

科学研究費助成事業 研究成果報告書

平成 27 年 6 月 4 日現在

機関番号：32607

研究種目：若手研究(A)

研究期間：2012～2014

課題番号：24681010

研究課題名(和文) 下水基質からPHAを高蓄積する混合微生物群集におけるPHA蓄積機構の解明

研究課題名(英文) Elucidation of PHA accumulation mechanism by mixed microbial cultures with high PHA accumulation ability from wastewater substrates

研究代表者

井上 大介 (Inoue, Daisuke)

北里大学・医療衛生学部・准教授

研究者番号：70448091

交付決定額(研究期間全体)：(直接経費) 19,100,000円

研究成果の概要(和文)：本研究では、feast-famine制御下で下水汚泥(活性汚泥)から集積されるポリヒドロキシアルカン酸(PHA)蓄積細菌集積系による下水基質からのPHA高蓄積機構の解明を目標として、各種の検討を行った。本研究の結果から、(1)活性汚泥細菌の大部分がPHA合成能を有すること、(2)短鎖脂肪酸がPHA合成基質に適していること、(3)活性汚泥から構築されたPHA蓄積細菌集積系のPHA蓄積能にはRhodocyclalesに属するPHA蓄積細菌が関与していることが明らかになった。

研究成果の概要(英文)：This study aimed to elucidate the PHA accumulation mechanism from wastewater substrates by mixed microbial cultures with high PHA accumulation ability that are constructed from activated sludge by a feast-famine method. Results of this study revealed the followings: (1) Most of activated sludge bacteria are capable of producing PHA, (2) short-chain fatty acids are preferable substrates for PHA production by PHA-accumulating bacteria in activated sludge, and (3) PHA-accumulating bacteria belonging to Rhodocyclales make a great contribution to PHA accumulation by mixed microbial cultures constructed from activated sludge by a feast-famine method.

研究分野：生物環境工学

キーワード：省資源技術 バイオリファイナリー PHA 下水汚泥 微生物挙動解析

1. 研究開始当初の背景

プラスチックは、現代社会に欠かせない有用な化学品であるが、石油や天然ガスなどの化石資源を原料に用いて合成されており、また、自然環境中での分解性に乏しい。これらのことから、環境への負荷・影響が大きい石油系プラスチックのバイオプラスチックへの転換が求められている。

バイオプラスチックの一種であるポリヒドロキシアルカン酸 (PHA) は、ある種の微生物が炭素及びエネルギーの一時貯蔵物質として蓄積する脂肪酸ポリエステルである。PHA は生分解性や生体適合性、熱可塑性などの特性を有しており、様々な用途で活用することができる。また、PHA は合成の全ステップが微生物細胞中で行われるため、生産プロセスに係るエネルギーを抑えることができる上、化学プロセスに必要な金属触媒なども必要にならない。以上の点から、PHA は石油系プラスチックの代替品として有望視されている。

PHA の工業生産は、これまで遺伝子組換え菌を含む純粋菌により行われてきたが、純粋菌を用いる場合、細胞濃度を高めるために多量の酸素を必要とし、また、生産に使用する原料や装置の滅菌処理が必要であるため、コストとエネルギー面が大きな障害となってきた。他方、活性汚泥のような混合微生物群集を活用することができれば、基質(下排水)や装置を滅菌する必要がなく、純粋菌を用いる場合に比べてコスト・エネルギー消費を大幅に抑えることができる。また、下水処理においては余剰汚泥の処理にかかるコスト・エネルギーが問題視されているが、発生する余剰汚泥を PHA 生産の植種源に用いることにより、その問題も軽減し、逆に有価物を回収できるというメリットも発生する。このため、余剰汚泥と下排水を活用した PHA 生産は、下水処理場をバイオリファイナリー施設に転換するための有効なオプションの一つとして期待される。

活性汚泥のような混合微生物群集を用いた PHA 生産では、PHA 蓄積量が純粋菌に比べて低いことが長年の課題とされてきた。しかし、近年になり、混合微生物群集を活用した新たな PHA 蓄積戦略として、基質過剰状態 (feast) と基質非存在状態 (famine) を繰り返す feast-famine 制御の活用が提案された。先行研究では、feast-famine 制御を用いて活性汚泥から集積された混合微生物群集により、工業生産に用いられている純粋菌と同等の約 90% もの高 PHA 含量が達成された事例が報告されている¹⁾。しかし、現状では、feast-famine 制御下で構築される集積系内の微生物種やそれらの機能はほとんど明らかにされていない。多様な微生物種で構成される活性汚泥からの PHA 高蓄積を安定して達成する条件を明らかにし、feast-famine 制御による PHA 高回収を広く利用可能な技術にブラッシュアップするためには、PHA 蓄積反応

