第 118 回雑誌会

(June 13, 2011)

⑴Collaborative validation of a rapid method for efficient virus concentration in bottled water

Schultz, A. C., Perelle, S., Pasquale, S. D., Kovac, K., Medici, D. D., Fach, P., Sommer, H. M. and Hoorfar, J.

International Journal of Food Microbiolgy, **145**, 158-166 (2011)

Reviewed by T. Kobayashi

ノロウイルス（NoV）やA型肝炎ウイルス（HAV）のような腸内ウイルスは，世界中に広がる水系感染の主な原因となっている。これらのウイルスは少量でも人体に感染し，水中で極低濃度で存在するため, 効率的かつ迅速なウイルス濃縮法の開発が求められている。そこで本研究では，1.5L のミネラルウォーターに既知の濃度の HAV およびネコカリシウイルス（FCV）を添加し，既存の濃縮法である陽電荷膜・限外濾過法と，新しく開発された 3 つの方法（A：陰イオン交換クロマトグラフィー・超遠心法，B：陽電荷膜法，C：陽電荷膜・超遠心法）を用いてミネラルウォーター中からウイルスを濃縮した後，RNA を抽出し，q-RT-PCR を行った。そして，各方法の Ct 値およびウイルス回収率について検討した。

B 法は他の方法と比較して，HAV，FCV の両方に対して低い Ct 値を示す傾向にあり，検出感度の高いことが示唆された。また, HAV と FCV に対する A, B, C の回収率は, それぞれ 34%と 6%, 32%と 25%，0.3%と 0.5%であり，B 法がどちらのウイルスに対しても高い値を示した。これらの結果から，B 法が最も効率的な濃縮法である判断されたため，続いて再現性について検討した。実験は 5 つの実験室で行なわれ，既知濃度の HAV，FCV，NoV GⅠおよび NoV GⅡを 1.5L のミネラルウォーターに添加し，B 法を用いて濃縮操作を行い，ウイルスの回収率を求めた。その結果，HAV，FCV，NoV GⅠおよび NoV GⅡのウイルスの平均回収率は，それぞれ 51±26%，34±32%，61±0%，35±25%となり，5 つの実験室間において回収率に大きな差異は認められなかった。これらの結果から, B 法は再現性があると評価でき, 有効なウイルス濃縮法であることが示された。

(2) Emergence of a new antibiotic resistance mechanism in India, Pakistan, and the UK: a molecular, biological, and epidemiological study

Kumarasamy, K. K., Toleman, M. A., Walsh, T. R., Bagaria, J., Butt, F., Balakrishnan, R., Chaudhary, U., Doumith, M., Giske, C. G., Irfan, S., Krishnan, P., Kumar, A. V., Maharjan, S., Mushtaq, S., Noorie, T., Paterson, D. L., Pearson, A., Perry, C., Pike, R., Rao, B., Ray, U., Sarma, J. B., Sharma, M., Sheridan, E., Thirunarayan, M. A., Turton, J., Upadhyay, S., Warner, M., Welfare, W., Livemore, D. M., and Woodford, E.

The Lanset infectious Diseases **10**, 597-602 (2010).

Reviewed by S. Kajii

臨床または非臨床の細菌は，従来の抗生物質に対して耐性を持つようになってきている。10 年前には，特にメチシリン耐性ブドウ球菌やバンコマイシン耐性腸球菌などの，グラム陽性菌が耐性菌の中心であった。しかし現在では，臨床微生物学者たちは薬剤耐性を有するグラム陰性菌が公衆衛生に大きな危険をもたらしていると唱えている。グラム陰性菌の薬剤耐性の増加はグラム陽性菌よりも早く，またグラム陰性菌に対する新しい抗生物質の種類は少ない。そこで本研究では，インド，パキスタン，およびイギリスで単離された腸内細菌科において，新しいカルバペネム耐性遺伝子である New Delhi metallo-β-lactamase 1（NDM-1）の存在と薬剤耐性について調査した。

NDM-1 が陽性の腸内細菌科はチェンナイから 44 株，ハリヤーナ州から 26 株，イギリスから 37 株，その他の地点から 73 株単離され，そのほとんどが大腸菌と肺炎桿菌であった。これらの腸内細菌科は薬剤耐性試験によって，チゲサイクリンとコリスチン以外の抗生物質に対して高い耐性を示した。また，pulsed-field gel electrophoresis 法（PFGE 法）で系統樹解析を行ったところ，各地点間の細菌に関連性はなかった。さらに，接合（遺伝子の一部をやり取りする現象）の確認試験を行った結果，イギリスおよびチェンナイの分離株はプラスミドが移動していたが，ハリヤーナ州の分離株はプラスミドが移動していなかった。本実験において，NDM-1 が陽性の腸内細菌科が単離されたイギリスの患者の多くが，一年以内にインドかパキスタンに旅行，もしくはこれらの国の病院に入院した経歴があることがわかった。NDM-1 が公衆衛生問題となる潜在性は高く，広範囲で普及していることから，国際的観測が必要になると考えられる。

第 119 回雑誌会

(Jun 20, 2011)

(1) Molecular characterization and assessment of zoonotic transmission of *Cryptosporidium* from dairy cattle in West Bengal, India

Khana, S, M., Debnathb, C., Pramanikb, K, A., Xiaoc, L., Tomoyoshi N., and Gangulya, S.

Veterinary Parasitology, **171**, (1-2), 41-47 (2010)

Reviewed by T. Takida

Cryptosporidium は下痢症を引き起こす原生動物であり，ヒトを含め，野生動物や家畜など，様々な種に感染する。また，*Cryptosporidium* は人獣共通感染能を有する種が存在し，動物から人間への感染が報告されている。酪農場は，労働者や獣医などがウシに直接接する機会が多く，*Cryptosporidium* に感染する可能性がある。しかしながら，発展途上国であるインドの酪農牛における，*Cryptosporidium* の遺伝子的多様性や，酪農場の労働者の感染に関する資料が不足している。そこで本研究では，インドの西ベンガル州の 2 つの酪農場の 180 頭の牛と，直接または間接的に牛と接触している酪農場の労働者 51 人から糞便試料を採取し，顕微鏡検査と ELISA 試験で *Cryptosporidium* を検出した。また，陽性となったサンプルから DNA を抽出した後，18S rRNA nested PCR，Restriction fragment length polymorphism 法，DNA シーケンシング，および系統樹解析を用いて種の同定を行った。

酪農牛全体の有病率は 11.7％（21/180），酪農牛の年齢別の有病率は、離乳前の仔牛 20%（8/40），離乳後の仔牛 13.9%（10/72），成牛 4.4%（3/68）となり，有病率は成牛よりも仔牛の方が高い傾向を示した。また，本実験で対象とした牛から，*Cryptosporidium parvum, C.bovis, C.ryanae, C.andersoni, C.suis*-like genotype と多くの遺伝子型が検出され，インドの牛で *C.ryana* と *C.suis*-like genotype の感染が確認された初めての報告となった。労働者からは，*C.parvum* が検出され，酪農牛から検出した *C.parvum* と遺伝子学的に一致し，人獣共通感染症を裏付ける結果となった。

(2) A new analytical approach for humin determination in sediments and soils

Calace, N., Petronio, B. M., Persia, S., Pietroletti, M. and Pacioni, D.

