

第 320 回雑誌会

(Aug.6th,2019)

(1) Global monitoring of antimicrobial resistance based on metagenomics analyses of urban sewage

Hendriksen, R. S., [...], Aarestrup F. M.

Nature Communications, **1124**, 1-12 (2019).

Reviewed by H. Xie

Globally, a rapidly increased proportion of the human population lives in urban areas and an increasing proportion is connected to a sewer system. Since antimicrobial resistance (AMR) is a serious threat to global public health, obtaining representative data on AMR for healthy human populations is difficult. In this research, domestic sewage was collected from 79 sample locations, covering 7 geographical regions from 74 sites in 60 countries. And used metagenomic analysis of untreated sewage to characterize the bacterial resistome from samples. From each location, on 2 consecutive days between 25 January and 5 February 2016, one representative, non-processed, unfiltered urban sewage sample of 2 L was collected from the respective main sewage pipeline(s) prior to the inlet of the wastewater treatment plant. For each DNA extraction progress, a DNA extraction blank control was processed in parallel with the sewage samples to monitor. Finally, whole-community sequencing was used to test the DNA sequencing data. In this study, metagenomics that benefit from the ability were used to quantify thousands of genes.

The data indicates that the collected urban sewage samples are more like chicken, pig or mouse animal feces microbiome than the human fecal microbiome. As a result, a total of 1546 genera were detected in all samples, which are typical feces such as *Faecalibacterium*, *Bacteroides*, *Escherichia*, *Streptococcus* and *Bifidobacterium*. A total of 1625 different AMR genes were identified, such as *msr*, *erm*, *mph* and *blaOXA*. AMR genes encoding resistance toward macrolides, tetracyclines, aminoglycosides, beta-lactams, and sulfonamides were the most abundant. Most samples from Europe and North America had a high relative proportion of macrolide resistance genes, while Asian and African samples had a large proportion of genes providing resistance to sulfonamides and phenicols. The total AMR gene abundances varied across sites and continents. The highest AMR gene levels were observed in African countries, and at the lower end of the spectrum were Oceania. These findings suggest that the diversity and abundance of global AMR genes vary from region to region. To reduce the global burden of AMR, it is necessary to improve sanitation environments for health.

(2) Treatment of paper mill wastewater using a composite inorganic coagulant prepared from steel mill waste pickling liquor

Yang, S., Li, W., Zhang, H., Wen, Y. and Ni, Y.

Separation and Purification Technology, **209**, 238-245 (2019).

Reviewed by R. Kaku

鉄鋼の酸洗浄から生じる廃液（酸洗浄液）は、複合凝集剤を調整するための主原料として用いられている。また近年、製鋼工場の酸洗浄液から調整された複合凝集剤であるポリ硫酸第二鉄塩化アルミニウム（PFASC）が注目されている。そこで本研究では、PFASC の特性を明らかにするために、50°Cの真空オーブン中で20時間乾燥させたPFASC試料について、フーリエ変換赤外分光分析（FT-IR）とX線回折分析（XRD）を行った。さらに、製紙工場廃水を対象に3つの凝集剤（PFAFC、ポリ塩化アルミニウム（PAC）およびポリ塩化第二鉄（PFC））の注入率を変化させて凝集試験を行った。凝集助剤には、アニオン性のポリアクリルアミド（PAM）を用いた。そして、処理水のCOD除去率と色度除去率によって、3つの凝集剤の処理効果を比較した。また、凝集の各段階（凝集剤注入後、PAM注入後）のフロック径とフロック個数は、収束ビーム反射測定法（FBRM）で測定した。さらに、ガスクロマトグラフィー質量分析法（GC-MS）によって、処理前後の廃水と処理水に含まれる有機物量の変化について調べた。

