

第 289 回雑誌会

(Jun. 08, 2018)

(1) Distribution comparison and risk assessment of free-floating and particle-attached bacterial pathogens in urban recreational water: Implications for water quality management

Fang, T., Cui, Q., Huang, Y., Dong, P., Wang, H., Liu, W. T, and Ye, Q.

Science of the Total Environment, **613-614**, 428-438 (2018).

Reviewed by A. Jikumaru

世界のレクリエーション水域において、病原体の曝露による危険性が懸念されている。また、これらの水域に浮遊している粒子は、病原体の貯留庫となる可能性がある。しかしながら、病原体と水中の粒子との関係性を評価した報告はない。本研究では、都市のレクリエーション水域から採取した水試料を浮遊性試料（FL, 0.22-5 μm ）と粒子付着性試料（PA, > 5 μm ）に分画し、次世代シーケンシング（NGS）法によって病原細菌の多様性を比較した。また、qPCR法によって病原細菌を定量後、環境因子との関係および定量的微生物リスク評価（QMRA）を検討した。調査は、2014年7月、9月、および11月とし、北京の都市部に位置する3つの湖（Ao湖, Hong湖, Tao湖：各2地点ずつ）において、合計18の水試料を採取した。試料は、フィルターを用いてFLとPAに分画し、DNA抽出後、16S rRNAを標的としたNGS法によって遺伝子解析を行った。次に、病原細菌である *Salmonella enterica* (*invA*), *Aeromonas* spp. (*aerA*), *Mycobacterium avium* (16S), および *Pseudomonas aeruginosa* (*oaa*) と病原細菌に関わらず *E.coli* (*uidA*) の特異遺伝子をqPCR法によって定量した。QMRAは、*S. enterica* と *M. avium* の用量反応モデルを用いて、レクリエーション活動における各細菌の年間感染確率を算出した。なお、環境因子は水温、pHなどの17項目を測定した。

FL では *Leptospira* 属と *Psychobacter* 属、PA では *Aeromonas* 属と *Mycobacterium* 属が最も存在比が高く、FL と PA の間で優占種の違いがみられた。qPCR 法によって 5 種の特異遺伝子を定量した結果、*aerA* 遺伝子の濃度が最も高かった (10^{4-6} gene copy/100 mL)。また、*oaa* 以外の遺伝子において、PA が FL よりも遺伝子濃度が常に高かった。遺伝子濃度と環境因子の関係性を評価した結果、3 つの遺伝子 (*uidA*, *aerA*, *M. avium* の 16S) の濃度は、栄養素 (TP, $\text{NH}_3\text{-N}$, $\text{NO}_3^-\text{-N}$) と有意な正の相関を示した ($p < 0.05$)。PA においては、2 つの遺伝子 (*uidA*, *M. avium* の 16S) の濃度が、浮遊物質 (SS) と有意な正の相関を示した。さらに、QMRA によって年間感染確率を推定した結果、*S. enterica* と *M. avium* は、比較的高い栄養水準と SS を有する Hong 湖と Tao 湖において、高い健康リスクを示した。以上のことから、都市のレクリエーション水域の浮遊粒子は病原体の分布に影響を及ぼし、さらに病原体の貯留庫として機能していることが示唆された。

(2) *Salmonella*, including antibiotic-resistant *Salmonella*, from flies captured from cattle farms in Georgia, U.S.A.

Xu, Y., Tao, S., Hinkle, N., Harrison, M and Chen, J.

Science of the Total Environment, **616-617**, 90-96 (2018).

Reviewed by H. Hiroki

世界保健機関（WHO）では、食物由来のサルモネラ症が深刻な問題として扱われている。アメリカの調査によると、サルモネラ症の発生要因は、農場環境であると報告されている。また、農場に生息するハエは、家畜のふん尿を餌とし、サルモネラを農場内、あるいは外部へ拡散させる可能性がある。しかしながら、ハエが農場においてサルモネラの媒介動物である可能性を調査した研究は極めて少ない。そこで本研究では、アメリカの農場で捕獲したハエを対象として、サルモネラの保有率、および薬剤耐性パターンを調査した。調査は、2016年6月から9月に、アメリカのジョージア州における33の農場で実施した。粘着テープを用いてハエを捕獲後、ハエの体表面と内部組織から菌液を採取した。そして、それぞれの菌液をサルモネラの選択培地に塗布して37℃で24時間培養した。その後、生育したサルモネラの陽性コロニーについて、生化学的性状試験を用いて同定した。同定されたサルモネラを単離し、ディスク拡散法によって12種類の抗菌薬に対する薬剤感受性試験を実施した。また、サルモネラが高い確率で耐性を示す4種類の抗菌薬（アンピシリン、セフォキシチン、テトラサイクリン、ストレプトマイシン）について、最小発育阻止濃度（MIC）法によって薬剤感受性試験を加えて実施した。

調査した33の農場うち、26の農場から捕獲したハエが、サルモネラを保有しており、その保有率は11%（185/1650匹）であった。単離したサルモネラ185株について、ディスク拡散法による薬剤感受性試験を実施した結果、アンピシリンに29%（53/185株）と最も高い耐性率を示した。次いでテトラサイクリンに28%（51/185株）が耐性を示した。また、1剤以上に耐性を示した菌株は、45%（84/185株）であった。さらに、28%（51/185株）は3剤以上に耐性を示す多剤耐性サルモネラであった。一方で、ゲンタマイシン、およびナリジクス酸に耐性を示すサルモネラは検出されなかった。そこで、MIC法によって高度耐性菌株の存在を調べたところ、アンピシリン、セフォキシチン、ストレプトマイシン、およびテトラサイクリンにおいて、それぞれ>2048 µg/mL, 2048 µg/mL, 1024 µg/mL, および1024 µg/mLで高度耐性を示すサルモネラが検出された。以上の結果から、農場に生息するハエは薬剤耐性サルモネラを保有しており、それを農場から自然環境、または人間の生活環境にまで拡散する媒介動物となる可能性がある。

第 290 回雑誌会

(Jun. 08, 2018)

(1) Modeling radiocesium transport from a river catchment based on a physically-based distributed hydrological and sediment erosion model

Kinouchi, T., Yoshimura, K., Omata, T.

Journal of Environmental Radioactivity, **139**, 407-415 (2015).

Reviewed by Y. Kanayama

福島第一原子力発電所の事故以来、東日本の広範囲で放射能汚染が検出された。放射性物質は浮遊物質に高い吸着能力を有するため、浮遊物質移動を考慮して放射性セシウム濃度の空間分布の推移を予測することは極めて重要である。そこで本研究では、WEP (Water and Energy transfer Process) モデルに浮遊物質と放射性セシウムの 2 種類を対象とする輸送モデルを組み込み、福島県に位置する口太川流域 (139 km²) の浮遊物質と、それに吸着する放射性物質のセシウム 137 の空間分布を予測した。標高データおよび土地利用データは、国土数値情報のデータを用いた。流域内の土地利用はそれぞれ、森林 55 %, 農地 29 %, 水田 11 %であった。国土交通省および気象庁の観測データから、降水量、気温、相対湿度、風速、および日照時間のデータを用いた。浮遊物質は移流方程式を用いて推定した。セシウム 137 は浮遊物質とともに移動すると仮定し、移流方程式を用いて推定した。モデルの校正は、口太川下流において、2011 年 6 月から 2012 年 12 月の期間で観測された流量、浮遊物質濃度、および放射性セシウム濃度のデータを用いた。モデルの解析期間は、2011 年 1 月から 2012 年 12 月とした。

流出解析による流量の再現結果は、観測値と良好な一致を示した。浮遊物質濃度の再現結果も、概ね良好な一致を示したが、2011 年 7 月の高水時における低減部で過大評価が見られた。これは、流域内の降雨空間分布の空間異質性の大きさや土壌侵食量の過大推定が原因と考えられた。セシウム 137 濃度の再現結果は、解析期間の初期や冬季において計算値が過小評価となる傾向が見られた。これは、モデルにおいて融雪の影響や降雨によって樹木に堆積したセシウム 137 が地表面へと移動するプロセスを考慮していないためと考えられた。また、2011 年 9 月から 2012 年 12 月までの口太川流域における浮遊物質およびセシウム 137 の負荷量は、29,542 t および 366 GBq と推定された。さらに、セシウム 137 の半減期 (約 22 年) を考慮して口太川流域におけるセシウム 137 の年間堆積量を推定したところ、30 年後にセシウム 137 の堆積量は 2011 年の 39 %まで減少すると予測された。今後は、浮遊物質濃度の再現精度の向上とともに、より正確なセシウム 137 の移動プロセスを含めることによって、セシウム 137 濃度の空間分布の予測をすることが必要である。

(2) Distribution of clay minerals in surface sediments of the western Gulf of Thailand:

Sources and transport patterns

Shi, X., Liu, S., Fang, X., Oiao, S., Khokiattiwong, S., and Kornkanitan, N.

Journal of Asian Earth Sciences, **105**, 390-398 (2015).

Reviewed by A. Miyazono

タイ、カンボジア、およびマレーシアの間に位置するタイランド湾では、沿岸流による堆積環境への影響が注目されている。また、タイランド湾における大規模、かつ高密度な堆積試料を用いた調査は、南シナ海における堆積物起源の特性を解明するために不可欠である。そこで本研究では、タイランド湾における粘土鉱物の分布特性、および堆積物の起源と輸送との関係を調査した。調査は、2011 年 11 月と 2012 年 5 月に行った。試料は、タイランド湾内から 157 地点（157 試料）とし、各試料について、X 線回折（XRD）分析を行い、粘土鉱物を同定した。同定された粘土鉱物について、クラスター分析を行い、同定された粘土鉱物、および既往の調査で取得した周辺主要河川（チャオプラヤ、ターチン、バーンパコン、およびメークローン川）とタイランド湾内に存在するスンダ海棚の粘土鉱物データを比較し、タイランド湾内の輸送特性を評価した。

XRD 分析によって各地点の粘土鉱物の含有割合を調査した結果、2 μm 以下の粒子において、イライト（平均値 50%）、カオリナイト（平均値 34%）、クロライト（平均値 14%）、およびスメクタイト（平均値 2%）が同定された。また、スメクタイトは、タイランド湾の北部、イライトは南部、カオリナイトとクロライトは北東部と南西部に多く分布していた。さらに、タイランド湾における粘土鉱物の含有量に対してクラスター解析を行った結果、3 つのエリアに区分された。分類されたエリアについて、周辺主要河川とスンダ海棚の粘土鉱物の輸送特性を調査した。タイランド湾の北部エリアにおいて、スメクタイト、カオリナイト、およびクロライトの含有率が、平均値よりも高かった。これは、チャオプラヤ川、ターチン川、およびバーンパコン川の堆積物と似た傾向を示しており、沖合に行くほど値が低くなることがわかった。また、中央部、南東部エリアにおいて、イライトの含有率が平均値よりも高く、3 つのエリアの中で最も高い値を示していた。この値は、スンダ海棚と同様の値であった。さらに、南西部エリアにおいて、平均値と比較して、カオリナイトとスメクタイトの含有率が高い値を示した。この地域の堆積物はメークローン川と似た傾向を示しており、海流によってメークローン川由来の砂を輸送していることが示唆された。以上の結果から、タイランド湾の粘土鉱物は湾内のエリアで異なる特性を示した。タイランド湾は、周辺の主要河川、海棚、および流体力学的環境の影響を受けていることが示唆

された。

第 291 回雑誌会

(Jun. 22, 2018)

(1) Response of stream benthic macroinvertebrates to current water management in Alpine catchments massively developed for hydropower

Silcia, Q., Giuseppe C., Gaetano G., and Paolo, E.

Science of the Total Environment, **609**, 484-496 (2017).

Reviewed by K. Shirasaka

水資源利用に伴う河川の流況改変が世界的に問題となっている。現在、アルプス山岳地帯の流況管理のために、過去の流量データより算出された最小流量を維持する Minimum Flow（以下、最小流量）が主に採用されている。しかしながら、最小流量による管理が河川生態系に及ぼす影響は、ほとんど考慮されていない。また、最小流量の条件下における水文学的变化と、それに対する生態学的応答に関する知見は極めて乏しい。そこで本研究では、アルプス山脈において、主に利水のために運用される最小流量を含む環境条件が底生動物に及ぼす影響を調査した。調査は、中央イタリアアルプスの Mera 流域、Adda 流域、Oglio 流域および Caffaro 川において、2010 年から 2015 年にかけて実施した。調査地点は、流量制御されている 20 地点を選定した。流量データは、日平均流量を使用した。また、最小流量運用の程度を示す指標として、最小流量超過度 (UMFE) を算出した。この値が小さいほど流量が上流のダムから放流される MF に近い値であることを示す。底生動物は、1 地点につき 0.1 m^2 を 10 回、毎季節に 1 回（計 22 回）サンプリングし、同定した。同定後、科数、Shannon 多様性、個体数密度、分類群数、および水質評価指標である ASPT 等を算出した。環境条件として、水質 (DO, pH, $\text{NH}_4^+\text{-N}$, $\text{NO}_3^-\text{-N}$, TP) を測定した。底生動物群集の調査地点間および季節間の有意差に加えて、交互作用を調査するために ANOVA を実施した。さらに、底生動物群集に影響を及ぼす主要な変数を検出するために冗長性分析 (RDA) を行った。

各地点における流量は、季節的な変動を保持している一方で、ピーク流量が減衰している傾向を示した。特に、主流河川の分水直後では、流況に対して最小流量運用の影響が大きかった。底生動物群集は、全ての調査地点において、主要な 11 の科によって構成され、ホソカワゲラ科、コカゲロウ科、ユスリカ科およびブユ科が優占していた。さらに、全ての底生動物指標は、季節間において有意差 ($p < 0.05$) を検出し、特に流量の少ない冬季において増加する傾向を示した。この傾向は、特に個体数密度において顕著であった。RDA によって、オナシカワゲラ科、アミメカワゲラ科などの科は、UMFE が高いと個体数は増加することが示唆された。以上の結果から、流量の増加する春から夏にかけて底生動物群集が攪乱され、最小流量運用によって流量変動の少な

い冬季において、底生動物群集の再構築が示唆された。

(2) Persistence of antibiotic resistance genes and bacterial community changes in drinking water treatment system: From drinking water source to tap water

Su, H. C., Liu, Y. S., Pan, C. G., Chen, J., He, L. Y. and Ying, G. G.

Science of the Total Environment, **616-617**, 453-461 (2018).

Reviewed by E. Nishimura

薬剤耐性遺伝子 (ARGs) は、水環境中における新たな汚染物質として注目されている。水環境中に存在する ARGs は、上水処理施設 (DWTP) から水道水を介してヒトに拡散し、健康被害を引き起こす可能性がある。そのため、原水における ARGs の濃度、および DWTP における ARGs の除去能力を調査することは重要である。本研究では、原水、DWTP の水試料、および水道水を対象として、以下の 3 つの調査を実施した：原水から水道水に至る ARGs の変動；DWTP の各処理プロセスにおける ARGs の除去能力；細菌叢と ARGs の関係性。調査は、2013 年 12 月と 2014 年 3 月において、中国の珠紅デルタ地域で実施した。試料は、3 つの河川、2 つの DWTP (処理場 A, 処理場 B)、および 3 つの河川をそれぞれ原水とする水道から採取した。試料採取後、各試料から DNA を抽出し、標的とした 27 種類の ARGs の検出と遺伝子数を定量 PCR で定量した。その後、DWTP の各処理プロセスにおいて対数除去値を算出し、除去能力を評価した。次に、16S rRNA 遺伝子に基づくシーケンサー解析によって、各水試料中の細菌叢を把握した。そして、ARGs の濃度と比較することによって、細菌叢の変動と ARGs の濃度変化との関係性を調べた。

各試料から ARGs を検出したところ、原水から 21 種類、DWTP の水試料から 21 種類、さらに水道水から 15 種類の遺伝子が検出された。また、原水における ARGs の濃度は、 $10^4 \sim 10^9$ copies/L の範囲であった。これに対して、水道水では 1~2 オーダー低い値 ($p < 0.05$) を示したことから、DWTP が ARGs を除去する上で重要な役割を果たしていることがわかった。そこで、DWTP における ARGs の除去能力を調査したところ、処理場 A と B における砂ろ過の除去値は、それぞれ 0.35-log と 0.48-log であり、DWTP の砂ろ過プロセスにおいて ARGs が最も有効的に除去された。一方で、粒状活性炭処理は、ARGs の増加に寄与することが示唆され、その値は最大で 5.26-log であった。また、粒状活性炭処理後の細菌叢を見てみると、*Pseudomonas* spp. が最も多い割合で検出され、その存在量は $< 0.5\%$ から $\geq 15\%$ に増加した。検出された *Pseudomonas* spp. は、粒状活性炭処理後に最も増加した ARGs (*cmlA*, *sul1*) を 71% 保有していたことから ARGs の増加と分布に寄与する可能性がある。以上の結果から、原水に存在する ARGs は、DWTP の砂ろ過によって有効

的に除去されることが明らかとなった。

第 292 回雑誌会

(Jun. 29, 2018)

(1) 漂着ごみから推定される日本から流出する海洋浮遊ごみ

岡野 多門, 加藤 郁美

廃棄物資源循環学会論文誌, **26**, 25-37 (2015).

レビュー: 黒田 貴洋

海岸に漂着した人工素材のごみは、海洋生物に深刻な影響を与える。また、海岸におけるごみの漂着量は、各国のごみの固形廃棄物の管理体制の指標となる。そこで本研究では、日本で発生したごみの排出を抑制するために、海岸におけるごみの漂着実態の把握、および投棄地からの漂流過程を調査した。そして、得られた結果からごみの排出防止対策を提案した。調査は、2005 年 1 月から 2013 年 6 月において、鳥取県に位置する 8 つの海岸で毎月実施した。漂着ごみの試料は、各海岸の汀線 500 m 区間から採取した。試料採取後、洗浄と乾燥を行い、漂着重量を測定した。また、事前に作成した浮遊可能なごみリストを用いて、漂着ごみの排出分野、および排出場所などからごみ種を細分化し、150 種類から調査対象とするごみ種を決定した。決定した漂着ごみについて、年間平均漂着重量と月間平均漂着数を算出した。得られた結果は、土地利用と季節変動を考慮することで投棄地を推定した。さらに、小型ペットボトルを目的変数とした重回帰分析によって、漂着数を推定し、投棄排出防止対策を検討した。

全ての調査地点で最も漂着したごみは、漁業由来 (約 65 kg/ (hm・y)) であり、次いで民生由来 (約 28 kg/ (hm・y))、農業由来 (約 0.8 kg/ (hm・y)) であった。漁業由来のごみの多くは、外国産であった。これに対して、民生由来と農業由来のごみは、それぞれ 41%と 50%が日本産であった。そこで、民生由来 9 種類と農業由来 2 種類のごみに着目し、各ごみ種の年間平均漂着数を調べたところ、民生由来では小型ペットボトル (85.3 個/ (hm・y)) が最も多く漂着していた。次に、各調査地点における年間平均漂着数を調べたところ、すべてのごみ種が河口付近に多く漂着したことがわかった。中でも、小型飲料容器に属するごみが多く漂着しており、その割合は 6~45%であった。このことから、河川流域で投棄された小型飲料容器が海岸へ流出していることが示唆された。また、小型飲料容器に属するごみについて、季節変動における月間平均漂着数を調べたところ、9 月において 77%と最も高い割合でごみが漂着した。これは、9 月において最多降雨量が観測されたことが原因として考えられる。そこで、小型飲料容器のうち、最も漂着していた小型ペットボトルについて重回帰分析を行ったところ、各調査地点、あるいは各月における漂着数を推定することができた。以上の結果から、日本から海へ排出されるごみの多くは小型飲料容器であり、重回帰分析を用いた漂着数の推定は排出防止対策として有用である。

(2) 蛍光 RT-multiplex PCR 法を用いた食中毒起因微生物の包括的検出

重本 直樹, 谷澤 由枝, 山田 裕子, 大原 祥子, 松尾 健, 福田 伸治

日本食品微生物学会雑誌, 29(1), 11-17 (2012).

