第 332 回雑誌会

(Jul. 17, 2020)

(1) Application of digital PCR and next generation sequencing in the etiology investigation of a foodborne disease outbreak caused by *Vibrio parahaemolyticus*

Li, Y., Zhang, S., Li, J., Chen, M., He, M., Wang, Y., Zhang, Y., Jing, H., Ma, H., Li, Y., Zhao, L., Zhao, H., Kan, B. and Pang, B.

Food Microbiology, **84**, (2019).

Reviewed by H. Shimizu

腸炎ビブリオによる感染症は、細菌性下痢疾患の主な要因の一つである。腸炎ビブリオは通常、シーフードや海洋環境から検出される。しかしながら、交差汚染された食品試料中に存在する腸炎ビブリオについての情報は少ない。そこで本研究では、食品試料と糞便試料を対象に、NGS 法やデジタル PCR 法などの遺伝子解析手法を用いることによって、腸炎ビブリオの多様性の調査と病原性腸炎ビブリオの定量を行った。調査は、交差汚染の疑いがある食品（ドライブ）と 3 人の下痢患者の糞便を対象とした。試料をアルカリペプトン水に添加し、増菌処理を行った後、CHROMagar 寒天培地で培養した。その後、TSI 培地で培養を行った食品試料の分離株 100 株と糞便試料の分離株 15 株を用いて、パルスフィールドゲル電気泳動（PFGE）分析を行い、分離株の遺伝子の類似性を評価した。また、腸炎ビブリオの多様性の調査するため、食品試料の分離株 7 株と糞便試料の分離株 3 株から DNA を抽出し、次世代シーケンサーによるメタゲノム解析を行った。多様性は、腸炎ビブリオの RIMD2210633 株と得られたデータを比較して、SNP（Single Nucleotide Polymorphism）を同定することで評価した。さらに、増菌前と増菌後の食品試料から DNA を抽出し、デジタル PCR 法で病原性腸炎ビブリオの定量を行った。対象遺伝子は腸炎ビブリオの非病原性遺伝子である *toxR* および病原性遺伝子の *tdh* とした。

PFGE 分析の結果、糞便試料については PFGE パターンに違いが見られなかった。一方で、食品試料については 6 種類の PFGE パターンが確認された。多様性を評価するためのメタゲノム解析を行ったところ、食品試料では 9,000 を超える SNP が同定された。糞便試料において同定された SNP は 140 であった。このことから、食品試料における腸炎ビブリオの多様性は豊かであることがわかった。食品試料の DNA 抽出物を対象にデジタル PCR 法で腸炎ビブリオの遺伝子を定量したところ、*toxR* と *tdh* の濃度は増菌前の試料で 2347.63 copies/μl と 74.75 copies/μl であった。また、増菌後の濃度は、4886.43 copies/μl と 7.88 copies/μl であった。以上のことから、NGS 法やデジタル PCR 法を用いることによって、腸炎ビブリオの多様性および病原性腸炎ビブリオの定量を行うことが可能であり、感染対策への貢献が期待できる。

(2) Coagulation of Alkalinized Municipal Wastewater Using Seawater Bittern

Ayoub, G. M., Merehbi, F., Abdallah, R., Acra, A., Fadel, and M. E.

Water Environment Research, **71**, 4, (1999).

Reviewed by T. Yadaï

軟化処理は、 Mg^{2+} 、 Ca^{2+} を含む排水にアルカリ剤を加え、水酸化物の沈殿を発生させることによって、処理水中の硬度を下げる方法である。海水中の Mg^{2+} が凝集剤としての作用を持つため、海水を凝集剤として用いる軟化処理法が検討されてきた。しかしながら、海水の添加による総溶解固形物量 (TDS) の増加が問題となる。そこで本研究では、凝集作用がある Mg^{2+} を多量に含む液体苦汁 (LB) を用いて、都市下水の軟化処理を検討した。また、固体苦汁 (DB) と海水 (SW) について、LB との処理性能を比較した。試料は、Beirut と Bakfaya に位置する下水処理施設の流入下水とした。アルカリ剤には、 $Ca(OH)_2$ と NaOH を用いた。SW を凝集剤として用いた場合は、アルカリ剤を加えた都市下水 (1.75-1.95 L) と SW (0.05-0.25 L) を混合させて合計 2 L にした。LB と DB を用いた場合は、アルカリ剤を加えた都市下水 2 L に LB (1.2-6.0 mL) と DB (23.5-117.5 mL) を添加した。続いて、ジャーテスターに設置し、135 rpm で 1 分、23 rpm で 20 分攪拌した後、30 分静置させた。そして、上澄み水を採取した。測定項目は、濁度、化学的酸素要求量 (COD)、総浮遊固形物 (TSS)、TDS、大腸菌群数 (T.C.)、糞便性大腸菌数 (F.C.) である。さらに、 CO_2 の注入による中性化も検討した。

$Ca(OH)_2$ の場合、濁度、COD、TSS の最高除去率は Mg^{2+} が 167 mg/L のときで、それぞれ 99.2、78.4、96.6% であった。NaOH の場合、 Mg^{2+} が 175 mg/L のときに最も除去率が高く、それぞれ 99.0、78.7、98.3% であった。このとき、TDS の増加率も最小であり、 $Ca(OH)_2$ と NaOH で、それぞれ 88% と 126% であった。 $Ca(OH)_2$ の場合、T.C. は 110,000 cfu/mL から 0 cfu/mL に、F.C. は 45,000 cfu/mL から 0 cfu/mL に減少した。一方の NaOH の場合では、T.C. は 40,000 cfu/mL から 7 cfu/mL に、F.C. は 10,000 cfu/mL から 4 cfu/mL に減少した。また、処理水の中性化に必要な CO_2 注入量は、 $Ca(OH)_2$ と NaOH で、それぞれ 56 mL/L と 210 mL/L であった。 $Ca(OH)_2$ の方が NaOH と比較して、TDS の増加率が低く、 CO_2 注入量も少なかった。そこで、 $Ca(OH)_2$ を用いて、SW、LB、DB による処理性能を比較した。その結果、LB は TDS 増加率が最も低く、53% であった。この増加率は、SW の 1/8、DB の 1/2 の値に相当する。したがって、LB は凝集剤として最も適していることがわかった。以上より、 $Ca(OH)_2$ と LB を用いた処理方法が最適である。

第 333 回雑誌会

(Jul. 31, 2020)

(1) Transfer potentials of antibiotic resistance genes in *Escherichia* spp. strains from different sources

Yuan, W., Tian, T. T., Yang, Q. X. and Riaz, L.
Chemosphere, **246**, (2020).

Reviewed by H. Xie

Antibiotic-resistance genes (ARGs) can transfer spread via vertical proliferation of bacteria or horizontal gene transfer via mobile genetic elements (MGEs), such as transposons, integron, plasmids and bacteriophages. Environmental reservoirs of antibiotic-resistant bacteria (ARB) may pose high risks to human health, while the transmission of ARGs can drive the evolution of ARB. In addition, antibiotics exert the primary selection pressure accelerating the expansion of ARGs, while heavy metals can also exert co-selection pressure for ARB. However, information on the dissemination potentials of ARB from different environments is lacking. In this study, *Escherichia* spp. were isolated from livestock manure, untreated hospital wastewater and MWWTPs. The resistance phenotype and gene analyses were examined by 16S rRNA sequencing. 35 isolates of multiple AR *Escherichia* spp. were screened to detect 61 ARGs, 18 MGEs, and gene cassettes to explore the resistance mechanism by PCR method.

A total of 55 *Escherichia* spp. was identified, including 30 isolates from hospital wastewater, 17 isolates from livestock manure, and 8 isolates from MWWTPs. The plasmid profiles of multidrug-resistant *Escherichia* spp. isolated from MWWTPs were like livestock manure but differed from hospital wastewater. The three major classes of ARGs in isolates from the three environments were aminoglycosides, sulfonamides and quinolones. A total of 13 MGEs were found among the 35 AR *Escherichia* isolates. Integron (livestock manure, detection rate is 51.96%; MWWTPs, 51.17%; hospital wastewater, 56.67%) were the most prevalent MGEs from the different sources, followed by transposons and efflux pumps. The most frequently detected gene cassette was *dfxA17+aadA5*, which conferred resistance to trimethoprim, streptomycin, and spectinomycin. The abundance of *intI1*-associated gene cassettes was higher in livestock manure (45.71%) than in hospital wastewater (28.57%) and sludge from MWWTPs (25.71%). The *merA* gene, which confers resistance to mercury and contained higher concentrations of heavy metals, was observed in 64.7% of *Escherichia* isolates in livestock manure. MWWTPs, as comprehensive sites for human and industry wastewater, provide a focus for the evolution. *Escherichia* strains from livestock manure and MWWTPs had higher abilities to acquire additional resistance, possibly due to the MGEs and heavy metals.

(2) Interaction between ballasting agent and flocs in ballasted flocculation for the removal of suspended solids in water

Zafisah, S, N., Ang, L, W., Mohammad, W, A., Hilal, N. and Johnson, J, D.

Journal of Water Process Engineering, **33**, 101028 (2020).

Reviewed by R. Kaku

バラスト凝集 (BF) は、従来の凝集沈殿に用いられる無機凝集剤に加えて、バラスト剤 (BA) と高分子凝集剤を併用する新たな処理法であり、従来法と比較して優れた処理性を有する。しかしながら、BFにおけるフロック形成に関する情報は不足している。本研究では、フミン酸と塩混合物 (NaCl, $\text{CaCl}_2 \cdot 2\text{H}_2\text{O}$ および NaHCO_3) を含有するカオリン懸濁液 (pH 7.0, 濁度 30 NTU, ゼータ電位 -29.9 mV) を対象とし、BA (珪砂) とカチオン性高分子凝集剤 (Zetag 8165) を用いて凝集試験を行い、BA がフロック形成と濁度除去に及ぼす影響を検討した。無機凝集剤には塩化第二鉄 (FeCl_3) を使用した。凝集処理後の上澄み水を採取し、処理水の濁度と残留粒子のゼータ電位を測定した。また、BF 処理におけるフロックの沈降時間を測定することによって、懸濁物処理法としての有用性を検討した。なお BF 実験については、珪砂の注入率を 1 g/L に固定し、Zetag 8165 の注入率を 1-4 mg/L に変化させて、Zetag 8165 の最適注入率を求めた。その後、Zetag 8165 を最適注入率に固定し、珪砂の注入率を 1-4 g/L に変化させて最適注入率を検討した。

Zetag 8165 の注入率 1 mg/L における濁度除去率は 35%であったが、Zetag 8165 の注入率を 2 mg/L に設定すると除去率は 90%となった。また、Zetag 8165 の注入率を 3-4 mg/L に増加させても除去率 (89-90%) に変化は見られなかった。したがって、Zetag 8165 の最適注入率を 2 mg/L とした。珪砂については、注入率 1 g/L において濁度除去率 90%が得られた。また、注入率の増加に伴って濁度除去率は減少し、珪砂の注入率 4 g/L における除去率は 86%であった。以上の結果から、最適凝集条件は、珪砂の注入率が 1 g/L、Zetag 8165 の注入率が 2 mg/L のときであり、濁度除去率 90%を達成した。また、この条件におけるフロックの沈降時間は 3.21 s であり、通常の凝集沈殿における沈降時間 (>300 s) と比較すると迅速な処理が可能である。ゼータ電位については、Zetag 8165 の注入率を変化させると、負の領域で変動 (-25.9 – -19.9 mV) する傾向を示した。これに対し、珪砂の注入率を変化させた場合は、珪砂の注入率の大小にかかわらず、ゼータ電位は負の一定値 (-21.8 – -19.8 mV) をとることがわかった。このことから、珪砂は凝集剤や高分子凝集剤と化学的な相互作用を持たないことが明らかとなった。今後は、様々な種類の凝集剤と高分子凝集剤を用いた際に、珪砂がフロック形成と濁度除去に及ぼす影響を調査する必要がある。

第 334 回雑誌会

(Aug. 7, 2020)

(1) *Escherichia coli* concentrations in water of a reservoir system impacted by cattle and migratory waterfowl

Hansen, S., Messer, T., Mittelstet, A., Berry, D, E., Bertelt-Hunt, S. and Abimbola, O.
Science of the Total Environment, **705**, (2020).