の主体である微生物の挙動を理解し、PHA 高蓄積機構を解明することが重要である。

2. 研究の目的

先に述べた背景から、本研究では、feast-famine 制御下で下水汚泥から集積される混合微生物群集 (PHA 蓄積細菌集積系) による下水基質からの PHA 高蓄積機構を解明することを目標として、PHA 蓄積細菌のモニタリング手法の開発、下水汚泥中の PHA 蓄積細菌分布の把握、下水汚泥から構築した PHA 蓄積細菌集積系による酢酸や他の下水基質からの PHA 蓄積過程における微生物挙動の解明を目指した。

3. 研究の方法

(1) 活性汚泥中の従属栄養細菌の PHA 合成ポテンシャルの評価

活性汚泥を構成する個々の細菌の PHA 合成ポテンシャルを評価するため、4 種類の活性汚泥 (ラボスケール連続回分式リアクター (SBR) 1 種、標準活性汚泥 (CAS) 法 2 種、嫌気無酸素好気 (A20) 法 1 種) から、R2A 培地を用いて従属栄養細菌を分離し、PCR による *phaC* 遺伝子の検出と、6 種類の炭素源 (酢酸、プロピオン酸、乳酸、酪酸、グルコース、グリセロール) を用いたバッチ PHA 蓄積試験 (初期 OD₆₀₀: 0.5、炭素源: 1000 mg-C/L、窒素制限・好気条件、28、120 rpm、48 時間) を実施した。各菌株における PHA 蓄積の検出は、Nile blue A 染色・蛍光測定法を用いて行った。

(2) 活性汚泥の PHA 蓄積ポテンシャルの評価

各種処理方式の活性汚泥の PHA 蓄積ポテンシャルを評価するため、CAS 法、無酸素好気 (AO) 法、A20 法、ステップ流入式多段硝化脱窒法、膜分離活性汚泥 (MBR) 法を採用する都市下水処理場から 9 種類の汚泥試料を採取し、窒素制限・好気条件下においてバッチ PHA 蓄積試験を実施した。リン酸および pH 変動が PHA 蓄積に及ぼす影響を明らかにするため、リン酸塩、あるいは HEPES とリン酸塩を添加した試験系と添加しない試験系を作成し、各試験系に汚泥を 1000 mg-MLSS/L、酢酸ナトリウムを 1000 mg-C/L になるように加え、28、120 rpm で 24 時間培養した。酢酸は HPLC で定量し、PHA は Michinaka らの方法に従って前処理した後に GC/MS によりポリヒドロキシ酪酸 (PHB; 酢酸を基質として合成される主要な PHA) を定量した。また、*phaC* 遺伝子を標的とする MPN-PCR 法と T-RFLP 法により、各汚泥中の PHA 蓄積細菌群集を解析した。

また、活性汚泥による各種炭素源からの PHA 蓄積の可能性について検討するため、酢酸、プロピオン酸、乳酸、酪酸、グルコース、グリセロールを単独、または、複数混合で用いた PHA 蓄積試験も実施した。

(3) 活性汚泥からの PHA 蓄積細菌集積系の構築と、集積系の PHA 蓄積能及び PHA 蓄積細菌群集の解析

ラボスケール SBR を用い、feast-famine 制御により、活性汚泥から PHA 蓄積細菌集積系を構築した。各 SBR は、汚泥滞留時間 5 日、水理学的滞留時間 1 日に設定し、酢酸ナトリウムを炭素源として添加した無機塩培地を流入水として投入した。異なる温度、pH 制御条件下において集積を実施し、feast/famine 比、PHB 蓄積率の遷移状況の分析、及び *phaC* 遺伝子を標的とした PCR-DGGE 法による PHA 蓄積細菌群集の遷移解析により、PHA 蓄積細菌の集積状況をモニタリングした。種汚泥と各条件下で構築された PHA 蓄積細菌集積系は、バッチ PHA 蓄積試験（窒素制限・好気条件、28、120 rpm、24 時間）による PHA 蓄積能の評価、ならびに *phaC* 遺伝子を標的としたクローンライブラリ法による PHA 蓄積細菌群集構造の解析に供した。