レビュー：清水 宏樹

厚生労働省の食中毒統計によると、食中毒は多くの病原微生物を原因として発生している。食中毒発生時には迅速な病原微生物の検出がその拡大防止につながるため、非常に重要となる。近年では、Multiplex PCR 法によって多種の病原微生物を迅速かつ高感度に検出することが可能となった。しかしながら、細菌およびウイルスを包括的あるいは網羅的に同時検出する方法は確認されていない。そこで本研究では、食中毒の原因となる細菌およびウイルスを対象とし、蛍光標識プライマーを用いることによって、対象微生物を識別することができる蛍光 RT-multiplex PCR 法の開発を試みた。対象微生物は 10 種の細菌および 3 種類のウイルスとし、18 種類の病原遺伝子を標的とした。検出の特異性を確認するため、標準株から細菌 DNA およびウイルス RNA を抽出後、ウイルス RNA については逆転写反応を行い、以下の 3 つのプライマーセットを用いて蛍光 RT-multiplex PCR 法を行った：A セット (*Diarrheagenic Escherichia coli*)、B セット (*Salmonella* spp., *Campylobacter jejuni*, *C. coli*, *Vibrio parahaemolyticus*)、C セット (*Clostridium perfringens*, Norovirus, Sapovirus, Astrovirus)。また、各プライマーセットの検出限界は、細菌株の菌数あるいは DNA のコピー数およびウイルスの cDNA のコピー数を基に測定した。さらに、2009 年から 2010 年における食中毒患者のふん便から細菌 DNA およびウイルス RNA を同時抽出後、上記と同様の手順で蛍光 RT-multiplex PCR 法を実施し、常法（培養法あるいは monoplex PCR 法）の結果と比較した。

各試料についてプライマーセットごとに、それぞれの標的遺伝子で期待される増幅産物の大きさおよび蛍光色として検出した。*Diarrheagenic E. coli* は複数の病原遺伝子を保有する株から期待通りの病原遺伝子が検出され、多重検出が可能であった。また、プライマーセット A, B, および C の検出限界は、それぞれ 10^1 - 10^4 cfu/反応, 10^1 - 10^4 コピー数/反応, および 10^2 コピー数/反応の範囲であった。食中毒患者のふん便を対象に蛍光 RT-multiplex PCR 法と常法の検出結果を比較したところ、検出感度および特異度は、93.1%と 93.5%であり、高い一致率（93.3%）を示した。本法は、3 つのプライマーセットによって 13 種の食中毒起因微生物を包括的に検出・識別でき、簡便性も高い。また、必要に応じてプライマーセットを追加することによって、他の病原微生物の検出にも拡大可能である。以上のことから、本研究で開発された蛍光 RT-multiplex PCR 法は、食中毒起因微生物の迅速なスクリーニング検査法として有効であることが示唆された。

(3) Mixing of Shiga toxin-producing and enteropathogenic *Escherichia coli* in a wastewater treatment plant receiving city and slaughterhouse wastewater

Delphine B., Maryse MU., Alpha AD., Monique K., Véronique D., Pierre-Louis T., Alain BM., Eric O., and Hubert B.

International Journal of Hygiene and Environmental Health, **221**, 355-363 (2018).

Reviewed by H. Xie

Contamination of environmental water by fecal pathogens is a major public health concern. Wastewater discharge from human activities and livestock may contain Shiga toxin-producing *Escherichia coli* (STEC) and enteropathogenic *Escherichia coli* (EPEC) which can be pathogenic for humans. In this study, there were three objects as follows: (i) to evaluate the prevalences of STEC and EPEC from a wastewater treatment plant (WWTP), (ii) to determine the pathogenicities STEC and EPEC for humans and (iii) to compare STEC and EPEC from human and animal origin. The experiment took ten months to carry out the sampling from May 2009 to March 2010, except in August 2009, in France. Samples were taken from (i) the city wastewater (CW), (ii) the slaughterhouse wastewater (SW), and (iii) the treated effluent (TE) after all of the CW and the SW. After then, STEC and EPEC were tested for phylogenetic groups by multiplex PCR on 12,248 *E. coli* isolates. Finally, antimicrobial resistance of STEC and EPEC was determined by a disk diffusion method.

The prevalences of STEC in CW, SW and TE, were 0.22% , 0.07% and 0.22%, respectively. STEC, with stx subtypes linked to serious illness in humans, were isolated from city wastewater. The PCR screenings led to the isolation of 21 STEC. Most STEC strains in CW belonged to group A, whereas in SW and TE belonged to group B₁. The EPEC strains were more frequently detected in the effluents than STEC strains. The prevalences of EPEC in CW, SW and TE, were 0.63%, 0.90% and 0.55%, respectively. All the EPEC strains were classified as atypical and were screened for the ϵ , γ_1 and β_1 subtypes. The PCR screenings led to the isolation of 85 EPEC. And atypical EPEC with the genetic characteristics of EHEC were isolated from SW. Most atypical EPEC in CW belonged to group B₂, whereas those in SW belonged to group B₁. The most frequent group in the TE was B₁, followed by B₂. Atypical EPEC in group D were only detected in the SW. The percentages of prevalences after treatment were not significantly different. The percentages of antibiotic-resistant and *E. coli* isolates were not impacted by the wastewater treatment process.

第 293 回雑誌会

(July. 6, 2018)

(1) 環境 DNA を用いた河川内の魚類現存量推定に関する基礎的検討

赤松 良久, 乾 隆帝, 一松 晃弘, 河野 誉仁, 土居 秀幸

土木学会論文集 B1(水工学), 73(4), 1111-1116 (2017).

レビュー：赤星 賢太郎

近年、水棲生物の生息状況を評価する環境 DNA 分析の開発が急速に進んでいる。環境 DNA 分析を用いた水棲生物の在・不在の判別は実用段階である一方、現存量や個体数密度の推定は十分な検討が行われていない。そこで本研究では、環境 DNA を用いたアユ現存量推定の可能性について検討した。山口県佐波川本流の 10 地点 (St.1~10) を調査地点に設定し、2015 年 5 月 28 日、7 月 30 日、および 10 月 7 日において河川水を採取した。また、10 地点中 6 地点において、アユの潜水目視調査を実施した。試料採取後、ガラス繊維ろ紙 (GF/F)、孔径 $0.7\mu\text{m}$ でろ過し、サリベットチューブおよび DNA 抽出キットを用いて DNA を抽出し、qPCR 法を用いて環境 DNA 濃度を定量した。そして、一般化線形モデル (GLM) を用いてアユの現存量予測モデルを構築した。iRIC ソフトウェアを用いて算出した平水時の流れ場に、この現存量予測モデルを外挿し、佐波川の国管理区間内におけるアユの現存量の空間分布を予測し、St.2~5 の採水地点から上流 100, 200, 400, 800, 1600, 3200, 6400 m までの区間におけるアユの総重量を見積もった。次に、河川に設置したパイプ内にアユを 1 尾または 2 尾入れ、放出される環境 DNA 濃度を計測した。測定後、単位重量当たりの環境 DNA フラックスを算出し、各調査地点の採水から求めた環境 DNA フラックスから供給源のアユ総重量を概算した。

アユの環境 DNA 濃度と各地点 (St.1, 2, 5, 7, 8, 9, 10) の現存量は高い相関を示し、 R^2 値は 5 月、7 月、および 10 月において、それぞれ 0.915, 0.824, および 0.961 であった。一方で、潜水目視調査によって、アユではなく捕食痕が存在した地点からアユの環境 DNA が検出された。このことから、採集や発見が困難な場合でも、環境 DNA 分析によって生物の生息 (在・不在) を把握することが可能と考えられる。予測されたアユの現存量の空間分布をみると、10 月は 7 月と比較して下流にアユが降下している傾向が確認された。環境 DNA フラックスとアユの総重量の関係を調べたところ、7 月と 10 月の調査において、採水地点から 400~800 m 上流の区間で最も高い相関が認められた。概算されたアユ総重量は、生物量予測モデルによって算出された最大の生物量と比較して、一桁程度大きい値を示した。これは、パイプ実験におけるアユ個体の環境 DNA 放出が実河川と比べて抑制されていることが要因と考えられた。以上の結果から、環境 DNA 濃度は採水地点から 400~800m 程度上流の区間のアユの現存量を反映することが示唆された。

(2) 製紙廃水処理における高分子凝集剤の最適添加量

金 海蘭, 趙 駿衡, 岡山 隆之, 李 堅

繊維学会誌, **70(5)**, 96-99 (2014).

レビュー：角 領将

製紙工場廃水には、浮遊性固形物と溶存性物質が混合する汚染物質が含まれており、その固液分離過程は廃水処理工程の中で重要な一環である。浮遊性固形物の除去のために添加される高分子凝集剤は、スラッジの沈殿性、濾水性、およびフロックの強度特性の改善に寄与し、廃水処理効率の向上およびスラッジの処理費用削減につながるため、最適添加量の決定は最も重要となる。本研究では、製紙工場廃水を対象に、高分子凝集剤の種類や添加方法を変化させ、凝集試験を行った。そして、4つの項目（廃水の電荷密度、CST（毛細管吸引時間）値、フロック強度、COD除去率）を測定し、高分子凝集剤の最適添加量を検討した。試料は、印刷用紙工場（P）、ティッシュ工場（T）、および新聞用紙工場（N）の廃水とし、硫酸アルミニウムでpHを調整した。高分子凝集剤は、カチオンポリアクリルアミド（C-PAM）とアニオンポリアクリルアミド（A-PAM）の2つを使用した。凝集剤の添加方法は、1つの凝集剤を添加する単独添加と2つの凝集剤を添加する混合添加とした。凝集試験は、凝集剤の添加量を変化させて各項目を測定した。

単独添加の凝集試験を行ったところ、電荷密度が（-）であった各廃水は、いずれもC-PAMの添加量の増加によって（+）に近づいた。さらに、いずれの廃水においても、添加量の増加によってCST値は低くなる傾向を示し、脱水性が向上した。また、C-PAMはA-PAMと比較してCST値が低くなった。しかし、高分子凝集剤を単独添加で使用した場合は、脱水性が比較的良好な条件においても、CST値（約20s）とCOD除去率（約70%）が十分でなかったことから、混合添加が必要であると推測された。混合添加の凝集試験を行った結果、廃水試料に違いはあるものの、およそ100~150 ppm（A-PAMは40 ppm以上、C-PAMは60 ppm以上）の添加範囲において、CST値は低くなり、スラッジは良好な脱水性を示した。さらに、同様の添加条件において、フロック強度は14以下と良好な強度範囲であったことから、最適添加範囲であると判断した。また、C-PAMの添加量がA-PAMより多いほうがより効果的であることが明らかとなった。比較的良好な脱水性を示した単独添加と混合添加の条件におけるCOD除去率は、約70%と約90%であり、混合添加は単独添加（C-PAM）よりもCOD除去率が15~20%程度向上した。以上の結果から、製紙廃水処理における高分子凝集剤の添加方法は、単独添加よりも混合添加が効果的であり、混合添加の最適添加範囲はおよそ100~150 ppmであることが明らかとなった。

(3) 霞ヶ浦の長期的藍藻類消失に影響する主要水質因子の推定

鈴木 穰, 柴山 慶行, 岡本 誠一郎

水環境学会誌, **40(2)**, 87-96 (2017).

レビュー：藤井 直人

霞ヶ浦は、栄養塩濃度が高く、富栄養化の進んだ湖沼である。霞ヶ浦における藻類の優占種は、経年的に変化していることが知られている。2011 年には *Microcystis* が優占種となり、様々な環境問題を引き起こしている。これらのことから、藻類優占種を変遷させる因子を特定することは重要であるが、明確な原因究明に至っていないのが現状である。そこで本研究では、霞ヶ浦の藍藻類調査データと水質調査データを用いて、藍藻類の種類変遷に関係する主要な水質因子について検討した。藍藻類調査データは、国立環境研究所の霞ヶ浦湖心における藍藻類堆積密度を使用した。また、水質調査データは、国土交通省の霞ヶ浦の水質調査データを使用した。さらに、水質に影響する環境因子を検討するため、霞ヶ浦湖心の水位データ等も同時に比較した。まず、霞ヶ浦の湖心における藍藻類堆積密度と水質調査データおよび水表面、水深 3 m、底泥表面で測定した DO 濃度を比較することにより、①藍藻類の種類変遷に影響する水質因子を検討した。次に、水質調査データと水位データを比較することにより、②水質への影響因子の特定を行った。また、これらのデータを用いた主成分分析により、③各水質データおよび水位データ間の関係性を調査した。全ての結果を合わせて、藍藻類の種類変遷を起こした因子を考察した。

①の結果、藍藻類は、底泥表面 DO 濃度の低下がみられる夏季に増殖したが、底泥表面の DO 濃度が年間を通じて高く保持される期間は、増殖が抑制される傾向を示した。②の結果、霞ヶ浦の水位低下に伴い海水が流れ込み、夏季は滞留して低 DO 化を引き起こし、秋季には水温低下に伴う上下循環によって滞留が消失し、DO 濃度が回復したことが示唆された。また、藍藻類の増殖が抑制された期間では、無機態窒素 (IN)、リン酸態リン ($\text{PO}_4\text{-P}$)、溶解性鉄 (D-Fe) の濃度が高く、溶解性マンガン (D-Mn) 濃度が低いことから、D-Mn が増殖の影響因子として働いている可能性がある。D-Mn 濃度の低下は、底泥表面の Mn^{2+} が、微生物学的酸化反応をしたためと考えられる。③の結果、霞ヶ浦の水位低下によって海水が流入し、塩化物イオン濃度を上昇させていることが示唆された。さらに、海水の流入が原因となって底泥表面 DO 濃度が低下する可能性も示唆された。以上の結果から、藍藻類優占種の変遷は、D-Mn が影響因子であると推察され、霞ヶ浦においては、海水の流入が最も有力な環境因子であると考えられる。

第 294 回雑誌会

(July. 19, 2018)

(1) Physically based soil erosion and sediment yield models revisited

Pandey, A., Himanshu, K. S., Mishra, S. K., Singh, P. V.

Catena, **147**, 595-620 (2016).

Reviewed by Y. Kanayama

人口増加による土地利用の変化で生じた土壌侵食は、農業生産性を低下させるため世界的に問題となっている。そのため、土壌侵食に対して有効な対策を講じる必要がある。土壌侵食量のモデリングは、土地利用や気候などの多様な環境の変化に対する土壌侵食量を予測できるため、対策における意思決定に貢献出来る。これまでに、多数の土壌侵食量の予測を目的としたモデルが開発されているが、モデル間の適用条件や特徴の違いについては整理されていない。そこで本研究では、これまでに開発されたモデルを紹介し、その適用条件と特徴について議論した。

これまでに開発されたモデルの調査を行ったところ、50 個のモデルが開発されており、SWAT モデル、WEPP モデル、AGNPS モデル、ANSWERS モデル、および SHETRAN モデルが広く用いられ、有用なモデルであることがわかった。SWAT モデルは、アメリカで開発された物理型モデルであり、大規模な河川流域において河川流量、土壌侵食量、および浮遊物質量の予測が可能なモデルである。すでに、SWAT モデルは世界各国で適用されており、高い予測精度が実証されているが、高水時における予測精度に課題があることが報告されている。WEPP モデルは、土砂生産量や土壌侵食量の予測に広く用いられるモデルであり、世界中の多様な地理的条件の地域での適用実績を有する。WEPP モデルは、多くの入力データを要するため、フィールド調査や豊富なデータの入手が可能な流域への適用が有意義である。AGNPS モデルは、河川流量、浮遊物質負荷量、栄養塩負荷量の予測が可能なモデルであり、世界各国の流域管理計画への貢献事例が多数報告されている。ANSWERS モデルは、河川流量、土壌侵食量、浮遊物質負荷量、および栄養塩負荷量の予測が可能なモデルである。これまでに世界各国で適用されているが、降雨の空間分布や土壌水分量の推定に影響されて、土壌侵食量の予測精度が低下することが報告されている。SHETRAN モデルは、河川流域における土砂生産量と栄養塩負荷量の予測が可能なモデルである。SHETRAN モデルは、イギリスで開発された物理型モデルであり、さまざまな国で用いられ高い実用性が報告されている。使用目的に応じて適切なモデルを選択するためには、それぞれのモデルの特徴を理解する必要がある。今後は、モデルの性能向上によってより効果的な土壌侵食対策への寄与が期待される。

(2) Diversity, abundance, and persistence of antibiotic resistance genes in various types of animal manure following industrial composting

Qian, X., Gu, J., Sun, W., Wang, X., Su, J and Stedfeld, R.

Journal of Hazardous Materials, **716-722**, 344 (2018).

Reviewed by H. Hiroki

畜産場における薬剤耐性遺伝子 (ARGs) の多様性や存在量の調査は、最適な動物管理の方策を決定する為の重要な指標となり得る。畜産動物のふん便は、堆肥化された後にリサイクルされ、環境中で再利用される。また、畜産動物のふんの堆肥化前後における ARGs の存在量が変化することも知られており、その変化は飼料に含まれる重金属や環境因子の影響を受けている可能性がある。そこで本研究では、主要な畜産動物 (ウシ, トリ, ブタ) のふん便を対象として、堆肥化前後における ARGs の存在量を調べ、可動遺伝子 (MGEs), 環境因子, あるいは重金属との関係性を調査した。試料は、陝西省の 12 の農場 (養豚場 : 3 舎, 牛舎 : 4 舎, 鶏舎 : 5 舎) から、畜産動物のふん便, および各動物に由来する堆肥をそれぞれ 5 つ以上収集した。全試料から DNA を抽出した後、細菌の 16S rRNA, 284 種類の ARGs, および 10 種類の MGEs を対象とし、qPCR 法によって定量した。その後、細菌の 16S rRNA のコピー数に対する各 ARGs のコピー数から ARGs の存在割合を調べた。検出した ARGs について、ネットワーク解析を用いて、遺伝子間の相互作用を調査した。次に、各試料中の pH, 有機物総量, および全窒素含有量, 重金属量を測定し、冗長性分析 (RDA 分析) によって、ARGs との関係性を調査した。

畜産動物のふん便, および堆肥からそれぞれ、109 種類, および 85 種類の ARGs が検出された。ウシ, トリ, およびブタのふん便における ARGs の濃度は、それぞれ 0.08-0.28%, 1.71-3.07%, および 0.54-1.49% であり、トリとブタはウシと比較して有意に高い値を示した。また、ウシ, トリ, およびブタ由来の堆肥における ARGs の濃度は、それぞれ 0.06-0.52%, 0.08-0.36%, および 0.11-1.17% であった。この結果から、トリとブタのふん便は、堆肥化することによって ARGs の存在割合が低くなることがわかった。さらに、トリの試料において、堆肥化による ARGs の除去率が高いことが確認された。また、ネットワーク解析の結果、*dfrA1*, *catB3*, *bla_{OXA-1}*, および *tetT* は、多くの遺伝子との同時検出における相関が高かった。次に、RDA 分析の結果、試料中に含まれる MGEs, 全窒素含有量, Cu の存在量多いほど、ARGs の存在量が多くなることが示唆された。以上の結果から、畜産動物のふん便の堆肥化は、ARGs の除去を可能とし、公衆衛生上のリスクを低減させる可能性があり、各種動物の飼育管理において重要な情報となり得る。

(3) 出し平ダム排砂における濁水の 1 年後の特徴

田崎 和江, 白木 康一, 今西 弘樹, 朝田 隆二, 脇元 理恵, 佐藤 和也

日本粘土学会論文誌, **46(1)**, 46 - 60(2007).

