

低曝気浄化槽のメタゲノム解析

定家多美子¹・定家 綾¹・高田正男²・浜野圭一³・大西純一⁴・太田にじ⁴・松本幸次⁴・
○定家義人⁴

¹クラリス環境・²高田商会・³タイテック・⁴埼玉大・院理工

Metagenome Analysis of the Activated Sludge from a Wastewater Treatment Process with Lower
Oxygen Supply

Tamiko Sadaie¹, Aya Sadaie¹, Masao Takada², Keiichi Hamano³, Junichi Ohnishi⁴, Niji Ohta⁴, Kouji Matsumoto⁴
and Yoshito Sadaie⁴

¹Clarus Environment Co.,Ltd., ²Takada Co.Ltd., ³Teitec Co.Ltd., ⁴Graduate Schools of Science and
Engineering, Saitama University

Key words: Metagenome, Sludge, Lower DO

【目的】従来の活性汚泥法で曝気量を下げて浄化槽を運転した場合の、汚泥のバクテリア集団の組成を知る目的でメタゲノム解析を行った。

【方法】溶存酸素量を下げる前と、下げた後の、廃水処理施設の汚泥からDNAを抽出し、PCR増幅した 16S rDNA 断片をクローン化してシーケンスした。これをリボゾームデータベースにかけて分類した。

【結果および考察】食品加工工場の浄化施設の汚泥は、DO を 1 以下に下げて 3 ヶ月経つと主力菌が Anaerolinales (20%) から Comamonadaceae (50%) へ徐々に変わった。流入汚水は Comamonadaceae のうち Brachymonas を 30% も含んでいたが、前記 Comamonadaceae は未分類の Comamonadaceae であった。家庭用生ゴミをディスポーザーで粉碎して低曝気活性汚泥処理した実験槽の汚泥の主力菌は、Flavobacteria (44%) であった。一方、レジャー施設の大型浄化施設を低曝気運転した場合の主力菌は複数存在し、Actinobacteria, Bacteroidetes, および Proteobacteria 中の alpha, beta, gamma がそれぞれ 10% 程度であった。酸素の供給量を下げると、硝酸呼吸を促し、このために硝酸還元 (脱窒) 菌が呼応して増えるものと思われる。

この研究の一部は科学技術振興機構支援事業である埼玉県地域結集型研究事業 (埼玉バイオ) と、通産省独立法人新エネルギー・産業技術総合開発機構・産業技術実用化開発助成事業の援助を受けた。

ysadaie@molbiol.saitama-u.ac.jp 定家義人