4. 研究成果

(1) PHA 蓄積細菌挙動解析法の開発

PHA 蓄積細菌の挙動解析を行う手法としては、PHA 合成に必須の PHA シンターゼをコードする *phaC* 遺伝子を標的とする PCR 法が最も一般的である。また、PHA シンターゼはクラス I-IV に分類されている。そこで、各クラスの *phaC* 遺伝子を検出する PCR システムについて調査した結果、クラス I 及び II を幅広く検出できる PCR システムが存在した。そこで、Sheu らが開発し、他の既往研究でも使用されている PCR システムを基本とし、反応条件の最適化等を行い、本研究で使用する PHA 蓄積細菌挙動解析法を整備した。

(2) 活性汚泥中の従属栄養細菌の PHA 合成ポテンシャル

4 種類の活性汚泥から分離された 114 株の従属栄養細菌を対象として、PHA 合成ポテンシャルの評価を行った。

phaC 遺伝子の PCR 検出の結果、114 株のうち 17 株が *phaC* 遺伝子を保有することが明らかになった。また、PCR 増幅産物の塩基配列を解読して該当するアミノ酸配列を推定し、GenBank に登録された配列と比較したところ、本研究で分離した従属栄養細菌株が保有する *phaC* 遺伝子は既知の *phaC* 遺伝子とアミノ酸配列レベルで 60-100% の同一性を有することが明らかになった。

他方、6 種類の炭素源からの PHA 合成能について検討した結果、114 株のうち 77 株が少なくとも 1 種類の炭素源から PHA を合成できることが明らかになった。また、炭素源別では、酢酸は 55%、プロピオン酸は 32%、乳酸は 53%、酪酸は 34%、グルコースは 6.1%、グリセロールは 10% の分離菌株が PHA 合成に利用した（図 1）。これらのことから、活性汚泥細菌にとっては、短鎖脂肪酸（特に、酢酸、乳酸）が PHA 合成に適した基質であることが

明らかになった。

両試験の結果をまとめると、分離した 114 株のうち 85 株（75%）が PHA 合成ポテンシャルを有することが明らかになった。しかし、その大部分は、PHA 合成能は確認されたものの、*phaC* 遺伝子は検出されなかった。このことから、活性汚泥中には、本研究で使用した検出法では検出できない *phaC* 遺伝子（クラス III、IV に属する *phaC* 遺伝子、クラス I、II に属するが検出対象外の *phaC* 遺伝子、あるいは全く未知の *phaC* 遺伝子）を保有する PHA 蓄積細菌が多数存在していることが示唆された。

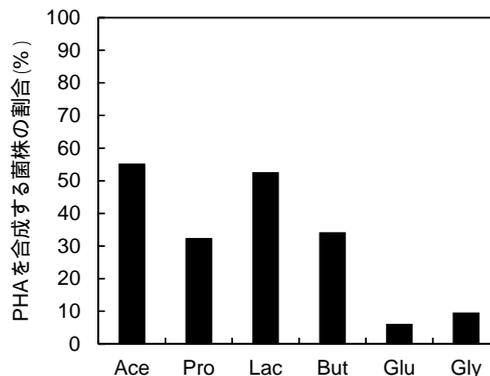


図 1 活性汚泥より分離した従属栄養細菌のうち、酢酸（Ace）、プロピオン酸（Pro）、乳酸（Lac）、酪酸（But）、グルコース（Glu）、グリセロール（Gly）から PHA を合成する菌株の割合

(3) 活性汚泥の PHA 蓄積ポテンシャル

活性汚泥の PHA 蓄積ポテンシャルを評価するにあたり、まず、試験条件について検討した。その結果、リン酸塩、あるいは HEPES とリン酸塩を添加した試験系に比べて、それらを添加していない試験系において PHB 蓄積率が高くなることが明らかになった。そこで、リン酸塩及び HEPES を添加しない試験系を用いて、活性汚泥の PHA 蓄積ポテンシャルを評価することとした。