レビュー： 堤 哲也

富山県黒部川に設置されている出し平ダムにおいて、1991 年から毎年、排砂および通砂が行われている。ダムにとって排砂は必要不可欠であるが、濁水の発生による下流域の環境変化と漁業への影響が問題となっている。このことから、濁水の状態を把握することは重要である。そこで本研究では、2005 年の排砂時の水質測定結果と、その時に採取した濁水および堆積物の 1 年後（2006 年 6 月）の変化について化学的、粘土鉱物学的、および微生物学的な視点から調査した。調査は、黒部川にかかる山彦橋と下黒部橋において、2005 年 6 月 29 日 17:00 から 30 分ごとに各水質項目（pH, 酸化還元電位 Eh, 溶存酸素 DO, 電気伝導度 EC, および水温）を測定した。試料は、排砂時による濁水と堆積物を採取した。濁水試料は排砂翌日と 1 年後に再度水質測定を行い、水質の変化を比較した。また、濁水中の懸濁物質と堆積物について、NCS 元素分析、光学顕微鏡観察、蛍光 X 線分析 (XRF), X 線粉末回折分析 (XRD), および電子顕微鏡観察 (SEM, TEM, EFTEM) を用いて濁水の水質変化を比較した。

水質測定を行った結果、山彦橋と下黒部橋における 1 年後の濁水は、DO 値が減少し、EC と SS が増加した。1 年後の河川水と堆積物 12 試料のうち、自然流下時である 2 試料（17:30, 18:00）の容器内部に赤褐色のバイオフィームが確認された。そこで、光学顕微鏡と電子顕微鏡を用いてバイオフィームを観察した結果、多量の微生物、細菌、粘土、ミネラル、および微生物の代謝産物であるフェリハイドライドが確認された。堆積物には N, C および S が多く含まれていた。化学組成は Al, Si および Fe を主とし、Mg, S, P, K, Ca, Ti, Mn も検出された。また、1 年後の濁水試料中の懸濁物質について、XRD 分析を行った結果、石英、長石類、亜硫酸塩、スメクタイト、雲母粘土鉱物およびカオリン鉱物が同定した。さらに、ゼオライト (Al/Si 比) も、同定された粘土鉱物組成と強い相関を示した。堆積物の電子顕微鏡観察の結果、多量の微生物と細菌が確認された。微生物が豊富であったことから、1 年後の堆積物には還元状態である有機物の存在が示唆された。また、微生物の風化で長石類が浸蝕されて微粒子に多量の鉄微粒子の存在が認められた。以上の結果から、ダム排砂によって、1 年後の出し平ダムのダム濁水と堆積物は、細菌や微生物が酸素を消費し還元状態を作り出し、ダム底部が無酸素状態になっていることがわかった。有機物が増えることによって、ヘドロ発生などの悪循環につながるものが危惧される。

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。

第 296 回雑誌会

(Aug. 3, 2018)

(1) Precipitation influences pathogenic bacteria and antibiotic resistance gene abundance in storm drain outfalls in coastal sub-tropical waters

Ahmed, W., Zhang, Q., Lobos, A., Senkbeil, J., Sadowsky, M. J., Harwood, V. J., Saeidi, N., Marinoni, O. and Ishii, S.

Environment International, **116**, 308-318 (2018).

Reviewed by A. Jikumaru

雨水流出水が微生物に汚染されていると、それらが水環境に流入し、水生生物やヒトの健康を脅かす可能性がある。しかしながら、雨水流出水に関する微生物学的知見は少なく、特に病原体や薬剤耐性遺伝子 (ARGs) などを網羅的に調査した事例はない。そこで本研究では、雨水流出水を対象に、分析能力が高い microfluidic qPCR (MFQPCR) 法によってふん便指標細菌 (FIB)、病原細菌、および ARGs を定量した。さらに、これらと下水に関連する遺伝子マーカー (*Bacteroides* HF183, crAssphage), および培養法によって検出された FIB との関係性を検討した。調査は、2017 年 7 月の干天時および荒天時において、フロリダ州タンパベイに位置する 12 箇所の雨水放流口 (SW1-7: 住宅地域, SW8-12: 商業地域) から合計 24 の水試料を採取した。採取した試料から DNA 抽出後、2 種類の FIB および 11 種類の病原細菌の特異遺伝子と、47 種類の ARGs を MFQPCR 法によって定量した。次に、HF183, crAssphage, および細菌の 16S rRNA を qPCR 法によって定量した。また、培養法によって FIB である大腸菌と腸球菌を計数した。その後、統計解析によって、それぞれの関係性を明らかにした。

MFQPCR 法, qPCR 法, および培養法によって定量した微生物パラメーターの濃度の多くは、干天時より荒天時で高かった。MFQPCR 法によって定量された病原細菌は、*Clostridium perfringens* (16S rRNA, *cpe*), 腸内病原性大腸菌 (*eaeA*), *Salmonella* spp. (*invA*), および *Legionella pneumophila* (*mipA*) のみであり、特に *eaeA* 遺伝子は荒天時において干天時より頻繁に検出された。ARGs は、47 種類中 35 種類が検出され、中でも *intI1*, *sul1*, *tet(A)*, *merA*, *strB*, *bla_{SHV}*, および *qacF* の検出率は 85% 以上であった。次に、統計解析を行ったところ、*eaeA* 遺伝子と 2 種類の FIB (培養法) は、17 および 19 種類の ARGs と有意な正の相関を示した ($p > 0.05$)。また、HF183 および crAssphage は、8 種類の ARGs (*acrD*, *ampC*, *chrD*, *nikA*, *strB*, *sul1*, *tet(M)*, *tet(L)*) と有意な正の相関を示した ($p > 0.05$)。これは、下水道インフラの老朽化などによって、放流水が下水の影響を受け、ARGs が混入したと考えられる。以上のことから、降雨によって雨水放流口の病原細菌や ARGs の濃度が高くなり、地表水の汚染に寄与していることが示唆された。

(2) Clay mineral distribution in surface sediments of the northeastern South China Sea and surrounding fluvial drainage basins: Source and transport

Liu, Z., Colin, C., Li, X., Zhao, Y., Tuo, S., Chen, Z., Shiringan, F., Liu, J., Huang, C., You, C., and Huang, K.

Marin Geology, 277, 48-60 (2010).

Reviewed by A. Miyazono

西太平洋最大の海域である南シナ海（SCS）は、様々な沿岸流の影響を受けている。また、沿岸流によって輸送された土砂による環境への影響が注目されている。南シナ海における大規模、かつ高密度な堆積物試料の調査は、堆積物起源の特性、および輸送の解明に不可欠である。そこで本研究では、南シナ海北東部における粘土鉱物の分布特性、および周辺河川領域と堆積物の起源と輸送の関係を調査した。試料は、南シナ海北東部と周辺河川流域から採取した堆積物 317 試料とした。各試料について、X 線回折（XRD）分析を行い、粘土鉱物を同定した。さらに、同定された粘土鉱物について、試料間の類似性を評価を行い、南シナ海における 9 つの地域（Ⅰ：ルソン海峡、Ⅱ：南シナ海東部、Ⅲ：南シナ海西部、Ⅳ：珠江川、Ⅴ：台湾沖合、Ⅵ：ルソン島沖合、Ⅶ：台湾の河川、Ⅷ：パール川、Ⅸ：ルソン島の河川）を対象に、粘土鉱物の起源推定と輸送特性について検討した。

2 μm 以下の粒子に対して XRD 分析を行った結果、イライト、カオリナイト、クロライト、およびスメクタイトが同定された。同定された粘土鉱物について、分布特性を調査した結果、スメクタイトは、ルソン島沖合（> 70%）で高い存在割合を示し、台湾の沖合と珠江沖合では低い（< 5%）存在割合を示した。また、イライトとクロライトは、台湾南部（> 85%）で高い存在割合を示した。さらに、カオリナイトは、珠江川で 46%と多く存在していた。南シナ海北東部における河川の主要な粘土鉱物について調査した結果、ルソン川、台湾の河川流域、および珠江川は、それぞれスメクタイト、イライトとクロライト、およびカオリナイトであった。3 つの河川流域と南シナ海北東部について、流体力学的環境から粘土鉱物の輸送の影響を次のように考察した：①スメクタイトは黒潮の影響を受け、南シナ海北東部全体に輸送される、②イライトとクロライトは、二つの海流（深海流と大陸流）の影響を受け、台湾の河川流域から南西へ輸送される、③カオリナイトは、河川の流下と広東の沿岸流の影響を受けて輸送される。以上の結果から、南シナ海北東部における粘土鉱物の起源と輸送特性は、河川の流下や沿岸流によって、南シナ海北東部全体に輸送されることが示唆された。

(3) Water quality of the beach in an urban and not urban environment

Villacampa, Y., Lopez, I., Aragones, L., Garcia, C., Lopez, M. and Palazon, A.

International Journal of Sustainable Development and Planning. **12(4)**, 713-723 (2017).

Reviewed by T. Kuroda

ビーチの安全性を評価するための指標として、大腸菌と腸球菌がある。海水や砂浜中の細菌の濃度は、砂浜を構成する堆積物の種類やビーチ周辺の土地利用が影響することが知られている。そこで本研究では、スペインのビーチを対象として、海水中の大腸菌と腸球菌の濃度がビーチの周辺の環境要因（海岸の堆積物組成、ビーチ周辺の土地利用、ビーチが属する州、自治区、人口、人口密度）に依存するか否かを調査した。調査は、2012年から2015年において、スペインに位置する5つの海域（北地中海、南地中海、海峡地域、大西洋、カンタブリア海）を対象に実施した。海水中における大腸菌と腸球菌の濃度は、Nayade からデータを取得し、欧州指令、および勅令の方法に準じて統計処理を行った。なお、細菌の濃度は95%信頼区間で算出した。また、MAGRAMAによって、各ビーチの堆積物組成（砂、砂と砂利、砂利）とビーチ周辺の土地利用（都市：都市中心に位置する、やや都市：市町村に位置する、自然：隔離する）をそれぞれ3タイプに分類した。さらに、INEのデータベースによって、人口のデータを、SPSS20.0統計によって、人口密度のデータを取得した。その後、ANOVA検定によって、細菌間、あるいは各細菌の濃度と環境要因との相関を調べた。

5つの海域における大腸菌と腸球菌の濃度の相関は、 R^2 値で平均 0.835 であり、高い相関を示した。土地利用、および堆積物組成の相関を大腸菌/腸球菌の平均比率で数値化すると、それぞれカンタブリア海 (2.23)、自然 (1.88)、および砂利 (1.90) が最も高い値を示した。そこで、細菌の濃度と環境要因の相関関係を分析したところ、ほとんどの環境要因は有意な相関が確認されなかった。次に、海水中の各細菌の平均濃度と堆積物組成との関係性を調べたところ、砂、および砂利のみのビーチにおける大腸菌の濃度は、93.9 CFU/100 ml, 48.0 CFU/100 ml, 腸球菌の濃度は47.6 CFU/100 ml, 29.3 CFU/100 mlであった。また、ビーチ周辺の土地利用との関係性を調べたところ、都市、やや都市、および自然における大腸菌の濃度は、93.76 CFU/100 ml, 89.00 CFU/100 ml, 60.00 CFU/100 ml, 腸球菌の濃度は49.76 CFU/100 ml, 41.00 CFU/100 ml, 35.90CFU/100mLであった。これに対して、細菌の濃度と人口、および人口密度との関係性は確認されなかった。以上のことから、海水中の細菌の濃度は、堆積物組成とビーチ周辺の土地利用に依存することがわかった。

第 297 回雑誌会

(Aug. 10, 2018)

(1) レーダー・アメダス解析雨量を用いた中規模河川流域の流出 解析と降雨特性分類に基づく検証

石塚 正秀, 吉田 秀典, 宮崎 孟紀

土木学会論文集 B, 66, 35-46 (2010).

レビュー：中尾 彰吾

近年、気候変動に伴う局所的豪雨や集中豪雨によって河川の外水氾濫が頻発している。そのため、降雨量の空間分布を考慮した河川の流出解析が必要である。一方、レーダー・アメダス解析雨量 (RAP) は、アメダス雨量 (AP) では把握できない局所的な雨量の解析が可能のため、河川の流出解析に有用なツールである。そこで本研究では、香川県の綾川流域 (137.5 km²) を対象として、分布型流出モデルとレーダー・アメダス解析雨量を用いた流出解析を行った。AP データは、綾川流域内に位置する 2 つの観測所 (竜王山、滝宮) のデータを用いた。落水線は、国土数値情報の 50 m メッシュ標高データを用いて決定した。土地利用データは、国土数値情報のデータを用いた。RAP と流出解析の解像度を一致させるため、距離逆相関法を用いて位置補正と空間補間を同時に行った。AP と RAP の解析結果の比較のために、AP のみを用いた流出解析 (case1), RAP のみを用いた流出解析 (case2) をそれぞれ行った。さらに、降雨特性とピーク流量の関係を考察するために、降雨特性を流域平均累積雨量の差 (AP - RAP) の大小からタイプ A : 流域平均累積雨量の差が大きい時, タイプ B : 流域平均累積雨量の差が小さい時, タイプ C : 局所的で強い雨の時の 3 つに分類した。解析期間は、2002 年 1 月 1 日 0 時から 12 月 31 日 24 時までとした。流出解析の評価は、相対誤差を用いた。

AP と RAP の各解析結果と実測値の相対誤差を比較したところ、case2 の河川流量の推定精度は、case1 と比較して、30~60%高いことがわかった。このことから、小規模の河川流域において RAP データを用いた流出解析は有用であることがわかった。降雨特性とピーク流量との関係を考察した結果、タイプ A において、RAP による流域内の平均総雨量は相対的に少なく、洪水ピーク流量の推定精度の大きな向上が見られた。タイプ B では、流域平均累積雨量の差が小さいことに関わらず、ピーク流量の推定精度に差異が見られた。このことから、流域平均累積雨量の差異が小さくても、降雨空間分布の差異はピーク流量の推定精度に影響を与えることがわかった。タイプ C において、平均累積雨量は AP よりも RAP が多い。しかし、case2 における洪水ピーク流量は過小評価であった。これらのことから、局所的豪雨に伴う洪水ピーク流量の推定には、降雨空間分布の正確なデータを入手する必要があると考えられる。

(2) クオリボックス™ Q7 システムを用いた食品からの腸管出血性大腸菌の迅速検出法の検討

森 哲也, 畑 ますみ, 渡辺 晃正, 岩出 義人, 和田 真太郎, 難波 豊彦, 遠山 一郎,

大熊 周平, 上橋 健三, 小沼 博隆, 伊藤 武

日本食品微生物学会雑誌, 31(4), 194-203 (2014).

レビュー: 清水 宏樹

食中毒原因菌である腸管出血性大腸菌 (EHEC) の検出方法は, 主に血清群 026, 0111, および 0157 が対象である。しかしながら, 0103 や 0145 を原因とした事例もあり, 上記以外の O 血清群を考慮した検査法が必要となる。そこで本研究では, EHEC の主要な血清群を検出可能であるクオリボックス™ Q7 システム (以下, BAX システム) を用いて, 特異性および検出感度を調べ, その有用性を検討した。供試菌株は, 2009 年 4 月から 2014 年 8 月の間に, 保菌者から分離された EHEC (98 株) とした。検出の特異性を確認するため, 濃度を 10^8 CFU/ml に調整した EHEC またはそれ以外の細菌 (9 種類) を対象に, BAX システムによって 2 種類の特異遺伝子 (*stx*, *eae*) と血清群の検出を行った。次に, 牛ひき肉またはレタスを液体培地に浸し, 培養後, 0157 菌株を各濃度 (10^2 – 10^8 CFU/ml) となるように添加した試料について, 同様に試験を行った (感度試験)。さらに, BAX システムと, CT-SMAC 寒天培地または CHROMagar STEC 寒天培地を用いた 2 種類の分離培養 (直接塗抹法, 免疫磁気ビーズ法) によって, *stx* と O 血清群の検出を 4 機関で行った。検出には, 3 種類の血清群 (026, 0111, 0157) の菌株を各濃度 (高菌量接種: 106–223 CFU/25g, 低菌量接種: 21–45 CFU/25g, 非接種) で添加した牛ひき肉試料またはレタス試料を用いた。

全 98 株の供試菌において, *stx* と *eae* が検出され, O 血清群も正しく判定された。次に, 感度試験を行った結果, 牛ひき肉試料とレタス試料の *stx* の検出限界は, それぞれ 1.8×10^2 CFU/ml と 1.8×10^3 CFU/ml であった。また, *eae* の検出限界は, 両試料ともに 1.8×10^3 CFU/ml であった。BAX システムを用いて 4 機関で検出試験を行ったところ, *stx* は全条件で検出され, O 血清群は低菌量接種のレタス 1 試料 (0157) のみで陰性判定であった。これに対して, 分離培養で検出したところ, 血清群 0111 では, 直接塗抹法で培養した牛ひき肉試料は, 低菌量接種と高菌量接種の両方で判定率 75% であった。血清群 0157 では, 免疫磁気ビーズ法で培養したレタス試料が低菌量接種で判定率 50% であった。このように, 分離培養では O 血清群の偽陰性判定が確認された。BAX システムは, *stx* と主要な O 血清群のスクリーニングが可能であり, 分離培養と比較して判定精度が高い。以上のこ

とから、BAXシステムはEHECの迅速検出に有用であることが示唆された。

(3) Antibiotic resistant along an urban river impacted by treated wastewater

Lorenzo, P., Adriana, A., Jessica, S., Carles, B., Marinella, F., Marta, L.

Science of the Total Environment, **628-629**, 453-466 (2018).

Reviewed by H. Xie

Antibiotic resistant (AR) bacteria are considered as a form of pollution in sewage and they are released into the river to impact water environment. Urban rivers are impacted ecosystems which may play an important role for bacteria simultaneously. The main objective of this study was to describe the prevalence of antibiotic resistance along a sewage-polluted urban river. Seven sites (Z1, Z3, Z4, Z5, Z8, Z9 and Z11) along the Zenne River (Belgium) were selected to study the AR *Escherichia coli* and freshwater bacteria over a 1-year period. The zero is arbitrarily set at station Z1 and increases from upstream to downstream. The Zenne watershed is characterized by agricultural activities in its upstream part and urbanization downstream part. Four sampling campaigns were conducted in 2016, one per season with different hydrological conditions. In particular, sampling campaigns were undertaken in January, April, July and November. The sampling in each season were carried out during 2 subsequent days after at least 3 days of dry conditions. Triplicate water samples were collected from the river channel. The qPCR method is used to estimate *E. coli* and heterotrophic bacteria resistant to amoxicillin (AMX), sulfamethoxazole (STX), nalidixic acid (NAL) and tetracycline (TET).