Talanta, **71**, 1444-1448 (2007)

Reviewed by Y. Hamasaki

海底沈殿物と土壌中に存在する有機物質を定量化し，構造的に解明することは，海洋学的・有機地球学的な課題の一つである。有機物質を含む無機質(主に粘土と酸化物)は，アルカリ抽出によって，ヒューミン（固形残渣）と溶解部に分類される。そして，その溶解部は酸処理を行うことによって，フルボ酸(固形残渣)とフミン酸に分類される。しかしながら，従来の実験手順では多くの抽出回数と長い抽出時間が必要となる。そこで本研究では，南極大陸のロス海で採取された海底堆積物を用いて，灰分除去段階の HF/HCl 処理に，マイクロ波エネルギーを用いた電子レンジ脱灰法を採用した。そして，溶解速度，処理時間，および炭素収量の結果から，電子レンジ脱灰法の有用性に関する評価を行った。

電子レンジ脱灰法による，ヒューミン脱灰収量と既往の処理によるヒューミン脱灰収量に差異は認められなかった。しかしながら，電子レンジ脱灰処理を用いることによって，溶解速度が高くなり，処理時間が短縮された。堆積物中の各有機炭素含量は 20-30%の範囲で炭素損失を示し，ヒューミン灰分除去に関する既報値と一致した。炭素損失の大部分は，ヒューミン脱灰処理の段階によるものであった。また，炭素損失は電子レンジの使用によるものではなく，HF/HCl 混合物に関連する加水分解段階が原因であることが示唆された。これらの結果から，電子レンジ脱灰法が現在の処理方法の代案となることが示された。

120 回雑誌会
（Jun 27, 2011）

(1) Cattle wastes as substrates for bioelectricity production via microbial fuel cells

X.Zheng, N.Nirmalakhandan

Biotechnol Lett, **32**, 1809-1814 (2010)

Reviewed by T. Itoh

微生物燃料電池（Microbial Fuel cell, MFC）は，有機基質のエネルギーを効率的に電気に直接変換できる。基本的な MFC の構造は，プロトン交換膜（Proton Exchange Membrane, PEM）によって分離されるアノード槽とカソード槽から成る。嫌気的なアノード槽で酸化された有機基質はプロトンと電子に分離し，プロトンは PEM を通じてカソード層に，電子は外部回路を流れることによって電気の流れが生じる。MFC における廃棄物の利用は，エネルギー回収，廃棄物の処理，現存燃料の保全などの利点がある。そこで本研究では，粒子状原料の処理専用に設計した MFC を用いて，乳牛の堆肥と，堆肥洗浄水を用いた発電の可能性を検討した。

本研究で用いる MFC は，原料を入れる中央部分と両側の 2 つのアノード槽で構成され，ブラシ型アノードとエアカソードを用いた。また，MFC で培養する細菌は *Escherichia coli* K-12 株と，近隣の酪農場から入手した堆肥中に存在する菌を用いた。実験は，原料，細菌，メディエータの有無，補充剤の有無，などの条件を変えて行った。

本実験より得られた電圧の平均値は，開回路において 0.5V，470Ωの負荷抵抗において 0.4Vであった。電力密度はMFCにメディエータを加えることによって，約 25%増加した。堆肥洗浄水を用いた場合に得られる電力密度は，メディエータを加えないその他の実験と比較して約 3 倍高くなった。また，メディエータは，発電までの遅延時間の短縮や内部抵抗の低下，および電力密度を高めることがわかった。本実験から得られた電力密度（67-215mW/m^2）は，基質として液状廃棄物を用いた既往の研究と同様であった。原料（畜産堆肥）の投入量について実験した結果，1 : 10（畜産堆肥 : 水）で生成される正味のエネルギー（10.3 kJ/kg, 湿潤堆肥）は，1 : 5（畜産堆肥 : 水）から生成されるエネルギー（4.2 kJ/kg, 湿潤堆肥）よりも高かった。これらの結果から，原料の単位質量当たりのエネルギー収率に基づき（～10 kJ/kg，湿潤堆肥），MFCを通じて畜産廃棄物から電気を生成できる可能性が示された。しかしながら，さらに高い電気生成を行うためにはMFC構造，電極，およびメディエータの改良が必要である。

(2)耐性腸球菌の PFGE 電気泳動パターンからみた病院感染の検討　特に ICU における病院感染について

工藤通明，浅尾高行，竹内邦夫，桑野博行

日本外科感染症学会雑誌 **4**(1),121～127(2007).

レビュー：島内　英貴

バンコマイシンは最も強い抗生物質の 1 つであり，殺菌・静菌作用を有する。このバンコマイシンに耐性を持ったバンコマイシン耐性腸球菌（VRE）は，抗生物質が効かないため治療が困難とされる。欧米では，VRE による病院感染が 1980 年代後半に確認され，重症感染症として報告されていた。日本でも過去に，VRE 感染報告があり院内感染が懸念されていたが，欧米ほどの問題には至っていない。しかし, VRE は耐性腸球菌と同様な形で院内感染が広がっていくことから，本研究では，群馬大学付属病院において，1991 年から 2003 年 10 月までに院内で検出された腸球菌 3803 株を対象に，Tetracycline（TC）, Kanamycin（KM）, Erythromycin（EM）, Streptomycin（SM）, Gentamicin（GM），Chloramphenicol（CP），Ampicillin（ABPC），Vancomycin（VCM）の 8 薬剤について，薬剤感受性検査のひとつである最小発育阻止濃度（MIC）によって薬剤耐性の検討を行い，各薬剤に対する耐性パターン別頻度を明らかにした。また，2002 年に新病棟へ移転した前後で，MIC の結果から検出された 5 種類の抗菌薬に対する耐性を得た腸球菌に対してパルスフィールドゲル電気泳動（PFGE）法を行い，遺伝子パターンの同一性から院内感染の検討を行った。

MIC によって年度別に検査した結果は，各薬剤の耐性頻度に大きな変化はなく，ABPC と VCM に対する耐性株は確認できなかった。腸球菌の各薬剤に対する耐性パターンは，TC1 つの薬剤に対する耐性株が 889 株（23. 4％）で最も多く，4～6 つの薬剤に対して耐性を得た株は,主に TC,KM,EM,SM,GM に対する耐性を得た。また病棟移転前後で，3～5 つの薬剤について耐性腸球菌の検出頻度を調べた結果, 移転前は 10～20％であったのに対し, 移転後は 30～60％と増加した。さらに，集中治療室（ICU）を調査した結果，ICU での検出数が多く，5 薬剤以上に対する耐性菌が多いことが判明した。PFGE 法による結果では，旧病棟では ICU から単離された菌と別の病棟（個室など）での菌とは一致せず，院内感染が低いことが確認された。しかし，移転後は，以前 ICU を利用していた患者と移転してから初めて利用した患者とが一致していたため，移転前後で ICU を経由して感染していることが分かった。以上の結果から，院内感染の可能性が高いことが示唆された。

第 121 回雑誌会

（July 4,2011）

（1）臨床材料からの *Enterococcus* 属の分離状況について

山岡一清, 岩田幾世, 奥田清保, 松川洋子, 沢村治樹, 上野一恵

岐阜医療技術短期大学紀要 **20**, 107～113 (2005).