Reviewed by M. Katafuchi

地表水の大腸菌汚染は、放牧家畜や水鳥からのふん便の流出が主な要因である。現在、特に平原などの水が限られた地域では、水路において大腸菌濃度の基準値が慢性的に超過しており、発生源と輸送パターンの特特定が必要である。しかしながら、水路における大腸菌汚染についてのデータは少ない。そこで本研究では、家畜の放牧地内において、水文学的に制御された水路を対象に、5つの降雨イベント後の大腸菌濃度、硝酸態窒素 ($\text{NO}_3\text{-N}$) 濃度、およびリン酸態リン ($\text{PO}_4\text{-P}$) 濃度を測定した。試料採取と分析は、アメリカ合衆国ネブラスカ州の米国食肉動物研究センター (USMARC) で行われた。大腸菌濃度は、Collilert 試薬 (IDEXX) と Quanti-Tray/2000 (IDEXX) 分析によって測定した。次に、 $\text{NO}_3\text{-N}$ 濃度と $\text{PO}_4\text{-P}$ 濃度は、AQ2 (Seal Analytical) を用いて測定した。さらに、USMARC に存在する放牧地のうち、水路から 50 m 以内に位置する 92 地点について、水路への家畜の接近と大腸菌汚染の相互作用を調査した。続いて、調査地点における水鳥の密度を測定し、水路の大腸菌濃度に対する家畜の密度、また水鳥の密度との相関関係について、単純あるいは複数の線形回帰分析を用いて評価した ($\alpha=0.05$)。最後に、大腸菌の発生源を推定するため、大腸菌の濃度を季節 (夏, 秋) とソース (家畜の密度, 水鳥の密度) を使用し、二元配置分散分析によって評価した。全ての統計分析は、JMP14 (SAS Institute Inc.) を用いて行った。

降雨イベント後に測定された大腸菌濃度と $\text{PO}_4\text{-P}$ 濃度は、下流とともに増加傾向を示した。これは、水路中に浮遊する土壌由来の懸濁物質に、大腸菌および $\text{PO}_4\text{-P}$ が吸着し、輸送速度が下がったためと考えられた。一方、 $\text{NO}_3\text{-N}$ 濃度は減少傾向を示した。これは、水路中の浮遊藻類や脱窒菌により、 $\text{NO}_3\text{-N}$ が消費されたためと考えられた。また、線形回帰分析の結果、降雨イベント後の大腸菌濃度は、50 m 以内の家畜の存在と強い相関関係があった ($R^2=0.7323$)。すなわち、降雨イベント時の水路に家畜が隣接していた場合、イベント後に水路の大腸菌濃度が増加する傾向にあった。最後に、分散分析の結果、夏の降雨イベント後に発生した大腸菌は、家畜が主要な発生源であり ($p<0.0001$)、秋の降雨イベント後に発生した大腸菌は、水鳥が主要な発生源である可能性が高いことがわかった ($p=0.0422$)。以上のことから、水路の大腸菌濃度は家畜や水鳥の存在に関係し、本研究は、水路の最良な管理方法を決定するための重要な情報となる。

第 335 回雑誌会

(Aug. 21, 2020)

(1) Dispersal of potentially pathogenic bacteria by plastic debris in Guanabara Bay, RJ, Brazil

Silva, M. M., Maldonado, G. C., Castro, R. O., Felizardo, J. S., Cardoso, R. P., Anjos, R. M. and Araújo, F. V.

Marine Pollution Bulletin, **141**, 561–568, (2019).

Reviewed by W. Sugiyama

海水に浮かぶプラスチック破片には微生物群集が形成され、風、海流、および波動によって輸送されることで、微生物群集中に存在する病原細菌を拡散させる可能性がある。しかしながら、熱帯や亜熱帯環境におけるプラスチック破片の微生物群集に関する研究は少ない。そこで本研究では、ブラジルに位置するグアナバラ湾を対象に、海水とプラスチック破片の微生物群集および病原細菌とプラスチックの関係性を調査した。調査は、グアナバラ湾周辺の 4 か所で実施し、水試料 (4 試料) とプラスチック破片 (14 試料) を採取した。プラスチックの化学的特性評価は、フーリエ変換赤外 (FTIR) 分光法を用いて行った。各試料を添加した滅菌緩衝ペプトン水を対象に、大腸菌群 (TC) と従属栄養細菌 (HB) をそれぞれ Most Probable Number (MPN) 法と平板表面塗抹法で計数した。次に、水およびプラスチック試料を EMB 選択培地と TCBS 選択培地で培養し、120 株を単離し、それぞれの株から DNA を抽出した。その後、PCR 法を用いて大腸菌とビブリオの病原遺伝子を検出した。対象遺伝子は、大腸菌の病原遺伝子 7 種類 (*EaeA*, *stx1*, *stx2*, *lt*, *st*, *eagg*, *ial*) とビブリオの病原遺伝子 3 種類 (*sodB*, *flaE*, *hsp*) とした。さらに、多変量解析によって水試料とプラスチック試料における病原細菌の類似性を評価した。

プラスチック試料の化学的特性を調査したところ、ポリエチレン 5 試料、ポリプロピレン 4 試料、ポリエチレンテレフタレート 5 試料であった。水試料の TC と HB の細菌数は、それぞれ 1.96-4.23 log₁₀ MPN/100 mL と 3.98-4.62 log₁₀ MPN/100 mL の範囲であった。プラスチック試料の TC と HB の濃度は、それぞれ 0-4.74 log₁₀ MPN/100 g と 3.07-5.38 log₁₀ MPN/100 g の範囲であった。プラスチック試料は、同一地点の水試料と比較して TC の細菌数が高くなる傾向が見られた。また、PCR 法の結果、水試料とプラスチック試料から単離した 120 株のうち、大腸菌の病原遺伝子は 44 株 (*EaeA*: 16 株, *stx1*: 6 株, *stx2*: 5 株, *lt*: 3 株, *st*: 2 株, *eagg*: 6 株, *ial*: 6 株)、ビブリオの病原遺伝子は 13 株 (*sodB*: 8 株, *hsp*: 5 株) で確認された。しかしながら、多変量解析の結果、試料採取地点における水試料とプラスチック試料の病原細菌の類似性は見られなかった。本研究で得られた情報は、プラスチックによる水環境汚染の影響の評価に有用であることが示唆された。

第 336 回雑誌会
(Aug. 28, 2020)

(1) Consecutive ultrafiltration and silica adsorption for recovery of extracellular antibiotic resistance genes from an urban river

Liu, M., Hata, A., Katayama, H. and Kasuga, I.

Environmental Pollution, **260**, 114062 (2020).

Reviewed by S.Tamai

薬剤耐性 (AR) 菌の拡散は、国際的な問題となっている。一般に、細菌は、細胞外 DNA (exDNA) を取り込むこと (形質転換) により AR を獲得することが知られている。しかしながら、水中における exDNA の検出は、その濃度の低さから困難である。そこで本研究では、中空糸限外ろ過 (HFUF) によって、細胞内 DNA (inDNA)、水中に溶解した exDNA (Dis_exDNA)、および浮遊粒子に吸着した exDNA (Ads_exDNA) を同時に回収する方法を検討した。HFUF によって、試料中の各 DNA 分画を濃縮後、遠心分離器を使用して Dis_exDNA を上澄みとして inDNA と Ads_exDNA を含むペレットから分離した。ペレット中から Ads_exDNA の脱離を行うため、プロテイナーゼ K とリン酸ナトリウムバッファーで洗浄した。洗浄されたペレットは inDNA として、FastDNA spin kit for soil によって抽出した。Dis_exDNA と Ads_exDNA は、シリカ粉末に吸着後、溶出することで、PCR の際の阻害化合物を除去した。プロセス全体 (HFUF~シリカ吸着処理) の回収率を評価するため、4 種類の Dis_exDNA (0.5, 1.0, 4.0, 10.0 kbp) を河川水にスパイクし、リアルタイム PCR 法を用いて、Dis_exDNA の回収率を検討した。各 DNA 分画の回収が実証されたプロセスを用いて、東京の多摩川の上流 (排水排出前) 1 地点、下流 (排水排出後) 5 地点からサンプルを採取し、5 つの AR 遺伝子 (ARG) (*sul1*, *tet(A)*, *ere(A)*, *bla*TEM, *qnrD*) と *intI1*, および 16s rRNA 遺伝子を定量し、排水が河川に与える影響を評価した。

Dis_exDNA の全体を通した回収プロセスの回収率は、0.5 kbp 44.5%, 1.0 kbp 38.8%, 5.0 kbp 62.9%, 10.0 kbp 62.2%であった。長鎖 exDNA の回収は、形質転換のプールを評価するために重要である。また、プロテイナーゼ K 処理によって、Ads_exDNA の回収率が 4.0~10.7 倍に向上し、細胞の溶解は確認されなかった。多摩川から採取された実河川水のサンプルでは、inDNA, Dis_exDNA, Ads_exDNA の ARG のコピー数は、排水処理場の下流で増加が確認された。総 DNA に対する Dis_exDNA と Ads_exDNA の ARG の割合は、それぞれ 0.03~20.9%と 1.8~26.7%を占め、Dis_exDNA と Ads_exDNA は無視することのできない ARG の水平伝播のプールであることが確認された。さらに、HFUF は、従来法と比較して、低コストかつろ過速度が迅速であり、inDNA と exDNA を同時に回収できる有望なツールであることが示唆された。

(2) Proposal of a complementary tool to assess environmental river quality: The River Classification Index (RCI)

Ana, M., Aline, V., Bruna, B., Marcelo, M.

Journal of Cleaner Production, **254**, 120000 (2020).

Reviewed by R. Tanaka

流域開発が河川の生物多様性や接続性の喪失を引き起こしている。これまでは、河川環境評価のために水質や生物データが収集されてきた。しかし、環境モニタリングは一般的に高コストであり、河川管理者にとって十分な情報は蓄積されていないのが現状である。そこで本研究では、河川管理者が利用しやすく、河川の環境状態を簡単・迅速かつ高解像度で評価ができる、生物と水質の要素を組み合わせた川分類指数 (RCI) を提案する。RCI は、河岸状態と河川接続性を表す二つの指標の加重積であり、河川環境の状態を 0~1 の値で示す (0.4 以下は劣悪な環境, 0.6 以上は良好な環境を示す)。河岸状態は、川の両岸の幅 15m 以上に覆われた植生区間の割合で評価した。また、河川接続性は、縦、横、垂直の三方向で表した。さらに、縦方向はダムによる河川の間断、横方向は多くの生物種の避難所として機能する氾濫原区間の割合、垂直方向は水面下と地下水間面で発生する水・栄養素・生物の交換でそれぞれ評価した。対象流域は、ブラジルのセスマリア川流域 (SR) とペレケ・アス川流域 (PAR) とした。SR は流域の 75%以上が農村部、25%未満が都市部によって構成されている。PAR は流域の約 83%が環境保護地域であり、森林に覆われている。これら 2つの流域を対象に、現況シナリオ (CS)、現況からさらに都市拡大をして、河川植生と河川接続性が減少したシナリオ (S1)、都市拡大に際して河川接続性と河川植生を維持する環境に配慮したシナリオ (S2) を設定して、それぞれ RCI を計算した。なお、SR の S1 シナリオにおいては、ダム設置による接続性の低下も加味した。

SR.CS (SR の CS シナリオ) における RCI の値は 0.37 であり、PAR.CS の値 (=0.87) と比較して低い結果となった。このことから、RCI によって環境への配慮が異なる流域における河川環境状態の違いを表現できることが示された。SR.S1 と PAR.S1 における RCI は、それぞれ 0.27 と 0.75 になり、都市拡大によって現在と比較して値が低下した。一方、SR.S2 と PAR.S2 の RCI はそれぞれ 0.67 と 0.92 になり、環境に配慮して都市拡大することによって、現在よりも RCI が増加する傾向が確認された。以上のことから、環境モニタリングが不要で、流域都市計画に伴う河川環境状態の変化を定量化できる RCI の有効性が示された。

第 337 回雑誌会

(Jul. 17, 2020)

(1) Bacterial contamination and prevalence of antimicrobial resistance phenotypes in raw fruits and vegetables sold in Delhi, India

Saksena, R., Malik, M. and Gaind, R.

Journal of Food Safety, **40**, (2019).