After experiment, the lowest value is observed at Z3 where *E. coli* abundance was on average $1.76 \times 10^5 \pm 1.98 \times 10^5$ CFU L⁻¹ and peaked at Z9 with values reaching $1.38 \times 10^6 \pm 1.54 \times 10^6$ CFU L⁻¹. Furthermore, the main source of AR *E. coli* to the Zenne is the discharge of treated effluents to the main river course and fecal contamination was high upstream of both wastewater treatment plant. The origins of this contamination can be ascribed to three main factors: i) the release of the effluents from three relatively small WWTPs; ii) the runoff on pastured areas and iii) the effluents from farms with intense breeding

activities in the upstream watershed. And the resistance to the antibiotics tested tended to increase from upstream to downstream sites but in most cases the increase was not significant. Notably, STX was found at a high frequency and STX was detected in all the Z5 samples. TET was the most frequently detected antibiotic in the Zenne River, with concentrations increasing from upstream to downstream sites and peaking at Z9.

第 298 回雑誌会

(Aug. 24, 2018)

(1) ケミカル圧入法が適用された石油随伴水に対する効果的な凝集剤の検討および オマーンにおける連続処理試験

小島 啓輔, 田崎 雅晴, 岡村 和夫, Mark Sueyoshi, Rashid S. Al-maamari
石油学会論文誌, **57**(6), 276-286 (2018).

レビュー：角 領将

原油生産時に発生する石油随伴水 (PW) は、産油国共通の廃棄物である。また、産油国の一つであるオマーンでは、石油増進回収技術として増粘剤を注入するケミカル圧入法が適用されている。ケミカル圧入法が適用された石油随伴水 (PFPW) は、従来の PW とは水質が異なるため、従来の処理条件では良好な処理が得られないことが考えられる。そこで本研究では、PFPW に効果的な凝集処理技術を確立することを目的とし、PFPW に対する 2 つの凝集剤 [ポリ塩化アルミニウム (PAC), 硫酸バンド (AS)] の凝集効果を検討した。PW, 増粘剤を混合した PW および PFPW-1 を対象に、各凝集剤の添加濃度を変化させ、凝集試験を行った。そして、濁度によって処理効果を比較した。次に、水道水または超純水に増粘剤、重油、 NaHCO_3 、および NaOH を様々な濃度で添加し、模擬 PFPW を作成し (19 条件)、上記と同様に凝集試験を行った。TOC 除去率、油分除去率、濁度、および目視によって、凝集効果に対する各因子 [増粘剤、油分、アルカリ度、全無機炭素 (IC)] の影響を評価した。また、オマーンのパイロットプラントにおいて、事前に現場の PFPW-2 に対する凝集剤の選択および最適添加濃度を検討後、実 PFPW の連続処理試験を行った。なお、ろ過処理での負担を軽減するために二次凝集処理を行った。

PW に対する凝集効果は、PAC が AS より効果的であったが、増粘剤を混合した PW および PFPW-1 では、PAC よりも AS の凝集効果が高くなった。模擬 PFPW を用いた凝集試験では、 NaHCO_3 と増粘剤の両者を添加した試料においてのみ、AS の方が PAC よりも凝集効果が高かった。また、増粘剤と NaOH を添加した試料では、PAC が AS よりも高い凝集効果を示した。このことから、随伴水に含まれる IC と増粘剤の共存によってのみ、AS が PAC より効果的に作用することが明らかとなった。これらの知見をもとに、実 PFPW の連続処理実験を実施した。現場の PFPW-2 に対しては、PAC よりも AS が高い凝集効果を示し、最適添加濃度は 700 mg/L であった。また、二次凝集処理に使用する最適添加濃度は 90 mg/L となった。パイロットプラントの連続処理試験では、AS の最適添加量下において、 COD_{Mn} や油分および濁度は 90%以上除去され、良好に処理できることが明らかとなった。これらのことから、事前の条件設定試験で適切な AS 添加濃度を検討することが重要である。

(2) ダム貯水池底層における嫌気層の形成と障害の発生

今本 博臣，高玉 はるか，太田志 津子，古里 栄一
ダム工学, **25(2)**, 89-98 (2015).

レビュー：藤井 直人

ダム貯水池の底層が嫌気化すると、底泥から重金属の溶出や硫化水素の発生等が生じる。この抑制対策として、富栄養化したダム貯水池では、底層に酸素を供給する深層曝気設備を採用している。しかし、ダムの定期モニタリング調査によると、貧栄養のダム貯水池においても底層が通年嫌気化する事例がある。そこで本研究では、ダム貯水池における底層が嫌気化する条件、および嫌気化に伴う硫化水素臭障害の可能性について検討した。調査は、水資源機構の管理する水温躍層が形成されている 17 ダムを対象とした。調査項目は、DO、水温、および電気伝導度の 3 項目を表層から湖底まで鉛直方向に 1 m ピッチで測定した。また、貯水池総リン濃度は表層 0.5 m 水深、硫化水素臭は底層から 1 m 上層で測定した。調査対象のダムは、 $DO < 2 \text{ mg/L}$ を嫌気化の基準とし、通年嫌気化ダム（年間 9 カ月以上嫌気化）、夏から冬嫌気化ダム（年間 6～9 カ月嫌気化）、秋から冬嫌気化ダム（年間 1～3 カ月嫌気化）、および通年好気化ダム（年間 1 カ月未満嫌気化）の 4 つに分類した。富栄養化の程度、および湖底から洪水時に放流する設備（洪水吐）までの水深と底層嫌気化状態を比較することによって、ダム貯水池嫌気化の条件を検討した。次に、ダム貯水池において硫化水素臭障害が生じた事例と、各ダムの湖底から洪水吐までの水深を比較することによって、硫化水素臭障害の発生条件を検討した。

DO と水温の比較から、各ダムで発生した嫌気層の水深帯は、上層の水温から算出される密度よりも下層の水温から算出される密度の方が軽くなる現象（逆転水温層）の水深帯とおおむね一致した。この逆転水温層形成の原因は、地下水の湧出による可能性が高い。同様に、DO と電気伝導度の比較から、各ダムで発生した嫌気層の水深帯は、高電気伝導度層の水深帯とおおむね一致した。高電気伝導度層が形成される原因は、表層から沈降した藻類の溶出、底泥からの重金属の溶出、地下水の湧出などが要因として考えられる。また、ダム貯水池の総リン濃度が同程度であれば、底層は、湖底から洪水吐までの水深が深いほど、嫌気化状態になりやすいことが示唆された。硫化水素臭障害の発生事例を比較した結果、洪水吐までの水深が浅いダム貯水池では、底層の嫌気化によって発生した硫化水素が洪水時に放流されることで、硫化水素臭障害が発生しやすい可能性が示唆された。以上の結果から、貧栄養ダム貯水池においても底層嫌気化の実態を検討し、その対策方針を立案すべきである。

(3) 佐波川における底生動物量の空間分布予測モデルの構築

赤松 良久, 一松 晃弘, 乾 隆帝, 河野 誉仁

土木学会論文集 B1(水工学), **72(3)**, 78-87 (2016).

レビュー：有働 祐也

国内外において、河川に生息する底生動物相や群集と環境条件の関係性が盛んに研究されており、底生動物は環境指標として有効であることが明らかとなっている。一方で、環境の変化に対する底生動物量の変化について定量的に検討した研究例は少ない。そこで本研究では、山口県の佐波川を対象として、流れ場の変化に応じた底生動物量の変動予測が可能なモデルを用いて、堰による取水が河川内の底生動物量に与える影響を明らかにすることを目的とした。調査は、底生動物量の季節変化を明らかにするための季節変動調査、ならびに底生動物と環境条件の関係性を明らかにするための空間分布調査を行った。季節変動調査は佐波川本流の4地点を対象に、1か月に1回程度の頻度で、2014年4月～2015年3月にかけて実施した（計11回）。調査項目は、底生動物量と、採取箇所の流速・水深である。空間分布調査は、2014年12月11日、12日、および19日に、佐波川本流の35地点において実施した。調査項目は、河床材料と底生動物、流速、水深である。生物量予測モデルの構築は、空間分布調査結果を対象とした。目的変数には各分類群の乾燥重量、説明変数には流速、水深、河口からの距離、64 mm以上の礫の平均中径、64 mm未満の河床材料に占める砂分率(%)を設定し、一般化線形モデル（GLM）を構築した。そして、取水による生物量への影響を見積もるために、流れ場の計算ソフトウェアであるiRICソフトウェアを用いて、取水が行われている場合と、行われていない場合の流れ場を算出し、そこに生物量予測モデルを外挿した。

季節変動調査によって、非増水期（10月～3月）に底生動物量が多いことが明らかになった。このことから、生物量空間分布予測モデルは、12月を対象として構築した。全35地点の合計値で見ると、重量比が大きい上位4分類群（ヒゲナガカワトビケラ科、シマトビケラ科、ヒラタドロムシ科、トンボ目）で全底生動物量の約90%を占めることが明らかになった。これら優占4分類群を解析対象として、それぞれの乾燥重量と物理環境との関連性を明らかにするためのモデルを構築した。その結果、各説明変数の係数が統計的有意（ $P < 0.1$ ）であり、4分類群全てでのモデル構築が可能であった。河川水理計算を用いた解析では、取水によって流量が約12%減少し、それによって底生動物量の約4%が減少することが予測された。これらの結果から、佐波川水系における堰による取水は、非増水期の底生動物量に負の影響を及ぼしているが、流量の減少率と比較すると、その影響は小さいことが示唆された。

第 299 回雑誌会

(Aug. 31, 2018)

(1) Persistence of bacterial pathogens, antibiotic resistance genes, and enterococci in tidal creek tributaries

Jones, C. E., Maddox, A., Hurley, D. and Barkovskii, A. L.

Environmental Pollution, **240**, 875-883 (2018).

Reviewed by A. Jikumaru

水環境において、微生物学的汚染物質である水系病原体、薬剤耐性微生物、および薬剤耐性遺伝子（ARGs）の残留性と貯留域を特定することは重要である。これら汚染物質の残留性に関する研究の多くは、人工的に作られた環境条件下で実施しており、自然環境を再現できているとは限らない。そこで本研究では、実際の自然環境である小川に、微生物が通過できない拡散チャンバーを設置し、水と栄養素を通過させ、病原遺伝子（VGs）および薬剤耐性遺伝子（ARGs）の残留性を検討した。調査は、2014年12月から2015年3月において、アメリカのサペロ島に位置する小川であるOakdale Creekの上流、中流の塩沼、および河口で実施した。試料は、以前の研究で複数のVGsおよびARGsが検出されている上流部の水試料とした。試料採取後、試料を拡散チャンバー内に移し、各地点の水深2-3 mに設置した。拡散チャンバー内の試料は、期間中の満潮時に6回採取し、DNA抽出を行った。その後、qPCR法によって以下の細菌の特異遺伝子、VGs、およびARGsを定量した：腸球菌 (*Entero-1*)、病原性大腸菌 (*set1B*, *eaeA*, *stx1*)、病原性大腸菌および赤痢菌 (*ipaH*)、サルモネラ (*invA*)、8種類のテトラサイクリン耐性遺伝子。次に、統計解析によって、各遺伝子の平均分解率を算出した。さらに、各遺伝子の濃度と水質項目との相関関係を明らかにした。

標的遺伝子の残留性は、上流、塩沼、河口の順に低下した。上流において、*Entero-1*, *set1B*, *invA*, *tetB*, および *tetC*, が全期間で検出された（最終濃度： 10^4 - 10^7 copies/mL）。塩沼においては、*Entero-1*が全期間で検出された（最終濃度： 10^3 - 10^4 copies/mL）。また、河口においては、*Entero-1*と*eaeA*が最も高い残留性を示した（2ヶ月間、検出された最終濃度： 10^3 - 10^4 copies/mL）。*Entero-1*は、全地点において最も高い残留性を示し、多くの腸管系病原菌のVGsと傾向が異なった。このことから、指標細菌である腸球菌によって、腸管系病原菌の残留性を予測することは困難であると考えられる。各遺伝子の平均分解率を算出したところ、全標的遺伝子において-0.02から-0.81/dayの範囲で変化し、塩沼および河口の平均分解率は、上流と比較して40倍高かった。水質項目との相関を確認した結果、多くの標的遺伝子は、温度およびpHと正の相関を示し、溶存酸素と負の相関を示した。以上のことから、VGsおよびARGsの残留性は、各遺伝子と各地点の環境によって異なるため、腸管系病原菌やARGsの存在は、代替指標によって予測できないことが示唆された。

(2) 海草場を対象とした環境 DNA と潮流解析に関する - 考察

高山 百合子, 赤塚 真依子, 伊藤 一教

土木学会論文集 B2 (海岸工学), **73(2)**, 1267-1272 (2017).

レビュー：赤星 賢太郎

海域環境の評価において、従来の流動・水質解析等に環境 DNA (eDNA) の情報を取り込むことができれば、評価手法の向上や効率化が期待できる。現在、eDNA の研究は、特定の生物種、あるいは特定の生物群の有無に関する検出技術が向上している。しかしながら、採水の時間や場所の違いによって生物情報量が異なるため、生物量を算出するまでには至っていない。そのため、海域環境の評価に eDNA を適用する場合、海域に流れ出た eDNA 分布を予測し、適切な採水位置の選定をすることが重要である。そこで本研究では、アマモとコアマモが生育する三重県英虞湾を対象として、アマモ場から流れ出る eDNA の流動解析を行い、結果を基に採水地点を選定した後に eDNA の検出を試み、その関係について考察した。アマモとコアマモの eDNA が検出できる地点を推定するため、2016 年 12 月 12 日から 17 日において、平面 2 次元流動解析、ならびに流動解析結果に基づいた eDNA 濃度の移流拡散解析を実施した。次に、2016 年 12 月 17 日において、解析結果を基に設定した 5 ヶ所 (A~E 地点) から水試料 1L をそれぞれ採取した。A 地点や B 地点は岸に近くアマモ場の近傍地点である。その両海岸の中間地点を C 点とし、アマモ場がある入江の流れの出口を D 点とし、そしてアマモ場のある入江 3 ヶ所の流れの合流点となる地点を E 点とした。試料から DNA を抽出した後、海草 16 種の検出が可能な葉緑体の *rbcL* 領域を PCR 法によって増幅した。その後、シーケンス解析によって増幅産物の配列情報を取得し、OTU を作成した後、データベースを基に調査地点に生育する海草の分類と検出を行った。

eDNA の検出を試みたところ、アマモは B、および C 地点から検出された。また、コアマモは A、B、および C 地点から検出され、A 地点では、バラ科やキク科など草花由来の DNA も同時に検出された。一方、D 点と E 点からはアマモ科を含む海草の DNA が検出されず、ブナ科やクスノキ科など樹木由来の DNA が検出された。これは、海草の *rbcL* 領域を対象とした検出方法では、海草と同時に一部の陸上植物の情報が得られることが示唆された。アマモとコアマモの eDNA が検出された A、B、および C 地点において、移流拡散解析から得られた採水時の eDNA の解析濃度は約 14%であった。これに対して、検出されなかった D、および E 点の解析濃度は、それぞれ 9%、および 3%であった。これは、解析濃度と eDNA の検出との間に相関があること示している。以上のことから、eDNA の採水場所の選定に移流拡散解析が有用であることが示唆された。

第 300 回雑誌会

(Sep. 7, 2018)

(1) Antimicrobial resistant Enterobacteriaceae recovered from companion animal and livestock environments

Adams, J.R., Kim, S.S., Mollenkopf, D.F., Mathys, D.A., Schuenemann, G.M., Daniels, J.B and Wittum, T.E.

Zoonoses Public Health, **65**, 519-527 (2017).

Reviewed by H. Hiroki

疾病の治療などに使用される抗菌薬の効果を低減させる薬剤耐性菌，および薬剤耐性遺伝子 (ARGs) は，公衆衛生上問題となる。また，動物が集まる環境において，薬剤耐性菌が蔓延しており，動物を飼育するヒトにも様々な要因を介して伝播する恐れがある。そこで本研究では，多くの動物と飼育するヒトが存在する環境において，拭き取り調査を実施し，AmpC 型 β -ラクタマーゼ (AmpC) 産生菌，基質特異性拡張型 β -ラクタマーゼ (ESBL) 産生菌，カルバペネム耐性腸内細菌科細菌 (CRE)，およびフルオロキノロン耐性菌の存在実態を把握した。試料は，アメリカのオハイオ州にあるペットショップ 17 ヶ所，馬飼育施設 20 ヶ所，農場 18 ヶ所，家畜売買市場 2 ヶ所，および家畜品評会場 5 ヶ所において，静電布を用いて採取した。採取後，第三世代と第四世代のセファロスポリン系薬剤，メロペネム，およびシプロフロキサシンを含有したスクリーニング培地を用いて，AmpC 産生菌，ESBL 産生菌，CRE，およびフルオロキノロン耐性菌を検出した。検出された AmpC 産生菌と ESBL 産生菌について，それぞれの特異遺伝子の *bla*_{CMY} と *bla*_{CTX-M} の保有を PCR 法で確認した。

調査場所における *bla*_{CMY}，*bla*_{CTX-M}，およびフルオロキノロン耐性菌の存在割合は，家畜売買市場で採取した 23 試料中で，それぞれ 87%，48%，および 78%，家畜品評会で採取した 45 試料中で 67%，27%，および 36%，農場で採取した 213 試料中で 39%，18%，および 18% となり，高い値を示した。一方，ペットショップで採取した 303 試料中で 15%，2%，および 5%，馬舎施設で採取した 200 試料中で 17%，6%，および 4% であり，低い値を示した。また，全サンプルにおいて，CRE は検出されなかった。*bla*_{CMY}，*bla*_{CTX-M}，およびフルオロキノロン耐性菌は，家畜売買市場と家畜品評会場において多く検出される傾向を示した。さらに，ESBL 産生菌に特異的な遺伝子である *bla*_{CTX-M} について，その起源を推定するため遺伝子型を確認したところ，*bla*_{CTX-M-1} グループの *bla*_{CTX-M-1} 型が最も多い遺伝子型であることは確認されたが，起源の推定には至らなかった。以上のことから，動物が集まる環境は，高濃度の薬剤耐性菌で汚染されており，環境の表面を介して，動物や飼育するヒトに薬剤耐性菌，およびその遺伝子を拡散する可能性がある。

(2) Modeling soil erosion in a Mediterranean watershed: Comparison between SWAT and AnnAGNPS model

Abdelwahad, O. M. M., Ricci, G. F., De Girolamo, A. M., Gentile, F.
Environmental Research, **166**, 363-376 (2015).

