

●生物学的排水処理・窒素・リン(7) (3-G-15-4~3-G-17-1)

本セッションでは、硝化、脱窒、アナモックスに関与する細菌と古細菌の群集解析やリンの処理に関与する細菌群の解析に関する発表が行われた。

3-G-15-4 は、代表的な脱窒菌である *Pseudomonas aeruginosa* とネガティブコントロールとして *E. coli* を用いて、*nirS* mRNA をターゲットとした FISH 法による亜硝酸還元活性保有菌の解析が報告された。感度は低いですが、亜硝酸還元活性保有菌が検出できることが分かった。

3-G-16-1 では、嫌気好気-活性汚泥を FISH および高濃度 DAPI 染色によりポリリン酸蓄積細菌 (PAOs) を同定する実験の報告があった。PAOs として  $\beta$ -Proteobacteria および CFB グループが優先的で、好気工程でそれぞれに属する *Aeromonas* 属菌、*Chryseobacterium* 属菌、*Flavobacterium* 属菌の細胞内ポリリン酸の蓄積が確認された。

3-G-16-2 では、メタン発酵処理水設備のアンモニア酸化古細菌 (AOA) の菌叢解析のため、アンモニア酸化酵素遺伝子 (*amoA*) と 16S rRNA をターゲットにした実験が報告された。AOA の *amoA* のコピー数は培養時期により大きく変動した。T-RFLP による AOA の *amoA* の解析では 2 種類の AOA が優占していること、それが上記コピー数の変動に対して、一方の菌は並行し変動する、他方は逆に変動することが示された。

3-G-16-3 では、活性汚泥の嫌気-好気運転時の PAOs とグリコーゲン蓄積菌(GAOs)の細菌群の変動を酢酸取り込み速度およびリン酸放出速度の解析により調べられた。pH7.0 から pH8.2 へ遷移させた結果、PAOs のリン放出速度が大きくなって、GAOs の酢酸摂取活性は逆に低くなって行った。

3-G-16-4 では、一つ前の報告に引き続き PAOs と GAOs の細菌群の解析をそれぞれの活性を指標に考察が行われた。PAOs の酢酸摂取速度は酢酸濃度に関係なく変動せず、一方 GAOs の活性は酢酸濃度により変動した。

3-G-17-1 では、とくに実下水処理場の PAOs の分子生物学的解析が報告された。リン除去が良好な場合 PAOs はコロニー状態で存在し、リン除去率が低い場合はバラバラで独立に存在していた。それぞれの場合の PAOs の存在割合は 17%~30%でありさほど差がなかった。

以上の発表があり活発の討論が行われた。

(崇城大学生物生命学部 藤井 隆夫)