レビュー：竹下　友作

Enterococcus 属（腸球菌）は，主にヒトや動物の腸管内に普遍的に存在する細菌である。また，日和見感染を引き起こす病原細菌でもあり，免疫や各種抵抗力の低下した患者に対して，致命的な重症感染症や病院内感染の原因菌として，重要視されている。腸球菌は，多様な薬剤に耐性を示し，抗生物質であるバンコマイシンの使用が唯一の治療手段であった。しかしながら，1986 年にイギリスでバンコマイシン耐性腸球菌（Vancomycin-resistant enterococci:VRE）が発見されて以来，世界各国において VRE は重要な感染症対策課題として注目されている。本研究では，岐阜県内の 3 病院における患者を対象とした臨床材料から単離された腸球菌について，菌種の同定および薬剤感受性の状況を調査した。同定された腸球菌 1140 株のうち，5 株が VRE として分離された。

これら 5 株の VRE について，バンコマイシン耐性遺伝子（vanA，vanB，vanC1，vanC2）の有無を PCR 試験によって検査した。その結果, 岐阜大学病院の糞便材料から分離された *Enterococcus faecium*　1 株がバンコマイシン耐性遺伝子（vanA：高度耐性）を保有していた。また，バンコマイシンに対する最小発育阻止濃度（MIC）試験では，256μg/ml 以上となった。その他の 4 株については，感受性検査において，4 株全てが感受性となり，バンコマイシン耐性遺伝子を保有していないことが確認された。

（２）炭素・窒素安定同位体比を用いた大阪湾の人工干潟における食物連鎖網の解析

松尾 広暁，有山 哲之，池本 徳孝，大森 浩二，竹内 一郎

水環境学会誌 **32,**99-104(2009)

レビュー：松岡　慶

窒素循環は，その地域に生息する生態系の構造に関わっており，溶存窒素がどの生物により固定されるかを明確にすることによって食物連鎖の構造が分かる。この構造解明の手段として安定同位体比の測定が有効とされている。既往の研究では，海藻は水中の溶存窒素の固定に大きく関与していることが報告されている。しかしながら，人工干潟が生息生物に対してどのような働きをしているかについては解明されていない。特に食物連鎖網の構造を定量的に評価した研究は少ない。δ^{15}Nは，各生物の食物連鎖網中における栄養段階の位置の推定に用いられる。そこで本研究では，2004 年に岸和田市の人工干潟から生息生物を採集し，炭素・窒素安定同位体比を求めることによって食物連鎖網の構造を分析した。

採集生物は，アサヒアナハゼ等の魚類 4 種類，アサリ等の貝類および軟体動物 6 種類，イトマキヒトデ等の皮動物 3 種類，トゲワレカラ等の甲殻類 10 種類，オゴノリ類などの海藻 5 種類とした。また，Particulate organic matter（POM）は，植物プランクトン，動物プランクトン，セストンから構成した。各サンプルの窒素安定同位体比は 8.8±0.3～15.2‰，炭素安定同位体は-18.6～-10.5‰であった。各栄養段階は小型甲殻類が 1.3～1.7‰を示し，海藻類およびPOMと同程度で第一栄養段階とみなされた。中・大型甲殻類における栄養段階の平均は，2.6 で第二栄養段階であった。また，魚類は窒素安定同位体比が最も高く第三栄養段階に位置した。δ^{13}Cは，食物連鎖網の基となる基礎生産者の推定に用いられる。魚類の炭素安定同位体比は甲殻類や貝類のものより低く，POMを餌とする傾向もみられた。甲殻類や貝類は，海藻由来の有機物または底生微細藻類を炭素源とするが，栄養段階の高い魚類は甲殻類や貝類だけでなく，POMも炭素源にするため，複雑な食物連鎖網が形成されていると考えられる。

第 122 回雑誌会

（July 11,2011）

(1)排水環境の異なるアカホヤの粘土鉱物組成について

長友 由隆，高木 浩，玉井 理

宮崎大学農学部研究報告 **41** (2), 65-72 (1994).

レビュー：上谷田　あい

アカホヤは，南九州一帯を中心に分布する黄だいだい色の，おがくず状でごく軽い火山灰土のことである。地下深くに埋没したアカホヤの腐植層において，多量のハロイサイトが発見された。腐植層とは土壌中で動植物が不完全に分解してできる黒褐色の有機質である。また，ハロイサイトとは鉱物の一種で，火山灰層，岩石，鉱物の風化生成物として産出される。ハロイサイトが生成される原因として，腐植層において雨などで洗い流される量を上回るケイ酸付加があったこと，また排水環境が関係していると推定される。しかしながら，このときの腐植や排水環境の役割については明らかではない。そこで本研究では，排水環境が異なる場合におけるアカホヤの粘土鉱物組成について特にハロイサイトの生成とその時の腐植の役割について調べることを目的とした。調査地域は，宮崎県川南町に分布する腐植を含まない排水良好地，やや排水不良地，および排水不良地である。これらの地域のアカホヤについて，沈定法，篩別法による粒径分析，TURIN法，原子吸光度法などによる一般化学性の分析，示差赤外吸収スペクトル，X線回析などによる粘土鉱物の同定・定量を行った。

粒径分析では排水良好地とやや排水不良地と比較して，排水不良地の粘土含量は少なく，風化の程度が最も遅れていることがわかった。また，一般化学性では$pH(H_2O)$は，3 つとも同じ値を示し，pH(KCl)と陽イオン交換容量は排水良好地，やや排水不良地，排水不良地の順に高い値を示した。さらに，粘土鉱物の同定・定量では排水不良地，やや排水不良地，排水良好地の順でケイ酸，ハロイサイトが多いことがわかった。これらのことから，排水環境が不良になるにしたがって土層に存在するケイ酸によってケイ酸付加が生じ，ハロイサイトの生成につながったことがわかった。また，今回の試料には腐植が含まれていないため，ハロイサイトの生成条件として腐植が直接的な役割を果たしていない。しかしながら，アカホヤの上にある腐植層を観察すると，腐植のない土層と比較して，排水が停滞する傾向にあることがわかった。以上から，排水不良地と同様に腐植層においてケイ酸付加がおこり，ハロイサイトの生成につながったものと推定される。

⑵Quantitative evaluation of bacteria released by bathers in a marine water

Elmir, S. M., Wright, M. E., Abdelzaher, A., Solo-Gariele, H. M., Fleming, L. E., Miller, G., Rybolowik, M., Shih, M. P., Pillai, S. P., Cooper, J. A. and Quaye, E. A.