Reviewed by Y. Kanayama

地中海性気候の地域は、土壌侵食が進行しやすい反面、その定量化が困難であることが知られている。一方、SWAT や AnnAGNPS は農業流域における河川流量や土壌侵食量の予測のために開発されたモデルである。しかしながら、これまでに地中海性気候の地域を対象に SWAT と AnnAGNPS の解析結果を比較した研究報告は存在しない。そこで本研究では、イタリア南部に位置する Carapelle 流域 (504 km²) を対象に SWAT と AnnAGNPS を適用し、モデル間の解析結果の比較を行った。モデルの校正期間は、2007 年 1 月 1 日から 2008 年 12 月 31 日とした。モデルの検証期間は、2010 年 1 月 1 日から 2011 年 12 月 31 日とした。解析結果の評価は、決定係数 (R^2)、Nash-Sutcliffe 効率係数 (NSE)、Percent Bias (PBIAS) を用いて行った。さらに、SWAT と AnnAGNPS によって得られた土壌侵食量と、既往の研究でヨーロッパ全域における土壌侵食量の予測をした RUSLE2015 と PESERA によって得られた Carapelle 流域内の土壌侵食量を比較した。RUSLE2015 (空間解像度=100×100 m) は、降雨量や土地利用のデータから年間土壌侵食量を予測するモデルである。PESERA (空間解像度=1×1 km) は、ヨーロッパ全域の長期的な土壌侵食量を予測するモデルである。

検証期間における SWAT の解析結果は、流量 ($R^2 = 0.65$, NSE = 0.65, PBIAS = - 1.75) および土砂流出量 ($R^2 = 0.53$, NSE = 0.51, PBIAS = - 19.58) のいずれも良好な再現性を示した。一方、検証期間における AnnAGNPS の解析結果は、流量 ($R^2 = 0.48$, NSE = 0.52, PBIAS = 22.0) および土砂流出量 ($R^2 = 0.37$, NSE = 0.35, PBIAS = 15.49) のいずれにおいても、SWAT と比較して解析精度が低い傾向が示された。この理由は、AnnAGNPS が基底流出を考慮しておらず、乾季において流量の解析精度が低く、それに伴い土砂流出量の解析精度も低下したためと考えられる。SWAT と AnnAGNPS によって予測された土壌侵食量は、それぞれ 8.8 t/ha/y と 5.6 t/ha/y であった。PESERA と RUSLE2015 によって予測された土壌侵食量は、それぞれ 1.2 t/ha/y と 12.5 t/ha/y であった。この結果から、PESERA の土壌侵食量の予測結果は他のモデルと比較して低いことがわかった。以上のことから、SWAT は、地中海性気候の流域における土壌侵食量の予測に適しているモデルであると考えられた。

(3) 土壌科学的手法を用いた小野湖（ダム湖）堆積物のキャラクターゼーション

長谷川 政江, 臼井 恵次, 藤嶽 暢英, 本間 洋美, 進藤 晴夫

水環境学会誌, 27, 597-603 (2004).

レビュー： 堤 哲也

現在, 上水道や工業用水の供給, 発電, および洪水調整などを目的とする多目的ダム湖が建設されている。しかし, 多くのダム湖で富栄養化が問題となっており, 原因となる窒素やリンは上流からの流入だけでなく, ダム堆積物からの溶出により発生すると想定されている。特に, ダム湖堆積物は有機物が多く, 富栄養化が起きやすい。また, 堆積物は, 流入する土壌粒子の影響を強く受けると推察される。そこで本研究では, 小野湖の水質, 表層堆積物の理化学性, 粘土鉱物組成, 腐植組成, およびフルボ酸の有機化学的性質を分析し, 堆積物の性質を特徴づけた。水質分析試料は, 小野湖の表層水を 1999 年 4 月から 12 月にかけて 7 回採取した。表層堆積物試料は, 堰堤付近 (水深 15~20m) の 3 地点から採取した。また, 比較対象として, 土壌試料を山口大学試料畑 (黄色土) の作土層から採取した。そして, 理化学性, 粘土画分の X 線回析, 腐植組成, およびフルボ酸の化学的性質を分析し, ダム湖堆積物の特性を検討した。

水質分析の結果, ダム湖は, pH 8.4, COD 3.14mg/L, 全リン量 0.041mg/L, 全窒素量 0.658 mg/L, SS 量 2.8 mg/L, N/P 比 19 であり, 中程度の富栄養湖であることがわかった。理化学性分析の結果, 陽イオン交換容量は, 堆積物で 28 cmol(+)/kg, 土壌で 16 cmol(+)/kg であり, 堆積物と土壌の交換性塩基含量は, 共に $\text{Ca} > \text{Mg} > \text{K} > \text{Na}$ の順に高かった。また, 堆積物の交換性塩基含量は, 土壌よりも Ca が約 5 倍, Mg が約 2 倍高かった。塩基飽和度は, 表層堆積物 79%, 土壌 34% の値を示した。このことから, 表層堆積物は, 上流から流入した Ca と土粒子の影響を強く受けていると考えられる。X 線回析分析の結果, カオリナイトとイライトが検出された。これは, 上流の粘土鉱物組成と類似しており, 湖に流入する集水域の土壌の影響を受けていることがわかった。腐植組成分析の結果, $\text{Na}_4\text{P}_2\text{O}_7$ 抽出部における表層堆積物は, 腐植酸とフルボ酸が土壌の約 3 倍高い値を示した。また, 遊離形腐植割合, 遊離形腐植酸割合, および遊離形フルボ酸割合のそれぞれの値は, 堆積物が 80~89%, 土壌が 92~97% となり, 堆積物は土壌より結合形腐植が多いことがわかった。フルボ酸の化学的性質分析の結果, 堆積物から分離されたフルボ酸の元素組成, および核磁気共鳴 (NMR) は, 土壌のものと同様であった。これは, 小野湖が年間, 約 22 回湖水を交換しているためと考えられる。以上の結果から, 堆積物の性質は, 上流から流入した Ca と集水域から流入した土壌の影響を強く受けていることが示唆された。

(4) 平成 24 年 7 月豪雨を対象にした山国川流域の分布型流出・洪水氾濫解析

重枝未玲, 秋山壽一郎, 松本 拓磨, 山本峻平, 川上優

土木学会論文集 B1 (水工学), **71**, I_1405-I_1410 (2015).

レビュー：中尾 彰吾

近年、気候変動による集中豪雨の頻発に伴う水害が問題となっている。そのため、集中豪雨発生後の流域からの流出プロセスおよび外水氾濫プロセスを把握することは重要である。そこで本研究では、平成 24 年に発生した九州北部豪雨において、甚大な被害が発生した山国川流域を対象に、流域流出・都市域氾濫解析モデルを用いて最大水位の縦断変化と痕跡水位の比較、および最大浸水域と実績浸水域を比較した。山国川は、下流部で河床勾配が約 1/500~1/1000 の急流河川である。標高データには、国土地理院による 10 m メッシュ標高数値モデルを用いた。土地利用データには、国土数値情報による 100 m メッシュ土地利用細分メッシュデータを用いた。流出解析におけるパラメータ校正は、耶馬溪ダム地点における観測流入量を用いて行った。雨量データは、水文水質データベースの観測値を用いた。流出解析の評価指標は、Nash-Sutcliffe 効率係数 (Nash 係数) を用いた。解析期間は、2012 年 7 月 3 日 6:00 から 2012 年 7 月 4 日 14:00 までとした。

パラメータ校正の結果、流出解析による計算流入量は、観測流入量に対して精度良く再現できた (Nash 係数 $\simeq 0.94$)。氾濫解析による最大水位の縦断変化と痕跡水位を比較した結果、(1) 距離標 17km と 11.2 km の蕨尾堰周辺よりも上流側において解析結果による最大水位が痕跡水位を上回ったこと、(2) 距離標 14 km から 17 km の範囲では、解析結果痕跡水位をある程度再現したこと、(3) 距離標 9 km よりも下流では、解析結果による最大水位が痕跡水位を再現していたことが確認できた。痕跡水位を上回った要因として、広範囲に護岸崩落が発生し、河道横断面形状の著しく変化したことが挙げられる。さらに、氾濫解析による最大浸水域と実績浸水域を比較した結果、(1) 距離標 19 km より上流側と 17 km よりも下流で実績浸水域を概ね再現していたこと、(2) 距離標 17 から 19 km 地点上流側の浸水域を過大評価していたことなどが確認された。解析した最大浸水域が実績と比較し過大評価されている理由は、上記と同様に護岸崩落によると考えられる。以上のことから、山国川での痕跡水位及び実績浸水域を流域流出・都市域氾濫解析モデルである程度再現できるが、痕跡水位や浸水域を過大または過小評価する区間が存在することが確認できた。出水時に河道や河床が大きく変化する急流河川では、洪水と河床・河道変動を一体として解析できるモデルに改良する必要がある。

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 g/m^2 、夏秋期において 10.04 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ム耐性大腸菌について、基質特異性拡張型 β -ラクタマーゼ (ESBL)、および AmpC 型 β -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)、STP 61% (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。

第 302 回雑誌会

(Sep. 21, 2018)

(1) Occurrence of antibiotic resistance genes and bacterial pathogens in water and sediment in urban recreational water

Dong, P., Cui, Q., Fang, T., Huang, Y. and Wang, H.

Journal of Environmental Sciences, doi 10.1016/j.jes.2018.06.011 (2018).

Reviewed by A. Jikumaru

水環境において、微生物学的汚染物質である薬剤耐性遺伝子 (ARGs) や病原体などによるヒトへの曝露の危険性が懸念されている。しかしながら、ヒトが水と頻繁に接触するレクリエーション水域において、これら汚染物質に関する知見は限られている。そこで本研究では、都市のレクリエーション湖から採取した湖水と堆積物を対象とし、qPCR法によってARGsと病原細菌を定量した。さらに、次世代シーケンシング (NGS) 法によって病原細菌の多様性を調査した。調査は、2014年の9月と11月とし、北京の都市部に位置する3つの湖 (Ao湖, Hong湖, Tao湖: 各2地点) から、湖水と堆積物を採取した。全試料からDNA抽出後、6種類のARGs (*sul1*, *sul2*, *tetW*, *tetX*, *bla*_{-TEM}, *bla*_{-SHV}), インテグラーゼ遺伝子 (*intI1*), 病原細菌である *Salmonella enterica* (*invA*), *Aeromonas* spp. (*aerA*), *Mycobacterium avium* (16S), および *Pseudomonas aeruginosa* (*oaa*) とふん便指標細菌である *E.coli* (*uidA*) の特異遺伝子をqPCR法によって定量した。定量したARGsについて、二変量解析によって各ARGs濃度と *intI1* の濃度との相関関係を調べた。また、全試料を対象に、16S rRNAを標的としたNGS法によって遺伝子解析を実施した。得られた細菌遺伝子は、以前の研究で作成されたヒト病原細菌のデータベース (145属) を基に分類した。

湖水と堆積物における各ARGsと *intI1* の濃度は、それぞれ 4.58×10^0 - 5.0×10^5 copies/mL と 5.78×10^3 - 5.89×10^8 copies/g dry weight (dw) の範囲であった (*bla*_{-SHV} は定量下限値以下)。その中でも、*sul1* は双方の試料において最も高い濃度で定量された (10^4 - 10^5 copies/mL, 10^6 - 10^8 copies/g dw)。各ARGsと *intI1* との相関関係を確認したところ、湖水では *sul1*, *bla*_{-TEM}, および *tetX*, 堆積物では *sul1* と *tetX* に対して有意な正の相関を示した ($p < 0.05$)。これは、*intI1* が上記のARGsの増加に寄与していることが考えられる。4種類の病原細菌と *E.coli* の特異遺伝子を定量した結果、湖水と堆積物において、それぞれ 10^3 - 10^5 copies/mL と 10^4 - 10^6 copies/g dw の範囲であり (*invA* は定量下限値以下)、全試料の25%から全ての特異遺伝子が検出された。また、NGS法を行ったところ、68属の潜在的な病原細菌が検出され、主要な10属の中には、*Aeromonas*, *Mycobacterium*, および *Pseudomonas* が含まれていた。以上のことから、レクリエーション湖において、ARGsや病原細菌が広範囲に分布しており、公衆衛生向上のためには、これらの継続的な調査の必要性が示唆された。

第 303 回雑誌会

(Sep. 28, 2018)

(1) Seasonal variations in water-quality, antibiotic residues, resistant bacteria and antibiotic resistance genes of *Escherichia coli* isolates from water and sediments of the Kshipra river in central India

Diwan, D., Hanna, N., Purohit, M., Chandran, S., Riggi, E., Parashar, V., Tamhankar, A. J. and Stalsby, C. L.

International Journal of Environmental Research and Public Health, **15**, 1-16 (2018).

Reviewed by E. Nishimura

水環境における抗生物質の残留性や動態は、水質や環境変化の影響を受けることが知られている。また、残留する抗生物質は、薬剤耐性菌や薬剤耐性遺伝子 (ARGs) の発生に寄与する可能性がある。そこで本研究では、インド中部を流れる Kshipra 川の河川水と堆積物を対象として、水質、抗生物質の残留、および薬剤耐性大腸菌と ARGs の存在実態を調査し、季節変化との関係性を評価した。試料は、2014 年の 5 月、7 月、10 月、および 12 月において、Kshipra 川の異なる 7 地点から採取した。採取した河川水について、水質 19 項目とふん便指標細菌数を測定した。その後、高速液体クロマトグラフィー・タンデム質量分析法によって、各試料から 6 種類の抗生物質 (セフトリアキソン、シプロフロキサシン、ノルフロキサシン、オフロキサシン、メトロニダゾール、スルファメトキサゾール) を検出した。次に、各試料から大腸菌を分離し、KB-Disk 法によって、17 種類の抗生物質に対する感受性を評価した。薬剤耐性を示す大腸菌について、各 PCR 法によって、ARGs (CTX-M-1, CTX-M-2, CTX-M-9, *qnrA*, *qnrB*, *qnrS*, *sulI*, *sulII*, NDM, VIM) の検出と系統群分類 (A, B1, B2, D) を実施した。得られた実験値と季節変化との関係性は、ANOVA 検定と Fisher 検定を用いて評価した。

Kshipra 川の水質、およびふん便指標細菌数は、季節変化に伴って測定値が変動した ($p < 0.05$)。各試料における抗生物質の残留を調べた結果、合計 4 種類の抗生物質が検出された。そのうち、河川水におけるスルファメトキサゾールの濃度は $0.04 \sim 2.75 \mu\text{g/L}$ であり、季節間で検出率に有意な差が生じた ($p < 0.05$)。これは、pH の変動と有意に関連していた ($p < 0.05$)。薬剤感受性試験の結果、河川水 16 種類、堆積物 15 種類の耐性菌が検出された。そこで、ARGs を検出した結果、両試料から CTX-M-1, *qnrS*, *sulI*, および *sulII* が検出された。また、耐性菌の系統群分類をした結果、91% (257/282 株) が系統群 A, あるいは B に分類された。河川水で検出された CTX-M-1 と系統群 B2 に属する菌株は、季節変化に伴い検出率が変動した ($p < 0.05$)。以上のことから、河川における抗生物質残留と耐性菌や ARGs の存在は、水質や季節変化が影響することが示唆された。

(2) Dissemination of antibiotic resistance genes and human pathogenic bacteria from a pig feedlot to the surrounding stream and agricultural soils

Fang, H., Han, L., Zhang, H., Long, Z., Cai, L and Yu, Y.

Journal of Hazardous Materials, **357**, 53-62 (2018).

Reviewed by H. Hiroki

畜産場において、抗菌薬の大量消費に伴い発生した薬剤耐性菌 (ARB) や薬剤耐性遺伝子 (ARGs) は、隣接する河川や農業用地まで拡散する可能性がある。また、薬剤耐性ヒト病原菌 (ARHPB) の存在は、感染症の治療を困難にすることからヒトの健康上重要な問題となる。そこで本研究では、畜産場、およびその周辺環境における ARGs と ARHPB の存在実態を調査した。試料は、中国の浙江省に位置するブタ飼育場からブタのふん便と堆肥サンプル、飼育場に隣接する河川から河川水 (上流水, 下流水, 河口水, 畜産排水放流口水) と河床堆積物、さらにブタ飼育場で生産された肥料を使用する農業用地の土壌 (温室, 野外) を採取した。試料採取後、各試料から抗菌薬を抽出し、残存量を定量した。また、細菌の DNA を抽出し、次世代シーケンサーを用いた遺伝子解析を実施した。得られた細菌の遺伝子は、既存のデータベースを基に ARGs とヒト病原菌 (HPB) を分類した。また、9 種類の抗菌薬を対象とした最小発育阻止濃度 (MIC) 法によって、全試料における ARB の存在量を調査した。

抗菌薬残存量を調査した結果、河床堆積物 (1900 µg/kg) や農業土壌 (1000 µg/kg) に高濃度で存在していた。これに対して、河川水における抗菌薬残存量は最も低かった (30 µg/kg)。また、ブタのふん便は、堆肥化によって抗生物質残存量が 44% 減少した。全試料を対象に、ARGs の相対的存在量を確認した結果、ブタのふん便と堆肥サンプルでは 0.04-0.51%, 河川水では 0.04-0.43%, 河床堆積物では 0.03-0.13%, および農業土壌では 0.001-0.016% の割合で検出された。中でも、テトラサイクリン耐性遺伝子と多剤耐性遺伝子が優占して検出され、多剤耐性遺伝子は、下流と河口の河川水において最も高濃度で存在した。次に、HPB の存在割合を調べたところ、全試料から 48 種の HPB が確認され、*Bordetella pertussis*, *Brucella melitensis*, *Clostridium difficile*, *Shigella flexneri*, および *Salmonella enterica* が優占して存在していた。これらの優占種は、主に河床堆積物中において高濃度で存在した。全試料における ARB の存在量を調べたところ、ARB が 215 株単離された。そのうち、54.4% (117/215 株) は ARHPB であった。以上の結果より、ARGs と ARHPB は、畜産場、畜産場周辺の河川、河床堆積物、および農業土壌に存在しており、ヒトの健康リスクを高める可能性がある。

(3) Yangtze-and Taiwan-derived sediments on the inner shelf of East China sea

Xu, K., Milliman, J., Li, A., Liu, J., Kao, S., and Wan, S.

Continental Shelf Research, **29**, 2240-2256 (2009).

Reviewed by A. Miyazono

東シナ海における堆積物の多くは、中国の河川から輸送されていることが知られている。しかしながら、東シナ海は、様々な沿岸流の影響を受けていることから、堆積物の分布や起源は明確にされていない。そこで本研究では、東シナ海とその周辺河川を対象として、堆積物の分布特性、および輸送の関係を調査し、東シナ海における堆積物の起源を推定した。試料は、東シナ海と東シナ海に流入する 5 つの河川（揚子江、钱塘江、甌江、閩江、浊水溪）から堆積物を合計 106 試料採取した。各試料について、粘土 (<2 μm)、中粒シルト (20-35 μm)、および細粒砂 (63-90 μm) に分類し、X 線回折 (XRD) 分析によって、粘土鉱物を同定した。また、粘土鉱物のピーク強度比のクラスター解析によって、試料間の類似性を評価した。また、細粒砂は、同定された粘土鉱物の組成比からクラスター解析によって、試料間の類似性を評価し、東シナ海における粘土鉱物の輸送特性と起源推定について検討した。

各試料の粘土において XRD 分析を行った結果、イライト、カオリナイト、クロライト、あるいはスメクタイトが同定された。同定された粘土鉱物について、分布特性を調査した結果、イライトは、揚子江、钱塘江、甌江、および浊水溪で高い存在割合 (62-73%) を示した。カオリナイトは、閩江で高い存在割合 (59-71%) を示した。また、30 試料に対して、クラスター解析を行った結果、東シナ海は、揚子江、閩江、台湾の堆積物が分布していることが示唆された。次に、中粒シルトにおける XRD 分析の結果、石英に対する長石の存在割合 (F/Q) は、揚子江で最も高く (平均 : 1.2)、閩江と台湾で低かった (0.6-0.7)。これに対して、細粒砂における XRD 分析の結果、斜長石に対するカオリナイトの存在割合は、台湾において 0.7 と低い値を示した。また、20 試料について、クラスター解析を行った結果、東シナ海には、揚子江、閩江、台湾の堆積物が分布していることが示唆された。そこで、東シナ海と 5 つの河川の関係性について、流体力学的環境から次のように考察した：①夏季において、東シナ海南西部の堆積物は、台湾の暖流の影響により東部に移動する。また、冬季になると東シナ海北部の堆積物は中国の沿岸流によって南に移動する、②揚子江、钱塘江、および甌江の堆積物は、中国の沿岸流によって東シナ海南部へ移動する、③閩江では、海流の影響を強く受けない。以上の結果から、河川の堆積物が沿岸流によって、東シナ海全体に移動されることが示唆された。

第 304 回雑誌会

(Oct. 5, 2018)

(1) 荒瀬ダム撤去影響評価に向けた球磨川及び河口干潟の土砂輸送・堆積特性の把握

大槻 順朗, 北村 直也, 二瓶 泰雄, 石賀 裕明, 皆川 朋子, 島谷 幸宏

土木学会論文集, **68**, I_1071-I_1075 (2012).