Reviewed by T. Horita

野菜や果物などの農作物は、収穫前、収穫中、および収穫後のいずれかの段階で病原微生物に汚染される可能性がある。また、農業における抗菌薬の慢性的な使用により、世界中で農作物から薬剤耐性菌が検出されている。そこで本研究では、デリーの小売市場と卸売市場から収集された新鮮な農作物を対象に、病原微生物の存在と薬剤耐性を調査し、薬剤感受性プロファイルを作成した。調査対象は、一般的に生で食される野菜と果物の計 150 試料とした。各試料を 25 g ずつ 225 mL の Brain Heart Infusion 液体培地と混合し、37°C で 6~8 時間培養した。培養後、MacConkey 寒天培地と Blood 寒天培地を用いて、細菌を単離した。単離した細菌について、コロニーの特徴、グラム染色、運動性、ウレアーゼ産生、硫化水素産生、糖分解性、およびフェニルアラニンデアミナーゼ産生などの生化学的性状反応によって菌種同定を行った。さらに、すべての単離株について、ディスク拡散法によって 9 種類の抗菌薬に対する薬剤感受性試験を実施した。同様に、 β -ラクタム系抗菌薬に耐性を持つ ESBL 産生菌、Amp-C 産生菌、MBL 産生菌も、ディスク拡散法を用いてスクリーニングした。

150 試料のうち 146 試料 (97.3%) が、少なくとも 1 種類の細菌で汚染されていた。試料からは合計 285 株の細菌が単離され、菌種同定の結果、大腸菌が全体の 9.5% (27/285 株) を占めた。次に、薬剤感受性試験の結果から、セフトキシム耐性株が大腸菌の 26%、*Klebsiella* spp. の 6.2%、*Enterobacter* spp. の 18.4% から検出された。また、*Acinetobacter* spp. 株は、7.2% のみがセフトキシムに感受性を示した。続いて、腸内細菌科と同定された 141 株のうち、5.6% (8/141 株) が ESBL 産生菌、15.6% (22/141 株) が Amp-C 産生菌であった。グラム陰性桿菌と同定された 6 株は、いずれもカルバペネムに耐性を示した。さらに、この 6 株のうち 50% (3/6 株) は、MBL 産生菌であった。以上のことから、デリーの市場で販売されている農作物は、薬剤耐性菌で汚染されていることがわかった。農作物に ESBL 産生菌や MBL 産生菌が存在することは、環境における薬剤耐性の広がりを示している。今後は、農業における抗生物質の過剰な使用を規制する必要がある。

(2) Adsorption behavior of tetracycline from aqueous solution on ferroferric oxide nanoparticles assisted powdered activated carbon

Zhou, J., Fang, M. and Haijuan, G.

Chemical Engineering Journal, **384**, 123290 (2020).

Reviewed by Y. Ito

テトラサイクリン (TC) の多量投与は、薬剤耐性菌の増加や公衆衛生に悪影響を及ぼす可能性がある。そのため、粉末活性炭 (PAC) と酸化鉄ナノ粒子 (FONP) を組み合わせた FONP-PAC を TC の除去に用いる方法が検討されている。しかしながら、FONP-PAC への TC の吸着挙動に関する情報は不足している。そこで本研究では、吸着剤に FONP-PAC を用いた際の TC の除去性能を評価し、TC の吸着挙動を明らかにすることを目的とした。実験材料は、1FONP-PAC (FONP の質量:PAC の質量=1:1) を用いた。実験方法は、Isotherm batch adsorption と Kinetics batch adsorption の 2 種類で行った。さらに、吸着実験によって平衡吸着量を求め、TC の吸着挙動を吸着平衡論と吸着速度論、ならびに熱力学の観点から分析した。Isotherm batch adsorption では、恒温攪拌槽 (20°C, 攪拌速度 400 rpm) において、TC (30-200 mg/L) と 1FONP-PAC (0.5 g/L) を混合し、吸着平衡に達するまで攪拌した。TC の吸着後に 1FONP-PAC を外部磁場によって磁気分離し、1FONP-PAC 分離後の残留溶液をメンブレンフィルター (孔径 0.45 μm) でろ過した。そして、TC の残留濃度を高速液体クロマトグラフィー (HPLC) によって定量分析した。同様の手順で、温度を 3 条件 (20°C, 30°C, 40°C) に設定して実験した。吸着平衡の解析には、Freundlich モデルを用いた。Kinetics batch adsorption では、1FONP-PAC (0.5 g/L) と TC (50 mg/L, 100 mg/L, 150 mg/L, 200 mg/L) の範囲で実験を行った。また、異なる水理学的滞留時間 (10-300 分) における TC の残留濃度を分析した。その後、吸着データのモデル化を行うために Elovich モデルを用いた。

Isotherm batch adsorption の結果、1FONP-PAC の最大平衡吸着量は 215.5 mg/g であった。吸着平衡論については、Freundlich モデル ($R^2=0.98$ および $R^2=0.99$) が適しており、TC と 1FONP-PAC との間に強い相互作用が認められた。また、Kinetics batch adsorption の結果を吸着速度論の観点から分析すると、Elovich モデル ($R^2>0.996$) が適していた。これらの吸着実験から、TC と 1FONP-PAC の吸着挙動が明らかとなった。さらに、熱力学による分析結果は、温度が高いほど吸着容量が大きくなり、1FONP-PAC における TC の吸着プロセスは吸熱性であることが示された。以上のことから、1FONP-PAC は水溶液中の TC に対して高い吸着能力を示し、吸着プロセスは Freundlich モデルと Elovich モデルを用いることで TC の吸着挙動が予測可能であることがわかった。

第 338 回雑誌会

(Sep. 11, 2020)

(1) Clay mineral compositions in surface sediments of the Ganges-Brahmaputra-Meghna river system of Bengal Basin, Bangladesh

Khan, R, H, M., Liu, J., Liu, S., Seddique, A ,A., Cao, L., and Rahman, A.
Marine Geology, **412**, 27-36 (2019).

Reviewed by M. Matsunaga

バングラデシュの主要 3 河川 (Ganges 川, Brahmaputra 川, および Meghna 川) を含む GBM 水系は、ヒマラヤ山脈からベンガル湾に大量の堆積物を供給している。GBM 水系の流域は、雨季の洪水の増加による膨大な土砂の堆積が報告されているため、堆積物の発生源を特定することが重要である。既往の研究では、堆積物中の粘土鉱物を分析することによって、堆積物の供給源や輸送経路を特定できることが報告されている。しかしながら、GBM 水系の支川を含めた、粘土鉱物の分布特性に関する研究はほとんど行われていないため、水系全体の粘土鉱物学的特性は十分に理解されていない。そこで本研究では、GBM 水系の上流から下流にかけて、粘土鉱物の分布特性を調査し、ベンガル湾における堆積物の起源を特定した。調査対象である GBM 水系は、Ganges 川と Brahmaputra 川の合流河川 (GB 川) と Meghna 川が合流し、GBM 川を形成している。そして、GBM 川はベンガル湾に流れ込んでいる。試料は、GBM 水系の 132 地点から採取した表層堆積物とし、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。次に、XRD 分析の結果から得られた、スメクタイト、イライト、カオリナイトおよび緑泥石のピーク面積と Biscaye の重み係数を用いて、主要 4 鉱物の含有量を算出し、採取地点ごとに比較した。

GBM 川で採取した粘土鉱物の平均含有率は、イライト、緑泥石、カオリナイトおよびスメクタイトで、それぞれ 66%、17%、8%、および 8%であった。また、主要 3 河川の多くの地点において、イライトと緑泥石の平均含有率の合計値が 85%以上となった。このことから、イライトと緑泥石は、主にヒマラヤ山脈を発生源とする堆積物であることがわかった。一方、主要 3 河川中のスメクタイトの平均含有率は、Brahmaputra 川と Meghna 川がそれぞれ 2%と 1%であったのに対して、Ganges 川は 23%と高い値を示した。Ganges 川の粘土鉱物種の構成は、Brahmaputra 川や Meghna 川とは異なることが明らかとなった。この結果から、スメクタイトは、主に Ganges 川の流域であるインド半島を発生源とする堆積物であることがわかった。したがって、ベンガル湾に流入する堆積物中のイライト、緑泥石およびカオリナイトは、主要 3 河川によって供給されているが、スメクタイトの主な供給源は、Ganges 川であることが示唆された。以上のことから、水系全体の粘土鉱物学的特性を把握することで、堆積物の発生源を特定可能となることがわかった。

第 339 回雑誌会

(Sep. 18, 2020)

(1) Detection of antimicrobial-resistance diarrheagenic *Escherichia coli* strains in surface water used to irrigate food products in the northwest of Mexico

Canizalez-Roman, A., Velazquez-Roman, J., Valdez-Flores, M. A., Flores-Villaseñor, H., Vidal, J. E., Muro-Amador, S., Guadrón-Llanos, A. M., Gonzalez-Nuñez, E., Medina-Serrano, J., Tapia-Pastrana, G. and León-Sicairos N.

International Journal of Food Microbiology, **304**, 1-10, (2019).

Reviewed by H. Shimizu

下痢原性大腸菌 (DEC) による水環境の汚染は、世界的な公衆衛生問題となっている。そのため、飲み水、灌漑、およびレクリエーションに使用される水に存在する DEC の調査は重要である。そこで本研究では、メキシコの様々な水域から収集した水試料を対象に、PCR 法を用いて DEC の検出を行った。また、薬剤感受性試験によって薬剤耐性パターンを調査した。調査は、2015 年にメキシコのシナロア州において行い、灌漑用水路、河川、堤防、およびダムから合計 472 の水試料を採取した。水試料を EC 培地で培養後、マッコンキー寒天培地で画線培養を行い、大腸菌陽性株の単離を行った。大腸菌陽性株から DNA 抽出後、DEC の病原遺伝子を対象に、以下の 6 つのプライマーセットを用いた PCR 法によって DEC を検出した：EPEC セット (*eae*, *bfpA*)、EAEC セット (*aggR*, *aafIII*)、ETEC セット (*Lt*, *stII*)、DAEC セット (*daaE*)、EIEC セット (*virF*, *ipaH*)、EHEC セット (*stx1*, *stx2*)。また、DEC と同定された株について、ディスク拡散法によって 9 種類の抗菌薬 (ゲンタマイシン、シプロフロキサシン、ナリジクス酸、スルファメトキサゾールトリメトプリム、テトラサイクリン、アンピシリン、セフトジジム、セフトキシム、クロラムフェニコール) に対する薬剤感受性を評価した。

472 の水試料のうち、206 試料が大腸菌に対して陽性を示した。大腸菌陽性株 (206 株) について PCR 法を行ったところ、29 株で DEC が検出された。その中でも EAEC が 34.5% (10/29 株) と最も高い頻度で検出された。一方で、EIEC と EHEC は検出されなかった。DEC が確認された株について、ディスク拡散法を用いた薬剤感受性試験を実施した結果、セフトキシムに 48% (14/29 株) と最も高い耐性率を示した。次いで、アンピシリンに 45% (13/29 株) が耐性を示した。また、1 剤以上に耐性を示した株は 90% (26/29 株) であった。さらに、17% (5/29 株) は 3 剤以上に耐性を示す多剤耐性 DEC であった。以上のことから、シナロア州の水域には薬剤耐性を有する DEC が存在することがわかった。また、シナロア州はメキシコの主要な農業・産業地域の 1 つとなっており、水環境汚染の対策として DEC の継続的な調査が必要であることが示唆された。

(2) Development of a new IHA method for impact assessment of climate change on flow regime

Yanga, T., Cuia, T., Xu, C., Ciaais, P. and Shi, P.

Global and Planetary Change, **156**, 68-79 (2017).

Reviewed by H. Mineda

河川の流況改変は生態系に負の影響を及ぼすことが指摘されているため、流況改変の程度を定量化する指標の検討は有益である。これまでに提案された流況改変に関する指標の多くには相互相関が存在するため、冗長的な評価になることが問題とされてきた。しかしながら、流況指標における冗長性を低減する手法は確立されていない。そこで本研究では、基準間相関重要性アルゴリズム (CRITIC) によって、流況指標である水文改変指標 (IHA) の相互相関を最小化させた代表的な IHA (RIHA) を決定し、気候変動下の流況改変を定量化することを目的とした。アフリカの Niger 川上流を対象とし、3 種類的水文モデル (HBV, VIC, および WaterGAP3) を適用した。そして、各指標の冗長性・重要性を判別できる CRITIC を基準として、IHA の冗長的な指標を減らし RIHA を決定した。RIHA の有効性は、異なる流況指標である不足流量と余剰流量との相関関係から評価した。その後、5 種類の全球気候モデル (GCMs) と 3 種類の代表濃度経路 (RCP) シナリオから得られる気象データを用いて、気候変動下の流量を予測した。計算期間は、基準期間 (1980~2009) , 2020s (2010~2039), 2050s (2040~2069), および 2080s (2070~2099) の 4 通りとした。基準期間と 3 将来期間を比較し、気候変動下の流況改変を RIHA によって評価した。

CRITIC によって、相互相関の小さい 18 指標の RIHA が選定された。さらに、不足流量と余剰流量の結果から、RIHA は季節毎の計算値と重複せずに相関を有したのに対し、IHA は重複して相関が高まる傾向が確認された。これは、RIHA が冗長性を排除して流況改変を評価する上で IHA よりも優れていることを示している。次に、各期間の 1 年毎に計算した RIHA について、それぞれの平均値と四分位範囲 (計 36 指標) を用いて流況改変を評価した。15 パターンの計算 (3 水文モデル×5GCMs) によると、RCP8.5 (最も温室効果ガス濃度が高いシナリオ) 下の 2050s と 2080s において、中程度の流況改変 (36 指標の内 12~22 指標に有意差) が発生することが予測された。それ以外のシナリオでは、わずかな流況改変 (1~11 の指標に有意差) が高い可能性で発生することが予測された。また、全ての RCP シナリオにおいて、夏の水温上昇や溶存酸素濃度の低下が予測され、生物の生息環境が改変させられることがわかった。以上の結果は、気候変動が Niger 川の生態系に負の影響を与えることを示唆しており、影響緩和に向けた河川管理が求められる。

-

(3) Advanced coagulation using in-situ generated liquid ferrate, Fe (VI), for enhanced pretreatment in seawater RO desalination during algal blooms

Abdullah, H. A., Fortunato, L., Ghaffour, N. and Leiknes, T.

