

第 233 回雑誌会

(Oct. 28, 2015)

(1) Rainfall, runoff and sediment transport in a Mediterranean mountainous catchment

Tuset, J., Vericat, D. and Batalla, R. J.

Science of the Total Environment, in press (2015).

Reviewed by K. Kihara

地中海性気候に位置する河川流域の降雨、流出、ならびに土砂輸送の関係は、長期的な乾燥期間や高強度の降雨イベントの影響によって著しく変動する。これまでに、地中海の農業流域における降雨、流出、および土砂輸送との関係を調査した研究は数多く報告されている。その一方で、中規模な山地流域を対象とした研究は見当たらない。そこで本研究では、地中海の山地流域を対象として、降雨、流出、および土砂輸送との関係を調査した。調査は、地中海の Ribera Salada 流域を対象とし、2005 年～2008 年における雨量、流量、および浮遊土砂 (SS) 輸送量をモニタリングした。降雨量、流出量、および SS 負荷量に関連した変数について、ピアソン相関解析と多変量解析を実施し、各変数間の関係を評価した。なお、降雨初期の流量が定常流の 1.5 倍と観測された場合に、その降雨を洪水イベントと定義し、解析に使用した。

2005 年～2008 年において取得した洪水イベント (全 73 イベント) に基づき、SS 負荷量と流出係数を算出したところ、年平均の全 SS 負荷量と流出係数は、それぞれ 2.3 t/km/y (780 t) と 4.1%であり、地中海における他の流域の値 (年間 SS 負荷量: 15～3000 t/km/y, 年流出係数: 6～69%) と比較して、いずれも極端に低い傾向を示した。これは、Ribera Salada 流域における土壌の高い浸透能が流出量の低下に起因していると考えられた。次に、季節ごとの SS 負荷量を算出したところ、年間の全 SS 負荷量のうち、572 t (72.6%) は春季 (3 月～6 月) において輸送された。春季は、流出量についても年間の 65.3%と大部分を占めていた。このことから、全 SS 負荷量は、季節ごとに変動し、春季の高い流出量に影響を受けている可能性があると考えられた。そこで、ピアソン相関解析によって、降雨量、流出量、および SS 負荷量との関係を調査した結果、全 SS 負荷量は、洪水イベントにおける最大流量と、直接流出量に対して有意な相関関係を示した ($R=0.79$; $p<0.01$, $R=0.67$; $p<0.01$)。また、多変量解析を用いて、全 SS 負荷量に対する降雨量と流出量との複合的な支配要因を調べたところ、直接流出量を含む 5 つの変数で構成された関係式によって、全 SS 負荷量の 94%が説明できた。さらに、5 つの変数のうち、直接流出量に対応する係数 (379.544) は、他の 4 つの係数 (-0.63～7.094) と比較して極端に大きく、正の値を示した。以上のことから、Ribera Salada 流域における SS 輸送は、洪水イベント時における直接流出によって強く支配されていると考えられた。

(2) Rapid identification of bacterial isolates from wheat roots by high resolution whole cell MALDI-TOF MS analysis

Stets, M. I., Pinto, A. S., Huergo, L. F., Souza, E. M., Guimarães, V. F., Alves, A. C., Steffens, M. B. R., Monteiro, R. A., Pedrosa, F. O. and Cruz, L. M.
Journal of Biotechnology **165**, 167-174 (2013).

Reviewed by K. Niina

Matrix-assisted laser desorption/ionization time-of-flight mass spectrometry (MALDI-TOF MS) は、微生物の同定を迅速かつ正確に分析できる手法であり、臨床分野を中心に活用されている。その一方で、MALDI-TOF MSによって環境から単離した細菌を分析した研究例は、極めて少ない。そこで本研究では、小麦から単離した細菌を対象としてマスペクトルと16S rRNA遺伝子に基づく塩基配列情報を取得し、両手法の識別精度を比較した。また、非マメ科植物に共生する*Azospirillum brasilense* (6株), *A. amazonense* (2株) および*A. lipoferum* (1株) を用いて、マスペクトルの菌種識別精度を評価した。試料は、小麦の種をバーミキュライト上に蒔いて13日間栽培した苗とし、生理食塩水に浸してすり潰した。得られた上澄み液は、Potato Dextrose Agarに塗布して培養し、培養後に単離した菌株 (138株) をMALDI-TOF MSによって測定した。なお、マスペクトルと塩基配列情報から得られた結果は、それぞれSPECLUST softwareとMEGA5 softwareを用いて系統樹解析を行った。

16S rRNA 遺伝子に基づく塩基配列情報を取得した結果、Enterobacteriaceae, 2属; Pseudomonadaceae, 1属; Moraxellaceae, 1属; Curtobacterium, 1属が同定された。また、小麦から単離した菌株は、*Pseudomonas*属が優占的であり、次いで*Pantoea*属, *Acinetobacter*属, *Enterobacter*属の順であった。さらに、塩基配列情報における系統樹解析の結果、菌株を種レベルで分類することが可能であった。その一方で、マスペクトルによって菌株を分類したところ、グラム陽性の細菌である*Curtobacterium*属 (1株) のみ、グラム陰性好気性桿菌である*Pseudomonas*属と同じクラスターに分類された。その他の菌属は、マスペクトルによって菌株を正確に分類することが可能であった。*Azospirillum*属の3種は、菌種ごとに異なるクラスターを形成した。その中でも、*A. brasilense*は異なる野生型において、サブクラスターを形成したことから、マスペクトルを用いて種内多様性を評価できることが示唆された。これらのことから、MALDI-TOF MSは、細菌を正確に分類することが可能であり、幅広い分野に活用できることが考えられた。