FT-IR分析によってPFASCの分子構造を解析した結果、Fe-OH-Fe、Al-OH-Al、Fe-O-Fe、Al-O-Al、OH⁻、Fe-O、およびAl-Oの存在が確認された。また、XRD分析の結果、FeとAlを含む7種類の水酸化物が同定された。これらの結果から、PFASC中にFeやAlを含む水酸化物が形成されることが明らかとなった。凝集試験において、PFASCの除去率（COD除去率、色度除去率）は（65.3%、71.2%）であり、PACの除去率（51.8%、42.9%）、PFCの除去率（67.6%、58.6%）と比較すると高い値を示した。なお、処理に最適な注入率は、PFASCにおいて1.0 ml/L、PACとPFCにおいて1.25 ml/Lであった。また、FBRM解析によって、PFASCは良好なサイズ（35 μm以上）のフロックを形成することがわかった。フロック個数については、PACとPFC注入後に形成されるフロックが約2800個と3300個であるのに対して、PFASC添加後に形成されるフロックは約12000個であった。GC-MS分析では、廃水中に含まれる有機物は66種類であったが、凝集剤にPFASCを用いた場合、処理水中に含まれる有機物は54種類に減少した。除去された12種類の有機物は、分子量の大きな有機物であることがわかった。以上のことから、廃水処理にPFASCを用いることで凝集性が向上し、高いCOD除去率と色度除去率が得られることが明らかとなった。

(3) GIS を利用した原単位法による四万十川流域の全窒素 (TN) 排出負荷量の推定

小谷 英司

森林応用研究, **12**, 99-107 (2003).

レビュー：三浦 直人

四万十川では、森林が河川の水質に影響を与える可能性がある。また、支流である広見川や畜産排水が流入することによる四万十川への影響も懸念される。そのため、森林や人為的活動などが河川に及ぼす影響を調査する必要がある。そこで本研究では、四万十川への負荷要因と流域ごとの負荷要因の特性を調査した。対象流域は四万十川の上流である梶原川流域、家地川ダム集水域、支流である広見川流域、唯一水質と水量の観測が行われている具同集水域、および四万十川全流域とした。家地川ダムの四万十川に流出する水量を GIS によって推定した。また、GIS を用いた原単位法によって、推定対象流域における生活排水、工場排水、畜産排水および農地（田、畑、果樹園）と森林の全窒素 (TN) 排出負荷量を推定し、河川への負荷要因を分析した。さらに、水質および水量のデータから算出した流達負荷量を TN 排出負荷量と比較した。

家地川ダムにおける流入水の 64.9%が四万十川本流に流入した。また、原単位法によって、四万十川全流域の TN 排出負荷量は、4.9 ton/day と推定された。TN 排出負荷量の割合は、それぞれ面源負荷量（森林 43%、農地 14%）、畜産排水（27%）、生活排水（14%）、工場排水（2%）であった。支流域の TN 排出負荷量は、梶原川流域、家地川ダム集水域、広見川流域、および具同集水域において、それぞれ 0.67 ton/day、1.0 ton/day、1.4 ton/day、および 4.0 ton/day と推定された。梶原川流域では、森林負荷の割合が 73%であった。また、家地川ダム集水域では、畜産排水負荷の割合が 60%を占めた。さらに、広見川流域では、農地負荷の割合が 24%であり、他の流域と比較して高い値を示した。家地川ダム集水域、梶原川流域、広見川流域、および具同集水域における単位面積当たりの排出負荷量を推定したところ、四万十川全流域に対して、それぞれ 1.2 倍、0.7 倍、1.7 倍、および 1.0 倍であった。また、TN の平均濃度は、広見川、広見川が合流する前の四万十川本流、広見川と四万十川本流が合流した地点において、それぞれ 0.56 mg/L、0.26 mg/L、および 0.34 mg/L であった。このことから、広見川は、四万十川の水質に対して大きな影響を与えていないことがわかった。また、流量と流達負荷量の関係から算出された具同集水域における 4 年間の平均 TN 流達量は 4.66 ton/day であり、推定した TN 排出負荷量と比較して、同程度であった。以上のことから、中流域および大流域の河川において、窒素負荷量を簡略に推定する場合に、GIS を用いた原単位法は、十分に有効であることが明らかになった。