Science of the Total Environment, **685**, 1193-1200, (2019).

Reviewed by T. Yadaï

RO膜を用いた海水淡水化装置において、膜の閉塞を引き起こす有害藻類ブルーム（HABs）が問題となっている。HABsに含まれる藻類由来有機物（AOMs）を前処理プロセスで除去することによって、RO膜の運転効率を向上させることが可能である。そこで本研究では、従来の鉄塩凝集剤の代わりに、鉄酸塩（ Na_2FeO_4 ）を用いてAOMsの除去を検討した。また、除去性能の比較を行うため、従来から使用されている塩化鉄（ FeCl_3 ）を用いた実験も行った。試料は、以下の3種類とした。①海水、②HABsを模倣したアルギン酸ナトリウム添加海水（SA海水）、③天然のHABsを造出した *Chaetoceros affinis* 添加海水（AOM海水）。凝集処理には、ジャーテスターを用いた。試料水2Lを2Lビーカーに取り、急速攪拌を行いながら凝集剤を試料水に添加した。攪拌条件は、急速攪拌（200 rpm）1分間、緩速攪拌（35 rpm）20分間、静置60分間とした。静置後の上澄み水を採取し、各水質項目を測定した。水質項目は以下の通りである：溶存有機炭素（DOC）、藻類濃度、およびアデノシン三リン酸（ATP）。なお、DOCは液体クロマトグラフィー、藻類濃度はBDAccuri®C6フローサイトメーター、ATPはCelsis ATP-Analyzerを用いて測定した。

Na_2FeO_4 を凝集剤として用いた場合、海水、SA海水、およびAOM海水の各試料水におけるDOCの除去率は、それぞれ90%、72%、および93%であった。一方、 FeCl_3 を用いた場合、DOCの除去率は、それぞれ85%、78%、および87%であった。SA海水以外の試料については、 FeCl_3 と比較して、 Na_2FeO_4 の方がDOCの除去において優れた処理性を示すことがわかった。次に、AOM海水において、藻類濃度の除去率を比較したところ、 Na_2FeO_4 を凝集剤として用いた場合の藻類濃度の除去率は100%であり、 FeCl_3 を用いた場合よりも除去率が28%高かった。さらに、ATPの除去率を比較したところ、 Na_2FeO_4 を用いた場合、海水とAOM海水におけるATPの除去率は、いずれも99.99%であった。一方、 FeCl_3 使用時における海水とAOM海水のATPの除去率は、それぞれ41%と57%であった。このことから、 Na_2FeO_4 はATPの除去に効果的であることがわかった。以上のことより、 Na_2FeO_4 はDOCと藻類濃度を高い割合で除去できることに加え、ATPも除去することができるため、 FeCl_3 に代わる凝集剤として期待できる。

第 340 回雑誌会

(Oct. 2nd, 2020)

(1) The role of plasmids in the multiple antibiotic resistance transfer in ESBLs-producing *Escherichia coli* isolated from wastewater treatment plants

Li, Q., Chang, W. S., Zhang, H. N., Hu, D. and Wang, X. P.

Frontiers in Microbiology, **633**, 2019.

Reviewed by H. Xie

Wastewater treatment plants (WTPs) are important reservoirs for human and animal microorganisms, which can re-enter the environment through plant exports. The outlet of the sewage treatment plant contains a large number of bacteria, which is conducive to the bonding between bacteria, and this promotes the transfer of multiple antibiotic resistance genes carried by movable elements. The purpose of this study was to analyze the distribution of ESBLs-producing *E. coli* in municipal WTPs, and isolate ESBLs-producing *E. coli* strains, and then elucidate the multiple antibiotic resistance linked transfer using a conjugative test. The resistant phenotypes and multiple antibiotic-resistant genotypes were compared in transconjugants, donor and recipient strains. At last, the role of plasmids in the multiple antibiotic resistance transfer mechanism in *E. coli* was investigated by analyzing the full-length sequence of one plasmid.

The 80 samples used for research were taken from (i) intake, (ii) treated water, and (iii) final treated wastewater. A total of 50 ESBLs-producing isolates were obtained from 70 isolates of *E. coli*, then they were used as donor bacteria. Then the *E. coli* J53 which sensitive to the 15 antibiotics was as recipient bacteria to perform the plasmid conjugation. After the conjugative test, 35 conjugations of *E. coli* were finally obtained, and the success rate of conjugation was 70%. The results show that under certain selective pressures, the plasmid is very easily transferred between *E. coli*. All transconjugants and donor strains were capable of multiple antibiotic resistance for three or more antibiotics compared to the recipient strain, which was sensitive to the 15 antibiotics. Both transconjugants and donors were capable of resistance to the ampicillin and cephalothin at a rate of 100% (35/35). The *bla*_{TEM} and *bla*_{CTX-M} genes were all transferred successfully at the rate 100% (35/35). The *bla*_{SHV} gene was transferred successfully at the rate 94% (33/35). However, only one strain of the *qnrS* gene was transferred at the rate of 4% (1/24). This study shows that *E. coli* isolated from wastewater was capable of resistance gene transfer and of producing antibiotic resistance phenotypes. The resistance genes are located on plasmids which could transfer in vitro, and the plasmids in *E. coli* play an important role in the multiple antibiotic resistance linked transfer.

(2) Substituting polyacrylamide with an activated starch polymer during ballasted flocculation

Lapointe, M., Barbeau, B.

Journal of Water Process Engineering, **28**, 129-134 (2019).

Reviewed by R. Kaku

バラスト凝集 (BF) は、従来の凝集沈殿に用いられる無機凝集剤に加えて、バラスト剤 (BA) とポリアクリルアミド (PAM) を併用する新たな処理法である。PAM は凝集フロックの沈降促進剤として優れた機能を有するが、PAM の原料であるアクリルアミドモノマー自体が毒性を持つため、厳しい評価基準が設けられている。そこで、PAM の代替として生物由来のデンプンポリマー (SP) が注目されている。本研究では、BF における SP の処理性を評価するとともに、SP の最適凝集条件を検討した。試料は、カナダのケベック州を流れるプレーリー川から採取し、実験に供した。なお、無機凝集剤には塩化第二鉄 (注入率 12.5 mg-Fe/L) を用いた。検討項目は、pH (5.5-7.5)、緩速攪拌時間 (0-8 分)、緩速攪拌強度 (135-195 s⁻¹) および SP の注入率 (0-2.0 mg/L) とし、各項目の条件を変化させて BF 試験を行った。また、電荷密度の異なる 3 種類の SP (Hydrex3841, Hydrex3842, Hydrex3807) を用いて処理効果を比較した。さらに、2 種類の BA (珪砂 1 : SiO₂ 93.6%, 珪砂 2 : SiO₂ 98.7%) と、異なる粒径の BA (72 μm, 90 μm, 143 μm) を用いて BF 試験を行い、処理に最適な BA についても調べた。BF 試験は、各条件における SP 注入後 (0-8 分) のフロック径と、残留濁度に基づいて最適凝集条件を検討した。

残留濁度 (<1 NTU) を達成した条件は、pH 6.4, 緩速攪拌強度 165 s⁻¹ および SP の注入率 2.0 mg/L であり、十分な緩速攪拌時間 (4-8 分) を確保することによって、良好なサイズ (330-350 μm) のフロック形成が確認された。また、処理に最適な SP は、アニオン度 (1.9 mEq/g) の低い Hydrex3842 であることがわかった。珪砂 1 と珪砂 2 を用いた際の SP の最適注入率は、共に 2.0 mg/L であった。また、珪砂 2 を処理に用いた場合、極めて少ない SP 注入率 (1.0 mg/L) で残留濁度 0.7 NTU を達成した。珪砂 1 と珪砂 2 について、粒径を 72 μm, 90 μm および 143 μm の 3 条件に設定した際の残留濁度は、それぞれの珪砂で 0.69 NTU, 0.78 NTU および 1.31 NTU と、0.49 NTU, 0.52 NTU および 0.77 NTU となった。珪砂の種類と粒径に関する結果から、SiO₂ 含有率が高く、粒径の細かい BA を用いることによって、処理性が向上することがわかった。以上のことから、BF の最適条件 (pH 6.4, 緩速攪拌強度 165 s⁻¹, 緩速攪拌時間 8 分) に設定し、適切な BA を選定することによって、極めて少ない SP の注入率 (1.0 mg/L) で良好な処理を行えることが明らかとなった。

第 341 回雑誌会

(Oct. 9th, 2020)

Fecal indicator bacteria, fecal source tracking markers, and pathogens detected in two Hudson River tributaries.

Brooks, M, Y., Bae, S, J., Epstein, L, J., Anderson, R, Renee. and Richardson, E, R.

Water Research, **171**, (2020).

Reviewed by M. Katafuchi

現在、流域中の水系病原体のリスクを推定するために、ふん便汚染指標細菌の濃度測定や、リアルタイム PCR (rt-PCR) 技術を用いた微生物源追跡 (MST) マーカーの定量化が行われている。しかし、これらの方法はリスクを確実に推定することはできない。そこで本研究では、ナノスケール qPCR (ns-qPCR) 技術を用いて水系病原体の定量を行い、推定されたリスクと水系病原体の存在との関連性を調べた。試料は、米国の Wallkill River と Rondout Creek から採取した。試料水中の大腸菌濃度と腸球菌濃度は、それぞれ Collilert と Enterolert Quanti-Tray[®]/2000 (IDEXX) を用いて測定した。続いて、試料水をフィルターに通水し、DNA 抽出キット (Qiagen) を用いてフィルターから核酸を抽出した。そして、5 種類のふん便汚染に関する MST マーカー {ヒト関連 [*Bacteroides thetaiotaomicron* specific a-1-6 (以下 *B. theta*) と HF183], トリ関連 [GFD], ウシ関連 [CowM3], ウマ関連 [HorseBact]} を対象として、rt-PCR アッセイを行った。また、得られた細菌濃度と MST マーカーの存在との関連性について、線形混合モデル分析を実施した。さらに、試料水を接線流限外ろ過で濃縮して核酸を抽出した後、15 種類の DNA マーカー (水系病原体 12 種類, MST マーカー 3 種類) を対象とした ns-qPCR アッセイを行った。定量された対象 DNA は、ピアソン相関行列を用いて対象 DNA 濃度間の相関を調べるとともに、線形混合モデル分析を実施し、細菌濃度および MST マーカーの存在との関連性を調べた。

rt-PCR の結果、定性的な評価 (存在もしくは不在) では、GFD マーカーが最も頻繁に検出された (59.7%)、次いで HF183 (33.3%)、*B. theta* (22.2%)、CowM3 (7.6%) の順で検出された。このとき、*B. theta* マーカーの存在する地点は、存在しない地点と比較して、水中の大腸菌濃度が増加する傾向にあった ($p=0.135$)。ns-qPCR の結果、12 の水系病原体のうち、ロタウイルス、大腸菌 *eae*、およびアデノウイルスを検出定量することができた。MST マーカーでは、ヒト関連マーカー (HumM2) が最も頻繁に検出された (96.7%)。検出された病原体の一部は、特定の MST マーカーと強い相関を示した (大腸菌 *eae* と HumM2, ロタウイルス ANPS3 と CowM3)。以上のことから、ns-qPCR 技術によって流域中のリスクが評価できる。また、Wallkill River におけるふん便汚染の緩和のためには、一貫して観測されたヒトによる汚染に焦点を当てるべきである。

第 342 回雑誌会

(Oct. 19, 2020)

(1) Spatial and seasonal variations of antibiotics in river waters in the Haihe River Catchment in China and ecotoxicological risk assessment

Kai, L., Ying, Z., Wei, C., Hui-Yun, P., Yuan-Xin, C., Xuan, Z., Bo-Bo, G., Andy, S., Chun-Ye, L., Wei, O., Meng-Chang, H. and Xi-Tao, L.

Environment International, **130**, 104919 (2019).