レビュー: 堤 哲也

ダムは、河川下流や沿岸環境への土砂輸送の妨げとなっている。その対策として、排砂バイパス、排砂ゲート操作、および置き土などが実施されている。熊本県南部球磨川下流に位置する荒瀬ダムでは、2010 年度から洪水調整操作を行わず、ダム撤去に伴う常時ダムゲートを開放する操作がなされている。荒瀬ダムは球磨川下流に位置するため、ダムによる土砂輸送の影響は河川、河口、および海岸にまで達すると予想される。そこで本研究では、荒瀬ダム撤去による球磨川とその河口干潟、周辺沿岸域における土砂輸送、堆積特性を把握するための現地調査を行った。試料は、水試料をダムの上流と下流で 2 地点、砂試料をダム上流 6 地点、下流 7 地点、河口干潟 7 地点、沿岸海域 5 地点、計 27 地点からそれぞれ採取した。また、荒瀬ダム上流と下流の流量、溶存酸素 (DO)、および濁度 (SS) の連続モニタリングを実施した。さらに、流量と SS 輸送量の関係式である L-Q 式を求めた。次に、砂試料はふるい分けを行い、蛍光 X 線分析を行った。その後、流域地質の指標となる 7 元素 (Sr, Y, Nb, Zr, TiO₂, Fe₂O₃, CaO) を選定し、元素含有率に対するクラスター分析を行った。そして、過去のデータと比較し、土砂輸送の実態を把握した。

出水時における DO と SS の時間変化について調査した結果、DO は、出水時に流量が増加するとともに 8 mg/L から 12 mg/L に増加した。中規模出水時における SS は、ダム上流と下流では明確な差はなく、L-Q 式の係数 b は、低流量時が 1.0 であるのに対して、高流量時では 2.5 であった。このことから、SS は出水時に多くなることがわかった。ゲートを常時開放した翌年の 2011 年の SS 輸送量は、150 万 ton であった。開放後 1 年半の累計 SS 輸送量は、約 230 万 ton になり、河口や海域への土砂供給量が増加した。粒度の空間分布と経年変化の結果、上流から下流へ向かうにつれて粒度が細かくなった。しかし、ダム下流では中砂以上であり、ダム上流と近い粒度を示した。この結果より、ダムによって堰き止められる粒度は、粗砂と礫であることがわかった。干潟・沿岸海域の粒度組成を過去のデータと比較した結果、2002 年では粘土質であったが、2011 年には砂質化した。クラスター分析によって、元素組成を比較した結果、2002 年の沿岸海域の底質は、約 50% が球磨川起源であった。しかし、ダムゲート開放によって積物の球磨川起源の寄与が増加し、沿岸堆積物の構成元素が過去と現在で大きく異なっていることがわかった。

(2) Environmental flow assessment in Andean rivers of Ecuador, case study: Chanlud and El Labrado dams in the Machángara River

Ilia A. H., Patricia C. B.

Ecohydrology & Hydrobiology, **17**, 103-112 (2017).

Reviewed by K. Shirasaka

ダムは、河川の水質や流況を改変し、河川生態系に影響を及ぼす。エクアドルでは、ダム建設前の流量の 10%を維持する基準が設定されている。しかしこの基準は、勾配 1%未満の温暖な砂漠地帯において策定されたもので、アンデス山脈のような高山の湿潤な生態系に適しているか否かは不明である。そこで本研究では、El Labrado ダムと Chanlud ダムが放流する 10%維持流量の妥当性を評価するために、エクアドル南部のアンデス山脈に位置する Machangara 川と Chulco 川において、流況、物理的特性、水質、および底生動物を調査した。調査は、El Labrado ダムのある Machangara 川について 4 地点、Chanlud ダムのある Chulco 川の 4 地点、対照河川として Chacayacu 川の 4 地点、計 12 地点の 2009 年の毎月を実施した。水質調査項目は、水温、pH、NO₃-N、溶存性リン（SRP）、DO 濃度とした。水質評価には、周辺流域において使用された BMWP 指標を底生動物データより算出した。これに加えて、Shannon-Wiener の多様性指数（H'）を算出した。さらに、各調査項目を説明変数、底生動物の指標を目的変数として重回帰分析を行った。河川生態系に最適な流況は、南アメリカにおいて使用された Basic Flow Methodology（BFM）に従い、ダム建設前（1967-1985）のデータから算出した。

BMWP 指数は、ダム下流の乾季（5 月および 8～11 月）において顕著に低下し、「汚染」に分類される 43-60 の範囲であった。一方、対照河川では「非常にきれい」に分類される 84-118 の範囲となった。H'は、対照河川において最も大きく（2.00-2.35）、ダム下流と比較して多様な生態系を有していた。H'は、流量が最も小さい月（0.35 m³/s）において、最も小さく（0.87）なり、流量の増加にともなって H'も増加した。これらのことから、流量と H'は、関連性を有することが示唆された。また、BMWP 指数と DO 濃度が正の相関（ $r=0.48$ ）を示し、H'と DO 濃度も正の相関（ $r=0.45$ ）を示した。DO 濃度は、流れが緩やかになると低下する。そのため、ダム下流における 10%維持流量は、特に乾季において、低 DO 濃度の原因となり、生態系に影響を及ぼすことが示唆された。BFM によるそれぞれの河川における最適維持流量は、Machangara 川の雨季では、年間平均流量の 27～51%であり、乾季においては 29～42%であった。Chulco 川における最適維持流量は雨季において 15～45%であり、乾季において 15～36%であった。

第 305 回雑誌会

(Oct. 12, 2018)

(1) 最大クラス台風を想定した淀川流域における洪水流出シミュレーション

宮脇 航平, 立川 康人, 田中 智大, 石井 大貴, 市川 温, 萬 和明, 竹見 哲也
土木学会論文集 **B1** (水工学), **72**, **I_31-I_36** (2016).

レビュー: 中尾 彰吾

気候変動による台風の巨大化は、甚大な被害をもたらす可能性が極めて高い。また、台風の強度は同一でも、経路によって被害の程度が異なることが知られている。そのため、地球温暖化の影響や複数の台風経路パターンを想定した洪水対策が必要である。そこで本研究では、淀川流域を対象に、台風経路アンサンブル計算手法と疑似温暖化計算手法を組み込んだ流出解析を行い、複数の台風経路の中で最大となる洪水ピーク流量を算出した。さらに、確率降雨を設定し、昭和 34 年伊勢湾台風時と平成 25 年台風 18 号時の再現期間を 2,000 年まで延ばし、淀川流域の下流部に位置する枚方観測所でのピーク流量とダム群による洪水調節効果の分析を行った。流出解析は、分布型流出モデル (1K-DHM-event) を用いて行った。気象モデルは、WRF/ARW Ver.3.3.1 を使用した。キネマティックウェーブモデルにおけるパラメータは、伊勢湾台風時と平成 25 年台風 18 号における観測データを用いて同定した。ダム群の流水制御過程をモデル化するため、ダムへの流入量とダム貯水量を与条件とし、ダムからの放流量を決定した。洪水調節効果の検証を行うダム群の対象は、淀川流域内の 7 基のダムとした。気象条件は、現在気象条件 (CTL) と、全球気候モデルによる予測結果に基づいた疑似温暖化条件 (PGW) の 2 条件を設定した。台風経路パターンは、初期位置を変更させた台風経路アンサンブル実験によって 17 通りに設定した。その後、各台風経路パターンにおけるピーク流量を算出した。

各台風経路パターンにおけるピーク流量を算出した結果、枚方地点のピーク流量が最大になった台風経路は、伊勢湾台風の実際の経路とほぼ同様であった。また、伊勢湾台風でのピーク流量は PGW が CTL を上回っていたことから、地球温暖化によって台風出水の規模が拡大する可能性が考えられた。確率降雨を用いてピーク流量を計算した結果、平成 25 年台風 18 号を対象とした場合は再現期間 1,200 年以上、伊勢湾台風を対象とした場合は再現期間 350 年以上の降雨で枚方地点の計画高水流量を上回った。再現期間 200 年以下でダム群による洪水調節効果を分析した結果、伊勢湾台風では 4 基のダムが満水となったが、平成 25 年台風 18 号では日吉ダムのみ満水となった。これは、両台風における降雨の空間分布が異なることが原因と考えられた。

(2) Development and application of a dynamic in-river agrochemical fate and transport model for simulating behavior of rice herbicide in urbanizing catchment

Kondo, K., Boulange, J., Hiramatsu, K., Thai, P. K., and Inoue, T.
Agricultural Water Management, **193**, 102-115 (2017).

Reviewed by Y. Kanayama

日本国内における農薬使用量の約 40%は、水田で使用されている。水田で使用された農薬の一部は、不適切な水管理や降雨によって河川や湖沼への流出が懸念されており、これまでに多くの流域において農薬の検出事例が報告されている。このことから、水田から放出された農薬の動態を把握することは重要である。そこで本研究では、福岡県に位置する巨瀬川流域 (84.7 km²) を対象に、1 次元移流拡散方程式を基礎としてメフェナセット (日本で一般的に用いられる除草剤) の動態を予測するためのモデルを構築した。標高データと土地利用データは、国土数値情報のデータを用いた。水田における土壌の物理的特性は、農業技術環境研究所のデータを用いた。気象データ (気温, 風速, 相対湿度, 日照時間) は、気象庁のデータを用いた。流量データは、流域内に位置する藤波ダムの観測流入量を用いた。モデルの初期条件として与えるメフェナセットの施用量は、流域内における水田面積に対する稲作面積の割合から推定した。河川中のメフェナセット濃度は、上流, 中流, 下流の 3 地点におけるモニタリング調査によって測定した。モデルの校正と検証は、2009 年のそれぞれ 6 月と 7 月の 1 か月間を対象に実施した。モデルの評価指標は、Nash-Sutcliffe 効率係数 (NSE), Percent Bias (PBIAS), 決定係数 (R²), Root Mean Squared Error (RMSE) を用いた。

流量の再現結果は、校正期間 (NSE = 0.83, PBIAS = - 45.8, R² = 0.94, RMSE = 6.2) と検証期間 (NSE = 0.86, PBIAS = 6.6, R² = 0.87, RMSE = 8.0) のいずれにおいても良好な精度となった。また、検証期間におけるメフェナセットの再現結果は、上流 (NSE = 0.70, PBIAS = - 31.1, R² = 0.94, RMSE = 0.15), 下流 (NSE = 0.72, PBIAS = - 35.0, R² = 0.81, RMSE = 0.8) において良好な精度となった。一方、中流 (NSE = 0.16, PBIAS = - 49.9, R² = 0.74, RMSE = 0.33) では再現性に不一致が見られた。どの地点においても、モデルによる計算値が観測値に対して過大評価の傾向を示した。これは、巨瀬川流域におけるメフェナセットの施用期間を完全に把握することが出来なかったためと考えられた。さらに、検証期間において、水田に使用されたメフェナセットの約 20%が河川に流出すると予測された。

(3) A freshwater ecoregion delineation approach based on freshwater macroinvertebrate community features and spatial environmental data in Taizi River Basin, northeastern China

Kong, W., Meng, W., Zhang, Y., Gippel, C., and Qu, X.

Ecological Research, **28**, 581-592 (2013).

Reviewed by Y. Udo

エコリージョンは、生態系が環境要因の影響を受けると仮定して定義される。しかしながら、設定されたエコリージョンと生物の分布の一致を調べる研究は少ない。そこで本研究では、河川環境要因に基づいて広域のエコリージョンを設定し、底生動物の空間分布との一致度を比較し、その妥当性を評価した。研究対象領域は、中国北東部遼寧省の太子河川流域とした。環境変数は、標高、勾配、年平均気温、年間降水量、年間蒸発量、陸上植生分類、土壌分類、および地形分類を使用した。底生動物の採集は、2009年5月に69地点において実施し、同定後に Shannon-Wiener の多様性指数を算出した。また、河川の物理化学的変数として、川幅、河床材料の粒径、DO、pH、SS、EC、および総溶解固形物を測定した。底生動物群集の空間分布は、群集組成の類似度を用いたクラスター分析により決定した。底生動物の変数と環境変数の相関分析により、エコリージョンの定義に適した環境要因を検討した。エコリージョンの描写は、空間的なクラスタリングである ISODATA 法を用いて行った。その後、地理的変数、河川の物理化学的変数および底生動物の変数におけるエコリージョン間での差異を ANOVA によって検定した。そして、エコリージョン内に占める底生動物の同一クラスター地点の割合に基づき、一致度 (MD) を算出した。

クラスター分析により、底生動物群集は4つのグループに分類された。標高、勾配、年平均温度、年間降水量、および年間蒸発量の環境要因は、高い空間的変動性を有しており、エコリージョン描写へ適用可能であった。標高と年間降水量は、底生動物の種数および多様性と有意な相関関係を有していたため、標高と年間降水量に基づく描写は、生態学的に有意義であることが示唆された。そこで、ISODATA 法を用いて、標高と年間降水量に基づいて、高地、中部、および低地の3つのエコリージョンを描写した。そして、ANOVA 解析した結果、3つのエコリージョン間において、地理的変数、河川の物理化学的変数、および底生動物の変数は有意に異なることが示され、描写された3つのエコリージョンは、異なる性質を有していることがわかった。また、MD は、高地、中部、低地のエコリージョンにおいて、それぞれ 85.7%、65%、75%であり、描写されたエコリージョンと底生動物群集の空間分布は良好に一致した。

第 306 回雑誌会

(Oct. 19, 2018)

(1) Seaweeds and plastic debris can influence the survival of faecal indicator organisms in beach environments

Richard Q. S., Julie Jamieson and David M. Oliver

Marine Pollution Bulletin, **84**, 201-207 (2014).

Reviewed by T. Kuroda

砂浜中に存在するふん便細菌 (FIO) は、長期に亘って生残することが知られている。その中で、砂浜に打ち上げられた海藻やプラスチックの破片は、砂浜中の FIO の生残に影響する可能性がある。本研究では、海藻と海藻直下の砂浜の細菌汚染実態を評価し、砂浜における細菌の空間分布を調べた。また、海藻種の違いと FIO の生残性との関係性を評価した。調査は、2013 年 5 月にスコットランドのブラッケン湾が形成するビーチで実施した。試料は、海水、海藻、海藻直下の砂、およびプラスチックの破片とし、それぞれ水際から垂直に 90 m 範囲で 10 地点と水際に平行な 10 地点 (水際から垂直 40 m 地点) から採取した。採取した海水について、細菌数 (大腸菌、腸球菌、従属栄養細菌: THB, ビブリオ属菌), pH, EC, および濁度を測定した。海藻、砂、およびプラスチックの破片について、大腸菌と THB を計数した。次に、海水 100 ml, あるいは滅菌海水 100 ml が入った容器に、3 種類の海藻 (*Laminaria saccharina*, *Chondrus crispus*, *Ulva lactuca*) とポリエチレン製の破片を加えた人工海水を作成した。その後、1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 9, 13, 21, 27, および 38 日後に海藻とプラスチックの破片を採取し、試料に存在する大腸菌を計数した。

海藻と海藻直下の砂に存在する大腸菌数を調べた結果、それぞれ $0 \sim 1.9 \times 10^4$ CFU/g と $0 \sim 3.2 \times 10^4$ CFU/g の範囲で検出された。また、海藻と海藻直下の腸球菌数は $0 \sim 1.4 \times 10^3$ CFU/g と $0 \sim 3.2 \times 10^3$ CFU/g, ビブリオ属菌は $0 \sim 6.7 \times 10^4$ CFU/g と $6.4 \times 10^3 \sim 1.3 \times 10^5$ CFU/g, THB は $3.23 \sim 4.55 \log_{10}$ CFU/g と $4.15 \sim 5.15 \log_{10}$ CFU/g であった。海藻直下の砂は、海藻と比較して細菌が多く存在した。これは、砂浜に存在する海藻は、紫外線を吸収・除去し、砂中の細菌増殖を促進する可能性がある。細菌の空間分布について見たところ、大腸菌、腸球菌、およびビブリオ属菌は不規則に分布していた。これに対して、THB は、すべての区間に分布していた。次に、海藻種の違いと FIO の生残性との関係性を評価した結果、38 日後に採取した海藻のうち、*L. saccharina* と *C. crispus* から大腸菌が検出された。そのうち、*L. saccharina* に存在する大腸菌は、最も高い生残性を示した ($p < 0.001$)。そこで、海水と滅菌海水を加えた *L. saccharina* に付着した大腸菌数に注目すると、38 日後には、それぞれ $0.92 \log_{10}$ CFU/cm² と $1.24 \log_{10}$ CFU/cm² だけ減少した。以上のことから、海藻は、細菌の生残性を促進する可能性がある為、砂浜における海藻の管理は慎重に行う必要がある。

(2) Water flow and biofilm cover influence environmental DNA detection in recirculating streams

Shogren, A. J., Tank, J. L., Egan, S. P., August, O., Rosi, E. J., Hanrahan, B. R., Renshaw, M. A., Gantz, C. A. and Bolster, D.

Environmental Science & Technology, **52**, 8530-8537 (2018).

Reviewed by K. Akahoshi

水域において対象種の存否を判定する新たな手法として、環境 DNA (eDNA) が利用されている。しかしながら、河川流下に伴う eDNA の検出率の減少や生物学的要因による eDNA の分解が検討されているものの、その詳細は明らかとなっていない。そこで本研究では、河川を想定した人工水流装置を用いた室内実験により、水流やバイオフィームの特性がニジマスの eDNA の分解速度に影響するか検討した。装置は、3 段階の流速 (低速 : 0.1 m/s, 中速 : 0.5 m/s, 高速 : 0.85 m/s) と、基質バイオフィームが定着した大礫について 5 段階の割合 (0, 25, 50, 75, 100%) を設定し、合計 15 条件とした。各装置に貧栄養の地下水 20 L とバイオフィームが定着した大礫を入れ、24 時間循環した後、水試料からニジマスの eDNA が検出されないことを確認した。その後、ニジマスの eDNA 溶液 20 L を添加し、各装置から異なる時間 (15, 30 分後, 1, 1.5, 2, 4, 8, 12, 18 時間後, 1, 1.5, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10 日後) で水試料 250mL を採水した。水試料から DNA を抽出し、ミトコンドリアの CO I 領域 (697, 347, 97 bp) を対象とした qPCR によって、eDNA を定量した。同時に、最初の 24 時間以内において、クロロフィル a と有機物量を測定した。検出下限値 (5 copies/mL) 以上の濃度を示した試料について、単相指数分解モデル、または二相分解モデルによって、eDNA の濃度変化を分析し、eDNA の分解速度係数を算出した。さらに、線形混合効果モデルによって、断片長間における実験条件による分解速度の差異を評価した。

流速が eDNA の分解に与える影響を調べたところ、各断片領域で分解速度の最も速い流速が異なった (697 bp : 中速, 455 bp : 高速, 97 bp : 低速, 中速)。しかし、697 と 97 bp は異なる流速条件下において分解速度に有意差が確認されなかったことから、流速は eDNA の分解速度に影響しないことが示唆された。これに対して、バイオフィームについては、50%定着した場合において eDNA の分解速度が最も高まることが確認された。以上のことから、バイオフィームの存在は eDNA の分解に強く影響することが示唆された。また、eDNA の検出と持続性は、環境の状況に大きく依存することも示唆された。

(3) Assessment of eutrophication and water quality in the estuarine area of Lake Wuli, Lake Taihu, China

Wang, J., Fu, Z., Qiao, H. and Liu, F.

