

本セッションでは、排水処理の除去機構解析に向けた分子生態解析の手法開発や微生物の動態解析に関連する発表が行われた。

3-F-14-4 は、生物学的窒素除去プロセスの窒素循環に関わる微生物群の網羅的検出を目指した DNA マイクロアレイの開発に関する発表であった。膨大なデータを網羅的に解析し、簡便・迅速な手法として有用であることを示した優れた成果である。水質が不良の際、検出率が課題であることが報告されたが、処理性能に応じた診断が可能な手法にまで深化することを期待したい。

3-F-15-1 は、T-RFLP 法による微生物群集構造解析の統計解析方法に関する発表であった。統計解析方法の違いにより、解析結果の差異が明瞭に示され、目的に応じた解析方法検討の重要性を示した点で価値が高い。新規な手法開発とデータ解析の精緻化の双方の進展が微生物群の生理・生態解明にとって重要であることを示す貴重な発表であった。

3-F-15-2 は、高感度 FISH 法による脱窒細菌の機能遺伝子及び rRNA の同時検出に関する発表であった。系統と機能のリンクが困難な脱窒細菌を対象にし、*Pseudomonas aureofaciens* において、開発した方法は従来法を凌駕する *nirK* 由来の検出率が得られている。定量性の観点から手法の有用性が示された点は評価に値する。複合微生物系サンプルでは蛍光が十分に得られないといった課題の克服を期待したい。

3-F-15-3 は、下水処理場から検出される Candidate division TM7 の存在量と基質資化特性に関する発表であった。MAR-FISH 法を中心とした緻密な実験により、デンマークおよび日本の下水処理場の活性汚泥中の TM7 の存在量と生理生態を明瞭にした点は貴重である。排水処理施設における未培養微生物群の役割に光を当てる研究として、更なる研究の進展が期待される。

3-F-15-4 は、nanoSIMS を用いた新規 ISH 法の開発に関する発表であった。提案した GISH 法により、UASB グラニュールに棲息する硫酸塩還元細菌の乳酸資化性の視覚化に成功している。金ナノ粒子をハロゲン族元素の代わりに用いてプローブに標識する方法は新規性が高く秀逸であり、nanoSIMS の汎用性・拡張性を高めている。本手法の流布により nanoSIMS による微生物機能解明のブレークスルーにつながることを期待したい。

(東京農工大学・院工 寺田 昭彦)