9 種類の活性汚泥の PHA 蓄積能（炭素源：酢酸）を調査した結果、各汚泥は試験開始時点で 0-1.3% の PHA を含んでいたが、24 時間のバッチ PHA 蓄積試験の後、PHB 蓄積率は 7.9-24% まで上昇した。CAS 法の汚泥では 24 時間後の PHB 蓄積率は常に 20% を上回ったが、A2O 法及びステップ流入式多段硝化脱窒法の汚泥における 24 時間後の PHB 蓄積率は 7.9-17% であり、CAS 法、AO 法及び MBR 法の汚泥に比べて低かった。また、PHB 収率（炭素源消費量あたりの PHB 蓄積量）は、MBR 法では 0.50、他の処理方式では 0.22-0.34 であり、MBR 法では他の処理方式よりも PHB 収率が高いことが明らかになった。これは、MBR 法では基質（酢酸）消費量が他に比べて低かったことに起因しており、高い汚泥濃度（低 F/M 比）で運転されている MBR 法の特徴であると示唆された。

各汚泥中の *phaC* 遺伝子数を定量した結果、 2.9×10^8 - 1.2×10^9 MPN-copies/g-MLSS の *phaC* 遺伝子が存在することが明らかになった。また、T-RFLP 解析の結果、最大で 20 程度の *phaC* 遺伝子由来の T-RFs が検出された。各汚泥の T-RFLP プロファイルと比較した結果、類似したプロファイルを有する汚泥や、特定の *phaC* 遺伝子 (PHA 蓄積細菌) が優占する汚泥の存在が明らかになった。

PHA 蓄積試験及び PHA 蓄積細菌群集解析の結果を基にして、活性汚泥の PHA 蓄積ポテンシャルに影響する因子について検討した。その結果、*phaC* 遺伝子数が 24 時間のバッチ PHA 蓄積試験後の PHB 蓄積率と関係していることが明らかになった。すなわち、*phaC* 遺伝子数が相対的に低い A20 法及びステップ流入式多段硝化脱窒法では PHB 蓄積率が低く、*phaC* 遺伝子数が 5.0×10^8 MPN-copies/g-MLSS を上回る汚泥では 20% を越える PHB が蓄積されることが明らかになった (図 2)。

また、CAS 法の活性汚泥を用い、各種炭素源からの PHA 蓄積について検討した結果、酢酸や乳酸、酪酸が PHA 合成基質に適しており、複数の炭素源が共存する場合でも同様に PHA を合成できる可能性が示された。

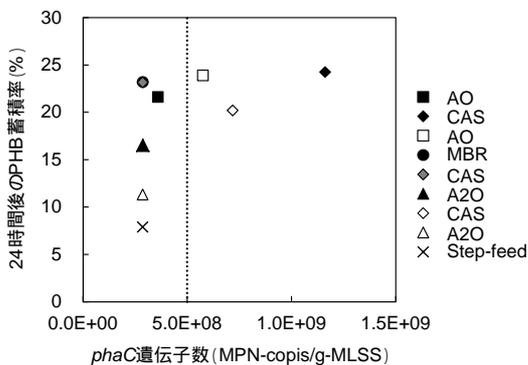


図 2 活性汚泥中の *phaC* 遺伝子数と PHA 蓄積試験 (24 時間) 後の PHB 蓄積率の関係

(4) 活性汚泥から構築した PHA 蓄積細菌集積系の PHA 蓄積能と PHA 蓄積細菌群

異なる温度条件下で構築した PHA 蓄積細菌集積系の PHA 蓄積能と PHA 蓄積細菌群

20 あるいは 28 に設定した SBR (いずれも pH は制御なし) を用いて、feast-famine 制御による PHA 蓄積細菌の集積を試み、種汚泥及び各集積系の PHA 蓄積能を評価した。種汚泥では 24 時間後の PHB 蓄積率が 34% であったが、28、20 に設定した SBR で構築した集積系では 12 時間後にそれぞれ 58%、62% の PHB を蓄積した (図 3 (A))。また、PHB 収率も種汚泥に比べて集積系で高くなった (図 3 (B))。以上の結果から、20、28 のいずれの温度条件下でも feast-famine 制御による PHA 蓄積細菌の集積が可能であることが明らかになった。他方、20、28 の集積系を比較すると、20 の集積系が PHB 蓄積率、収率ともに高いことが確認された。

phaC 遺伝子を標的としたクローンライブラリ法により、種汚泥及び各集積系の PHA 蓄積細菌群集構造を解析した結果、種汚泥では *Burkholderiales* に属する PHA 蓄積細菌が優占したが、集積系では、*Rhodocyclales* や *Sphingomonadales* に属する PHA 蓄積細菌の存在が確認された (図 4)。特に、*Rhodocyclales* は、高い PHA 蓄積能が認められた 20 の集積系において、存在割合がより高かったことから、*Rhodocyclales* に属する PHA 蓄積細菌が集積系の PHA 蓄積能に関係している可能性が考えられた。