Reviewed by Y. Ito

抗生物質は、ヒトや動物の治療、家畜の成長促進や病気の予防等に幅広く使用されており、ヒトや動物の体内で完全に吸収されず、水環境中に放出される。中国の海河流域では、高濃度の抗生物質が存在すると予測されており、高い生態毒性リスクを引き起こす可能性がある。そこで本研究では、海河流域における抗生物質の乾季と雨季の濃度変化を調査した。調査対象は、フルオロキノロン、マクロライド、スルホンアミド、アンフェニコール、およびβ-ラクタムに属する 15 種類の抗生物質とした。試料採取は、季節的な抗生物質濃度の変動について調査するために、海河の集水域において乾季（2016 年 10 月）と雨季（2017 年 8 月）に分けて実施した。採取地点は、主流と主要支流を含む代表的な 51 地点（河川水：42 点、下水処理場：6 地点、未処理下水：3 地点）とした。各地点の試料は、ろ過後 3 つに分割し、100 ng の内部標準（IS）をスパイクした。次に、HLB カートリッジを調整し、アセトニトリル、酢酸エチル、およびメタノールの混合溶媒で抗生物質を溶離した。最後に、窒素フローを使用して溶離液を 1 mL に濃縮した。抗生物質の濃度は、UPLC-MS/MS によって測定した。

河川水における 15 種類の標的抗生物質の濃度は、いずれも 10 ng/L~102 ng/L の範囲内であった。これらの濃度は、中国や世界全体と比較して、中程度またはわずかに高濃度であった。各地点における 15 種類の標的抗生物質の合計濃度は、414 ng/L~1951 ng/L の範囲内となった。また、本研究で調査されたフロルフェニコールは、この集水域から初めて検出された。15 種類の抗生物質の平均濃度は、1393±283 ng/L であり、下水処理場からの放流水がこれらの抗生物質の主な発生源であることがわかった。季節的な抗生物質濃度の変動をみると、乾季よりも雨季の方が河川水への抗生物質の質量負荷は高かった。また、降雨による希釈によって、河川水中の抗生物質濃度は低くなることがわかった。さらに、アモキシシリン、オフロキサシン、アンヒドロエリスロマイシン、ノルフロキサシン、およびエンロフロキサシンは、地域の水生生態系に高い生態毒性リスクをもたらす可能性が示唆された。以上のことから、抗生物質の使用法における重要な情報を提供し、抗生物質のさらなる調査が必要であることを示した。

(2) Increased inheritance of structure and function of bacterial communities and pathogen propagation in plastisphere along a river with increasing antibiotics pollution gradient

Xue, N., Wang, L., Li, W., Wang, S. and Pan, X.

Environmental Pollution, **265**, 114641, (2020).

Reviewed by W. Sugiyama

水環境に遍在しているプラスチック破片には、プラスチックスフィアと呼ばれる微生物群集によってコロニーが形成されている。また、プラスチック破片は薬剤耐性菌（ARB）やヒト病原体を水環境に拡散させる可能性がある。しかしながら、川沿いのプラスチック破片に存在するプラスチックスフィアの空間パターンに関する研究はまだない。そこで本研究では、プラスチック破片に形成されるバイオフィームと水中の浮遊性細菌の微生物群集構造、および河川の上流から下流における抗菌薬の濃度と微生物群集構造の変動を調査した。水とプラスチック試料は、中国のウルムチ川の上流から下流までの7地点（S1~S7）で採取した。プラスチック試料は減衰全反射フーリエ変換赤外（ATR-FTIR）分光法によって化学的特性を特定した。プラスチック試料を ddH₂O で攪拌した溶液と水試料を 0.22 μm フィルターでろ過し、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。また、4つの抗菌薬（スルファメラジン、ノルフロキサシン、テトラサイクリン、およびロキシシロマイシン）の濃度は、HPLC-MS/MS 分析によって定量した。さらに、FABROTAX データベースを用いて微生物群集の生態学的機能を調査した。

調査した7地点のうち5地点において、プラスチック破片の微生物群集の多様性は水中の浮遊性細菌よりも豊富であった。プラスチックの種類別にみると、ポリエチレンでは *Gammaproteobacteria* 綱、ポリスチレンでは *Aliihoeflea* 属と *Acinetobacter* 属の細菌が豊富に存在した。また、各サンプリングサイトの抗菌薬濃度を測定した結果、下流（17.26~130.58 ng/L）の濃度は、上流（4.51~41.69 ng/L）よりも高いことがわかった。下流の水試料中に存在する細菌群集の 92.3~99.7%は上流からではなく、抗菌薬汚染などの下流の人間活動に影響を受けていた。一方で、下流のプラスチック破片における細菌群集は、上流の細菌分類群を継承していた。さらに、FABROTAX データベースを用いて分析した結果、浮遊性細菌の致死濃度を超える高濃度の抗菌薬の汚染水においても、プラスチックの破片はヒトの病原菌を蓄積する可能性のあることが示唆された。本研究は、プラスチック破片が河川水よりも多様な微生物群集を有し、高濃度の抗菌薬を含む河川水においても病原体の生存を可能とさせることを明らかにした。

(3) Assessment of dam effects on streams and fish assemblages of the conterminous USA

Arthur, C., Dana, I., Wesley, D., Kevin, W., Lizhu, W., and Travis, B.

Science of the Total Environment, **586**, 879-889, (2017).

Reviewed by R. Tanaka

河川生物の生息を阻害する要因として、ダムが挙げられる。しかし、広域にわたるダムがもたらす河川環境への影響を評価した研究は少ない。そこで本研究では、米国全域におけるダム・地理情報データを用いて、ダムの影響を特徴づけるダム指標の開発を行い、河川環境を評価した。また、ダム指標と河川魚類群集サンプルを使用した機械学習モデルにより、ダムによる河川魚類群集への影響を評価した。評価対象地域は、地形や気候の特徴を考慮して9つの地域に分類すると共に、集水面積の規模から6通りのカテゴリに分類した。21のダム指標は、地理情報データ(e.g., 河川の長さ, 集水面積)と河川流量を用いて開発した。さらに、ダム指標をダム分断河川の長さ・集水面積, ダム数, ダムまでの距離および貯水容量の4つの特徴で分類した。その後、主成分分析(PCA)を実施して、河川環境評価に使用するダム指標をダム分断河川の長さ・集水面積の指標を中心とした6指標に縮約し、河川魚類群集の機械学習モデルに使用するダム指標をダム数と距離の指標を中心とした5指標に縮約した。河川魚類群集サンプルは、1990~2013年に37,107地点の河川で取得されたデータを使用した。ダム指標による河川魚類群集への影響を評価するために、Boosted Regression Tree (BRT) モデルを使用した。ダム指標との比較のために、PCAによって縮約された5つのダム指標を用いたモデルの他にも、自然の影響(e.g., 標高, 降水量)を示す6指標, ダム以外の人為的影響(e.g., 流域内人口密度)を表す5指標をそれぞれ説明変数として用いてモデルの比較を行った。

ダム分断河川の長さ・集水面積の指標を用いることによって、調査領域における河川は、ダムによって54,120区間に分断された。集水面積の規模ごとで見ると、源流カテゴリ(集水面積 $\leq 10\text{km}^2$)はダムによって河川区間が819%増加し、大きく分断されていた。BRTモデルでは、deviance explained (数値が高いほどモデルの適合度が高い)を変数ごとに見ると、自然の影響, ダム以外の人為的影響およびダム指標で、それぞれ36.1~76.1%, 8.6~32.5%および8.2~45.1%となった。また、ダム指標と魚類の応答性を見ると、断片化, 流量変動を表すダム指標に対して、流れの速い生息地を好む魚類指標が負の応答を示したのに対して、植物食性の魚類指標は正の応答を示した。以上のことから、ダム指標の開発によってダムによる河川への影響が明らかになり、ダムの影響は、他の人為的影響と同等またはそれ以上に河川魚類群集へ影響を及ぼすことが示唆された。

第 343 回雑誌会

(Oct. 26, 2020)

(1) Microbiological safety and antibiotic resistance risks at a sustainable farm under large-scale open-air composting and composting toilet systems

Liu, N., Xu, L., Han, L., Huang, G. and Ciric, L.

Journal of Hazardous Materials, **401**, (2020).

Reviewed by T. Horita

近年、堆肥中の病原細菌や抗生物質耐性細菌（ARB）に関する研究が注目されている。しかしながら、人間と動物の排泄物を堆肥化する処理方式を同時に分析し、持続可能な生態系農場における病原細菌と ARB のリスクを評価した研究は極めて少ない。そこで本研究では、動物の排泄物を堆肥化する大規模な屋外堆肥化システムと、人間の排泄物を堆肥化するコンポストトイレシステム（CT システム）を用いた持続可能な生態系農場において、病原細菌と ARB のリスクを評価した。ロンドンの農場を調査対象とし、屋外堆肥化システムと CT システムによって生産されたそれぞれの堆肥とそれらの堆肥を用いて育成された野菜、屋外堆肥化システムで堆肥化される家畜ふん尿、植栽地と放牧地の土壌、および灌漑用の雨水など合計 21 サンプルを採取した。病原大腸菌と腸球菌の選択培地には、それぞれエオシンメチレンブルー寒天培地と胆汁エスクリン寒天培地を使用した。また、Clinical and Laboratory Standards Institute に記載されている細菌の最小阻害濃度（MIC）の最大値に従って、アモキシリン（AMX）32 mg/L、テトラサイクリン（TC）16 mg/L、および AMX32 mg/L と TC16 mg/L を添加した R2A 培地で培養し、サンプル中の AMX 耐性、TC 耐性、および AMC-TC 耐性の腸球菌を計数した。さらに、R2A 培地で単離した薬剤耐性腸球菌について、16S rRNA 遺伝子シーケンシングによって菌種を同定した。

病原大腸菌と腸球菌は、家畜のふん尿と土壌で多く確認され、土壌よりも家畜ふん尿中が多くなる傾向にあった。一方で ARB はふん尿よりも土壌で多く確認された。AMX 耐性菌が土壌、堆肥、および野菜から多く計測された。屋外堆肥化システムにより、病原大腸菌と腸球菌の数は減少したが、反面 ARB 数は大幅に増加した。一方で CT システムでは、ARB 数が屋外堆肥化システムよりも減少したものの、病原大腸菌と腸球菌がほとんど減少せず、病原大腸菌は、 2.7×10^8 CFU/g と基準値である 2.0×10^6 CFU/g を大幅に超過した。抗生物質耐性率は、栽培地より野菜が高いことから、耐性菌が植物の根を介して、植物内部における抗生物質耐性の形成・発達を誘導している可能性が示唆される。また、放牧地の土壌と野菜から同一菌種の耐性腸球菌が検出され、AMX と AMX-TC に対する耐性が類似した。これらの調査結果から、農場における堆肥の使用は、抗生物質耐性の拡散と人間の健康に被害をもたらすリスクがある。

(2) Chlorine disinfection increases both intracellular and extracellular antibiotic resistance genes in a full-scale wastewater treatment plant

Liu, S., Qu, H., Yang, D., Hu, H., Liu, W., Qiu, Z., Hou, A., Guo, J., Li, J. and Jin, M.
Water Research, **136**, 131-136, (2018).

Reviewed by S.Tamai

都市下水処理場 (UWWTP) には、抗菌薬や多様な細菌が、病院、家庭、および畜産場からの排水を通じて合流するため、細菌の薬剤耐性の獲得や ARB を蔓延させている可能性がある。その対策として、UWWTP では、ARB や薬剤耐性遺伝子 (ARG) を除去・不活化させるため、二酸化塩素 (ClO₂) などによる消毒が行われている。しかしながら、ClO₂ 消毒によって、死滅した ARB から放出された DNA に含まれる ARG の拡散を招く可能性が報告されている。そこで本研究では、核酸吸着粒子 NAAP (水酸化アルミニウムで被膜されたシリカ) を用いた濃縮法によって、UWWTP から採取された水試料の細胞外 ARG (eARG) と細胞内 ARG (iARG) の動態を 1 年間にわたって調査した。調査は 2016 年に実施し、中国天津市の UWWTP から ClO₂ 消毒前後の水試料を採取した。細胞内 DNA は Bacterial DNA Kit を用いて抽出した。細胞外 DNA は、水試料を NAAP カラムに通水させ、カラムからの溶出後、イソプロパノール沈殿によって回収した。DNA 抽出後、qPCR 法によって 22 種類の ARG の検出・定量を行った。また、スピアマンの相関分析によって、ARG の濃度と ClO₂ 消毒後の水質との関係について調査した。

qPCR 法によって 22 種類の主要な ARG について調査した結果、ClO₂ 消毒後に、eARGs および iARGs の濃度が上昇することが確認された。具体的には、マクロライド (*ermB*)、テトラサイクリン (*tetA*, *tetB*, *tetC*)、スルホンアミド (*sul1*, *sul2*, *sul3*)、β-ラクタム (*ampC*)、アミノグリコシド (*aph(2')-Id*)、リファンピシン (*katG*)、バンコマイシン (*vanA*) の eARG 濃度が、ClO₂ 消毒後に増加した。一般的に、ARB から放出された eARG は、ClO₂ 消毒によってさらに分解されるはずであるが、今回の結果から、上記の ARG は ClO₂ に対して耐性があることが示唆された。また同様に、いくつかの iARG についても ClO₂ 消毒後に増加が確認された。これは、不十分な ClO₂ 投与によって、プラスミドの複製や細菌間での接合伝達の促進が考えられた。さらに、相関分析の結果、eARG の濃度は、ClO₂ 処理前の大腸菌の存在量と正の相関を示した。一方の iARG 濃度は、アンモニウムイオン濃度と正の相関を示し、温度と負の相関を示した。本研究は、ClO₂ 消毒によって iARGs と eARGs の存在量が増加し、環境における ARB の拡散のリスクをもたらす可能性を示唆している。

第 344 回雑誌会

(Nov. 2, 2020)

(1) Mineralogy and geochemistry of modern Yellow River sediments:

Implications for weathering and provenance

Pang, H., Pan, B., Garzanti, E., Gao, H., Zhao, X., and Chen, D.

