

## 除去機構解析・遺伝子解析(1) (3-F-13-1～3-F-13-4)

本セッションでは脱硫プロセス中の細菌群の挙動に関する研究1件、および嫌気性処理プロセス中の細菌群や原生動物に関する研究3件が発表された。

3-F-13-1 はバイオガス利用を想定した生物脱硫装置内に発生する細菌群集の構成を、活性汚泥を植種源として運転開始後1ヶ月にわたってPCR-DGGE法により解析した。運転開始後7日のうちにpHが2程度にまで低下し、細菌群集構造は7日目と8日目の間に一気に変化した。その後は安定しており、*Acidithiobacillus* 属および *Alicyclobacillus* 属の細菌が優占化していた。

3-F-13-2 は UASB グラニュールの沈降性を悪化させる糸状性細菌の分離・同定の試みを報告している。糸状部分をパイロシーケンス法により分析し、さらに FISH 法で確認したところ、糸状部に存在する微生物として Verrucomicrobia 門および Bacteroidetes 門の細菌を特定した。また、レクチンを用いての蛍光染色により糸状部にはマンノースが多いことを見だし、FISH 法・蛍光レクチン染色法により絞り込みながら、関連性が高いと思われる細菌株を分離することに成功した。

3-F-13-3、3-F-13-4 はいずれも都市下水 UASB 処理プロセス内に発生した原生動物に関する研究である。この原生動物はどうか水素資化性メタン菌を細胞内に共生させており、大腸菌を捕食することから UASB 汚泥の減容や、それを通じた UASB 内での物質循環に関わっているようである。また、原生動物が存在する場合、細菌群相がより複雑になることを見だし、原生動物の排泄物が複雑化を導いているのではないかと推測している。都市下水のような低濃度廃水を UASB で処理する場合には重要な微生物群であり、興味深い。今後の展開が期待される。

(東京大学 佐藤 弘泰)