

## 第 295 回雑誌会

(July. 27, 2018)

### (1) Controlled sediment flushing at the Cancano Reservoir (Italian Alps): Management of the operation and downstream environmental impact

Espa P., Brignoli L. M., Crosa G., Gentili G. and Quadroni

Journal of Environmental Management, **182**, 1-12 (2016).

Reviewed by K. Shirasaka

貯水池の長期利用に伴う堆砂の深刻化が世界的に問題となっている。イタリアアルプスにおいても堆砂が進行しており、その改善策としてフラッシングを実施している。大量の土砂流下は下流の生態系に影響を及ぼすことが予想されるが、フラッシングによる浮遊土砂が生態系に及ぼす影響に関する研究例は少ない。そこで本研究では、Cancano 貯水池におけるフラッシングによって排出される浮遊土砂の動態と、フラッシングが底生動物およびイタリアアルプスの代表魚種であるトラウトに及ぼす影響を調査した。調査期間は、フラッシング実施期間の 2010 年から 2012 年とし、フラッシング前の 2009 年の調査データも参照した。調査地点は、Cancano 貯水池から下流に約 7 KM 間隔で 4 地点(上流から S1, S2, S3, S4)を選定した。調査項目は、浮遊土砂濃度(SSC)、底生動物、およびトラウト (*Salmo trutta trutta*) とした。SSC は S1 と S3 において濁度計によって連続観測されたデータから算出した。底生動物は季節ごとにサンプリングを行い、同定後、個体数密度、分類群数、および Shannon-Wiener 多様性指数を算出した。また、ヨーロッパの水資源枠組み指令 (WFD) によって定められた STAR\_ICMi を算出した。この指標は、河川の質を 5 段階 (bad, poor, moderate, good, high) に分類して評価する。マスは、個体数と全長を測定した。

フラッシングは、3 年間を通して流量の小さい冬季から春季のはじめにかけて実施され、約 11 万 t の土砂が排出された。特に 2011 年の春季において大規模に土砂が流下した。SSC は、S3 と比較して、S1 において高濃度で検出され、フラッシング初期では昼間に 10~30 g/l、夜間に 1~2 g/l 程度だった。STAR\_ICMi は、ほとんどの地点、季節において good に分類されたものの、フラッシング期間中に悪化する傾向があった。また、2011 年夏季の S1 において poor に分類された。しかし、STAR\_ICMi は、6~9 ヶ月後には good へと回復し、底生動物群集の回復が示唆された。マスの個体数は、フラッシング前の秋季サンプルと比較して、フラッシング後の春季サンプルにおいて顕著に減少した。しかしながら、マスの個体数は釣りや放流による個体数の変動が考えられたため、個体数減少の解釈は困難であった。以上のことから、フラッシングは河川生態系に影響を及ぼすことが示唆された。しかしながら、本研究の結果はイタリアアルプスという調査地点の特性を強く反映していると考えられるため、一般化するには注意が必要である。

## (2) Arctic antibiotic resistance gene contamination, a result of anthropogenic activities and natural origin

Lu, T., Li, L., Ashbolt, N., Wang, X., Cui, Y., Zhu, X., Xu, Y., Yang, Y., Mao, D. and Luo, Y.

Science of the Total Environment, **612**, 1176-1184 (2018).

Reviewed by E. Nishimura

薬剤耐性遺伝子 (ARGs) は、人為的有無に関わらず様々な環境から検出される。人間活動が直接及ばない環境 (自然環境) に存在する ARGs は、自然発生、あるいは古代から蓄積されている可能性がある。そこで本研究では、北極、およびその周辺海域の海洋堆積物を対象として、ARGs の存在実態を調査し、人為的な影響を受けている水環境の堆積物と比較した。試料は、北極海、北極海に繋がるベーリング海、および中国における異なる 3 つの水環境から堆積物 (表層 2.5 cm) を採取した。各試料から DNA を抽出した後、qPCR によって、30 種類の ARGs, 16S rRNA 遺伝子、可動性遺伝子である *int1* 遺伝子、およびヒトに特異的なヒトミトコンドリア (*Hmt*) 遺伝子の検出と遺伝子数を定量した。その後、ピアソンの相関分析によって、*Hmt* 遺伝子の濃度と ARGs の存在比、および堆積物中における抗生物質の濃度との関係性を評価した。なお、堆積物中における抗生物質の濃度は、HPLC-MS/MS 分析によって測定した。次に、北極海の堆積物から細菌をランダムに 48 株単離し、DNA を抽出した後、スルホンアミド耐性遺伝子である *sul1* 遺伝子の配列情報を取得した。得られた配列情報は、近隣結合法によって、ヒト病原体の遺伝子配列との類似性を評価し、ヒト由来の ARGs であるか否かを検討した。

北極海とベーリング海の堆積物から ARGs を検出したところ、合計で 26 種類の ARGs が検出された。中でも、*sul1*, *sul2*, および *sul3* 遺伝子の存在割合は、それぞれ  $2.45 \times 10^{-5} \sim 1.71 \times 10^{-4} \%$ ,  $4.05 \times 10^{-6} \sim 6.36 \times 10^{-4} \%$ , および  $3.86 \times 10^{-6} \sim 1.51 \times 10^{-4} \%$  であり、堆積物中で最も多く存在していた。検出された全ての ARGs の存在割合は、人為的な影響を受けている水環境の堆積物と比較して、1~4 オーダー低い値であったが、自然環境中でも ARGs が存在していることがわかった。北極海とベーリング海の堆積物の *Hmt* 遺伝子を検出したところ、 $10^2 \sim 10^3$  copies/g の範囲で検出された。また、*Hmt* 遺伝子の濃度は、ARGs の存在比、および抗生物質の濃度と正の相関を示し、自然環境に存在する ARGs はヒト由来であることが示唆された。そこで、北極海の堆積物から単離した菌株について、*sul1* 遺伝子の配列情報を取得したところ、ヒト病原体の遺伝子配列と関係性を示さない配列を有する遺伝子が存在した。これは、自然発生した ARGs の可能性がある。以上のことから、

北極の海洋堆積物においても ARGs が存在していることが明らかとなった。