Chemical Geology, **488**, 76-86 (2018).

Reviewed by M. Matsunaga

中国の黄河流域には黄土高原などの土砂生産場が存在し、黄河の年間流送土砂量は世界一である。また、黄河は寒冷な乾燥地帯から半乾燥地帯を流れるため、堆積物の組成に影響を与える複雑な要因について研究するには非常に適した河川である。既往の研究では、風化や気候の影響について地球化学的手法を用いた調査事例はあるが、風化の指標となる粘土鉱物を対象とした事例は少ない。そこで本研究では、黄河の上流から中流域の河床、氾濫原および支流を対象とし、地球化学的手法に加え、鉱物学的手法を用いて、風化や起源など、堆積物の組成に影響を与える要因について調査した。試料は、黄河の河床、氾濫原、および支流の 214 地点から採取した。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。次に、XRD 分析の結果から得られたスメクタイト、イライト、カオリナイトおよび緑泥石のピーク面積を用いて、主要 4 鉱物の含有率を算出した。化学組成は、蛍光 X 線 (XRF) 分析を行い、堆積物に含まれる元素と酸化物の濃度を測定した。化学的風化の強度は、XRF 分析の結果から得られた酸化物の濃度を用いて、CIA 値 (Chemical Index of Alteration) を算出して評価した。CIA 値が 0~50 の場合は、化学的風化作用の影響を無視することができ、100 に近い場合は強い化学的風化作用を示す。

黄河の粘土鉱物群集の特徴は、2 つに分類された。上流域では、イライトと緑泥石の平均含有率の合計値が 79% となり、イライトと緑泥石が豊富な鉱物群集であった。これに対して、上流域の下部に位置するオルドス高原を流れる支流 10 河川 (Kongdui) と黄河の中流域は、スメクタイトの平均含有率が 70% となり、スメクタイトが豊富な鉱物群集であった。上流域の CIA 値の平均は 52 であった。また、イライトと緑泥石は、主に乾燥した寒冷気候条件下における物理的風化による生成物であるため、化学的風化による影響は無視できることが示唆された。一方、スメクタイトは、主に高温多湿条件下における加水分解による生成物である。しかし、Kongdui の CIA 値の平均は 47 となったことから、化学的風化による影響は無視できることが示唆された。スメクタイトは、オルドス高原に露出しているジュラ紀・白亜紀の碎屑岩に含まれており、Kongdui によって黄河に排出され、中流域まで輸送されていると考えられた。以上のことから、地球化学・鉱物学的手法を用いて、堆積物の風化作用の過程や起源を特定することができた。

第 345 回雑誌会
(Nov. 09, 2020)

(1) A new approach to separating the impacts of climate change and multiple human activities on water cycle processes based on a distributed hydrological model

Liu, J., Zhou, Z., Yan, Z., Gong, J., Jia, Y., Xu, C. and Wang, H.

Journal of Hydrology, **578**, 124096 (2019).

Reviewed by H. Mineda

人口増加や経済発展に伴い、人間活動が水循環に与える影響は多様化している。そのため、河川流量を始めとした水文量に対する人為活動による複合的な影響を評価することは、水資源管理にとって有益である。しかし、複合的な人為活動による水文量への影響を区別して評価し、個々の影響の寄与度を把握する試みは、これまで存在しないのが現状である。そこで本研究では、分布型流出モデルと多要因解析を使用し、複合的な人為的要因による水文量への影響を個別に評価するとともに、影響要因の寄与度を定量化する手法を開発することを目的とした。対象領域は黄河上流の Wei 川流域とし、計算期間は、影響要因が変化する前の基準期間（1956～1990 年）と変化後の影響期間（1991～2005 年）に設定した。3 種類の水文変数（蒸発散量、降雨浸透量、黄河への流入量）に対する 4 種類の影響要因（気候変動、土地利用変化、工場・家庭用取水、農業用取水）の寄与度を検討した。多要因解析とは、全ての影響要因の組み合わせ（以下、シナリオ）を設定し、評価対象である 1 つの影響要因のみが変化するシナリオの組み合わせから得られる水文変数の差を全通り算出し、それらの平均値を対象の影響要因の寄与とする手法である。その後、得られた各影響要因の寄与の相対割合である相対寄与率から、各影響要因の評価を行った。また、水文変数の変化量は、全ての影響要因が変化したシナリオと変化しないシナリオの結果の差から算出された。多要因解析から算出される各影響要因の寄与の合計と水文変数の変化量を比較し、多要因解析の妥当性を評価した。

4 種類の影響要因全てが変化するシナリオにおいて、3 種類の水文変数は全て減少し、影響要因の中でも気候変動が水文変数を最も変化させる要因であることがわかった。蒸発散量では、気候変動が及ぼす相対寄与率は-373.3%、土地利用変化は 33.3%、工業・家庭用取水は 133.3%、農業用取水は 106.7%であった。4 種類の影響要因全ては、黄河への流入量を減少させることがわかった。多要因解析によって算出された各影響要因の寄与の合計は、常に水文変数の変化量と等しいことが確認された。この結果は、多要因解析から算出される各影響要因の寄与の値が妥当であることを示している。以上のことから、多要因解析により、個々の影響要因の寄与度を定量的に評価可能であることが示された。

(2) Performance of precipitation and electrocoagulation as pretreatment of silica removal in brackish water and seawater

Zhang, X., Lu, M., Idrus, M, A, M., Crombie, C., and Jegatheesan, V.

Process Safety and Environmental Protection, **126**, 18–24 (2019).

Reviewed by T. Yadaï

RO膜を用いた海水の淡水化装置において、スケールによる膜の閉塞が問題である。また、膜の汚染物質の中でも、特に、化学的な性質が複雑な二酸化ケイ素 (SiO_2) が問題視されている。 SiO_2 の除去に関する研究は多数報告されているが、海水や汽水などの SiO_2 濃度の異なる原水が引き起こすファウリング形態に関する研究は不足している。そこで本研究では、供給水における懸濁物質の RO 膜閉塞の指標である Silt Density Index (SDI 値) を用いて、膜のファウリング形態を調査し、 SiO_2 を含む原水の前処理の必要性について検討した。また、凝集沈殿法と電解凝集法を用いた場合における SiO_2 の除去率について比較・検討した。原水には、ケイ酸ナトリウム ($\text{Na}_2\text{SiO}_3 \cdot 9\text{H}_2\text{O}$) を用いて SiO_2 濃度を調整した人工海水 (2.8, 9.8, 16.1 mg- SiO_2 /L), 人工汽水 (0.9, 26.3, 26.8, 27.0, 28.7 mg- SiO_2 /L) および蒸留水 (15, 50, 100, 200, 500 mg- SiO_2 /L) を用いた。凝集剤には、水酸化アルミニウム ($\text{Al}(\text{OH})_3$) と塩化鉄 (FeCl_3) を用いた。SDI 値は、試料水通水時間 10 分間 (SDI_{10}) と 15 分間 (SDI_{15}) の値をそれぞれ測定した。処理水中の SiO_2 濃度は、原子吸光分光法によって測定した。

SDI_{10} と SDI_{15} の値は、蒸留水 (15, 50, 100, 200 mg- SiO_2 /L) において、それぞれ 7.6, 7.5, 8.2, 8.1 と 6.4, 6.3, 6.4, 6.4 となった。SDI 値が 5 以上になると、膜が即座に閉塞してしまうため、全ての試料水において適切な前処理が必要であることが確認された。また、SDI 値は試料水中の SiO_2 濃度の高低に関わらず、一定の傾向になることが示唆された。凝集沈殿法における SiO_2 の除去率は、 $\text{Al}(\text{OH})_3$ を用いた場合、蒸留水 (200 mg- SiO_2 /L) と蒸留水 (500 mg- SiO_2 /L) で、それぞれ 74.0% と 67.7% となった。一方、 FeCl_3 を用いた場合には、同様の試料水において SiO_2 の除去率は、それぞれ 26.5% と 37.9% と低下した。したがって、 SiO_2 の除去には、 $\text{Al}(\text{OH})_3$ が適していることがわかった。電解凝集法の SiO_2 濃度の最大除去率は、人工海水 (2.8 mg- SiO_2 /L) と人工汽水 (28.7 mg- SiO_2 /L) で、それぞれ 60.7% と 90.2% となった。また、人工海水では SiO_2 濃度が高いほど除去率は低下するが、人工汽水の場合には、 SiO_2 濃度が高いほど除去率は上昇した。以上のことより、 SiO_2 を含む試料水を RO 膜に通水する前には、適切な前処理が必要である。また、電解凝集法によって試料水中の SiO_2 を大幅に除去できることがわかった。

第 346 回雑誌会

(Nov. 20, 2020)

(1) Dual starch–polyacrylamide polymer system for improved flocculation

Lapointe, M., Barbeau, B.

Water Research, **124**, 202-209 (2017).

Reviewed by R. Kaku

バラスト凝集 (BF) に用いられるポリアクリルアミド (PAM) は、凝集フロックの沈降促進剤として優れた機能を有する。しかしながら、PAM の原料であるアクリルアミドモノマー自体が毒性を有するため、厳しい評価基準が設けられている。そこで、PAM の代替として生物由来のデンプンポリマー (SP) が注目されている。本研究では、BF 処理において PAM と SP をそれぞれ単独で注入した場合の処理性と、PAM と SP を混合注入する手法であるデュアルポリマーシステム (DPS) を適用した場合の処理性について比較・検討した。カナダのプレーリー川下流部に位置する Pont-Viau 浄水場に流入する地表水 (SW) と、水資源回収施設に流入する都市下水 (WW) を採取し、これらを実験用の原水とした。なお、無機凝集剤にはミョウバン (SW 処理時の注入率: 3.64 mg-Al/L, WW 処理時の注入率: 12.73 mg-Al/L) を用いた。検討項目は、PAM の注入率 (0-0.4 mg-PAM/L), SP の注入率 (0-20 mg-starch/L), 緩速攪拌時間 (0-4 分) および緩速攪拌強度 ($100\text{--}200\text{ s}^{-1}$) とし、各項目の条件を変化させて BF 試験を行った。そして、緩速攪拌時間 (0-4 分) に形成されるフロック径と、処理水の残留濁度に基づいて各条件における処理性を検討した。

PAM と SP をそれぞれ単独で注入した際に、残留濁度の目標値 (SW < 1 NTU, WW < 3 NTU) を達成した注入率は、SW の処理においてそれぞれ 0.32 mg-PAM/L と 4.46 mg-starch/L, WW の処理においてそれぞれ 0.28 mg-PAM/L と 18.36 mg-starch/L であった。これに対して、DPS 適用時に必要な PAM と SP の注入率は、SW の処理において 0.1 mg-PAM/L と 0.4 mg-starch/L, WW の処理において、0.15 mg-PAM/L と 0.4 mg-starch/L であった。これらの結果から、BF において、DPS すなわち PAM と SP を併用することによって、注入量を大幅に削減できることが明らかとなった。また、DPS における最適な緩速攪拌強度は $165\text{--}200\text{ s}^{-1}$ の範囲であった。この範囲は、PAM を単独で注入した際の最適な緩速攪拌強度の範囲と一致することがわかった。フロック径は、いずれの注入条件においても緩速攪拌時間 4 分で最大となった。PAM 単独の注入率 0.4 mg-PAM/L, 緩速攪拌時間 4 分において、形成されるフロック径は 539 μm であった。DPS 適用時には、PAM と SP の注入率を 0.05 mg-PAM/L と 0.3 mg-starch/L に設定することによって、同等の大きさ (510 μm) のフロック形成が確認された。以上のことから、BF において DPS を適用することによって、PAM と SP の注入量を削減でき、良好な処理が可能となることが明らかとなった。

(2) Abundances of Clinically Relevant Antibiotic Resistance Genes and Bacterial Community Diversity in the Weihe River, China

Wang, X., Gu, J., Gao, H., Qian, X. and Li, H.

International Journal of Environmental Research and Public Health, **15(4)**, (2018).

