

第 229 回雑誌会

(Sep. 17, 2015)

(1) Sunlight inactivation of fecal indicator bacteria in open-water unit process treatment wetlands: Modeling endogenous and exogenous inactivation rate

Nguyen, M. T., Jasper, J. T., Boehm, A. B., Nelson, K. L.

Water Research, **83**, 282-292 (2015).

Reviewed by M. Uno

酸化池法は、素掘りまたは防水シートによって遮水したため池に未処理の下水や畜産排水を一定時間貯留し、自然自浄作用を利用して水質浄化を図る排水処理方法である。特に、排水中の病原性微生物の不活化は日光照射によって促進される。この不活化のプロセスは、2 つに大別される：①日光中の UVB (280~320 nm) による DNA の損傷、②水中の光増感剤の光吸収に伴って生成した活性酸素による、細胞壁および細胞膜の酸化・損傷。しかしながら、日光照射による水中のふん便指標細菌の生存に関する報告は多数あるものの、各プロセスに焦点を置いた研究例は少ない。さらに、近年、活性酸素消去能を有する色素保有の腸球菌株が報告されているが、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、大腸菌と腸球菌を対象として、UVB、水中の光増感剤に伴う活性酸素の有無の不活化への影響を調査した。試料は、リン酸緩衝生理食塩水 (PBS) または下水 2 次処理水に、大腸菌、色素保有腸球菌、色素非保有腸球菌をそれぞれ接種した。その後、実験槽に貯留した試料に、擬似日光を照射し、一定時間ごとの各細菌数を測定した。菌数の測定結果から回帰直線を作成し、直線の傾きを不活化速度係数 k (h^{-1}) として算出した。また、各細菌の不活化に寄与する UVB を調査する際、特定の波長範囲の光を通過することのできる光学フィルターを用いた。なお、腸球菌の色素保有の有無は、ソイ寒天培地を使用して、可視的に黄色に着色しているコロニーを色素保有菌とした。

PBS 中の大腸菌、色素保有腸球菌、および色素非保有腸球菌の k は、それぞれ 3.97 h^{-1} 、 1.04 h^{-1} 、 1.72 h^{-1} であった。これに対して、下水 2 次処理水中の大腸菌、色素保有腸球菌、および色素非保有腸球菌の k はそれぞれ、 3.04 h^{-1} 、 1.35 h^{-1} 、 2.35 h^{-1} であり、日光照射による腸球菌の k は、光増感剤を含む 2 次処理水中において最大となった。このことから、腸球菌の不活化には、UVB に加えて活性酸素も強く寄与していることが示唆された。また、色素保有腸球菌は、色素非保有腸球菌と比較して、日光照射条件下における生残性が高かった。このことから、色素保有腸球菌は、日光照射による不活化に対して、高い抵抗性を有することが明らかとなった。

以上の結果から、日光不活化に寄与する要因は、各細菌で異なることが示唆された。

(2) Rainfall, runoff, and suspended sediment delivery relationships in a small agricultural watershed of the Three Gorges area, China

Fang, N. F., Shi, Z. H., Li, L. and Jiang, C.

Geomorphology, **135**, 156-166 (2011).

Reviewed by K. Kihara

Yangtze 流域の Three Gorges ダムは、急峻な山地や耕作地に囲まれ建設されていることから、高強度の洪水イベントによる土壌浸食に起因したダム堆砂が問題となっている。したがって、流出する浮遊土砂の定量、ならび土砂流出・輸送を支配する要因についての理解は、持続的農業および環境において極めて重要である。そこで本研究では、Three Gorges ダムの上流に流入する Wangjiaqiao 流域を対象とし、降雨、流出、および土砂輸送量の関係から、流域内における水文ならびに土砂の応答について調査した。調査は、1989 年～2004 年までの雨量、河川流量、および土砂量について、それぞれ連続自記雨量計、水位記録計、シルト採泥器を用いて測定した。浮遊土砂 (SS) 負荷量は、SS 濃度データに流量データを乗じて見積った。1989 年～2004 年で観測した 40 回の洪水イベントについて、ピアソンの相関行列ならびに段階式重回帰分析を適用し、月ごと、季節ごと、および洪水イベントごとの降雨、流出、土砂輸送の関係を解析した。