Water Research, **41**, 3-10 (2007)

Reviewed by N. Kanda

水浴者によって放出された糞便汚染指標菌である腸球菌や，皮膚感染症の原因となる黄色ブドウ球菌はレクリエーション海浜の糞便汚染の原因となり，ヒトへの健康被害に影響を及ぼす。原因となる細菌はヒトの皮膚から直接放出される海水中だけではなく，浜砂を通して間接的に放出されている可能性がある。本研究では，ヒトの皮膚から直接放出，あるいは肌に付着した砂から間接的に放出される腸球菌および黄色ブドウ球菌による海浜の糞便汚染について評価した。

海水と砂を採取するため，大型プール実験と小型プール実験の 2 種類を行った。大型プール実験では，実験参加者 10 人が 15 分 4 サイクルで 4700Lの海水に体を浸した。プール内の海水は，サイクルごとに新しいものに入れ替えた。3，4 サイクル目の前に実験参加者は 15 分間浜砂に曝露した。水と砂試料は実験前と各サイクル後に採取した。小型プール実験は，大型プール実験の参加者とは別の 10 人を各 5 人のグループに分け，それぞれ別の日に行った。小型プール実験は，15～30 分間 5 人が浜砂に曝露した後，各人 190Lの海水プールに滅菌水で砂を洗い落し，砂試料を採取した。実験では，菌が低濃度の海水および殺菌されたゴムプールを使用した。メンブランフィルター法によって水試料の腸球菌と黄色ブドウ球菌の菌数を計数した。砂試料の腸球菌は Van Elsas and Smallaの方法により抽出後，メンブランフィルター法により計数した。大型プール実験の 1 サイクル目の水試料の腸球菌と黄色ブドウ球菌の菌数はそれぞれ 4.0×10^{2}cfu/100mL，4.2×10^{3}cfu/100mLであった。その後，サイクルごとに放出される菌数は減少し続け，4 サイクル目の水試料と砂試料を合わせた腸球菌と黄色ブドウ球菌の菌数はそれぞれ 8.0×10cfu/100mL，5.2×10^{2}cfu/100mLとなった。腸球菌数は黄色ブドウ球菌数より 1 オーダー低かった。小型プール実験での砂試料から計数された腸球菌は各グループで 2.0×10^{5}cfu/人，8.4×10^{2}cfu/人であった。以上のことから，ヒトから放出される腸球菌と黄色ブドウ球菌がレクリエーション海浜汚染に影響を及ぼしている可能性が高い。

第 123 回雑誌会

(July 25, 2011)

(1)New mathematical approaches to quantify human infectious viruses from environmental media using integrated cell culture-qPCR

Lambertini, E., Spencer, S. K., Bertz, P. D., Loge, F. J. and Borchardt, M. A.

Journal of Virological Methods, **163**, 244-252 (2010)

Reviewed by T. Kobayashi

感染性ウイルスによる人の健康への影響が深刻な問題となっている。そのため，ヒト感染性ウイルスを正確に評価することは，環境水の衛生的水質および潜在的な健康リスクの特性を示すために重要である。そこで本研究は，異なる濃度のポリオウイルスを細胞に接種し，培養した後，経時的にマイナス鎖（-）RNA コピー数を統合型細胞培養-qPCR（ICC-qPCR）を用いて定量し，測定された増殖データを 2 種類の数学的手法を用いて分析を行い，環境水中の感染性ウイルスの初期濃度を推定できる実現可能性を検討した。使用した手法は，①指数およびロジスティック関数の（-）RNA コピー数への適合により初期濃度を推定する手法と，②3 つの定義（a:初検出時，b:二次導関数の最大時，c:増殖曲線と閾値の交差時）によって導かれる誘導期（培養開始後一定期間分裂を行わず、数が変化しない期間）の持続時間とウイルス接種濃度との標準曲線を作成し，初期濃度を推定する手法である。手法①での推定値は接種した PFU 濃度と，手法②で得られる濃度の正確さは，最確数法で推定された値の標準偏差とそれぞれ比較・評価した。

手法①での両方の関数は，経時的に測定された（-）RNA コピー数とほぼ一致した。初期濃度の推定値について見ると，指数関数とロジスティック関数の推定値と PFU 濃度の相関係数は，それぞれ 0.43 と 0.62 であり，ロジスティック関数が初期濃度の推定に効果的であった。また，手法②による結果では，3 つの定義 a，b，および c の誘導期の持続時間と接種濃度との相関係数は，それぞれ 0.90，0.69，および 0.84 であり，定義 a が接種濃度と最も相関が高かった。手法②によって得られる推定値と最確数法から推定された値の標準偏差を比較すると，定義 a を用いた条件が最も正確であった。以上の結果から，環境中の初期ウイルス濃度の推定に，2 種の数学的手法は適用できる可能性が示唆された。

(2) Dissemination of NDM-1 positive bacteria in the New Delhi environment and its implications for human health : an environmental point prevalence study

Walsh, T. R., Weeks, J., Livermore, D. M., and Toleman, M. A.

The Lanset infectious Diseases **11(5)**, 355-362 (2011).

Reviewed by S. Kajii

細菌間の可動カルバペネマーゼの普及は，カルバペネム系抗生物質に耐性を示すだけでなく，他の系統の抗生物質にも耐性を示す。また，腸内細菌科で確認される NDM-1 β-ラクタマーゼは，他の細菌に転移し，多剤耐性菌を生み出している。2008 年にヨーロッパで初めて NDM-1 陽性細菌が確認されて以来，インドへの旅行者を介してヨーロッパやアメリカ等に，NDM-1 陽性細菌が繰り返し持ち込まれたと考えられている。インドは不衛生問題があり，多くのインド旅行者が多剤耐性菌を有していた事実が報告されている。そこで本研究では，インドのニューデリーの水道水および小川などの浸透水中の NDM-1 遺伝子について分析を行った。また同時に，イギリスの放流下水についても NDM-1 遺伝子について分析を行った。

サンプル中の NDM-1 遺伝子を確認するために Polymerase Chain Reaction（PCR）法とハイブリダイゼーション分析を行った。ニューデリーのサンプルにおいて，水道水 50 サンプル中 2 サンプル，浸透水 171 サンプル中 51 サンプルから NDM-1 遺伝子を確認した。一方，イギリスの放流下水からは，NDM-1 遺伝子は確認されなかった。また，水道水 2 サンプルと浸透水 12 サンプルから合計 20 株の NDM-1 陽性細菌が検出された。NDM-1 陽性細菌の内 11 種の細菌は，現在までに NDM-1 陽性の報告がされていなかった細菌であった。そこで細菌間の接合伝達および接合伝達と温度との関連性を評価するために，NDM-1 陽性 20 株を用いて，25℃，30℃および 37℃の条件で接合伝達試験を行った。NDM-1 陽性であった 20 株のうち，12 株からプラスミド上で接合伝達が確認された。また，25℃と 37℃よりも 30℃の方が接合伝達が活発に起こっていることが確認された。臨床と同様に，環境中における耐性菌に関しても，優先して国際的調査に取り組む必要がある。

第 124 回雑誌会

(August 1, 2011)

(1) Detection of *Cryptosporidium* spp. and *Giardia duodenalis* in surface water: A health risk for humans and animals

Castro-Hermida, J, A., Presedo, I, G., Almeida, A., González-Warleta, M., Correia Da Costa, J, M., and Mezo, M.