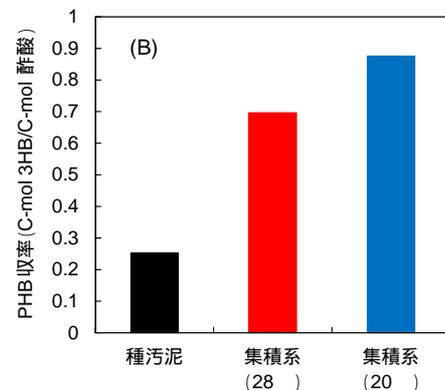
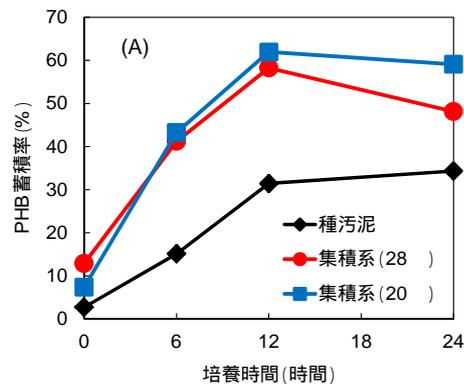


図 3 異なる温度で構築した PHA 蓄積細菌集積系と種汚泥の PHA 蓄積能

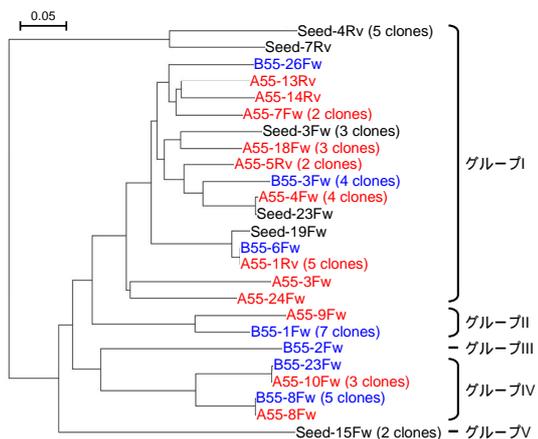


図 4 異なる温度で構築した PHA 蓄積細菌集積系 (赤字: 28、青字: 20) と種汚泥 (黒字) 中の PHA 蓄積細菌群集. グループ I: *Burkholderiales*, II, IV: *Rhodocyclales*, III: *Sphingomonadales*, V: 未培養

異なる pH 条件下で構築した PHA 蓄積細菌集積系の PHA 蓄積能と PHA 蓄積細菌群

pH を 7.2 に制御した SBR と制御しない SBR (いずれも温度は 28 に設定) を用いて、feast-famine 制御による PHA 蓄積細菌の集積を試みた。pH を制御しない SBR では、pH は概ね 8.6-9.0 のアルカリ性で推移した。と同様に、種汚泥及び各条件下で構築された集積系の PHA 蓄積能を評価した結果、種汚泥では 24 時間後の PHB 蓄積率が 31%であったが、pH 制御あり及び pH 制御なしの集積系では 12 時間後にそれぞれ 48%及び 57%の PHB を蓄積し、pH 制御の有無によらず高い PHA 蓄積能を示した(図 5)。また、両集積系を比較した結果、pH を制御せずにアルカリ条件下で構築された集積系がより高い PHA 蓄積能を有することが明らかになった。

phaC 遺伝子を標的とした PCR-DGGE 法を用いて SBR 運転期間中の PHA 蓄積細菌の遷移を解析した結果、各 SBR では、種汚泥とは全く異なり、かつ、pH 制御条件ごとにも異なる PHA 蓄積細菌群が集積されることが観察された。また、pH 制御あり(中性)においては、pH 制御なしに比べて、PHA 蓄積細菌群集構造の安定化に長期間を要することが示された。pH 制御ありの SBR では、時折発泡とそれに伴う一時的な feast/famine 比の上昇が観察されており、これらの乱れが PHA 蓄積細菌群にも影響を及ぼし、安定に長期間を要したものと考えられた。さらに、クローンライブラリ法を用いて種汚泥及び集積系の PHA 蓄積細菌群集を解析した結果、と同様に、種汚泥では *Burkholderiales* に属する PHA 蓄積細菌が優占しており、集積によって *Rhodocyclales* 及び *Rhizobiales* の PHA 蓄積細菌が存在割合を高め、特に pH 制御なしで構築した集積系において *Rhodocyclales* の優占化が顕著であった。