月ごとと季節ごとの SS 負荷量を算出した結果、夏季において年平均 SS 負荷量の 80%と大部分が輸送されていた。また、夏季における降水量と流出量についても、年間のそれぞれ 41%および 52%と高い寄与率を示した。このことから、土砂輸送の動態は月間や季節によって著しく変動し、高強度の洪水イベントが多発する夏季にその影響が大きいと考えられた。ピアソン相関行列によって降水量、洪水流量、および浮遊土砂量の関係を解析した結果、総降水量、最大流量、総流出量、30 分間の最大降雨強度、および流出土砂量に関連した変数の間で、それぞれ有意な相関関係が認められた ($p < 0.01$)。特に、総降水量と総流出量との間で最も強い相関関係を示した ($R=0.883$)。また、段階式重回帰分析によって、洪水イベントにおける流出量および SS 負荷量の回帰式を算出したところ、総降水量を変数とした場合において、流出量の変動の 84%を再現できた。その一方で、SS 負荷量については、最大流量を正の変数、降雨継続時間を負の変数とした場合に、最も強い相関関係が認められた ($R^2=0.761$, $p < 0.001$)。このことから、洪水イベントにおける短時間の降雨に伴った最大流量は、土壌浸食を誘発する重要な因子であることが明らかとなった。以上の結果から、Wangjiaqiao 流域における土砂の応答は、月間、季節、および洪水イベントごとに変動し、複雑かつ不均一な特性を有していることが確認された。

(3) Characterization of Bacteria in Ballast Water Using MALDI-TOF Mass

Spectrometry

Emami, K., Askari, V., Ullrich, M., Mohinudeen, K. and Anil, A. C.

PLOS ONE 7(6), e38515 (2012).

Reviewed by K. Niina

船舶のバラスト水として毎年約 40 億トンの海水が世界中を移動している。このバラスト水を媒体とした細菌の移動・拡散は、海洋環境や人間の健康被害にまで及ぶ問題が報告されている。しかしながら、バラスト水中の細菌を同定するためには、時間と労力を要する。ところが近年、タンパク質の小さなペプチド断片を測定することによって細菌を迅速に同定する MALDI-TOF MS Biotyping (MTB) が開発され、普及し始めている。そこで本研究では、バラスト水から単離した細菌について MTB を用いて同定し、データベースの作成を行った。試料は、Cullercoats 湾における船舶のバラストタンク内 (容積 55 m³) から採取したバラスト水とし、ろ過後のフィルターに生育したコロニーを MALDI-TOF MS 分析に供した。そして、MTB から得られた同定結果を 16S rRNA 遺伝子に基づく菌種同定試験と比較し、MALDI-TOF MS の識別精度を評価した。

バラスト水から単離した菌株 36 株を MTB によって解析した結果、*Vibrio* 属, 9 株; *Enterococcus* 属, 3 株; *Pseudomonas* 属, 9 株; *Pseudoalteromonas* 属, 7 株; *Serratia* 属, 2 株; *Proteus* 属, 1 株; *Halmonas* 属, 2 株; *Tenacibaculum* 属, 1 株; *Bacillus* 属, 1 株; *Lactobacillus* 属, 1 株が同定された。*Vibrio* 属の株で、コレラ毒素を産生する O1 型もしくは O139 型の *Vibrio cholera* は検出されなかった。また *Vibrio* 属は、菌種間におけるマススペクトルの類似性が極めて高かった。このことから、MTB において *Vibrio* 属を菌種別に分類するためには、菌種ごとに特異的なピーク値を探索する必要がある。*Enterococcus* 属 3 株の 16S rRNA 遺伝子に基づく菌種同定試験では、*E. faecium*, 1 株; *E. hirae*, 2 株と同定された。その一方で、MTB では、*E. faecalis*, 1 株; *E. faecium*, 1 株; *E. hirae*, 1 株と同定された。異なる同定結果を示した菌株のマススペクトルを確認したところ、*E. hirae* のリファレンスデータと共通したピーク値を示さず、*E. faecalis* に特異的な質量電荷比 7330±3 の位置でピーク値を検出した。このことから、16S rRNA 遺伝子に基づく菌種同定試験と MTB で得られた菌種同定結果は、必ずしも一致しない可能性が示唆された。その他の菌株における MTB の解析結果は属レベルの同定精度であり、菌種ごとのリファレンスデータをさらに蓄積する必要があると考えられた。以上のことから、MTB の解析結果をデータベースとすることによって、バラスト水から単離した細菌を属レベルで同定することが可能である。