Water Resarch, **43**, 4133-4142 (2009)

Reviewed by T. Takida

*Cryptosporidium spp.*と *Giardia duodenalis* は，世界中のヒトや動物に下痢症引き起こす原虫である。*Cryptosporidium spp.*と *G.duodenalis* はいずれも，最小シスト数として 10（oo）cyst の非常に少ない数でも発症することが確認されている。また，感染した成獣は，明確な感染の症状や臨床的な兆候を示さずに，原虫の保有宿主となる場合がある。そして，動物を多く保有する農場などの放流水が河川へ流出し，感染が拡大する。このような病原体の動態を調査することは，ヒトへの健康リスクを評価する上で極めて重要である。したがって本研究では，2007 年の四季を通して 4 回にわたって、スペインのタンブレ川流域の 18 農場から牛の糞便サンプルを採取した。タンブレ川 22 地点と別河川 7 地点の計 29 地点から河川水サンプルを採取した。各サンプルについて，*Cryptosporidium spp.*と *G.duodenalis* の検出を行った。また，河川水の陽性サンプルから DNA 抽出を行い， *Cryptosporidium spp.*については 18S SSU rRNA を対象とした PCR-restriction fragment length polymorphism (PCR-RFLP)，*G.duodenalis* については β-giardin を対象とした semi-nested PCR を行い，また得られた PCR 産物は，シーケンシングを用いて遺伝子配列を決定し，種の同定を行った。

18 農場における牛の *Cryptosporidium spp.*と *G.duodenalis* の有病率は，それぞれ 6.5％と，9.3％であった。また *Cryptosporidium spp.*と *G.duodenalis* は，放牧の盛んな春期に多く検出された。河川水サンプルでは，*Cryptosporidium spp.*は 29 地点中 23 地点で 2～1350（oocyst/L），*G.duodenalis* は全地点で 2～720（cyst/L）の範囲で検出された。その中でも，レクリエーションエリアでは春期に *Cryptosporidium spp.*と *G.duodenalis* が，それぞれ 2～1200(oocyst/L)，2～400（cyst/L）と高濃度で検出された。種の同定試験の結果，レクリエーションエリアでは *Cryptosporidium hominis* が多いことがわかった。また，家畜のみに感染が確認される *C.andersoni* と *G.duodenalis* assemblage E が河川のサンプリング地点の 29 地点中 13 地点で検出され，家畜が河川の重要な汚染源であることが示唆された。

(1) Distinction of marine and terrestrial origin of humic acids in North Sea surface sediments by absorption spectroscopy

Fooken, U., Liebezeit, G.

Marine Geology, **164**, 173-181 (2000)

Reviewed by Y. Hamasaki

地球表層の有機物質の大半を占める腐植物質は，フミン酸，フルボ酸，およびヒューミンに分類される。堆積物や土壌中の有機化合物を構成する起源物質の特定は，海洋学的・有機地球学的な課題の一つである。既往の研究によって，陸上土壌では約 60%，海底堆積物では約 80%が腐植物質から成ることが示唆されている。また，一般的にフミン酸はアルカリ溶液中における吸光曲線，吸光度比 465/665nm（E4/E6）で評価される。しかしながら，フミン酸の吸光スペクトルは，出発物質や生成機構の違いによって吸光特性が異なる。そこで本研究では，北海周辺から採取された陸上土壌と海底堆積物から分離されたフミン酸を用いて，別の吸光度比 270/407nm（A2/A4）によるフミン酸の起源の判定を行った。また，元素量と吸光度比の関係から，金属干渉が吸光特性に与える影響を調べた。さらに，試料から分離されたフミン酸の A2/A4，炭素・窒素安定同位体比, および IR 分光測定結果から, 北海堆積物と土壌堆積物のフミン酸の相対的寄与率を求めた。

北海堆積物から分離したフミン酸は，波長 407nm に吸光極大が発生する特徴が確認された。陸上土壌では，波長 280nm に吸光極大は発生した。これらの吸光特性から，270/407nm の吸光度比 (A2/A4)は，フミン酸の起原を判定するために利用できる可能性が示唆された。元素量には，起源によって違いがあった。しかしながら，A2/A4 は起源を反映しており，金属干渉による吸光特性への影響は認められなかった。北海南部沿岸の試料は A2/A4 が高く，陸上起源の寄与率が大きいことが示唆された。一方，北海北部の試料は A2/A4 が低く，海洋起源の寄与率が大きいことが示唆された。海洋起源のフミン酸は，南北海からエルベ川河口，中央部，および北部に移動していた。

第 125 回雑誌会

(Augast 5, 2011)

（1）ホンドタヌキおよびツキノワグマから分離したブドウ球菌の薬剤感受性および分子疫学的調査による環境評価

深田恒夫，後藤大輔，田代淳，柴田早苗，竹田正人，橋川央，笹井和美

日本野生動物医学会 **11**，61-65(2006).

レビュー：島内　英貴

野生動物の生息環境は，ヒトの活動によって汚染されている可能性がある。その環境評価の一つとして，野生動物における薬剤耐性菌の保有状況が挙げられる。これは，病気に罹った動物の治療などの直接的，あるいはそれ以外の間接的接触によって，ヒトから動物へ何らかの感染を引き起こす可能性を意味している。そこで本研究では，環境への適応力が強く，多くの動物から分離されやすいブドウ球菌に注目した。ヒトの生活環境に近いホンドタヌキ 26 頭（野生 21 頭，動物園 5 頭）と，ヒトの生活環境から遠いツキノワグマ 35 頭（野生 21 頭，牧場 10 頭，動物園 4 頭）を対象として，野生ならびに動物園と牧場に分けて，これらの動物から分離されたブドウ球菌の薬剤耐性率から環境評価を行った。

分離したブドウ球菌について，7 種類の薬剤を用いて耐性試験を行った。7 種類のうちで，いずれかの薬剤に耐性を示したブドウ球菌を保有していた動物は，タヌキの場合，野生 21 頭中 8 頭（38%），動物園 5 頭中 5 頭（100%）であった。クマの場合では，野生 21 頭中 6 頭（29%），動物園 4 頭中 3 頭（75%）であった。このことから，動物園で飼育されている動物は，野生動物よりも耐性菌保有率が高い結果となった。次に，分離されたブドウ球菌のうち，優位種である *Staphylococcus aureus* 16 菌株と *S. sciuri* 21 菌株について，パルスフィールドゲル電気泳動（PFGE）法によってブドウ球菌の相同性を解析した。同一地区で捕獲したクマから，同一のバンドパターンを示す 2 株の *S. sciuri* が分離された。異なる地域の野生タヌキから分離されたブドウ球菌では，約 70%のバンドが一致した 2 株の *S. aureus* が分離された。以上の結果から，薬剤耐性ブドウ球菌は，ヒトから野生動物へ伝播していること，ならびに野生動物の間で伝播した可能性があり，野生動物の生息環境がヒトによって汚染されていることが考えられる。

