

PB-38

硝化グラニューールの微生物生態構造解析

○松本慎也¹・家徳麻由¹・佐伯吾郎¹・河野敦之¹・岸田直裕¹・青井議輝¹・寺田昭彦¹
 常田聡¹・Picioreanu C.²・van Loosdrecht M.C.M.²
¹早大・理工、²デルフト工科大

Analyses of microbial ecology in nitrifying granules

Shinya Matsumoto¹, Mayu Katoku¹, Goro Saeki¹, Atsuyuki Kouno¹, Naohiro Kishida¹, Akihiko Terada¹, Yoshiteru Aoi¹, Satoshi Tsuneda¹, Cristian Picioreanu², Mark C.M. van Loosdrecht²
¹Dept. of Chem. Eng., Waseda Univ., ²Dept. of Biotechnol., Delft Univ. of Technol.

Key words: Biofilm model, fluorescence *in situ* hybridization (FISH), multidimensional, nitrifying granule, phylogenetic analysis

【目的】近年、各種廃水からの栄養塩除去が社会的急務となっており、特に高濃度アンモニア態窒素含有廃水の効率的かつ安定した処理法の確立に向けて、上向流好気性流動床を利用した好気性グラニューールへの期待が高まっている。本法は主に硝化細菌をグラニューール（微生物の自己造粒体）という形態で反応槽内に高密度に保持することで、コンパクトかつ高効率な処理を可能にするものである。しかしながら硝化グラニューールの形成機構は未だ不明確な点が多く、実用化への大きな障害となっている。そこで本研究では分子生物学的手法および多次元バイオフィームモデルを用いて硝化グラニューール形成の因子を探った。

【方法】本研究の解析には無機アンモニアのみを基質として形成・長期馴養した硝化グラニューールを用いた。16S rDNAに基づいた系統解析により硝化グラニューール内の微生物群のクローンライブラリーを作成した。次にクローンライブラリーで存在が確認された微生物群を対象としたFISH法により硝化グラニューール内の微生物空間分布を測定した。さらに多次元バイオフィームモデルを用いて硝化グラニューールの形成をシミュレートした。

【結果および考察】系統解析により、無機基質で馴養した硝化グラニューール内には独立栄養細菌である硝化細菌（アンモニア酸化細菌および亜硝酸酸化細菌）以外にも *Bacteroidetes*, green nonsulfur bacteria (GNSB)などの従属栄養細菌が存在していることがわかった。次にFISH法での微生物空間分布測定により、グラニューール表面では硝化細菌が優占化し、グラニューール内部では *Bacteroidetes* が優占化していることがわかった。GNSBはアンモニア酸化細菌と隣接した状態で主にグラニューール表面に存在していた。また多次元バイオフィームモデルにより従属栄養細菌の存在が硝化グラニューール形成に大きく影響を与えていることが示唆された。

常田聡 Satoshi Tsuneda : stsuneda@waseda.jp