

- 2) 小穴 孝夫,「鉄道と環境 微生物による PCB 分解」,鉄道総研報告, pp.33-36 (1997)
- 3) 志村 稔,早川 俊雄, Mukerjee-Dhar G, 金原 和秀,「微生物を用いた PCB 分解」,鉄道総研報告, pp.37-40 (1996)
- 4) 柿本 幸司,尾川 博昭,加藤 安彦, Yao Y, 馬場 謙三,花田 喜文,篠原 亮太,吉野 栄一,「紫外線照射によるアルカリ性 2-プロパノール中の PCB の光分解経路に関する研究」,環境化学, pp.39-46 (1997)
- 5) 金原 和秀,「PCB 処理技術の最先端 紫外線照射と微生物分解とを組み合わせた PCB の無害化処理」,環境管理 (産業環境管理協会), pp.901-907 (1997)
- 6) 早川 敏雄,金原 和秀,小穴 孝夫,「微生物を用いた PCB 無害化処理技術の開発」,月刊エコインダストリー, pp.5-14 (1998)
- 7) 金原 和秀,「新しい産業・技術とバイオエンジニアリング 微生物で PCB を分解」,日本機械学会通常総会講演論文集, pp.66-67 (1998)
- 8) 川西,堀井,有元,田中:「最終処分場埋立浸出水中のダイオキシンの処理」,都市清掃,第 50 巻,第 218 号, pp. 62-65 (1997)
- 9) 「ごみ処理施設における有害物質の低減化に関する研究」平成 4 年度報告書 (1992)

6. 2 縦型気液接触型反応槽の可能性について

(分担研究者 小口深志 前田建設工業(株) 技術研究所 課長代理)

縦型気液接触型反応槽は、好気性微生物である好熱菌と溶媒に抽出したダイオキシンを、空気気泡と接触させてダイオキシン分解を連続処理するものである。本研究で使用するスタティックミキサーは、流体に対して圧力損失が小さく、整流効果が得られるなどの構造原理と他の用途での実績から想定して気液の混合効率が良いと考えられる。また栄養源としてのエアレーションは、連続処理を可能とするループ状のリアクター内でのドリフト効果による動力源を兼ねており、省エネルギーの面で有利であると考えられる。今年度は、この縦型気液接触型反応槽を使用して好熱菌とダイオキシンの接触分解プロセスの概念設計をするにあたり実験計画をたてた。手始めに、ベンチスケールでの実証実験のためのリアクターの設計と基本的特性のための予備試験を行っている。以下に検討すべき項目を列記する。

6. 2. 1 縦型気液接触型反応槽の特性の解析と検討項目

- ① フィード制約条件
- ② 高温状態における空気混合速度
- ③ 処理能力の把握
- ④ 温度条件
- ⑤ 物質収支
- ⑥ 熱量収支
- ⑦ 処理コスト
- ⑧ 反応槽の最適段数
- ⑨ 空気吐出装置形状
- ⑩ 装置材質、保温装置、塩素吸収装置等の特性と設計法等々

