

## 第 301 回雑誌会

(Sep. 14, 2018)

### (1) 河川水辺の国勢調査から見た日本の河川底生動物群衆：全現存量と主要分類群の空間分布

小林 草平, 赤松 史一, 中西 哲, 矢島 良紀, 三輪 準二, 天野 邦彦  
陸水学雑誌, **74**, 129-152 (2013).

レビュー：有働 祐也

日本では、一級河川を対象として「河川水辺の国勢調査（水国）」による環境・生物調査が実施されている。これまで、水国データを用いた底生動物や魚類の空間変異に関する報告は散見されるが、現存量を扱う研究は見当たらない。そこで本研究では、水国データを用いて、①日本の河川における底生動物現存量の頻度分布、②現存量の空間パターンと河床勾配、河床材料、地方区分の関係を明らかにすることを目的とした。2002年～2006年の水国で得られる底生動物データを対象とし、各地点における3回の調査は冬春期（12月～6月）または夏秋期（6月～11月）のいずれかで実施した。108水系724地点の定量調査データを解析対象とし、瀬の全底生動物湿重量（以下、全現存量）について、国内の頻度分布を求めた。さらに、地点を河床勾配（7区分）、底質（9区分）、地方（例、関東）に区分し、全現存量の空間パターンを調べた。また、出現地点数が10以上の属を対象に、各区分における相対的な出現頻度から河床勾配、底質、地方の各区分に対する選好度を算出して評価した。生息密度と全現存量の関係は、Spearmanの順位相関係数によって評価した。

全地点を対象とした全現存量の中央値は、冬春期において $19.56 \text{ g/m}^2$ 、夏秋期において $10.04 \text{ g/m}^2$ であった。これらの値は、瀬に限定すると国内における過去に示された値と大きな違いはないが、海外の値と比較して2.3～4.3倍大きかった。全現存量は、河床勾配が小さい区分（ $< 1/1600$ ）や底質が泥や砂の区分（粒径 $< 2 \text{ mm}$ ）の地点で最小値を示した。また、全現存量は河床勾配の区分1（ $< 1/3200$ ）～区分4（ $1/800 \sim 1/400$ ）では河床勾配が大きくなるとともに増加し、底質の区分は泥や砂の区分（粒径 $< 2 \text{ mm}$ ）～粗礫の区分（ $50 \sim 100 \text{ mm}$ ）では粒径が大きくなるとともに増加した。また、全現存量は北東日本と比較して西南日本で大きかった。底生動物の多くの属が、全現存量の大きい河床勾配および底質の区分に対して高い選好度を示し、またその生息密度と全現存量の間に正の相関を示した。造網性のトビケラは、こうした傾向が最も顕著であり、全現存量に対する寄与が大きいと考えられた。全現存量と正の関係にある底生動物の生態を踏まえ、空隙量や安定性といった河床条件が瀬の全現存量に影響する重要な要因であると考えられた。また、全現存量と属数の正の相関が確認された。以上のことから、全現存量の大きい瀬では、特定の少数属が優占するのではなく、多くの属が共存している状態であることが示唆された。

## (2) Anthropogenic environmental drivers of antimicrobial resistance in wildlife

Swift, M. C. B., Bennett, M., Waller, K., Dodd, C., Murray, A., Gomes, L. R., Humphreys, B., Hobman, L. J., Jones, A. M., Whitlock, E. S., Mitchell, J. L., Lennon, j. R. and Arnold, E. K. *Science of the Total Environment*, **649**, 12-20 (2019).

Reviewed by E. Nishimura

現在、ヒトとの接触がない自然環境に生息する野生動物から薬剤耐性菌が検出されている。しかしながら、野生動物における耐性菌の供給源や獲得ルートは不明である。そこで本研究では、異なる3つの調査地点から齧歯動物と野鳥を捕獲し、野生動物から分離した大腸菌の薬剤耐性パターンを比較した。調査は、2016年7月～11月において、酪農場、下水処理場周辺域 (STP)、および人為的な影響のない農地で実施した。試料は、各調査地点で捕獲した野生動物409検体のふん便とした。試料採取後、Tryptone Bile X-Glucuronide (TBX) 寒天培地を用いて、大腸菌陽性菌株を1検体につき1株分離した。陽性菌株について、大腸菌を同定し、抗菌薬含有TBX寒天培地とDisk拡散法によって、同定菌株の薬剤感受性を評価した。抗菌薬は、医療・畜産分野で重要なアンピシリン、セフトロキシム、コリスチン、アプラマイシン、イミペネム、トリメトプリム、シプロフロキサシン、およびテトラサイクリンを使用した。薬剤耐性を示した菌株について、ERIC-PCR法によって、遺伝子型を取得し、菌株間の類似性を評価した。検出されたセフトロキシム耐性大腸菌について、基質特異性拡張型 $\beta$ -ラクタマーゼ (ESBL)、およびAmpC型 $\beta$ -ラクタマーゼ (AmpC) 産生大腸菌の検出を試みた。シプロフロキサシン耐性大腸菌における薬剤耐性の突然変異について、*gyraseA* 遺伝子で調べた。また、コリスチン耐性大腸菌における耐性遺伝子の有無について、PCR法によって*mcr-1* 遺伝子を検出した。

大腸菌と同定された269株のうち、1剤以上に耐性を有する菌株は、それぞれ酪農場52% (50/96株)、STP61% (49/80株)、および農地50% (43/86株)であった。多剤耐性大腸菌は、66～92%と高い検出率であった。そこで、多剤耐性プロファイルを作成した結果、3地点のプロファイルは類似していた。しかし、耐性菌の遺伝子型の類似性を調べた結果、分類された5つのクラスターは、同一の調査地点のみで構成された。これは、一定の空間内で耐性菌が拡散していることが考えられる。次に、ESBL、およびAmpC産生大腸菌の検出を試みた結果、全調査地点で検出が確認された。また、シプロフロキサシン耐性大腸菌には、突然変異によって薬剤耐性を獲得した菌株が2種類存在した。しかし、コリスチン耐性大腸菌は*mcr-1* 遺伝子を保有していなかった。以上のことから、野生動物から重要な耐性菌が検出されたものの、供給源や拡散ルートは特定でき

なかった。