



Title	系統学的構造と炭素源資化能に基づいた都市下水処理場活性汚泥中の細菌群集の解析
Author(s)	橋本, くるみ
Citation	大阪大学, 2014, 博士論文
Version Type	VoR
URL	https://doi.org/10.18910/34496
rights	
Note	

The University of Osaka Institutional Knowledge Archive : OUKA

<https://ir.library.osaka-u.ac.jp/>

The University of Osaka

論文内容の要旨

氏名 (橋本 くるみ)

論文題名 系統学的構造と炭素源資化能に基づいた都市下水処理場活性汚泥中の細菌群集の解析

下水処理場において広く利用されている活性汚泥プロセスでは、活性汚泥中に存在している多種多様な細菌群が浄化の主体を担っており、一義的にはその種構成と代謝機能が処理性能を決定している。したがって、活性汚泥中の細菌群集の特性を処理性能と関連付けて詳細に調べることによって、より高効率な処理プロセスのデザインや運転制御法を確立するための重要な情報が得られるものと考えられる。本論文は、下水処理の性能向上に資する知見を得ることを目的として、都市下水処理場から採取した各種活性汚泥中の細菌を系統学的な構造、並びに有機物代謝能の観点から調査し、処理性能との関連付けを試みた一連の研究成果をまとめたものであり、緒論、計4章の本論、および総括並びに結論から構成されている。

緒論では、先に述べた研究の背景および目的と本論文の概略を述べた。

第1章では、本研究で用いた、水質分析法、活性汚泥の細菌群集構造、および有機物代謝能の解析法、データの統計解析法等の実験方法について記載した。

第2章では、従来型の沈澱池により固液分離を行う活性汚泥法（CAS）と、膜分離活性汚泥法（MBR）から採取した多種の活性汚泥の細菌群集構造と有機物代謝能をそれぞれ、末端標識制限酵素断片多型分析（T-RFLP）法およびBiolog法により調査し、比較解析を行った。この結果から、MBRとCASの細菌群集構造は大きく異なっており、さらに、CASでは優占細菌を含めた細菌群集構造が処理場によらず類似しているのに対し、MBR間では優占細菌も異なっていることを明らかとした。一方で、有機物代謝能はMBRとCASで概ね類似しているものの、いくつかのMBRで、他と著しく異なる特殊な有機物代謝能が示されることが明らかになった。このことから、固液分離の方式や、汚泥滞留時間（SRT）等が活性汚泥群集構造に大きな影響を及ぼすことが示唆された。

第3章では、CASの代表として標準活性汚泥法（標準法）を採用する実規模の下水処理場をモデル処理場に選定し、10ヶ月間に亘って細菌群集構造と有機物代謝能の時間的変化を調査した。CASの活性汚泥細菌の群集構造と有機物代謝能は運転条件や流入水組成の変化に伴って僅かに変化したものの、季節によらず概ね安定しており、処理条件の変動によって変動しにくいことが明らかになった。また、Biolog法での有機物代謝能試験における検討から、活性汚泥の中でマイナーな細菌群集がある種の炭素源の浄化に大きく貢献している可能性があるという興味深い知見を示した。

第4章では、新規に立ち上げられた実規模のMBRにおいて、活性汚泥中の細菌群集構造と有機物代謝能の変遷を2年間に亘って調査した。併行して同じ下水の処理を行っていた標準法との比較も行った。調査期間を通じて、MBRは標準法よりも、有機物や窒素の処理に関して高い性能を有していた。ここで、MBRでは標準法とは大きく異なる細菌群集構造が形成されていることが確認され、また、運転が安定してから20ヶ月以上に亘って大きく変化し続けることが明らかになった。一方、有機物代謝能も標準法に比べて、時期によって変化しやすいことが示されたが、MBRでは汚泥が高濃度に維持されることによって、プロセス全体の処理性能には大きな影響を及ぼさないことが示唆された。これらのことより、MBRの細菌群集は系統学的構造および有機物代謝能に関して、ある種の“柔軟性”を有しており、処理の条件に応じて変化させやすいことが示唆された。すなわち、MBRでは、適正な制御を行うことで、特殊な機能を有する細菌群を優占化できる可能性があるといえる。