6. 2. 2 予備実験の状況

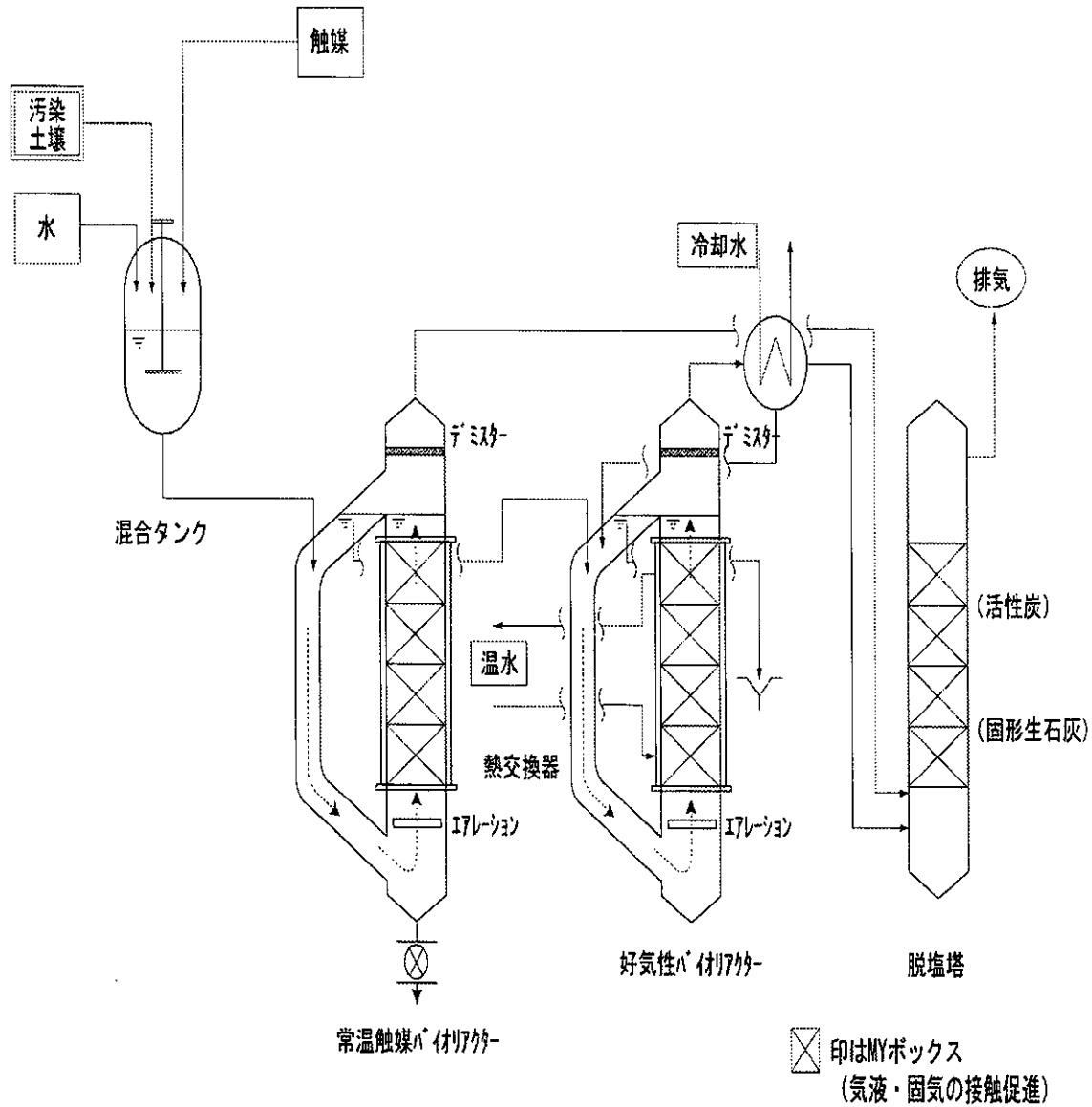
ベンチスケールモデルでの実験装置はプラスチック製であり高さ約1Mである。現在、平温での溶存酸素移動速度と装置の最適段数を探っており、この実験装置での3段数が最適であることが判明した。またスパージャーから発生する気泡の粒子の大きさによる溶存酸素移動速度の関係を求め、粒子の大きさにはあまり関係しないことが判明した。さらにヒーターを取り付けて温度による溶存酸素移動速度の関係をを求めている。今後実験装置のエアレーションの効率の算定式を求め、装置の運転条件を決定する。

6. 2. 3 今後の予定

予備実験で得られる条件に沿って、ステンレス製のベンチスケールモデルを作成して、好熱菌によるダイオキシン分解反応実験を行う。この実験により実大実験に必要な基本性能を決定し、実大実験の概念設計及び基本設計を行い実大実験の計画を立案し、実用装置の開発を推進する。

6. 2. 4 縦型気液接触型反応槽の概念図

以下に縦型気液接触型反応装置の概念図を示す。



7章 今後の研究課題及び研究計画

(主任研究者 古市 徹 北海道大学大学院工学研究科 教授
研究協力者 石井一英 同 助手)