以上の結果から、都市下水処理場の活性汚泥では *Burkholderiales* の PHA 蓄積細菌が優占しているが、feast-famine 制御を用いた集積により *Rhodocyclales* の PHA 蓄積細菌の割合が増加し、その結果、集積系の PHA 蓄積能が高くなったことが示唆された。すなわち、活性汚泥の PHA 蓄積能を介した資源・エネルギー

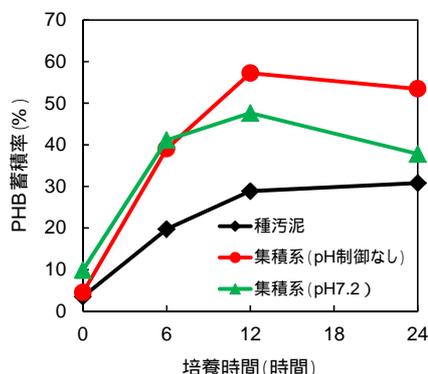


図 5 異なる pH 制御条件下で構築した PHA 蓄積細菌集積系と種汚泥の PHA 蓄積能

ギー価値の向上においては、*Rhodocyclales* の PHA 蓄積細菌の優占化が重要なポイントであることが示唆された。

<引用文献>

- Katja Johnson, Yang Jiang, Robbert Kleebezem, Gerard Muyzer, Mark C. M. van Loosdrecht, Enrichment of a mixed bacterial culture with a high polyhydroxyalkanoate storage capacity, *Biomacromolecules*, Vol. 10, No. 4, 2009 年, 670-676
- Yang Jiang, Marit Hebly, Robbert Kleebezem, Gerard Muyzer, Mark C. M. van Loosdrecht, Metabolic modeling of mixed substrate uptake for polyhydroxyalkanoate (PHA) production, *Water Research*, Vol. 45, No. 3, 2011 年, 1309-1321
- Yang Jiang, Leonie Marang, Robbert Kleebezem, Gerard Muyzer, Mark C. M. van Loosdrecht, Polyhydroxybutyrate production from lactate using a mixed microbial culture, *Biotechnology and Bioengineering*, Vol. 108, No. 9, 2011 年, 2022-2035
- Mamoru Oshiki, Hiroyasu Satoh, Takashi Mino, Rapid quantification of polyhydroxyalkanoates (PHA) concentration in activated sludge with the fluorescent dye Nile blue A, *Water Science and Technology*, Vol. 64, No. 3, 2011, 747-753
- Atsuko Michinaka, Jun Arou, Motoharu Onuki, Hiroyasu Satoh, Takashi Mino, Analysis of polyhydroxyalkanoate (PHA) synthase gene in activated sludge that produces PHA containing 3-hydroxy-2-methylvalerate, *Biotechnology and Bioengineering*, Vol. 96, No. 5, 2012 年, 871-880
- Der-Shyan Sheu, Yun-Ting Wang, Chia-Yin Lee, Rapid detection of polyhydroxyalkanoate-accumulating bacteria isolated from environment by colony PCR, *Microbiology*, Vol. 146, No. 8, 2000, 2019-2025

5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕(計 3 件)

- Daisuke Inoue, Yuta Suzuki, Takahiro Uchida, Jota Morohoshi, Kazunari Sei, Polyhydroxyalkanoate production potential of heterotrophic bacteria in activated sludge, *Journal of Bioscience and Bioengineering*, 査読有、印刷中
- Kousuke Sakai, Sawa Miyake, Koichi Iwama, Daisuke Inoue, Satoshi Soda,

Michihiko Ike, Polyhydroxyalkanoate (PHA) accumulation potential and PHA-accumulating microbial communities in various activated sludge processes of municipal wastewater treatment plants, Journal of Applied Microbiology, 査読有, Vol. 118, No. 1, 2015年, 255-266
Kurumi Hashimoto, Masami Matsuda, Daisuke Inoue, Michihiko Ike, Bacterial community dynamics in a full-scale municipal wastewater treatment plant employing conventional activated sludge process, Journal of Bioscience and Bioengineering, 査読有, Vol. 118, No. 1, 2014年, 64-71