総括並びに結論では、各章の実験調査により得られた知見を体系的にまとめるとともに、微生物群集の制御による次世代型活性汚泥法の展望について論じた。

論文審査の結果の要旨及び担当者

氏 名 (橋 本 く る み)			
	(職)	氏 名	
論文審査担当者	主 査	教授	池 道彦
	副 査	教授	近藤 明
	副 査	准教授	惣田 訓
論文審査の結果の要旨			
<p>本論文は、下水処理において広く利用されている活性汚泥法の性能向上に資する微生物学的知見を得ることを目的として、都市下水の処理に適用されている各種処理プロセス中の活性汚泥微生物群集の特徴と動態を、細菌群集の系統学的構造、および有機物代謝能の観点から詳細に解明することを試みた一連の研究成果をとりまとめたものであり、緒論、計4章の本論、および総括並びに結論から構成されている。</p> <p>緒論では、研究の背景および目的と論文の概略を述べている。</p> <p>第1章では、本研究で用いた、水質分析、細菌群集の系統学的構造の解析（16S-rDNA に対する末端標識制限酵素断片多型分析：T-RFLP 法）、有機物代謝能の評価（Biolog 法）、およびデータ解析についての手法を記述している。</p> <p>第2章では、最終沈殿池により固液分離を行う従来型活性汚泥法（CAS）と、固液分離に膜を利用する膜分離活性汚泥法（MBR）を採用する多数の下水処理場から活性汚泥を採取して、細菌群集構造と有機物代謝能を調べ、その結果を比較している。CAS と MBR の細菌群集構造は大きく異なっており、また、CAS では処理場によらず共通した優占細菌を有し、細菌群集構造も互いに類似しているのに対し、MBR では共通した優占細菌は見られず、群集構造もかなり異なっていることを明らかにしている。一方、有機物代謝能は CAS と MBR で概ね類似しているが、MBR の幾つかの試料では、他と著しく異なる特殊な有機物代謝能を有することを明らかにしている。</p> <p>第3章では、CAS の一つとして標準活性汚泥法（標準法）を採用する下水処理場を対象に、10ヶ月間にわたって、活性汚泥の細菌群集構造と有機物代謝能をモニタリングし、その動態の解明を試みている。調査期間中、運転条件や流入水の組成が変化したにもかかわらず、CAS の活性汚泥細菌の群集構造と有機物代謝能は大きく変動せず、安定に維持されることを明らかにしている。また、有機物代謝能についても大きく変動しないことも明らかにするとともに、ある種の有機物の代謝には活性汚泥中のマイナーな細菌群が関与していることを示唆している。</p> <p>第4章では、新規に立ち上げられた MBR において、活性汚泥中の細菌群集構造と有機物代謝能の変遷を2年間に亘ってモニタリングするとともに、併行して運転されていた標準法と比較している。調査期間を通じて MBR では細菌群集構造が継続的に変化し、有機物代謝能も時期によって変化しやすいことを明らかにしているが、活性汚泥濃度を高濃度に維持することによってプロセス処理性能自体は大きく影響を受けず、良好な処理水質が維持されることを示している。また、MBR の細菌群集構造は標準法とは大きく異なることを再確認している。これらの結果より、MBR の微生物群集は系統学的構造および有機物代謝能に関して、ある種の“柔軟性”を有しており、処理の条件に応じて変化しやすいことものと考察している。</p> <p>総括並びに結論では、各章で得られた知見を整理するとともに、微生物群集の制御による次世代型活性汚泥法の展望について論じ、MBR において運転条件の適切な制御を行うことによって、特殊な機能を有する細菌群を優占化させ、高性能化を図れるという興味深い提案を行っている。</p> <p>以上のように、本論文は、特に微生物群集の制御による活性汚泥法の性能向上に関して有用な知見を明らかにしており、環境工学、特に下水処理工学分野において大きな意義を有している。</p> <p>よって本論文は博士論文として価値あるものと認める。</p>			