7.1 今後の研究課題と研究計画

今年度は、ダイオキシンの微生物処理技術の確立を目標に、以下の2点を目標に研究を行ってきた。

- ①我々の単離した微生物によるダイオキシン分解を確認すること。
- ②前処理技術も含めた実用的な処理プロセスの可能性を検討すること。

これらの課題に関しては、これまでの章で明らかにしてきたようにいくつかの課題を残しながらも達成できたと言える。しかし実用化にむけてはまだ解決されるべき課題が存在し、いくつかのステップを踏む必要がある。つまり最終目標である微生物によるダイオキシン類処理プロセスの実用化を実現するためには、さらに分解微生物の特性や分解メカニズムの基礎的な考察を行うとともに、前処理技術も含めた実用的な処理プロセスの検討、及びベンチスケールでの実行可能性試験を行う必要がある。そこで、1章にも示したが、もう一度研究計画として図7-1、図7-2を示す。本プロジェクトの研究課題は以下のように整理される。

- (1)微生物によるダイオキシン類分解機構解明のための基礎的考察
- (2)分解酵素反応、遺伝子解析を基礎とした分解酵素の特徴付け
- (3)微生物分解と実用化のための前処理方法の検討
- (4)実用的な処理プロセス化のための操作条件の明確化 (新たなリアクターの創造も含む)
- (5)原位置での土壌修復の可能性検討

それぞれの研究の位置づけは図7-1に示したとおりである。各課題毎に具体的な研究課題、今後の研究計画を整理する。

(1) 微生物によるダイオキシン類分解機構解明のための基礎的考察

- ・ 中間生成物、あるいは最終生成物の確認

ダイオキシンが確実に分解、あるいは無害化されたことを確認するために中間生成物等を確認する必要がある。また分解メカニズムを明らかにするために、分解経路を特定する必要がある。

- ・ ダイオキシン異性体種類、濃度、栄養状態、pHによる分解率の変化

今年度の実験条件だけでは、プロセス化を行うには実験条件に乏しい。微生物の分解特性を把握するためには、実験条件に変化を与え基礎的なデータを着実に取っていくことが必要である。

- ・ 前処理技術と組み合わせ検討と溶媒耐性の確認

本研究で想定する処理プロセスでは、土壌中のダイオキシンを液側に抽出して分解する系を想定していることから、前処理した後の処理水で実験を行う、あるいは、溶媒抽出した後の残存溶媒に対する微生物の耐性を確認するとともに、分解効率の変化を確認する必要がある。

- ・実験スケールアップの検討

試験管レベルの実験から数L程度までスケールアップした条件で基礎的実験を行い、分解効率、栄養条件等に違いがないか確認する必要がある。

- ・新規分解菌の探索

常に、分解効率のよい菌の探索を行う必要がある。

(2) 分解酵素反応、遺伝子解析を基礎とした分解酵素の特徴付け

- ・分解に関与する遺伝子の探索

- ・分解酵素反応の確認

微生物によるダイオキシン類分解メカニズムを解明するためには、反応のベースとなっている遺伝子、あるいは生成される酵素の同定、そして酵素反応特性を把握する必要がある。またこれらの基礎的検討から、リアクター設計、操作条件にフィードバックすることが可能である。

(3) 微生物分解と実用化のための前処理方法の検討

- ・土壌中のダイオキシン抽出技術の開発

土壌からダイオキシンを液側へ抽出するための条件に関する知見を、類似した化合物を参考に収集し、抽出条件をまとめる。それから、可能性のあるパターンに関して抽出実験を行い、抽出率、抽出特性に関して基礎的な検討を行う。

- ・紫外線照射によるダイオキシン分解技術の検討

紫外線照射+オゾンによる低濃度のダイオキシン分解技術は確立されているが、共存物質の影響、濃度の問題など土壌中のダイオキシンを処理するという位置づけで、その分解特性、メカニズムを再検討する必要がある。

(4) 実用的な処理プロセス化のための操作条件の明確化（新たなリアクターの創造も含む）

- ・K汚泥によるダイオキシン分解メカニズムの解明

K汚泥によるダイオキシン分解が確認されたが、その分解に寄与する微生物の同定、分解メカニズムの特性を早急に行う必要がある。

- ・膜分離型活性汚泥処理装置の操作条件の最適化

ダイオキシン組成、濃度、栄養状態に変化を与えた小型のカラム実験を行うことにより、ダイオキシン処理のための最適な操作条件を明らかにする。そしてその条件を15L容量のリアクター実験に還元する。