第 126 回雑誌会

(Augast 30, 2011)

(1) Continuous power generation and microbial community structure of the anode biofilms in a three-stage microbial fuel cell system

Chung,K., Okabe,S.,

Appl., Microbiol., Biotechnol., **83**, 965-977 (2009)

Reviewed by T. Itoh

微生物燃料電池（Microbial fuel cell，MFC）は，生体触媒として微生物を用いることによって，排水処理を行うと同時に，有機燃料の化学エネルギーを電気エネルギーに変換させることができる。MFCによる発電は，最近の 10 年間において 10^{-3}mW/m^{3}から 10^3mW/m^{3}にまで増加したが，依然として実用段階までには至っていない。また，既往の研究により，アノード槽またはアノードのバイオフィルムにおける微生物群が解析されている。しかしながら，連続したMFCにおけるアノードのバイオフィルムの微生物群集の詳細は，まだ解析されていない。そこで本研究では，3 段階のMFC（mediator-less and two-chamber）を用いて長期間連続運転を行い，その発電性能，発電特性，および各MFCにおけるアノードのバイオフィルムの構造について解析した。アノードのバイオフィルムの構造は，16S rRNA 遺伝子に基づいた分子学的手法（16S rRNA 遺伝子クローニング解析とFluorescence in situ hybridization（FISH））によって解析した。また，アノードのバイオフィルムの電気化学的活性度を測定するために，サイクリックボルタンメトリー（Cyclic voltammetry，CV）を用いた。化学分析では，溶存有機炭素濃度（Dissolved organic carbon，DOC）を測定した。

本実験によって得られた電力密度は， 28 W/m^3，クーロン効率は約 46%，DOC除去率は約 85%であった。アノードのバイオフィルムは，1 番目のMFCにおいて*Aeromonas*属細菌，2 番目と 3 番目のMFCにおいて*Firmicutes*に属する細菌によって主に構成されていた。また，*Firmicutes*は主に酢酸を利用していた。CVの結果から， MFC中のアノードのバイオフィルム内の細胞外マトリクスに結合した酸化還元物質が，アノードへ電子伝達に重要な役割を果たしていることが示唆された。

第 127 回雑誌会

（September 6, 2011）

（1）河川水中および下水中におけるアンピシリン耐性大腸菌の分布ならびに大腸菌群および腸内細菌科細菌を対象とした測定結果との比較

岩根秦蔵，山本和夫，川本尋義，福士謙介，島崎大

土木学会論文集 **727**, 1～12 (2003).

レビュー：竹下　友作

近年，抗生物質耐性菌による感染症は，現在の医療における大きな課題のひとつである。既往の研究によって，疫学研究や畜産衛生学では耐性菌がヒトにもたらす影響に関するリスク評価が進められている。しかしながら，環境工学および衛生工学における水環境中の微生物リスク評価では，細菌の抗生物質耐性について考慮されていない。また，水環境における抗生物質耐性リスクに関する評価を行うためには，まず，水環境中における耐性菌の分布に関する知見を得る必要がある。そこで本研究では，多摩川河川水，多摩川流域下水処理場試料水，その他全国 5 地域下水処理場試料水，多摩川上流域世帯の単独処理浄化槽試料水について *Escherichia coli*（大腸菌）全菌数と *ampicillin-resistant Escherichia*（アンピシリン耐性大腸菌）数を求め，アンピシリン耐性大腸菌数の割合を算出した。また, *coliform group*（大腸菌群）および *Enterobacteriaceae*（腸内細菌科細菌）を対象とした測定も同様に行った。

本研究で得られた結果から，多摩川河川水では，流下に伴って下水処理場流入水の影響によって全菌数は増加したが，アンピシリン耐性割合には有意な増加は認められなかった。全菌濃度が高い底質においても，耐性割合に有意差は見られなかった。また，多摩川流域の下水処理場では，処理過程を通じた耐性割合の変化は認められなかった。全国 6 地域の下水処理場を比較すると，流入水中の全菌数には有意差が認められた。しかし，耐性割合に有意差はみられず，いずれの処理場でも処理過程を通じた耐性割合の有意な変化は認められなかった。浄化槽においては，耐性割合に世帯ごとの大きなばらつきが観察された。本研究結果では，耐性大腸菌と感受性大腸菌の間に生残率の違いはないと結論づけられた。一方，大腸菌群および腸内細菌科細菌を対象とした調査では，処理過程を通じて耐性割合に有意な増加が見られた。この理由として，耐性を有している大腸菌群または腸内細菌科細菌の生残性が高く，結果として耐性を持つ菌種の占める割合が，処理過程を通じて増加したためであると推察された。

⑵ The impact of sunlight on inactivation of indicator microorganisms both in river water and benthic biofilms.

Schultz, F. C., Wichern, M. and Horn, H.

Water Research, **42**, 4771-4779 (2008)

Reviewed by N. Kanda

ドイツのイザール川では，下水処理場で UV 処理しているにも関わらず，水浴可能な指標菌基準値を超過することが度々ある。農業流出水，家庭廃水，雨水のオーバーフローが潜在的な汚染源と考えられる。河川自体の浄化能力の評価のためには，信頼できる不活性化速度定数と生物膜での病原体蓄積の知見が必要である。そこで本研究では，ドイツのイザール川の河川水と石の付着物について，糞便性大腸菌群と腸球菌の主要な指標菌である不活性化速度を，人工太陽光照射下で測定した。

人工水路を作製し，イザール川の生物膜の付着した石を配置し，河川水 470Lを循環させた。実験中は河川水に処理前下水をパルス的に添加し続け，人工太陽光によって紫外線量$I_{(290\sim390nm)}$ = 40W/m^2(ドイツ 6 月の日中紫外線量)，8.0W/m^2(年間平均紫外線量)，0.08W/m^2(照射なし)の 3 パターンの条件で照射した。最初に 10 時間点灯後，12 時間消灯し，再び 4 時間点灯した。水試料は 1～2 時間ごとに，石は 1，2，10，24，26 時間ごとに採取した。糞便性大腸菌群数はFluorocult laurylsulfate systemを用いて，腸球菌数はSlanetz–Bartley寒天培地を用いたメンブランフィルター法によってそれぞれ計数した。菌数から河川水の平均不活性化速度定数を算出した。糞便性大腸菌群と腸球菌に対する$I_{(290\sim390nm)}$ = 40W/m^2，8.0W/m^2，0.08W/m^{2}の平均不活性化速度定数は，それぞれ 21.4/dと 20.0/d， 12.7/dと 9.3/d， 3.4/dと 1.7/dであった。生物膜中の糞便性大腸菌群数は人工太陽光点灯時に減少し，消灯時は増加した。腸球菌は点灯時は減少したが，消灯時は点灯時より緩やかに減少した。I =40W/m^2 ，8.0W/m^{2}の条件において，24 時間後の指標菌数は生物膜表面では 1 オーダー減少したのに対し，河川水では 2～3 オーダーと著しく減少した。以上のことから，河川環境中の指標菌と紫外線量には，関連性があることが示唆された。

（3）はげ山跡地の未熟土壌にみられる土壌発達，とくに鉱物組成の変化

鳥居 厚志

森林立地学会誌 森林立地 **38**，53～61 (1996).