[学会発表](計12件)

井上大介, 鈴木悠太, 清和成, Feast-famine 法による活性汚泥からのポリヒドロキシアルカン酸蓄積微生物の集積に及ぼす pH の影響, 第 49 回日本水環境学会年会, 2015 年 3 月 16-18 日, 金沢大学角間キャンパス(石川県・金沢市)

井上大介, 鈴木悠太, 諸星丈太, 清和成, 異なる温度条件下における活性汚泥からのポリヒドロキシアルカン酸蓄積菌の集積, 日本水処理生物学会第 51 回大会, 2014 年 11 月 12-14 日, 山梨県 JA 会館(山梨県・甲府市)

Daisuke Inoue, Yuta Suzuki, Takahiro Uchida, Jota Morohoshi, Kazunari Sei, Polyhydroxyalkanoate production potential of activated sludge bacteria, IWA World Water Congress and Exhibition 2014, 2014 年 9 月 21-26 日, Lisbon (Portugal)

Yuta Suzuki, Jota Morohoshi, Daisuke Inoue, Kazunari Sei, Effect of temperature on enrichment of polyhydroxyalkanoate accumulating organisms from activated sludge, 7th Advanced Engineering Technology for Environment and Energy -Environment, Energy and Sustainable Development, 2014 年 7 月 27-29 日, Busan (Korea)
Daisuke Inoue, Yuta Suzuki, Jota Morohoshi, Kazunari Sei, Effect of temperature on enrichment of polyhydroxyalkanoate accumulating organisms in sequencing batch reactors fed with acetate, Water and Environment Technology Conference 2014 (WET2014), 2014 年 6 月 28-29 日, 早稲田大学先端生命医科学センター Twins (東京都・新宿区)

井上大介, 鈴木悠太, 清和成, 活性汚泥中の従属栄養細菌のポリヒドロキシア

ルカン酸合成ポテンシャルの評価, 第 50 回環境工学研究フォーラム, 2013 年 11 月 19-21 日, 北海道大学学術交流会館(北海道・札幌市)

鈴木悠太, 井上大介, 清和成, 活性汚泥細菌のポリヒドロキシアルカン酸(PHA)合成ポテンシャルの評価, 日本水処理生物学会第 50 回大会, 2013 年 11 月 13-15 日, 神戸市水道局たちばな職員研修センター(兵庫県・神戸市)

酒井孝輔, 岩間航一, 三宅佐和, 惣田訓, 池道彦, 井上大介, 都市下水処理場の活性汚泥の PHA 蓄積能と PHA 蓄積微生物群集, 第 50 回下水道研究発表会, 2013 年 7 月 30 日-8 月 1 日, 東京ビッグサイト(東京都・江東区)

Daisuke Inoue, Yuta Suzuki, Kazunari Sei, Polyhydroxyalkanoate-producing potential of cultivable bacteria in a lab-scale activated sludge reactor, Water and Environment Technology Conference 2013 (WET2013), 2013 年 6 月 15-16 日, 東京農工大学小金井キャンパス(東京都・小金井市)

酒井孝輔, 岩間航一, 三宅佐和, 惣田訓, 池道彦, 井上大介, 都市下水処理場の活性汚泥の PHA 蓄積能と PHA 蓄積微生物群集に関する調査, 第 47 回日本水環境学会年会, 2013 年 3 月 11-13 日, 大阪工業大学大宮キャンパス(大阪府・大阪市)

酒井孝輔, 三宅佐和, 井上大介, 惣田訓, 池道彦, 都市下水処理場の活性汚泥中における PHA 蓄積微生物群集の解析, 第 49 回環境工学研究フォーラム, 2012 年 11 月 28-30 日, 京都大学吉田キャンパス(京都府・京都市)

三宅佐和, 岩間航一, 酒井孝輔, 井上大介, 惣田訓, 池道彦, 様々な下水処理場の活性汚泥のポリヒドロキシアルカン酸蓄積能に関する調査, 日本水処理生物学会第 49 回大会, 2012 年 11 月 24-25 日, 北里大学白金キャンパス(東京都・港区)

6. 研究組織

(1) 研究代表者

井上 大介 (INOUE DAISUKE)

北里大学・医療衛生学部・准教授

研究者番号: 70448091