

10-181

D

## 黄砂現象にともなう細菌の長距離移動

末吉 祥朗<sup>1</sup>、馬場 貴志<sup>1</sup>、見坂 武彦<sup>2</sup>、山口 進康<sup>1</sup>、那須 正夫<sup>1</sup><sup>1</sup>阪大院薬、<sup>2</sup>大阪大谷大薬

【目的】黄砂は中国内陸部の乾燥地域などで舞い上がった砂塵が東アジアへ大量に飛来する現象である。黄砂には発生源土壌由来の微生物やその遺伝子が付着し、長距離を移動している可能性が考えられる。そこで本研究では、黄砂に伴い移動する細菌の定量的解析を目的に、走査型電子顕微鏡 *in situ* ハイブリダイゼーション法 (SEM-ISH 法) により黄砂粒子表面の細菌を検出した。

【方法】黄砂発生源土壌として、黄土高原、タクラマカン砂漠、ゴビ砂漠の表層土を採取した。黄砂試料として北京で自然降下した砂塵および大阪で雨水を採取した。また大阪上空でダスト試料を採取した。SEM を用いた画像解析および SEM-EDX 法により、粒子の粒度分布測定および組成分析を行った。さらに SEM-ISH 法により粒子表面の細菌を特異的に検出するとともに、定量的 *real-time* PCR 法を用いて黄砂現象に伴って移動する細菌の定量的解析を行った。

【結果および考察】粒度分布測定および SEM-EDX による解析の結果、北京と大阪で採取した試料中に粒径が 5  $\mu\text{m}$  以下で土壌に特有の成分と形態を持つ粒子を多く検出したことから、これらが黄砂粒子であると考えられた。SEM-ISH 法により、北京で採取した黄砂試料および大阪で採取した雨水試料においても、粒子に付着した細菌が検出された。SEM-ISH 法および *Real-time* PCR 法により、黄砂粒子に付着して北京へ飛来する細菌現存量は  $10^7 \sim 10^9 \text{ cellsg}^{-1}$  と見積もられた。本研究により、黄砂に伴い細菌が長距離を移動していることが示された。

tbaba@phs.osaka-ua.c.jp

10-182

C

## 好酸性硝化リアクターにおけるアンモニア酸化細菌の分布

黒木 貴史、松葉 匡利、Thuy Linh Nguyen、Minh Giang Nguyen、平石 明

豊橋技科大エコロジー工

The oxidation of ammonia to nitrite by autotrophic nitrifiers is a key process in the global nitrogen cycle. In general, their growth is inhibited under strongly acidic conditions. However, our previous study has shown that nitrification takes place at pH 4 and below in a mesh-filter-equipped sequencing batch reactor (SBR). The purposes of this study are to reconfirm acidophilic nitrifying activity and to characterize the ammonia-oxidizing bacteria in an acidophilic nitrifying SBR (ANSBR). The ANSBR was constructed by seeding with the sludge from the SBR (initial sludge concentration, 2 g [dry wt] $\text{L}^{-1}$ ) and by acclimating with 1 mM ammonium-containing mineral medium in tap water. The pH of the reactor was adjusted to 4 at the beginning in each batch cycle. During each batch operation of the ANSBR, ammonia was consumed at an average initial removal rate of 0.464  $\text{mmol g}^{-1}$  [dry wt]  $\text{d}^{-1}$ , nitrate was accumulated, and the pH decreased to around 2.7. A 16S rRNA gene-targeted PCR-DGGE analysis showed that bacteria of the candidate phylum TM7 became predominant during the acclimation to acidic conditions. PCR analyses with specific primers for *amoA* genes of *Betaproteobacteria* showed the presence of *Nitrosomonadaceae* in ANSBR. The abundance to *amoA* gene decreased with increasing rates of ammonia-oxidation during the acclimation. These results suggest the TM7 bacteria play an important role in acidophilic nitrification.

kurogi@bio.eco.tut.ac.jp