

ヤクルト方式水処理システムの細菌群集構造

○そめや たかし 染谷 孝、なかむらようこ 中村洋子、さとうともこ 佐藤朋子、さかい けんいち 境 健一、いのうえ こういち 井上 興一、かたやまようこ 片山葉子²⁾、かとうけんじ 加藤憲二³⁾

(佐賀大学農学部、²東京農工大学農学部、³静岡大学理学部)

【目的】これまでの研究で、家庭用浄化槽にはメーカー（機種）間で浄化性能に大きな差があり、その中でも、接触材に乳酸菌飲料の空容器を使用するヤクルト方式浄化槽が優れていること、さらに、ヤクルト浄化槽内の主要な細菌は、生きているが培養できない (viable but nonculturable, VNC) 状態にあることを明らかにしてきた。さらに、ヤクルト方式の水処理システムは、河川浄化や閉鎖水域の浄化にも応用され、成果を上げている。

そこで本研究では、培養困難な細菌が主体であるヤクルト方式水処理システムの細菌群集構造を Fluorescence *in situ* Hybridization (FISH) 法を用いて解析し、他の処理方式と比較検討した。

【方法】佐賀県小城町の家庭で使用されている浄化槽の接触曝気槽内の生物膜ないし微生物懸濁液をパラホルムアルデヒド固定し、ヌクレポアフィルター上に捕集した。SDS 処理のち、全真正細菌、グラム陰性 *Proteobacteria* α -サブクラス、同 β -サブクラス、同 γ -サブクラス、Cytophaga/Flavobacteria (C/F) 群、およびグラム陽性高 G+C 細菌に対して、それぞれ群特異的なプローブ EUB338、ALF1b、BET42a、GAM42a、CF319a 及び HGCGP をそれぞれ用いて、46°C、3 時間のハイブリダイゼーションを行い、DAPI で対比染色した。

【結果および考察】

ヤクルト方式合併浄化槽 (A 社製) および他の 2 つの方式 (B 社, C 社) から試料を採取し、FISH に供した。EUB338 はほぼ常に TDC の約 50% を占め、ヤクルト方式では C/F 群が多く、ついで同 β -および α -サブクラスが多い構成であった。これに対し、他社の浄化槽では、C/F 群が少なく、 β -および α -サブクラスが主要であった。この傾向は、10 月および 2 月の試料で同様の傾向を示した。さらに、ヤクルト工場の排水処理施設および池浄化用ユニット (通称「青いミミズ」) の生物膜も同様に C/F 群が多い傾向を示した。

これらの結果から、ヤクルト方式水処理システムは、他の浄化システムとやや異なる細菌群集構造を持つことが示唆された。

C/F 群は、清澄な河川から検出され、また、一般的に高分子有機物の分解活性の高い菌株が分離されており、浄化メカニズムの鍵を握る菌群と考えられる。

染谷 孝 : someyat@cc.saga-u.ac.jp