

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 (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。