レビュー：上谷田 あい

はげ山跡地では，未熟土に分類される土が多く存在する。未熟土とは，林野の土壌分類において，土壌の崩落によって土層が失われている，あるいは新しい土壌が堆積している土層のことである。未熟土壌が生成する要因として，火山活動によるものと人為的な干渉によるものがあるが，はげ山跡地は後者に分類される。未熟土が存在する土地の土壌保全や土地利用の場合，未熟土の保全と土地利用を判断するための分類体系が必要となる。そこで本研究は，兵庫県三草山（流紋岩地域）と滋賀県田上山（花崗岩地域）の計 7 ヶ所において，土壌生成過程における諸性質の変化から成熟過程の段階について土壌を形作る鉱物組成の変化を調査した。調査方法は，化学的性質については炭素，窒素，陽イオン交換量（CEC）などを乾式燃焼法などで測定した。一次鉱物組成は偏光顕微鏡下で検鏡・同定した。細砂画分の重鉱物含有量は，重液を用いて重鉱物と分離・同定した。また，粘土鉱物組成は X 線回析で測定した。

一次鉱物組成では，花崗岩はアルカリ長石が増加し，斜長石は減少した。雲母と風化粒子は一度増加し，その後減少した。流紋岩ではあまり違いはなかった。このことから，花崗岩では風化段階がみられ，重鉱物含有率で花崗岩は増加傾向があり，流紋岩ではわずかな増加となった。また，重鉱物から磁鉄鉱などの風化抵抗性の大きいものがあることから，重鉱物の濃縮があったとみられ，鉱物風化指標として利用できる可能性が示唆された。さらに X 線回折の結果，粘土鉱物の同定で花崗岩では長石と雲母の減少，二次生成物である 14Å鉱物とギブサイトの増加が認められた。流紋岩では，長石の減少，14Å鉱物とギブサイトの増加がみられた。これは長石，雲母が風化し，14Å鉱物とギブサイトが生成されたからと考えられる。これらの結果から，花崗岩土壌，流紋岩土壌はそれぞれに風化段階がみられ，3-4 段階の風化ステージが考察された。

第 128 回雑誌会

（September 13, 2011）

（1）天竜川水系の山地河川，藤沢川における大規模洪水がイワナに及ぼす影響

柳生 将之，中村 寛志，宮崎 敏孝

環動昆 **18,** 169-176 (2007).

レビュー：竹之内　陵

イワナは冷水性のサケ科魚類であり，異なる水系または地域ごとに形態形質および遺伝的な変異がある。また，さらに多くの地域個体群が存在するものと考えられる。これらの地域個体群は，生息環境の悪化，釣りによる乱獲，および画一的な放流事業による個体群の縮小，小集団化が懸念されている。長野県中南部を中心として，2006 年 7 月 17 日から 19 日にかけて梅雨前線の活動によって豪雨が発生した。この豪雨により天竜川は，一部の水位観測所で計画高水位を超え，堤防の決壊や土砂崩れなどの被害が発生した。豪雨によって，天竜川の調査地には河床の変動を伴う洪水が発生し，イワナ個体群は大きな影響を受けた。そこで本研究は，洪水前後のイワナ個体群について，個体数・体長組成・個体の移動性の変化について調べた。また，土砂移動を伴う洪水時にイワナの生存を可能にする条件について，山地河川の地形特性と関連付けて考察した。
調査地の河道形状を把握するため，洪水後の 2006 年 8 月に河床縦断測量を実施し，河道の平面形状および縦断形状を図化した。河床地形の変化は，調査区間全域にわたって河畔植生の倒伏および川岸が削られた形跡があり，部分的に基岩の露出や 1 m 以上の河床低下が観察され，全体としては土砂の堆積よりも侵食が卓越していた。洪水後の痕跡から，洪水ピーク時の流量は 7.16 ㎥/sec と推定され，これは平水時の流量の 77 倍であった。イワナの個体数は，2005 年の，163 尾から 127 尾の範囲で推移した。しかしながら，2006 年の個体数は，洪水前の 5 月の 130 尾から洪水後の 8 月では 30 尾に減少し，その後も低いレベルで推移した。体長組成は，洪水後の 2006 年 8 月に捕獲したイワナの体長は，94mm から 178mm の範囲であった。2005 年と 2006 年の 4 月，5 月，10 月，11 月の体長組成を比較すると，ともに有意な差は得られなかった。個体の移動性は，洪水前の月間の移動距離は上流方向へ 13.7±19.2m，下流方向へ 21.3±27.9m であった。しかしながら，洪水後の移動距離は上流方向へ 42.3±54.6m，下流方向へ 60.9±59.7m と両方向において移動が大きいことが確認された。これらのことから，洪水は壊滅的なインパクトとなる場合もあるが，洪水の規模あるいは地形条件によって，イワナの生存率に与える影響は異なることを示した。

第 129 回雑誌会

(Sep 20, 2011)

（1）Release of infectious human enteric viruses by full-scale wastewater utilities

James, F. and Xagoraraki, I.

Water Research, **45**, 3590-3598 (2011)

Reviewed by T. Kobayashi

ヒト腸管系ウイルスは，急性胃腸炎等の水系感染症の主な原因とされており，アメリカ環境保護庁の新たな汚染物質の候補とされている。既往の研究で，ヒト腸管系ウイルスが下水処理水と下水汚泥中から検出され，環境中へ流出していると報告されている。そこで本研究は，ミシガン州において，処理プロセスが膜分離活性汚泥法（MBR）である廃水処理場（No.1），活性汚泥法等の従来の処理プロセスである廃水処理場 4 ヶ所（No.2～5）の各流入水，消毒前（生物処理後），および消毒後（放流水）からの合計 30 個の排水サンプルを採取した。また，No.1，2，5 から合計 6 個の下水汚泥サンプルを採取した。そして各サンプルについて，ヒトアデノウイルス（HAdV），ヒトエンテロウイルス（EV），ノロウイルス ＧⅠ，ＧⅡ（NoVGⅠ，GⅡ），および A 型肝炎ウイルス（HAV）の感染性・非感染性のウイルス濃度を，細胞培養法と q-real-timePCR 法でそれぞれ測定した。また，消毒プロセスのウイルス不活化への影響を評価するため，紫外線（UV）と塩素（Cl）の消毒効果を比較した。

q-real-timePCR の結果から，HAdV ，EV，および NoV GⅡは，排水サンプルからそれぞれ 100%，67%，10%検出されたが，HAV と NoV GⅠは検出されなかった。下水汚泥サンプルからは，HAdV，EV，NoVGⅠおよび NoVGⅡが検出され，log 濃度はそれぞれ 4.1，2.9，4.3，5.2 viruses/g であった。細胞培養の結果，流入水と放流水の間での感染性ウイルス除去は平均 4.2log であった。UV および Cl の消毒プロセス前後での感染性ウイルス不活化量は，それぞれ 0.3log と 0.9log であったが，有意差は得られなかった。また，MBR と従来の処理プロセスのウイルス除去について見ると，HAdV と EV の除去は，それぞれ 4.0log と 2.2log，3.6log と 2.9log であり，HAdV で 2 つの処理プロセス間に有意差が得られ，MBR の方が除去数が高いと判断された。

（2）炭素・窒素安定同位体自然存在比からみた吉野川の水質汚濁

山田 佳裕，中島 沙知

応用生態工学 **13**(1), 25-36 (2010).