Reviewed by H. Shimizu

近年、薬剤耐性遺伝子（ARGs）は、新たな環境汚染物質として注目されている。また、河川などの水環境は ARGs 拡散の重要な経路の一つであり、水環境に存在する ARGs はヒトの健康被害を引き起こす可能性がある。したがって、水質と公衆衛生の保全のため、河川に存在する ARGs を調査することは重要である。そこで本研究では、中国の河川を対象に、液滴デジタルポリメラーゼ連鎖反応（ddPCR）法と次世代シーケンサーを用いた遺伝子解析によって、ARGs の定量と細菌群衆の調査を行った。調査は、2015 年の 11 月に中国の渭水川で行い、13 の地点から水試料を採取した。試料採取後、各試料から DNA を抽出し、6 つの ARGs (*bla_{TEM}*, *mecA*, *vanA*, *strA*, *strB*, *aadA*), *intI1* 遺伝子, および 16S rRNA 遺伝子を ddPCR 法によって定量した。次に、16S rRNA 遺伝子を標的とした次世代シーケンシング（NGS）法によって遺伝子解析を行った。また、冗長性分析（RDA 分析）によって、水試料中の ARGs, 細菌群集, および環境因子（電気伝導率, 温度, pH, 溶存酸素）の関係を調査した。さらに、ネットワーク解析を用いて、ARGs, *intI1* 遺伝子, および細菌群衆の相互作用を検討した。

ddPCR 法によって ARGs を定量したところ、*bla_{TEM}*, *strB*, *aadA* の濃度は 10^3 - 10^5 copies/mL の範囲であった。一方で、*mecA*, *vanA*, *strA* は上記の 3 つの ARGs と比較すると濃度が低く、その濃度は 0-1.94 copies/mL であった。また、*intI1* 遺伝子と 16S rRNA 遺伝子は、すべての試料から検出され、濃度はそれぞれ 2.68×10^3 - 1.20×10^5 copies/mL と 4.38×10^4 - 4.32×10^5 copies/mL であった。NGS 法によって細菌群衆を解析した結果、Proteobacteria 門が最も高い頻度で検出され、その存在割合は 27.4-71.4%であった。次いで、Actinobacteria (9.3-30.6%), Cyanobacteria (3.7-29.5%), Bacteroidetes (6.4-23.7%) が優勢な門として検出された。RDA 分析の結果、Proteobacteria 門と Firmicutes 門が *strB* および *intI1* 遺伝子と正の相関関係を示した。これは、2 つの細菌門が *strB* と *intI1* 遺伝子の増加を促進する要因になると考えられる。ネットワーク解析を行ったところ、ARGs と *intI1* 遺伝子の潜在的な宿主の 62.5%が Proteobacteria 門であることがわかった。以上のことから、渭水川において、ARGs, *intI1* 遺伝子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が必要である。

第 347 回雑誌会

(Nov. 27, 2020)

(1) IncI1 plasmid associated with *bla*_{CTX-M-2} transmission in ESBL-producing *Escherichia coli* isolated from healthy Thoroughbred racehorse, Japan

Sukmawinata, E., Uemura, R., Sato, W., Mitoma, S., Kanda, T. and Sueyoshi, M.

Antibiotics, 9(2), 70, 2020.

Reviewed by H. Xie

Extended-spectrum β -lactamase (ESBL) genes are easily spreading between different species, which is due to their location on conjugative plasmids. Most of ESBL-producing *Escherichia coli* (ESBLEC) in horses refer to clinical isolates, where healthy horses are also potential reservoirs of ESBL producing bacteria. The aim of this study was to evaluate the diversity of plasmid replicon types of ESBLEC isolated from healthy racehorses in Japan. Feces samples were collected from 212 healthy racehorses between 2017/4 and 2018/8. Specific PCR was performed to determine the TEM and SHV β -lactamase genes, and Multiplex PCR was performed to different CTX-M β -lactamase genes. Phylogenetic analysis was performed to place ESBLECs into four main phylogenetic groups (A, B1, B2, and D) by PCR targeting genes. All isolates were tested for susceptibility to 12 antimicrobial agents by MIC test. 24 selected antibiotic-resistant ESBLEC isolates were considered as donor strains, nalidixic-acid (NA) resistant *E. coli* DH5 were used as the recipient strains for the conjugation assay. Finally, the PCR-based replicon typing (PBRT) was performed with 18 pairs of primers to monitor and detect the association between replicons and specific plasmid-borne resistance genes, and Pulsed-field gel electrophoresis (PFGE) was carried out to analyze the similarity cluster.

24 ESBLECs isolated from 23 feces samples were identified. The ESBLEC harboring *bla*_{CTX-M-2} was detected in 87.5% (21/24) of isolates, followed by *bla*_{CTX-M-1} (8.3%; 2/24) and *bla*_{TEM-116} (4.2%; 1/24). Phylogenetic grouping of ESBLECs showed that 37.5% (9/24) belonged to group B2, 33.3% (8/24) belonged to group B1, 20.8% (5/24) belonged to group A, and 8.3% (2/24) belonged to group D. Co-resistance to STX (66.7%; 16/24), SM (50%; 12/24), TC (20.8%; 5/24) and OTC (20.8%; 5/24) was observed. Multidrug-resistant (MDR) ESBLECs were identified from 45.8% (11/24) of isolates showing resistance to at least 3 classes of antibiotic. Conjugation assays were successful in 62.5% (15/24) of ESBLEC harboring *bla*_{CTX-M-2} isolates. PBRT showed the IncI1 plasmid was highly distributed among ESBLEC isolates. Plasmid transmission to the recipient strains was only shown by the IncI1 plasmid. All ESBLECs investigated were genotypically diverse, as shown by a variety of PFGE patterns. Horse feces may act as a source of ESBL genes for *E. coli* that may be transmitted within the environment.

(2) Kinetic, equilibrium, and thermodynamic studies on the adsorption of ciprofloxacin by activated carbon produced from Jerivá (*Syagrus romanzoffiana*)

Carvalho, C. O., Rodrigues, D. L. C., Lima, É. C., Umpierres, C. S., Chaguezac, D. F. C., and Machado, F. M.

Environmental Science and Pollution Research, **26**, 4690-4702 (2019).

Reviewed by Y. Ito

シプロフロキサシン (CIP) は、感染症の治療に世界中で大量に使用されている抗生物質であり、河川において CIP の存在が確認されている。そのため、水中からの CIP 除去技術としてバイオマス残留物から作成した活性炭による吸着が研究されている。そこで本研究では、Jerivá (*Syagrus romanzoffiana*) の内果皮から作成された ACJ (activated carbon Jerivá) を用いて、CIP の吸着挙動を評価した。実験方法として回分式吸着試験を実施し、吸着挙動は、吸着速度論と吸着平衡論に基づいて評価した。吸着試験では、50 mL の平底遠沈管に ACJ (30 mg) を添加後、pH 7 に調整した CIP 溶液 (速度論 : 200 mg/L と 400 mg/L, 平衡論 : 100~900 mg/L) を 20 mL 添加した。次に、温度 (15~45°C) と時間 (速度論 : 1~360 分, 平衡論 : 6 時間) の異なる条件において遠沈管を振とうした。また、ACJ を溶液から分離するために、10,000 rpm で 5 分間遠心分離し、1 mL の試料を分取した。その後、CIP 濃度を測定するために分取した試料を段階的に希釈した。溶液中に残留している CIP の濃度は、可視分光光度法によって推定した。吸着速度は、Avrami 分数次、疑似 1 次、および疑似 2 次モデルを用いて評価した。吸着平衡は、Freundlich、Langmuir、および Liu モデルを用いて評価した。モデルの妥当性は、 R^2_{adj} (自由度調整済み決定係数) と SD (標準偏差) の値を適用することによって検討した。

吸着速度論では、Avrami 分数次モデルが最も適しており、CIP 濃度が 200.0 mg/L と 400.0 mg/L の場合、 R^2_{adj} 値は 0.9965 と 0.9969、SD 値は 1.818 と 2.437 mg/g であった。この結果により、Avrami 分数次モデルが CIP 吸着量の予測に最も適していることが示唆された。吸着平衡論では、Liu モデルが最も適しており、 R^2_{adj} 値は 0.9942 から 0.9985、SD 値は 2.838 から 8.078 の範囲であった。また、CIP の最大平衡吸着量は、40°C で 335.8 mg/g であった。この吸着量は、カーボンナノチューブやグラフェンなどの高い吸着能力を有するナノ材料と比較して、高い値を示した。以上のことから、ACJ は、CIP に対して高い吸着能力を示し、吸着プロセスは、Avrami 分数次モデルと Liu モデルを用いることによって、TC の吸着挙動は予測可能であることがわかった。

第 348 回雑誌会

(Dec. 4, 2020)

(1) Application of molecular source tracking and mass balance approach to identify potential sources of fecal indicator bacteria in a tropical river.

Y, M, Kevan., K, P, Daniel., L, A, Blythe., W, P, Sarah. and Boehm, B, Alexandria.

PLOS ONE, **15(4)**: e0232054 (2020).

Reviewed by M. Katafuchi

現在、流域中のふん便指標細菌 (FIB) の宿主を推定するために、微生物源追跡 (MST) が行われている。MST は、PCR 技術を用いて、宿主特異的な遺伝子型 (マーカー) から宿主を追跡する技術である。本研究では、ハワイを流下するハナレイ川を対象に MST を行い、ハナレイ川に存在する FIB の宿主を調査した。MST の調査では、河川水、川底の堆積物、および川岸の土壌を採取した。また、乾季における河川の上流から下流にかけての FIB の増加量と減少量、また FIB 汚染源からの FIB の流入量と流出量について物質収支式を適用し、各 FIB 汚染源が河川に与える負荷についても調査した。FIB の物質収支を調査するため、外因性の FIB 流入源である都市下水や農業排水の排水管から、排水と堆積物をそれぞれ採取した。各試料中の FIB (大腸菌と腸球菌) 濃度は、それぞれ Collilert と Enterolert を用いて測定した。続いて、試料をフィルターに通水し、DNA 抽出キットを用いて核酸を抽出した。そして、4 種類のふん便汚染に関する宿主特異的マーカー [ヒト関連 (HF ならびに EV), 反芻動物関連 (CF), ブタ関連 (PF)] を対象に、PCR アッセイを行った。さらに、河川水中の総浮遊固形物濃度 (TSS) をベンチトップ濁度計で計測した。その後、河川水中の TSS、河川と排水の流量、および河川の堆積物と排水の各 FIB 濃度に対して物質収支式を適用し、各汚染源が河川に与える負荷量を算出した。

河川水中からは PF マーカーが最も頻繁に検出され (29.0%)、次いで EV と CF (10.5%)、最後に HF (8.0%) の順で検出された。また、堆積物と土壌からは PF と HF のみが検出され、その検出量は、河川水と比較すると 2 倍以上多かった。また、川底の堆積物の再懸濁による FIB の増加量は、河川水中で観測された FIB の増加量の 0.1% 以下であり、川底の堆積物は河川における FIB の主要な汚染源ではないことがわかった。一方で、河川に流入する排水による FIB の増加量は、河川水中で観測された FIB の増加量を十分説明できることから、流入する排水は河川における FIB の重要な汚染源である可能性の高いことがわかった。以上のことから、ハナレイ川の FIB 汚染は、ブタ関連とヒト関連のマーカーが特に多く見られたことから、主にヒトならびにブタによるものと考えられる。また、物質収支の結果に基づくと、FIB 汚染は川底の堆積物や川岸の土壌ではなく、排水管から流入する排水が原因である可能性が高い。

(2)A machine learning model to assess the ecosystem response to water policy measures in the Tagus River Basin (Spain)

Carlotta, V., Lucia, D., Gonzaro, M., and Alberto, G.W.
Science of the Total Environment, **750**, 141252, (2021).

