといった生体高分子を測定するイオン化飛行型質量分析計 (MALDI-TOF MS) を用いて、腸球菌の菌種同定試験を行った。菌株は、異なる食品から単離した腸球菌 (*E. faecium*, 12 株 ; *E. faecalis*, 13 株 ; *E. gilvus*, 2 株 ; *E. mundtii*, 2 株 ; *E. sanguinicola*, 2 株 ; *E. malodoratus*, 1 株 ; *E. gallinarum*, 1 株 ; *E. casseliflavus*, 1 株 ; *E. durans*, 1 株 ; *E. hirae*, 1 株) とその他の菌株 8 株とし、合計 44 株を試験に供した。また、腸球菌の 16S rRNA 遺伝子を標的とした塩基配列のシーケンシング解析を行った。マススペクトルとシーケンシング解析から得られた結果は、クラスター分析によって腸球菌種の識別精度を比較した。

全ての腸球菌株は、質量電荷比 4426 ± 1 にピークが検出された。その一方で、その他の種菌株からは検出されなかった。また、菌種別にみても *E. faecalis* と *E. faecium* は、それぞれ質量電荷比 7330 ± 3 と 5946 ± 5 にピークが検出された。これらのピークは、他の腸球菌種から検出されず、種レベルにおける特異的なバイオマーカーであることが示唆された。さらに、*E. mundtii*, *E. sanguinicola*, *E. gilvus*, *E. durans*, *E. casseliflavus*, *E. gallinarum*, および *E. malodoratus* は、それぞれ質量電荷比 3896, 2706, 6632, 5751, 8187, 7592, および 2957 に特異的なピークが検出された。これらの菌種は、供試菌株数が少なかったため、菌株数をさらに増やして特異的なピークの妥当性を評価する必要がある。16s rRNA 遺伝子解析におけるクラスター分析の結果、*E. faecalis* は、単独のクラスターを形成した。しかし、その他の腸球菌種は塩基配列における類似度が高く、区別されなかった。その一方で、マススペクトルによるクラスター分析では、菌種ごとにクラスターを形成した。以上のことから、MALDI-TOF MS は、迅速かつ正確に腸球菌を同定することが可能であり、菌種ごとに特異的なマススペクトルを有していることが示唆された。