レビュー：松岡 慶

近年環境問題への意識が高まる中で，持続的に良質な水を得るためには，流域における物質循環のメカニズムを理解することが必要とされている。人間活動による生元素の負荷と水質汚染のメカニズムは多岐に渡り，物質量や生物活性を測定する従来の手法のみでは，水域の物質循環や人間活動の影響を評価するのは難しいのが現状である。そこで現在，安定同位体自然存在比測定法を用いてδ^{13}Cおよびδ^{15}Nを解析する研究が注目されている。δ^{13}Cおよびδ^{15}Nは，水系生物の起源・動態や人間活動による負荷を解析する指標となる。本研究では，上流にダムを有する吉野川本流 29 地点および支流の銅山川 15 地点における物質循環構造と流域の人間活動が河川に与える影響について解明することを目的とした。測定項目は，溶存酸素（DO），全窒素（TN），全リン（TP），全有機態炭素（TOC），全有機態窒素（TON），および炭素と窒素の安定同位体比を測定した。

DOは，7.7~10.8mg/Lで飽和率が 83~120%であった。吉野川と銅山川のTNは，上流から下流に向かって高くなったことから，流域の人間活動の影響を受けていることが分かった。銅山川下流においては，ダムから下流へ放流が無いことによる物質の濃縮も原因と考えられる。TPは 10 μ g/L と一定であり，吉野川と銅山川のTOC，TONのN/C比は 4.3~13.1 および 8~15.4 であり，特にダム湖下流で低くなった。銅山川下流では，δ^{13}C とδ^{15}Nはそれぞれ－19.7‰~－22.6‰と 5.7‰~7.8‰であり高い値を示した。これは河床における富栄養化が原因と考えられる。また，吉野川中流においてTNと河床堆積物のδ^{15}N間には，有意な相関(r=0.931)がみられた。既往の研究から，TNとδ^{15}Nがともに上昇する要因としては生活排水や畜産が挙げられる。吉野川下流において，河川水中のTNの増加は見られたが，堆積物中の有機物濃度の上昇はみられなかったことから，流域の人間活動による負荷が河川に蓄積していないことが示唆された。

第 130 回雑誌会

(September 27, 2011)

(1) Spectrofluorometric properties of dissolved organic matter from Central and Southern Ontario streams and the influence of iron and irradiation

Kelton, N., Molot, L, A., and Dillon, P, J.

Water Research, **41**, 638-646 (2007).

Reviewed by Y. Hamasaki

溶存有機物（DOM）は，水生環境と陸生環境から溶出された有機材料などの複雑な混合物で構成されている。一般的に，DOM の起源判定には，フルボ酸（FA）の蛍光特性が用いられている。しかしながら，さらなる DOM の一般化を行うためには，DOM の起源を判定するだけではなく，異なる土地利用や地形の違いによる蛍光特性の変化から評価をする必要がある。そこで本研究では，オンタリオ川中央部・南部を調査対象として，寒帯流域，農業用地，都市部流域，豪雨流出水池，および三次廃水処理施設流出口の試料について DOM の蛍光特性を比較した。分析項目は，各試料の化学的性質［溶存有機炭素（DOC），溶存鉄（DFe），pH］，DOM の励起・蛍光ピーク強度（励起波長：250-546nm，蛍光波長：252-718nm），容積集積型蛍光(VIF)，および蛍光指数(FI)とし，これらの項目を比較した。また，紫外線の照射および鉄による消光が蛍光に及ぼす影響の評価を行った。

寒帯流域は，DOC（8.78-15.17 mg/L）と DFe（0.099–0.325 mg/L）が最も高い値を示した。また，寒帯流域は，全土地利用間で最も酸性であった。最大蛍光波長のピークは，蛍光範囲内で多様に変化した（417-456 nm）。また，寒帯，農業地域，および都市部において，土地利用間で有意な差が得られた（$F=68.1$，$P<0.0001$）。DOC 当たりの VIF 値から，都市部流域は寒帯流域と農業用地よりも有意に高いことが明らかになった。都市部流域と豪雨流出水池の FI 値（1.42-1.71）は，微生物由来の DOM であることが示唆された。また，これらの結果から，都市部流域の DOM は，寒帯流域の DOM と比較して，分子量が低く，より単純な構造（芳香性）をしていることが示唆された。紫外線の照射は，最大蛍光波長のピークを最大で 94%損失させた。また，全地点において，VIF 値は紫外線の照射後に減少した。鉄は，蛍光ピーク波長を減少させた。このことから，鉄が FA を還元することによって，DOC の蛍光波長を減少させることが示唆された。

(2) Intensive exploitation of a karst aquifer leads to *Cryptosporidium* water supply contamination

Khaldi, S., Ratajczak, M., Gargala, G., Fournier, M., Berthe, T., Favennec, L. and Dupont, L. P

Water Resarch, **45** (9), 2906-2914 (2011).

Reviewed by T. Takida

フランスのオートノルマンディー地域の飲料水は，すべてカルスト帯水層の地下水に塩素消毒を行い，供給されている。既往の研究において，ノルヴィルのカルスト帯水層では，汚染微生物が付着した浮遊粒子物質（SPM）が，雨によって地下水へと放出されることが報告されている。しかしながら，クリプトスポリジウムに関する情報は得られていない。そこで本実験では，フランスのノルヴィルにある白亜カルスト帯水層を調査対象とし，シンクホール，泉，および井戸において，2008 年 11 月から 2009 年 9 月の期間中に，9 回のサンプリングを行った。なお，井戸の利用状況は，朝は断続的に，夜は連続的に揚水していることから，サンプリングは朝と夜の 2 回実施した。全試料は，電気伝導度（EC），濁度および SPM を計測した。また，クリプトスポリジウムを Chem Scan RDI を用いて検出した。EC，濁度，SPM およびクリプトスポリジウム汚染の相関は, Spearman’s test で評価を行い, 地表水と地下水の間のクリプトスポリジウム濃度の比較には, 主成分分析を用いた。

クリプトスポリジウムは，シンクホール，泉および井戸から，それぞれ 29±17，13±5，4±2 oocst/100L 検出された。Spearman’s test および主成分分析の結果，濁度および SPM 濃度では，地表水と地下水の間のクリプトスポリジウム汚染を評価できないことが示唆された。また，井戸では，朝よりも夜にクリプトスポリジウムが多く検出された。これは，連続的な揚水によって，水路内部に付着したクリプトスポリジウムが剥離され，懸濁したためと考えられる。