

## 論文審査の結果の要旨

学位申請者 黒田 恭平

本論文は、「Comparative 16S rRNA gene-based microbial community analysis of different anaerobic bioreactors (16S rRNA 遺伝子情報に基づく嫌気性廃水処理システムの微生物群集構造比較解析)」と題し、7章より構成されている。第1章「緒論」では、嫌気性廃水処理プロセスに関する従来の研究の概要、問題点を挙げるとともに、本研究の目的と範囲を述べている。

2章では、嫌気性廃水処理汚泥に存在する未培養微生物に関する既往の研究と微生物群集を解析するための既往の知見について記述している。

3章では、54種類の嫌気性廃水処理汚泥中に存在する既知微生物群、バクテリアの門レベルの未培養系統分類群に関する基礎的知見の収集を行い、廃水処理汚泥構成微生物群の違いは廃水種と処理方式の違いに依ることを明らかにし、加えて、10種類以上の門レベルで未培養のバクテリアが存在する環境条件を推定している。

4章では、12種類の嫌気性廃水汚泥中に存在するアーキアの微生物群集構造解析を高解像度に行い、処理条件に応じた既知のアーキアの多様性を明らかにするとともに Deep Sea Hydrothermal Vent Group 6 と呼ばれる主に深海などの極限環境下において検出されるアーキアが無酸素条件下の窒素/リン除去汚泥中に優占していることを明らかにするなど、未知アーキアの多様性を明らかにしている。

5章では、嫌気性廃水処理槽の連続運転に伴う微生物群集構造の変化を評価し、廃水処理に関与する微生物を推定するために、糖蜜廃水を処理する高温・中温嫌気性廃水汚泥の微生物群集構造変化を処理能力とともに評価し、高温嫌気性廃水処理槽内のメタン生成が酢酸酸化・水素生成経路で進行していること明らかにしている。

6章では、300個の個々の上昇流嫌気性スラッジブランケット (UASB) 反応槽保持汚泥の16S rRNA 遺伝子解析を行うことで、廃水処理槽内の汚泥の多様性を評価した。微生物群集構造比較解析の結果、これまでのUASB反応槽内の微生物群集構造解析は平均化された微生物群集を評価していたが、本章の結果により異なる種類の汚泥が反応槽内に存在していることを明らかにしている。

7章では、本論文で得られた成果を総括し、嫌気性廃水処理汚泥を構成する複合微生物群解明に向けた今後の課題と展望を述べている。

以上のように本論文は、嫌気性廃水汚泥を構成する複合微生物群に関する包括的な生態学的知見と嫌気性廃水処理プロセスに関する工学的知見を結びつける点で、今後の嫌気性廃水処理プロセス発展に大いに寄与するものであり、得られた基礎的な知見は工学上および学術上貢献するところが大きい。よって、本論文は工学上及び工業上貢献するところが大きく、博士(工学)の学位論文として十分な価値を有するものと認める。