Reviewed by R. Tanaka

近年、河川生態系は、さまざまな人為的要因によって群集構造の変化を伴う影響を受けている。しかしながら、多様な人為的要因による複合的な河川生態系への影響について、同時に評価可能な手法は確立されていないのが現状である。そこで本研究では、集団学習アルゴリズムを用いて珪藻と大型無脊椎動物に関する生物指標をモデル化することによって、複数の人為的要因に対する河川生物群集の応答を評価した。対象河川は、スペインのテージョ川とした。珪藻と大型無脊椎動物のデータは、2006年から2018年において258地点で観測された生物データを CENAS network から入手した。Random Forest (RF) と Gradient Boosted Regression Tree (GBRT) を用いた機械学習モデルの構築においては、予測変数を自然及び人為的要因に関連した35項目の環境変数 (e.g., 標高, アンモニア年間平均濃度, 上流域の都市部面積割合), 応答変数を珪藻と大型無脊椎動物の種構成に基づく水質評価指標 (IPS, IBMWP; 指標値が高いほど, 良好な水質) とした。決定係数 (R^2), 二乗平均平方根誤差, および平均絶対誤差によって RF と GBRT の精度を評価し, 予測に用いるモデルを選択した。次に, RF における予測変数の重要度 (Permutation Importance) を算出して, 予測モデルに用いる変数を決定した。決定した変数と栄養塩に関する変数を用いてモデルを構築し, 栄養塩濃度 (NO_3 , NH_4 , PO_4) の基準値に基づく9つのシナリオを設定し, 河川の環境状態が悪い236地点を対象として水質評価指標の変動を予測した。

モデルの精度は GBRT よりも RF の方が高く, IPS と IBMWP の R^2 は, それぞれ 0.73 と 0.76 であった。変数重要度は, IPS と IBMWP の両指標において, 人為的要因において上流域の都市部面積割合とアンモニア年間平均濃度が高い値を示した。また, 自然要因においても標高が IPS と IBMWP において高い値を示した。このことから, 上記の3つの環境変数は, 両指標の変動に関わりが大きい変数であることが示唆された。さらに, 水質評価指標は, 栄養塩濃度の基準値が低いシナリオにおいて増加し, 基準値が高いシナリオにおいて低下する傾向にあり, 最も基準値の低いシナリオにおいて, 236地点中, IPS で約80%, IBMWP で約75%の地点が良好な水質環境となった。本研究で構築したモデルは, 人為的要因が河川生態系に及ぼす影響を予測することが可能であり, 河川環境管理に有用なツールとなり得る。

(1) Detection of norovirus epidemic genotypes in raw sewage using next generation sequencing

Tulio, F., Julia, F., Jennifer, L., Ingrid, D., Peter, W. and Marize, M.
Environment International, **123**, 282-291, (2019).

Reviewed by S.Tamai

ノロウイルス (NoV) は世界的な流行性急性胃腸炎 (AGE) の主要な原因であり、汚染された食品や水を感染経路として蔓延している。NoV は 7 つの遺伝子群 (GI ~GVII) に分類され、その中の 29 種類 (GI : 9 種類, GII : 19 種類, GIV : 1 種類) の遺伝子型がヒトに感染し、AGE を引き起こす原因となる。また、新しい NoV 遺伝子型の出現に対する監視を目的として、下水処理場は、ヒト集団における NoV の遺伝的多様性を特徴付けるための情報源として利用されている。そこで本研究では、下水処理場の水試料に存在する NoV の発生状況と遺伝子型を逆転写 qPCR (RT-qPCR) 法と次世代シーケンシング (NGS) 法を用いて調査した。調査は、リオデジャネイロの下水処理場において、①下水流入地点、②物理的処理後、③生物学的処理後の 3 地点から採取した 156 試料を対象とし、2013 年 5 月~2014 年 4 月にわたって行った。試料中のウイルスは、スキムミルクを用いたフロック形成とリン酸バッファーによるフロック溶解で濃縮した。濃縮後、RNA 抽出を行い、RT-qPCR 法によって NoV GI、および NoV GII を検出・定量した。また、NGS 法を用いて 12 の下水流入地点試料 (各月に 1 試料ずつ) における NoV GII の多様性を調べた。さらに、AGE 罹患者のふん便試料を採取し、RT-PCR 法によって遺伝子型を特定した。

NoV GI と NoV GII が上記の 3 地点から、①38.5%と 96.1%、②40.4%と 96.1%、③1.9%と 5.8% の頻度で検出された。また、NoV GII は、NoV GI と比較してウイルス濃度が有意に高かった。NoV GII は、検出頻度と濃度において NoV GI よりも優位であることが確認された。また、NoV GI は冬季に高い頻度で検出された。一方、NoV GII は、NoV GI と比較してすべての季節で高い頻度で検出された。NGS 法を用いて遺伝子型を解析したところ、1 年間で 13 種類の NoV 遺伝子型が同定され、その中でも、NoV GII.4 が最も多く検出された。また、ふん便サンプルでも同様の傾向が確認された。ここで検出された NoV GII.4 は、2012 年にシドニーで発生した NoV エピデミックの際の遺伝子型と 99%が一致した。一方で、GII.17 は 2 番目に多い遺伝子型 (14.3%) であったが、ふん便サンプルからは検出されなかった。以上のことから、RT-qPCR 法 と NGS 法を用いて、臨床サンプルと環境サンプルの両方から得られたデータを組み合わせて解析することは、NoV の流行遺伝子型の出現を監視するための有効な手法である。

(2) Major role of Surrounding Environment in Shaping Biofilm Community Composition on Marine Plastic Debris

Basili, M., Quero, G. M., Giovannelli, D., Manini, E., Vignaroli, C., Avio, C. G., Marco, R. D., and Luna, G. M.

Frontiers in Marine Science, **262**, (2020).

Reviewed by W. Sugiyama

プラスチックの生産量と使用量の増加によって、世界中の海に大量のプラスチックごみが蓄積している。これらのプラスチックでは微生物がコロニーを形成している。しかし、プラスチックのバイオフィーム形成や微生物群集の組成に影響を与える要因は分かっていない。そこで本研究では、地中海の2つの地点から収集されたプラスチック破片に存在する微生物群集を調査した。調査はイタリアの2つの海岸（ナポリとアンコーナ）で行い、各地点からプラスチック、海水、および堆積物試料を収集した。プラスチック試料は、 μ FTIR 分光法によって化学組成を分析した。続いて、落射蛍光顕微鏡法によって、プラスチックおよび堆積物試料の原核生物の総存在量 (TPA) を測定した。各試料から DNA を抽出後、16S rRNA 遺伝子を標的とした次世代シーケンシング (NGS) 法によって遺伝子を解析した。また、プラスチック試料における細菌分類群の多様性は、アンプリコンシーケンスバリエント (ASV) を同定することによって評価した。試料間の微生物群集構成は、非計量的多次元尺度構成法 (nMDS) とクラスター分析に基づいて解析した。

μ FTIR 分析により、プラスチック試料はポリエチレン (PE)、ポリプロピレン (PP)、ポリスチレン (PS) として識別された。プラスチック試料と堆積物試料の平均 TPA は、それぞれ $6.22 \times 10^8 \pm 9.33$ cells/g と $1.30 \times 10^7 \pm 1.06$ cells/g であった。また、NGS 法による解析の結果、最も豊富な原核生物の門は Proteobacteria であった。アンコーナの海岸のプラスチック試料には *Pseudoalteromonas* 属、ナポリでは *Dokdonia* 属が最も豊富に存在していることがわかった。そこで、ASV を同定することでプラスチック試料における細菌分類群の多様性を評価したところ、アンコーナとナポリでそれぞれ 200 ± 140 と 487 ± 177 の ASV が確認された。このことから、アンコーナと比較して、ナポリは細菌分類群の多様性が高いことがわかった。さらに、nMDS とクラスター分析の結果から、プラスチック試料の微生物群集は、周囲の海水や堆積物のものとは異なっていた。微生物群集の組成の違いは地点との関連がある一方で、プラスチックの化学組成には関連していなかった。今回の調査から、プラスチックの微生物群集が周囲の環境と異なり、プラスチックにおける微生物のコロニー形成のメカニズムを解明するには、さらなる調査が必要である。

第 350 回雑誌会

(Dec. 18, 2020)

(1) Prevalence and characterization of Salmonella isolated from raw vegetables in China

Yang, X., Wu, Q., Huang, J., Wu, S. and Zhang, J.

Food Control, 109, (2020).

Reviewed by T. Horita

サルモネラ菌は、最も重要な食品媒介病原体の 1 つであり、特に生野菜を介した人的感染が世界中で増加している。サルモネラ菌は、血清型によって異なる疾患を引き起こすため、サルモネラ菌の血清型の決定は、疾患評価のために極めて重要である。また、近年では、臨床で重要な抗菌薬に耐性を示すサルモネラ菌の存在も報告されている。そこで本研究では、生野菜から単離されたサルモネラ菌数とその検出率、単離株の血清型、遺伝子型、抗生物質耐性パターンについて調査した。調査は、中国における 39 都市の小売市場から収集した 4 種類の生野菜（パクチー、レタス、トマト、キュウリ）、合計 406 サンプルを対象とした。サンプル中のサルモネラ菌の測定には、3 段階希釈による最確値（MPN）法を使用した。続いて、単離されたすべてのサルモネラ菌株は、O 抗原ならびに H 抗原を用いたスライド凝集反応を行った後、Kauffmann-White の抗原構造表に従って、血清型を決定した。単離株の抗菌薬感受性試験は、Mueller Hinton 寒天培地を用いた Kirby-Bauer ディスク拡散法に従い、合計 22 個の抗菌薬に対して実施した。

収集した野菜サンプルのうち、パクチーから 7/90 サンプル（7.8%）、レタスから 5/83 サンプル（6.0%）、トマトから 1/104 サンプル（1.0%）、キュウリから 1/129 サンプル（0.8%）の割合でサルモネラ菌が検出され、合計 31 株のサルモネラ菌を単離した。血清型検査の結果、31 株のサルモネラ菌単離株は、14 の異なる血清型に分類された。また、これら 14 種類の血清型は、すべて人的感染の可能性のあるものであった。抗菌薬感受性試験の結果、全サルモネラ菌単離株 31 株のうち 16 株は、同一サンプルから分離され、なおかつ同一耐性プロファイルを有した。そのため、その 16 株を除いた非重複株全 15 株について、抗菌薬感受性の統計解析を行った。統計解析の結果、15 株の非重複株のうち、7 株（46.7%）が少なくとも 1 種類の抗菌薬に耐性を示した。また、そのうちの 4 株（26.7%）が 3 種類以上の抗生物質に耐性を示し、さらにその内 1 株（6.7%）は 5 種類の抗生物質に耐性を示す多剤耐性菌株であった。また、中国の家畜飼料添加物および獣医学で最も広く使用されている抗菌薬の 1 つであるナリジクス酸が最も高い耐性率で観察された。抗菌薬耐性サルモネラ菌が高い割合で検出されたことは、中国の農業において抗菌薬が正しく使用されていないことを示している。この研究は、中国の生野菜におけるサルモネラ菌に関する情報を提供し、野菜を生食した場合、サルモネラ菌汚染によるリスクがあることを示唆している。

(2) Quantifying the impacts of small dam construction on hydrological alterations in the Jiu long River basin of Southeast China

Lu, W., Lei, H., Yang, D., Tang, L. and Miao, Q.

Journal of Hydrology, **567**, 382-392 (2018).

Reviewed by H. Mineda

ダムによる河川の流況改変は、動植物の生息場に影響を及ぼし、生物多様性の損失を引き起こす。中国においては、大規模ダムの運用が流況に及ぼす影響のみが評価されており、小規模ダムが及ぼす影響はほとんど評価されていない。しかしながら、多数の小規模ダムによる累積的な影響は、大規模なダムの影響よりも生態系に深刻な問題を発生させる可能性がある。そこで本研究では、多数の小規模ダムと大規模ダムが及ぼす流況改変を定量化して比較することを目的とした。まず、中国の九龍流域に位置する北川と西川を対象に、分布型流出モデルを適用した。北川では小規模ダムが、西川では大規模ダムの影響が支配的である特徴を有する。Pettitt 検定を使用し、計算期間をダムの影響がない基準期間（北川；1963～1975年、西川；1963～1972年）とダムの影響がある影響期間（北川；1976～1999, 2006～2014年、西川；1973～1999, 2006～2014年）に分類した。次に、各期間における観測値と計算値の水文改変指標（IHA）を算出した。基準期間における観測値と計算値、影響期間における計算値から算出される各 IHA の累積確率関数に基づいた分位数マッピング法により、影響期間における計算値から算出される IHA を補正した。この補正された IHA と影響期間における観測値から算出される IHA を比較することによって、気候変動の影響を除去し、ダムのみが及ぼす流況改変の影響を評価した。

分位数マッピング法を使用した新しい IHA 評価のほとんどは、分位数マッピング法を使用しない従来の IHA 評価の結果と統計的に有意な差が認められなかった。従来の IHA 評価では、影響期間において両河川の月流量や最小流量の移動平均(1～7日)の増加が確認されたが、新しい IHA 評価ではそれらの変化は確認できなかった。そのため、気候変動の影響を除去していない場合、ダムの影響を適切に評価できない可能性が高いと考えられる。また、両河川に共通して生物多様性の低下に繋がる IHA の変化 (e.g., 高パルス数の減少) が確認された。北川において、低流量に関連する指標 (e.g., 最小流量の 3～7 日間移動平均) の減少が確認されたが、この傾向は西川においては確認されなかった。この結果は、大規模ダムが支配的な西川よりも、小規模ダムが支配的な北川において流況改変による生態学的影響が大きいことを示唆している。以上より、大規模ダムのみならず小規模なダムも対象として生態系への影響を考慮した管理が求められる。