Science of the Total Environment, **650**, 1392-1402 (2019).

Reviewed by N. Fujii

中国の太湖流域での急速な都市化は、湖の生態系を汚染している。太湖の水質汚濁を抑制する環境基準を設定したが、依然として汚染された水が流域に排出されており、太湖水質の維持管理は大きな課題となっている。そこで本研究では、栄養レベル指数（TLI）と水質指数（WQI）によって、太湖の富栄養化の程度や水質の状態、異なる河口間の空間的差異および季節的な差異を評価した。WQIは多数の測定値で表される水質状態を要約して、スコアとして数値化する指標である。湖水の試料は、2017年8月（湿潤期）と2018年3月（乾燥期）において、中国の太湖北部に位置する五里湖の69地点から採取した。試料採取後、各試料のpH、水温、溶存酸素、総溶解固形物、電気伝導度、および透明度は現地で測定した。その後、全窒素、全リン、および過マンガン酸カリウムによる酸素要求量（COD_{Mn}）は研究所で測定した。また、流路型自動化学分析装置を用いて、アンモニウム、硝酸塩、亜硝酸塩、およびリン酸塩の濃度を測定した。また、イオンクロマトグラフを用いて、カルシウム、マグネシウム、および塩化物の濃度を測定した。そして、得られた実験値をTLIとWQIを用いて評価し、主成分分析によって、富栄養化と環境要因との相関を調査した。また、評価に多くの水質項目を必要とするWQIに対して、溶存酸素、全窒素、COD_{Mn}のみの最低限の項目でWQIを評価すること（WQI_{min}）によって、五里湖における単純かつ費用対効果の高い評価方法について検討した。

富栄養化レベルと水質の状態を評価した結果、五里湖の水質状態は、明確な季節変動を示した。湿潤期の平均TLI値とWQI値は、それぞれ61.69と60.70であり、軽度の富栄養に分類された。乾期においては、それぞれ57.40と65.74であり、中程度の富栄養に分類されることがわかった。試料採取地点における水質の状態を比較したところ、東側が富栄養化基準と水質の状態において最も悪く、湿潤期と乾期において有意に異なった。また、主成分分析の結果、湿潤期における水環境に影響を及ぼす主要因は窒素であり、乾期ではリンが主要因であることが示唆された。WQI_{min}を検討した結果、WQIよりも少ない水質項目で有意な相関（ $R^2=0.9409$ ）を示した。これらの結果から、五里湖は東側河口域の水質汚染が深刻であり、WQI_{min}は、より有益かつ低コストで五里湖河口域の水質評価を行えることが示唆された。

第 307 回雑誌会

(Oct. 26, 2018)

(1) Antibiotic-Resistant Pathogenic *Escherichia Coli* Isolated from Rooftop Rainwater Harvesting Tanks in the Eastern Cape, South Africa

Malema, M. S., Abia, A. L. K., Tandlich, R., Zuma, B., Kahinda, J. M. and Ubo mba-Jaswa, E.

International Journal of Environmental Research and Public Health, **892**, 1-14 (2018).

Reviewed by H. Xie

Several countries around the world, including South Africa, use harvested rainwater for the daily life. The most significant issue relating to the use of harvested rainwater is the potential health risk associated with the presence of various pathogenic organisms in the water. This study aimed to monitor the prevalence of pathogenic *Escherichia coli* strains and their antibiotic resistance patterns in rainwater collected from rooftop rainwater harvesting tanks in the Eastern Cape Province of South Africa. Rainwater samples were collected weekly between June and September 2016 from 11 tanks in various areas of the province. The number of *E. coli* was determined using the Colilert®18/Quanti-Tray® 2000. *E. coli* isolates were obtained and screened for their virulence potentials using polymerase chain reaction (PCR), and subsequently tested for antibiotic resistance using the disc-diffusion method against 11 antibiotics.

Varying concentrations of pathogenic *E. coli* strains were detected from rainwater samples. The most detected pathotype was the neonatal meningitis *E. coli* (NMEC) (ibeA 28%), while pathotype enteroaggregative *E. coli* (EAEC) was not detected. The highest resistance of the *E. coli* isolates was observed against Cephalothin (76%). All tested pathotypes were susceptible to Gentamicin, and 52% demonstrated multiple-antibiotic resistance. The results of the study show that the untreated harvested rainwater for drinking purposes may pose a risk of transmission of pathogenic and antimicrobial-resistant *E. coli*. The harvested rainwater was inadequate for drinking water without an appropriate treatment. The results indicate that it is necessary for construction of secure daily life to introduce the appropriate and effective method for inactivation of pathogenic *E. coli*.

(2) Use of amplicon sequencing to improve sensitivity in PCR-based detection of microbial pathogen in environmental samples

Saingam, P., Li, B. and Yan, T.

Journal of Microbiological Methods, **149**, 73-79 (2018).

Reviewed by H. Shimizu

環境中に存在する病原微生物の検出法として、PCR 法が広く用いられている。しかしながら、PCR 法は感度や特異性の問題によって、偽陰性と判定する可能性がある。本研究では、判定の正確さと検出感度の向上を目的として、PCR 法で陰性判定された試料の PCR 増幅産物について、次世代シーケンシング (NGS) 法で検出する PCR-NGS 法を検討した。モデル遺伝子は、サルモネラ菌の *invA* 遺伝子とした。*invA* 保有株を培養し、DNA 抽出後、濃度を 6.1×10^5 -0.061 genomes/ μ L に調整した試料を作成した。そして、PCR 法と qPCR 法で陰性と判定された試料の PCR 増幅産物について、NGS 法による *invA* 遺伝子の検出を行った。次に、約 10 株のサルモネラ菌を河川水と底質に添加し、TSB 培地で培養した試料 (各 10 試料) を作成した。そして、DNA 抽出後、PCR-NGS 法によって、*invA* 遺伝子の検出試験を行った。同様にして、10 の都市河川から採取した河川水を対象に、PCR-NGS 法で *invA* 遺伝子を検出した。さらに、大腸菌を計数し、サルモネラ菌との相関を調べた。

invA 遺伝子の濃度を調整した試料について PCR 法と qPCR 法を行った結果、6.1 genomes/ μ L の条件における PCR 反応 (PCR-6.1) ならびに 61-0.61 genomes/ μ L の条件における qPCR 反応 (qPCR-61, qPCR-6.1, qPCR-0.61) では、*invA* 遺伝子が陰性と判定された。そこで、陰性と判定された増幅産物を NGS 法によって解析した結果 (PCR-NGS 法)、PCR-6.1, qPCR-61 および qPCR-6.1 において、*invA* 遺伝子が検出され、相対存在量 (*invA* 配列/全配列) は、それぞれ 22.8%, 0.01%, および 0.01% となった。PCR 法による河川水と底質の *invA* 遺伝子の検出試験では、河川水 5 試料と底質 8 試料が陰性と判定された。しかし、それらの試料について、NGS 法で解析したところ、全試料から *invA* 遺伝子が検出され、相対存在量は、それぞれ 18.9-72.6% と 0.8-34.0% の範囲であった。さらに、都市河川の水試料に存在するサルモネラ菌を調査したところ、PCR-NGS 法によって、2.6-26.6% の相対存在量で *invA* 遺伝子が検出された。また、河川水中から大腸菌は 6-189 CFU/100mL の範囲で検出され、サルモネラ菌との間に明確な相関は認められなかった。以上のことから、PCR-NGS 法は、偽陰性の判定を改善し、検出感度が向上することを示した。本法は、高い感度と偽陰性を正確に判定する必要がある病原微生物の検出に有効である。

(3) Treatment of heavy metal polluted industrial wastewater by a new water

treatment process: ballasted electroflocculation

Brahmia, K., Bouguerra, W., Harbi, S., Elaloui, E., Loungou, M. and Hamrounia, B.
Journal of Hazardous Materials, **344**, 968-980 (2018).

Reviewed by R. Kaku

工業用採鉱廃水（MWW）には、濃度と種類の異なる有機化合物が含まれている。そのため、MWW を適切に処理することは重要である。本研究では、Al 電極を用いた電気凝集（EC）と、無機凝集剤、マイクロサンド、および高分子凝集剤を添加する Actiflo を組み合わせたバラスト電気凝集（BEF）について、MWW 中に含まれる Cd と Zn の除去性能を評価した。さらに、除去性能に影響を及ぼす因子を検討した。実験用の原水は、MWW をフィルターでろ過し、Cd および Zn 濃度を 100 mg/L に調整した。BEF の除去性能に影響を与えると予想される因子は、流量、マイクロサンドとポリエチレンイミン（PEI）の添加量、電極数、電流密度、および攪拌速度の 5 項目とし、各因子の条件を変化させ、実験炉において BEF 処理を行った。各試験後、Cd と Zn の残留濃度をフレイム原子吸光法によって測定し、Cd と Zn の除去率を算出した。また、電極構成は単極電極と双極電極とし、2 つの電極構成における除去性能についても検討した。次に、応答曲面法（RSM）によって、Cd と Zn の除去率に影響を及ぼす因子の相互評価を行い、最適条件を検討した。実験で定まった最適条件について、BEF のエネルギー消費量と処理コストを算出し、実際の MWW に適用した。

Cd と Zn の除去率が最も高かった実験条件は、流量 20 L/h、マイクロサンド添加量 6 g/L、PEI の添加量 100 mg/L、電極数 10 本、電流密度 2 A、および攪拌速度 50 rpm であり、電極構成は単極構成であった。また、実験結果から除去性能に大きな影響を及ぼした因子は、流速と電流密度であることがわかった。RSM によって作成された 3D モデルから求めた最適条件は、マイクロサンドの添加量 12 g/L、PEI の添加量 60 mg/L、電極数 12 本、電流密度 4 A、および攪拌速度 100 rpm であり、このときの Cd と Zn の除去率は、それぞれ 100%と 85%であった。また、実験条件下の BEF のエネルギー消費量と処理コストを算出したところ、0.8 KWh/m³と 0.1 TND/m³ (0.04 €/m³) となった。これらの値は、従来の処理法である EC や Actiflo と比較して、低くなった。さらに、最適条件下における Cd と Zn の除去率は、それぞれ 99%と 93%であった。したがって、BEF は費用対効果に優れた廃水処理方法であることがわかった。

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（CPFEX）とした。異なる濃度（0-100 µg/L）の CPFEX 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、CPFEX（0.25, 2 µg/mL）を含有させた CHROMagarTM ECC 培地と R2A 寒天培地を用いて選択培養を行い、CPFEX 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 CPFEX、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 CPFEX 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 CPFEX 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 CPFEX において有意に増加した（ $p < 0.001$ ）。そこで、10 µg/L の CPFEX 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 CPFEX 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 CPFEX 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、CPFEX が 1.0 µg/L の濃度で存在した場合、大腸菌は CPFEX 耐性を獲得することが示唆された。

第 309 回雑誌会

(Nov. 16, 2018)

(1) Bias correcting instantaneous peak flows generated using a continuous, semi-distributed hydrologic model

Spellman, P., Webster, V. and Watkins, D.

Journal of Flood Risk Management, doi.org/10.1111/jfr3.12342 (2018).

Reviewed by S. Nakao

これまでに、米国において実施されてきた洪水リスク解析では、気候変動や土地利用の著しい変化を考慮していなかった。一方、SWAT モデルは、気候変動や土地利用変化に応じた河川流量の変化を予測可能なモデルである。また、洪水ピーク流量の長期予測を行う際には、バイアスの発生が懸念される。そこで本研究では、3 種類のバイアス補正手法を用いて SWAT モデルによる流出解析を行い、それぞれのピーク流量の予測結果を比較した。対象領域は、米国の北東部と中西部に位置する都市、森林、農地を主要な土地被覆とする 3 流域とした。各流域の土地利用情報は、National Land Cover Dataset (NLCD) から得た。各流域における瞬間ピーク流量の観測値は、国家水情報システム (National Water Information System) から得た。解析結果の校正は、決定係数 (R^2)、Nash-Sutcliffe 効率係数 (NSE)、Percent Bias (PBIAS)、Root Mean Squared Error (RMSE)、Peak Weighted Root Mean Squared Error ($RMSE_p$) を用いて行った。その後、線形法、非線形法、およびクオンタイル法を用いて解析結果のバイアスを補正した。バイアス補正後の計算値の精度を評価するため、Absolute Relative difference (ARD) を使用した。モデルの検証期間は、1953 年から 1972 年までを対象とした。

観測流量と計算値を各流域で比較した結果、都市流域と農地流域において高い再現性を示したが、森林流域において相対的に低い再現性を示した。バイアス補正後の各流域における解析結果は、NSE において 0.5 以上、 R^2 において 0.56 から 0.76 の範囲であり、SWAT モデルでの瞬間ピーク流量の推定精度が高いとわかった。PBIAS は、森林流域において 20.2、都市流域において 21.5、農地流域において 6.81 であり、全ての地点において過小評価の傾向が確認された。都市流域における $RMSE_p$ は、森林と農地に比べて低かった。RMSE は、都市流域では低い精度を示したが、森林と農地では比較的高い精度を示した。さらに、ARD を用いてバイアス補正方法を比較したところ、最も精度よく再現できていたのは線形法であった。以上のことから、洪水ピーク流量の長期予測を行う際のバイアス補正方法として、線形法が最も有益な方法であることが考えられた。

(2) Seasonal variability in the persistence of dissolved environmental DNA (eDNA) in a marine system: The role of microbial nutrient limitation

Salter, I.

PLOS ONE, **13**(2), 1-23 (2018).

Reviewed by K. Akahoshi

海洋における環境 DNA (eDNA) の調査では、時間的および空間的要因を考慮する必要がある。その中で、溶存 eDNA の分布と回転率は、環境因子や季節変動によって変化することが知られている。そこで本研究では、地中海北西部の沿岸域を対象として、環境因子が溶存 eDNA の回転率の季節変動に与える影響を調査した。試料水は、2012 年 1 月～12 月において、表層 3 m 以下の海水を週 2 回採取した。本研究では次の項目を測定した：①基礎データ（水深、水温、塩分濃度）、②季節変動の環境因子（クロロフィル a、溶存酸素、pH、栄養塩濃度）、③生物応答試験による微生物が利用可能なリン酸濃度 (k+Sn)、④シンチレーションカウンターによる細菌細胞の放射能取り込み、⑤Rigler バイオアッセイ法によるリン酸塩濃度、アデノシン三リン酸濃度、デオキシリボ核酸濃度。そして、リン酸塩やリン酸塩回転率などを予測変数とした偏最小二乗回帰 (PLSR) モデルから溶存 eDNA の回転率を予測し、回転率の季節変動を評価した。また、PLSR 分析によって、溶出した eDNA の残留性と残留性の季節変動に環境因子が与える影響を調べた。

海水の塩分濃度は、5 月 9 日～14 日において一時的に減少したが、明瞭な季節変動は認められなかった。そこで、同時期における他の測定項目に注目したところ、クロロフィル a 量は、5 月 9 日において最も高い値 (1.8 $\mu\text{g/L}$) を示した。これに対して、溶存酸素と栄養塩濃度には季節変動が認められた。リン酸塩濃度は、0.03～0.06 μM の間で変動し、夏季には検出限界以下であった。そこで、k+Sn を測定したところ、1 月～3 月の期間では 0.03～0.06 μM となり、その後急激に減少し、9 月末まで検出限界以下となった。この結果から夏季の温度が高い場合には、微生物代謝の活発化が示唆された。次に、溶存 eDNA の回転率を調べたところ、溶存 eDNA は、リン酸塩の濃度が低い場合は 3 時間以上、高い場合は 33 日間以内に入れ替わることがわかった。以上より、海洋環境の溶存 eDNA の残留性は、リン基質を利用する微生物によって変化することが示唆された。

第 310 回雑誌会

(Nov. 29, 2018)

(1) Coagulation behavior of kaolin-anionic surfactant simulative wastewater by polyaluminum chloride-polymer dual coagulants

Li, R., Gao, B., Sun, J. and Yue, Q.

Environmental Science and Pollution Research, **25**, 7382-7390 (2018).

Reviewed by R. Kaku

化学洗剤の主成分である界面活性剤として広く用いられるドデシルベンゼンスルホン酸ナトリウム (SDBS) は、水生生物に悪影響を及ぼす有害物質である。そのため、SDBS を適切に処理することは重要である。本研究では、SDBS が含有するカオリン懸濁液を対象とし、ポリ塩化アルミニウム (PAC) とポリアクリルアミド (PAM) を用いて、各因子 (PAC の添加量, pH, 攪拌速度) を変化させて凝集実験を行い、各因子が凝集効率とフロック特性に及ぼす影響を検討した。原水は、水道水に SDBS とカオリンの濃度が、30 ppm と 50 ppm になるよう調整した。凝集剤の添加条件は、PAC の単独添加、ならびに PAC と PAM (1.0 mg/L) の混合添加の 2 条件とした。凝集実験の前後の試料について、次の項目を測定した：ゼータ電位、濁度、全有機炭素量 (DOC)、フロック径。測定したフロック径をもとに強度係数 (S_f) とフロック回復係数 (R_f) を算出し、凝集剤の添加量と試料の pH がフロック特性に及ぼす影響を分析した。また、フラクタル次元 (D_f) を用いてフロックの構造を定量的に評価した。

PAC と PAM の混合添加は、PAC の単独添加と比較して、処理水の濁度と DOC の除去率が最大の条件において、それぞれ 21% と 15% に増加した。また、凝集剤の混合添加における濁度と DOC の除去率は、PAC 添加量 10 mg/L において最大となり、それぞれ 98.5% と 42.2% であった。異なる pH 条件下で凝集処理を行ったところ、凝集剤の混合添加では、pH 5~7 の酸性条件下において、良好なサイズ (350 μm 以上) のフロックが形成された。攪拌速度を変化させた凝集実験では、PAC の単独添加において、攪拌速度の増加とともにフロック径は減少し、高い攪拌速度 (200~300 rpm) では、フロックが完全に破壊された。これに対して、混合添加においては、攪拌速度が増加するにつれて、フロック径の粒度分布は広くなり、マイクロフロックの形成も確認された。このことから、PAM の架橋作用によって、結合力の強いフロックが形成されることがわかった。 S_f と D_f を算出したところ、単独添加において、PAC 添加量が増加するにつれて、それぞれの値が高くなったが、 R_f は減少する傾向を示した。混合添加では、PAM を添加することによって、 R_f とフロックの成長速度が明瞭に増加した。以上のことから、混合添加では、PAM の架橋作用によって凝集性が向上し、 R_f とフロックの成長速度は増加することが明らかとなった。

(2) Clay mineralogy and source-to-sink transport processes of Changjiang River sediments in the estuarine and inner shelf areas of the East China Sea

Zhao, Y., Zou, X., Geo, J., Wang, C., Li, Y., Yao, Y., Zhao, W. and Xu, M.

