

第 441 回雑誌会
(Nov. 10, 2025)

(1) Removal of long- and short-chain PFAS from groundwater by foam fractionation

Klevan, C., Allen, V. O., Mukai, K., Gomes, A., Xia, S., Caines, S., Woodcock, J. M. and Pennell, D. K.

Environmental Science Water Research & Technology, **11(10)**, 2267-2470 (2025).

Reviewed by R. Kondo

人間の健康に対する脅威である PFAS は気液界面に蓄積されやすいことから、泡沫分離による除去が期待されている。しかし、PFAS の除去率は水質条件によって変化する可能性があるため、各水質条件に対応したパイロット試験を行う必要がある。そこで本研究では、地下水に溶解した PFAS の泡沫分離法による除去性能を評価した。原水は、イオン強度を 8.5 mM に調整した合成地下水に、長鎖 PFAS として PFOA と PFOS、短鎖 PFAS として PFBA と PFBS をそれぞれ 0.4~400 µg/L となるように添加した。また、起泡剤および捕集剤となるカチオン性界面活性剤として分子量の異なる 3 種のトリメチルアンモニウム化合物 (CTAB (C₁₉), DTAB (C₁₅), OTAB (C₁₁)) と高分子 PolyDADMAC を用いた。泡沫分離処理は回分式装置において、原水 1 L にカチオン性界面活性剤を 1 mg/min で連続注入し、空気流量を 0.47 L/min で曝気し、所定時間後の処理水を回収した。さらに、アメリカの軍事基地 2 地点から 27 サンプルの実汚染地下水を採取し、泡沫分離処理を行った。気水界面親和性は Wilhelmy 法で測定した表面張力の値から評価した。原水および処理水中の PFAS 濃度は超高速液体クロマトグラフ法を用いて測定した。

気水界面親和性から最適なカチオン性界面活性剤を検討したところ、CTAB の気水界面親和性が最も高いことから、地下水の泡沫分離処理に最適なカチオン性界面活性剤は CTAB を選定した。さらに、長鎖 PFAS は短鎖 PFAS よりも気水界面親和性が高くなった。また、各 PFAS 初期濃度における CTAB を用いた泡沫分離処理では、長鎖 PFAS を 5 分の処理時間で 99% 以上除去することが可能であったが、短鎖 PFAS を 99% 以上除去するためには 50 分の処理時間が必要であった。このことから、泡沫分離処理では、長鎖 PFAS と短鎖 PFAS が気泡表面で吸着競合を起こし、優先的に長鎖 PFAS が除去された。また、対照実験として行ったカチオン性界面活性剤の無添加条件においても、PFOS と PFOA でそれぞれ 90% と 60% が除去されており、気泡の破裂によって長鎖 PFAS が大気中に拡散される可能性が示唆された。実汚染地下水からは 11 種の PFAS が検出されたが、15 分の泡沫分離処理によって全 PFAS 濃度を定量下限値以下に低減することが可能であった。また、検出された PFAS のなかで最も炭素鎖数の短い PFBA は、他の PFAS の除去が進行するまで除去されなかった。以上のことから、CTAB を添加した泡沫分離処理は、地下水における幅広い濃度の PFAS 除去に有効であることが明らかとなった。

(2) Differential effects of wastewater treatment plant effluents on the antibiotic resistomes of diverse river habitats

Lee, J., Ju, F., Beck, K., & Bürgmann, H.

The ISME journal, 17, 1993–2002. (2023).

Reviewed by R. Kashima

下水処理場は、河川における薬剤耐性遺伝子 (ARGs) の供給源の一つである。しかし、既存の研究は特定の ARGs や細菌群集に焦点を当てたものが多く、包括的な知見は依然として不足している。また、化学汚染物質の生物濃縮のように、ARGs が食物連鎖を通じて蓄積される可能性についても明らかにされていない。このような知見の不足により、ARGs に対する体系的なモニタリング体制は未だ確立されていない。本研究は、下水処理場の放流水が河川中の多様な細菌群集に及ぼす影響を明らかにし、河川における ARGs のモニタリング対象を特定することを目的とした。調査はスイス国内の 9 カ所の下水処理場とその受入河川で実施した。放流水は下水処理場から直接採取し、河川の上流、放流水直下、および下流からは、河川水、底質、岩石表面のバイオフィルムを採取した。また、河川の各地点において、食物連鎖の低層に位置する水生生物のヨコエビ (*Gammarus* spp.) を採集した。水試料は、5.0 μ m のフィルターで通水した後、ろ液をさらに 0.22 μ m のフィルターに通水し、懸濁粒子に付着した細菌と遊離生活性の細菌に分画した。底質とバイオフィルムのバイオマスは、遠心分離で回収した。また、ヨコエビの腸の内容物をバイオマスとして回収した。分画・回収した試料から DNA を抽出し、Illumina MiSeq によって ARGs の同定を行った。また、16S rRNA を用いた細菌群集の同定も行った。

同定の結果、水試料中の細菌群集は人や動物由来、その他の試料は自然由来の細菌で構成されていた。また、全ての試料から、合計 677 種類の ARGs が同定され、その構成や多様性は環境区分 (放流水、河川水、底質、バイオフィルム、ヨコエビ) ごとに異なっていた。特に、ヨコエビにおける ARGs の多様性は、他の環境区分と大きく異なっており、放流水による影響は確認されなかった。他方、9 か所すべての河川において、河川水の多様性は他の環境区分と比較して、放流水との類似性が高かった。また、下流の河川水において、*sull*, *aadA*, およびクラス A- β ラクタマーゼ遺伝子が有意に増加した ($p < 0.05$)。以上の結果から、河川における ARGs のモニタリングは、*sull*, *aadA*, クラス A- β ラクタマーゼ遺伝子を指標とし、放流水の影響が最も大きい環境区分である河川水に焦点を当てるべきであることが示された。また、ヨコエビとその他の試料で ARGs の多様性に相関は確認されず、ARGs の生物濃縮は発生していないことが確認された。