

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.