Journal of Asian Earth Sciences, **152**, 91-102 (2018).

Reviewed by T. Tsutsumi

東シナ海の河口内陸棚に流入する堆積物の約 70%が長江由来である。しかし、近年、長江流域では、5 万基以上のダムが建設され、海への堆積物流入量は減少している。特に、世界最大である三峡ダムの影響は大きい。そこで本研究では、長江と東シナ海を対象として、堆積物の分布特性、堆積物輸送パターンの変化を調査し、長江から東シナ海沿岸における堆積物の流入経路を過去のデータと比較した。2015 年に長江およびその主要流域（金沙江、ミントウ江、嘉陵江、漢江、烏江、洞庭湖、ポーヤン湖、太湖）から浮遊砂試料を 21 試料採取した。また、2013 年に東シナ海の地表堆積物を 50 試料採取した。各試料について、X 線回析分析（XRD）によって、粘土鉱物を同定した。また、粘土鉱物のピーク強度比によるクラスター解析によって、試料間の類似性を評価した。これらの結果を用いて、長江とその沿岸域における、粘土鉱物の輸送特性と起源推定について検討した。さらに、三峡ダムが長江とその沿岸海域に与える影響を調査した。

長江流域の試料において XRD 分析を行った結果、イライト、カオリナイト、クロライト、およびスメクタイトが同定された。同定された粘土鉱物について、分布特性を調査した結果、長江の上流にはイライトが多く、中流にはカオリナイトが多く分布していると推察された。また、漢江はスメクタイト含有量が多かった。次に、東シナ海の表層堆積物では、イライト、カオリナイト、クロライト、およびスメクタイトが同定された。分布特性を調査した結果、イライトとクロライトは、長江河口付近に多く分布し、東部ではイライト分布の割合が低かった。スメクタイトは、北東部と北西部で高い割合となり、カオリナイトは、南部で高い割合を示した。次に、クラスター解析を行った結果、イライトの割合が大きいグループと、スメクタイトの割合が大きいグループの二つに分類された。イライトの割合が大きいグループは、長江由来のものが多く分布しており、スメクタイトの割合が大きいグループは、長江と近隣河川由来のものが多く分布していると考えられた。三峡ダムの建設の影響によって、海への堆積物輸送量は、年々減少しており、ダム下流の粘土鉱物割合は、徐々に変化した。また、ダム建設後、ダム上流ではイライトが増加し、下流は、カオリナイトが増加した。以上の結果から、三峡ダムの建設は、東シナ海の粘土鉱物分布に影響を与えていることが示唆された。

(3) $\delta^{15}\text{N}$ and nutrient stoichiometry of water, aquatic organisms and environmental implications in Taihu lake, China

Tao, Y., Dan, D., Kun, L., Chengda, H., Guo, F., Qujin, X., Fuhong, S. and Fengchang, W.

Environmental Pollution, **237**, 166-173 (2018).

Reviewed by N. Fujii

中国の太湖流域における急速な都市化により、湖の生態系が汚染されている。太湖の窒素汚染抑制を目的に環境基準が設定されたが、依然として汚染された水が流域に排出されており、太湖水質の維持管理は大きな課題となっている。そこで本研究では、太湖の雨水、窒素肥料、未処理の下水、処理水、水生生物、および湖水の $\delta^{15}\text{N}$ 値を測定し、窒素負荷の起源を推定した。また、測定結果から季節的変動と空間的変動を特徴づけて、太湖の窒素循環を調査した。湖水と下水の試料は、2010年～2015年の夏季、秋季、および冬季に採取した。全ての水試料は、同位体比質量分析計を用いて、 $\delta^{15}\text{N}$ 値を測定した。水試料の全窒素、硝酸塩、および全リンも測定した。植物プランクトン、動物プランクトン、貝類、エビ、および魚類は、生物の筋組織のみを用いて $\delta^{15}\text{N}$ 値を測定した。また、元素分析装置を用いて、植物プランクトンの全窒素と炭素を測定した。

$\delta^{15}\text{N}$ 値を測定した結果、窒素肥料は最も低い値 ($-1.0\text{‰} \pm 1.6$) を示した。太湖の雨水の $\delta^{15}\text{N}$ 値は $-0.2\text{‰} \sim 9.3\text{‰}$ の広い範囲で変化し、中国における降雨の $\delta^{15}\text{N}$ 値と同様の季節的な変動が確認された。太湖に流入する未処理の下水と処理水の $\delta^{15}\text{N}$ 値は、それぞれ $7.8\text{‰} \pm 3.8$ と $14.0\text{‰} \pm 7.3$ であり、異なる値を示した。植物プランクトンの $\delta^{15}\text{N}$ 値は、 $14.1\text{‰} \pm 3.2$ であり、処理水と同様の値を示した。太湖全体の $\delta^{15}\text{N}$ 値の頻度分布を調べた結果、最頻値は $8\text{‰} \sim 12\text{‰}$ であった。この値は、下水の $\delta^{15}\text{N}$ 値と一致していた。これらのことから、流域への下水流出が湖水と生物に影響を与えていることが示唆された。硝酸塩中の $\delta^{15}\text{N}$ 値を調べた結果、夏は秋や冬と比較して $\delta^{15}\text{N}$ 値が高くなり、太湖の $\delta^{15}\text{N}$ 値は季節的な変動を示すことがわかった。これは、高い気温による脱窒が影響したと考えられる。太湖北西と太湖南東の湖水の $\delta^{15}\text{N}$ 値を比較した結果、太湖北西は下水流入の影響によって高い $\delta^{15}\text{N}$ 値を示し、太湖の $\delta^{15}\text{N}$ 値は空間的に変動していることがわかった。湖水の硝酸塩濃度と $\delta^{15}\text{N}$ 値を比較した結果、夏季は有意な相関を示さず ($r = 0.31$)、冬季は有意な正の相関を示した ($r = 0.88, p < 0.05$)。これは、季節によって太湖の窒素循環が変動することを示唆している。以上のことから、下水由来の窒素が太湖に大きな負荷をもたらしており、太湖の $\delta^{15}\text{N}$ 値は季節的または空間的に変動することが示唆された。

(4) Distributions of clay minerals in surface sediments of the middle Bay of Bengal:

Source and transport pattern

Li, J., Liu, S., Shi, X., Feng, X., Fang, X., Cao, P., Sun, X., Ye, W., Khokiattiwong, S. and Kornkanitnan, N.

Continental Shelf Research, **145**, 59-67 (2017).

Reviewed by A. Miyazono

大陸に供給される堆積物は、河川からの流入や沿岸の侵食などの環境要因によって変動することが知られている。ベンガル湾では、様々な沿岸流の影響を受けているものの、堆積物の分布や起源は明確にされていない。そこで本研究では、ベンガル湾を対象として、堆積物の粒度分布、および粘土鉱物組成を調査し、ベンガル湾における堆積物の起源を推定した。試料は、湾内から表層堆積物を合計 110 試料採取した。各試料について、粒度分析によって、粒度、および粘土分含有率の測定をした。また、X 線回折 (XRD) 分析によって、粘土鉱物を同定した。さらに、粘土鉱物存在割合を明確に区別するために、得られた粘土鉱物のピーク強度比からクラスター分析を行った。その後、沿岸流、および周辺河川 (ガンジス、ブラマプトラ、マハナディ、ゴダバリ、クリシュナ、イラワディ川) の粘土鉱物組成率を比較し、起源推定を行った。

粗粒分は主にベンガル湾中央に分布し、細粒分は、北部と南部に分布した。また、粘土分含有率は、平均値 33%を示し、南部において最も高く (42%)、中央部において最も低い値 (17%)を示した。次に、XRD によって、表層堆積物の粘土鉱物は、イライト、クロライト、スメクタイト、およびカオリナイトが同定された。イライトは、ベンガル湾において主要な粘土鉱物 (平均 52%) であり、北部と中央部において広く分布した。また、クラスター解析の結果、ベンガル湾を大きく二つのグループ (I : 南西部に位置し、イライトとスメクタイトの存在割合が高いグループ, II : I 以外の地点でイライトの存在割合が高く、スメクタイトの存在割合が低いグループ) に分類された。グループ I と II について、沿岸流、および周辺河川の粘土鉱物組成率を比較したところ、I は、インド由来であるガンジス川とブラマプトラ川の粘土鉱物組成割合が類似しており、東インド沿岸流とモンスーン海流によって、輸送されることが示唆された。また、II は、ヒマラヤ由来の粘土が、ブラマプトラ川からモンスーン海流によって、輸送されることが示唆された。以上の結果から、ベンガル湾は、沿岸流や周辺河川の影響を受け、インド、あるいは、ヒマラヤ起源である堆積物が輸送することが示唆された。

第 311 回雑誌会

(Dec. 7, 2018)

(1) Spatial and temporal variation in enterococcal abundance and its relationship to the microbial community in Hawaii beach sand and water

Henglin, C., Kun, Y., Eulyn, P. and Tao, Y.

Applied and Environmental Microbiology, 3601-3609 (2013).

Reviewed by T. Kuroda

海洋環境に存在する腸球菌の多くは、ヒトや温血動物由来であることからふん便汚染を評価する指標として用いられる。しかし、一部の腸球菌は、自然由来の細菌群集の一種であることから、ふん便指標細菌の妥当性が懸念されている。そこで本研究では、砂浜と海水に存在する腸球菌と細菌叢の空間分布、および時間的変動を調査・比較した。調査は 2 段階に分けて実施した。2011 年 11 月において、オアフ島に位置する 23 のビーチから砂試料と海水を採取し、腸球菌数を測定した。そして、腸球菌が高濃度に検出された都市部と農村部のビーチをそれぞれ 1 地点選定した。また、選定されたワイアラエビーチ（都市部）とクアロエビーチ（農村部）を対象として、2012 年 3 月 19 日から 5 月 7 日の期間において、毎週 1 回（合計 8 回）のモニタリング調査を実施した。砂試料は、後浜、波打ち際、および海底から採取した。海水試料は、砂を採取した海底直上の表層から採取した。採取した砂と海水について、細菌数（腸球菌、大腸菌、従属栄養細菌、ビブリオ属菌、ウェルシュ菌）を測定した。また、各試料から DNA を抽出し、次世代シーケンサーによって、16s rRNA 遺伝子を対象とした菌叢解析を実施した。得られた菌叢解析の結果を用いて、多次元尺度構成（MDS）法によって、細菌叢の相対存在量を試料採取地点間で比較し、空間分布、および時間的変動を調べた。

ワイアラエビーチにおける腸球菌は、後浜（263.0 CFU/100 g）において最も高濃度に検出された。次いで、波打ち際（50.1 CFU/100 g）、海底（46.8 CFU/100 g）、海水（12.0 CFU/100 g）であった。クアロエビーチからも、後浜において、腸球菌が高濃度に検出された。そして、腸球菌の濃度は、全試取地点において、ビブリオ属菌と有意な相関関係を示した（ < 0.001 ）。また、菌叢解析によって各試料から細菌が同定された：後浜 196 種類、波打ち際 135 種類、海底 143 種類、海水 103 種類。腸球菌が高濃度に検出された後浜は、他の採取地点と比較して、多種多様の細菌が存在していることがわかった。後浜における種の多様性（4.28）と種の均一性（0.80）も、他の地点と比較して高かった。そこで、MDS を実施した結果、後浜は、調査期間において細菌叢の大きな変動が確認されなかった。以上のことから、オアフ島のビーチには、細菌群集の一部として、自然由来の腸球菌が存在していることが示唆された。

(2) Abundances and profiles of antibiotic resistance genes as well as co-occurrences with human bacterial pathogens in ship ballast tank sediments from a shipyard in Jiangsu Province, China

Lv, B., Cui, Y., Tian, W., Li, J., Xie, B. and Yin, F.

Ecotoxicology and Environmental Safety, **157**, 169-175 (2018).

Reviewed by H. Shimizu

近年、水環境における薬剤耐性遺伝子（ARGs）やヒト病原細菌（HBPs）の拡散が問題となっている。船舶の安全航行に必要なバラストタンク内のバラスト水においても ARGs や HBPs が存在することが報告されている。しかしながら、バラストタンク内の堆積物において、ARGs や HBPs を調査した事例は極めて少ない。そこで本研究では、qPCR 法と次世代シーケンシング（NGS）法によってバラストタンク内の堆積物中に存在する ARGs と HBPs の検出を行った。さらに、ARGs と HBPs との関係性を検討した。堆積物試料は、中国江蘇省江陰市の海上船 9 隻のバラストタンク内からそれぞれ 2.0 kg ずつ採取した。全試料から DNA 抽出後、10 種類の ARGs (*ermB*, *mefA*, *sul1*, *sul2*, *tetM*, *tetQ*, *aadA1*, *strB*, *bla_{CTX-M}*, *bla_{TEM}*), インテグロン (*intI1*), および 16S rRNA 遺伝子を qPCR 法によって定量した。また、全試料を対象に、16S rRNA 遺伝子を標的とした NGS 法によって遺伝子解析を実施した。さらに、ARGs と HBPs の相関関係を調べるために、ネットワーク解析を実施した。

qPCR 法を行った結果、全試料から対象とした全ての ARGs が検出された。その中でも、*sul1* と *sul2* の濃度が比較的高く、それぞれ 8.36×10^7 – 1.61×10^9 copies/g と 2.55×10^7 – 4.31×10^8 copies/g の範囲で検出された。また、*intI1* は 1.73×10^8 – 3.86×10^9 copies/g の範囲で検出され、*sul1*, *sul2*, *tetM*, および *bla_{CTX-M}* に対して有意な正の相関を示した ($p < 0.05$)。これは、*intI1* が上記の ARGs の増加に寄与していることが考えられる。NGS 法で分析したところ、44 種の HBPs が検出された。*Pseudomonas pseudoalcaligenes*, *Enterococcus hirae*, *Shigella sonnei*, および *Bacillus anthracis* が主要な HBPs であり、検出された病原細菌の 64.5%を占めた。そこで、ネットワーク解析を実施した結果、2 種類の ARGs (*sul1*, *sul2*) が 6 種類の HBPs (*B. subtilis*, *E. hirae*, *Citrobacter koseri*, *Streptococcus agalactiae*, *B. anthracis*, *Salmonella typhimurium*) に対して有意な正の相関を示した ($p < 0.05$)。以上のことから、バラストタンク内の堆積物中には ARGs や HBPs が存在しており、公衆衛生向上のためには、バラストタンク内の堆積物の適切な管理が必要であると示唆された。

第 312 回雑誌会

(Dec. 21, 2018)

(1) Spatial Distribution of Benthic Macroinvertebrate Assemblages in Relation to Environmental Variables in Korean Nationwide Streams

Jun, Y. C., Kim, N. Y., Kim, S. H., Park, Y. S., Kong, D. S. and Hwang, S. J.

Water, **8**(1), 27 (2016).

Reviewed by Y. Udo

底生動物と環境変数の関係性については、多くの研究事例が報告されている。しかし、底生動物群集の環境変数に沿った広範囲の分布を調査した研究は少ない。そこで本研究では、底生動物の分布に影響を与える環境変数を明らかにすることを目的とした。調査は、2009年5月に韓国の388本の河川における720地点で実施した。底生動物は、1地点につき瀬から無作為に3箇所採取した。環境変数は、地域変数、河川特性、および水質とした。地域変数は、標高、土地利用割合とした。河川特性は、川幅、流水幅、水深、流速、および河床材料とした。水質は、pH、水温、DO、濁度、EC、BOD、総窒素量(TN)、および総リン量(TP)とした。流域間の差を調べるために、環境変数と底生動物群集について、Kruskal-Wallis検定およびDunnの多重比較検定を実施した。また、主要な分類群と環境変数の相関を調べるために、Spearmanの順位相関分析を行った。さらに、底生動物群集組成の類似度を、Sørensen距離尺度によって算定し、クラスター分析を行った。そして、形成されたクラスター間における環境変数との有意差について、Kruskal-Wallis検定、およびDunnの多重比較検定を用いて評価した。環境変数に沿った底生動物群集の分布を確認するために、正準対応分析(CCA)を実施した。また、底生動物の分布に環境変数が有意な効果を及ぼすか検証するために、モンテカルロシミュレーションを行った。

韓国の河川における底生動物の主要な分類群と環境変数との関係は、標高、流速、および河床材料が重要なパラメータであった。その中でも、*E.pellucidus* ($r=0.410$, $p < 0.001$), およびコガタシマトビケラ ($r=0.435$, $p < 0.001$) の個体数密度は、流速と有意な正の相関を示し、特に50~100 cm/sの範囲で増加した。調査地点は、底生動物の類似度に基づいて5つのクラスターに分類された ($p < 0.001$)。各クラスターは、環境変数の相違によって、明確に区別された ($p < 0.05$)。その中でも標高、河床材料、および流速が大きく異なった。5つのクラスターは、CCA座標においても明瞭に分離された。CCA座標の第1軸に対しては、標高、流速、河床材料、および森林割合が、有意な寄与因子であった。その中でも、標高が最も寄与しており ($r=0.793$, $p < 0.01$)、次いで河床材料が寄与していた ($r=0.747$, $p < 0.01$)。以上の結果より、水質よりも、標高、流速、および河床材料が底生動物の分布を決定する重要な要因であることが示された。

(2) Molecular Characterization and Antimicrobial Resistance Pattern of *Escherichia coli* Recovered from Waste water Treatment Plants in Eastern Cape South Africa

Igwaran, A., Iweriebor, C. B., Okoh, I. A.

International Journal of Environmental Research and Public Health, **15**, 1-10 (2018).

Reviewed by H. Xie

Waste water from households, hospitals, or stock farm contains antibiotics-resistant bacteria of human and animal origin. Waste water treatment plants receive and treat the waste water from these various environments, and discharge to water bodies such as rivers. antibiotic-resistance genes horizontally. However, antibiotic-resistant bacteria are not completely removed from the waste water treatment plants. Therefore, the antibiotic-resistant bacteria included pathogens are detected from surface-water sources. It is important for conservation of public human health to study the antimicrobial susceptibility pattern of major bacteria such as *Escherichia coli*. At present, however, there are few studies on the incidence of antibiotic-resistant *E. coli* and their antibiotic susceptibility pattern recovered from the waste water treatment plants. The aim of this study was to isolate *E. coli* from final effluent of selected waste water treatment plants in Alice and Fort Beaufort, Easter Cape South Africa. Their antibiotic susceptibility pattern, various *E. coli* pathotypes and screen for the presence of resistant genes were examined by using molecular approaches. This study reveals that water samples recovered from the final effluents of waste water treatment plants may likely be one of the major sources of antibiotic-resistant in *E. coli*.

The *E. coli* 173 isolates in water samples were collected from the three different sampled points of the final effluent of the waste water treatment plants. Among the 173 isolates, the 111 (64.16%) isolates were confirmed positive for *E. coli* targeting the housekeeping uidA gene by PCR analysis. A test of antibiotic susceptibility pattern for these isolates showed that clindamycin and erythromycin (100% each) had the highest percentage resistance. The resistant genes screened by molecular technique were ermA and mcr-1. Among the 65 *E. coli* isolates that showed phenotypic resistance to colistin, 31 isolates harboured mcr-1 gene. For the 111 isolates that showed phenotypic resistance to erythromycin, only nine isolates harboured ermA gene. Microbes are notably reduced during the treatment process of waste water treatment plants, but antibiotic-resistant bacteria are channeled into aquatic environment with treated effluents.