

## 第 308 回雑誌会

(Nov. 2, 2018)

### (1) Macroinvertebrate community responses to river impoundment at multiple spatial scales

Krajenbrink, J. K., Acreman, M., Dunbar, J. M., Hannah, M. D., Laize, L. C. and Wood, J. Science of the Total Environment, **650**, 2648-2656 (2019).

Reviewed by K. Shirasaka

近年、ダムの河川に対する影響緩和を目的として、ダムの影響を定量的に評価する研究が行われている。しかしながら、ダムによる流況改変と河川生態系の関係性は、未解明な点が多いのが現状である。そこで本研究では、イギリスにおいて、ダム下流と対照地点の底生動物群集を比較し、ダムが生態系に及ぼす影響を評価した。調査場所は、ダム下流の 37 地点と、それに対応する近傍河川およびダム上流の 37 地点とした。2012 年から 2016 年の期間において、春（3～5 月）と秋（9～11 月）の年 2 回調査した。底生動物の同定後、分類群数、カゲロウ目・トビケラ目・カワゲラ目（EPT）の分類群数、EPT の個体数割合、流況変動指標として LIFE 指数、水質評価指標として WHPT 指数、シルト分堆積の指標として PSI 指数をそれぞれ算出し、ダム下流と対照地点間における生息環境の違いを検討した。ダム下流-対照地点間の 2 群間の差異は、季節を区別して Kruskal-Wallis 法により分析した。群集間の差異を分析するために、PERMANOVA を実施し、算出された  $R^2$  値を比較することによって群集間の差異の大きさを評価した。空間的変数として、地点特性（ダム下流、対照地点）、流域（北イングランド、ヨークシャー、南ペナイン、北東ピーク地方、南西ピーク地方、ミッドランドおよび南西イングランド）を設定し、時間的変数として年（2012～2016）、季節（春、秋）を設定した。

全調査地点における PERMANOVA の結果、底生動物群集はダム下流と対照地点間において、春と秋の両方で有意に異なった ( $p < 0.001$ )。各流域ごとの分析結果では、ミッドランドは、ダム下流と対照地点間の違いが検出されなかった。また、ダム下流における季節間の  $R^2$  値は、0.053～0.108 であったのに対し、対照地点では 0.063～0.249 となり、ダム下流地点は対照地点と比較して季節変動が抑制されることを示唆している。また、対照地点と比較してダム下流では有意に分類群数が増加した。その一方で、EPT 個体数割合はダム下流において減少しており、EPT 以外の、環境変化に比較的耐性を持つ種が増加する可能性がある。LIFE 指数、WHPT 指数および PSI 指数はダム下流において有意に低下し、ダム下流は一般的に流速が遅く、汚染耐性種が増加し、シルト分が多く堆積している環境であることが考えられる。

## (2) Selective concentration for ciprofloxacin resistance in *Escherichia coli* grown in complex aquatic bacterial biofilms

Kraupner, N., Ebmeyer, S., Bengtsson-Palme, J., Fickc, J., Kristiansson, E., Flach, C. and Larsson, D. G. J.

Environment International, **116**, 255-268 (2018).

Reviewed by E. Nishimura

環境中に存在する抗生物質は、細菌の薬剤耐性化に関与することが知られている。しかしながら、抗生物質の濃度と薬剤耐性の獲得との関係は不明である。本研究では、抗生物質に暴露された大腸菌の薬剤耐性遺伝子 (ARG) をプロファイリングし、抗生物質の濃度と薬剤耐性の獲得との関係性を検証した。対象とする抗生物質は、環境中で高濃度に検出されるシプロフロキサシン (CPF) とした。異なる濃度 (0-100 µg/L) の CPF を添加した R2A 液体培地と下水処理水を試験管内で混合し、25°C で 24 時間培養した。混合液中に生育した菌株について、CPF (0.25, 2 µg/mL) を含有させた CHROMagar™ ECC 培地と R2A 寒天培地を用いて選択培養を行い、CPF 耐性大腸菌と従属栄養細菌を計数した。次に、異なる濃度 (0-10 µg/L) の CPF, 下水処理水, および R2A 液体培地を循環させた水槽内にバイオフィルムを添加し、1, 5, および 9 日後にバイオフィルムを再び採取後、上記と同様に CPF 耐性大腸菌を計数した。また、採取したバイオフィルムから DNA を抽出し、*gyrA* と *parC* を対象としたシーケンス解析によって、突然変異の種類と存在量を調べた。さらに、バイオフィルムから大腸菌を単離し、シーケンシング解析と最小発育濃度 (MIC) 試験によって、突然変異と MIC 値との関係性を調べた。その後、メタゲノム解析によって、ARG145 種類、可動遺伝因子 (MGE) 15 種類、および流出ポンプ 97 種類を検出した。検出した各耐性遺伝子の存在量と CPF 耐性の獲得との関係性は統計解析によって評価した。

バイオフィルムにおける薬剤耐性菌の検出割合は、10 µg/L の CPF において有意に増加した ( $p < 0.001$ )。そこで、10 µg/L の CPF に暴露されたバイオフィルム中の突然変異を調べた結果、*gyrA* S83, *gyrA* D87, *parC* S80, および *parC* E84 が確認され、その存在量は 34-82% であり、他の条件と比較して高かった ( $p < 0.001$ )。また、*gyrA* と *parC* の突然変異が同時に確認された大腸菌の MIC 値は、1.0-32 mg/L の範囲であった。さらに、薬剤耐性遺伝子に対する CPF の最小影響濃度は 1.0 µg/L であり、いくつかの耐性遺伝子は CPF の濃度増加と遺伝子の存在量との間で正の相関を示した。以上のことから、CPF が 1.0 µg/L の濃度で存在した場合、大腸菌は CPF 耐性を獲得することが示唆された。