- ・単一菌に対するリアクターの可能性

単一菌に対するリアクターに関しては、本年度のリアクター処理実験でその可能性は確かめることはできたが、さらに効率の良いリアクターの創造も含めた検討をさらに行う必要がある。一般に単一菌によるリアクター処理は閉鎖系、つまり雑菌が無い状態で運転される場合が多く、信頼性のある長期間安定運転を考えたときには、閉鎖系のリアクター処理を想定しておく必要もある。その一つとして縦型気液接触装置も検討されよう。

(5) 原位置での土壌修復の可能性検討

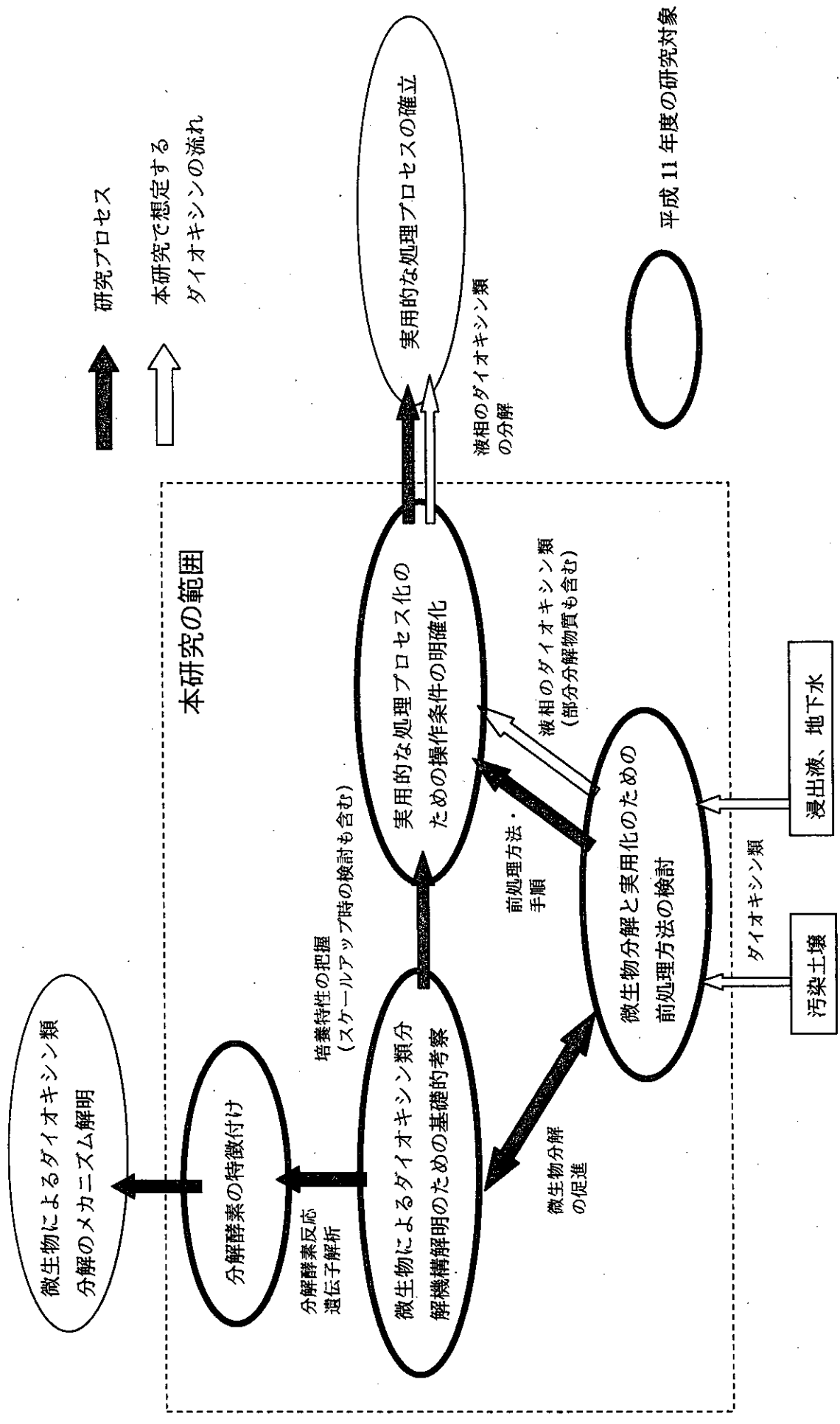


図 7-1 研究プロセス図

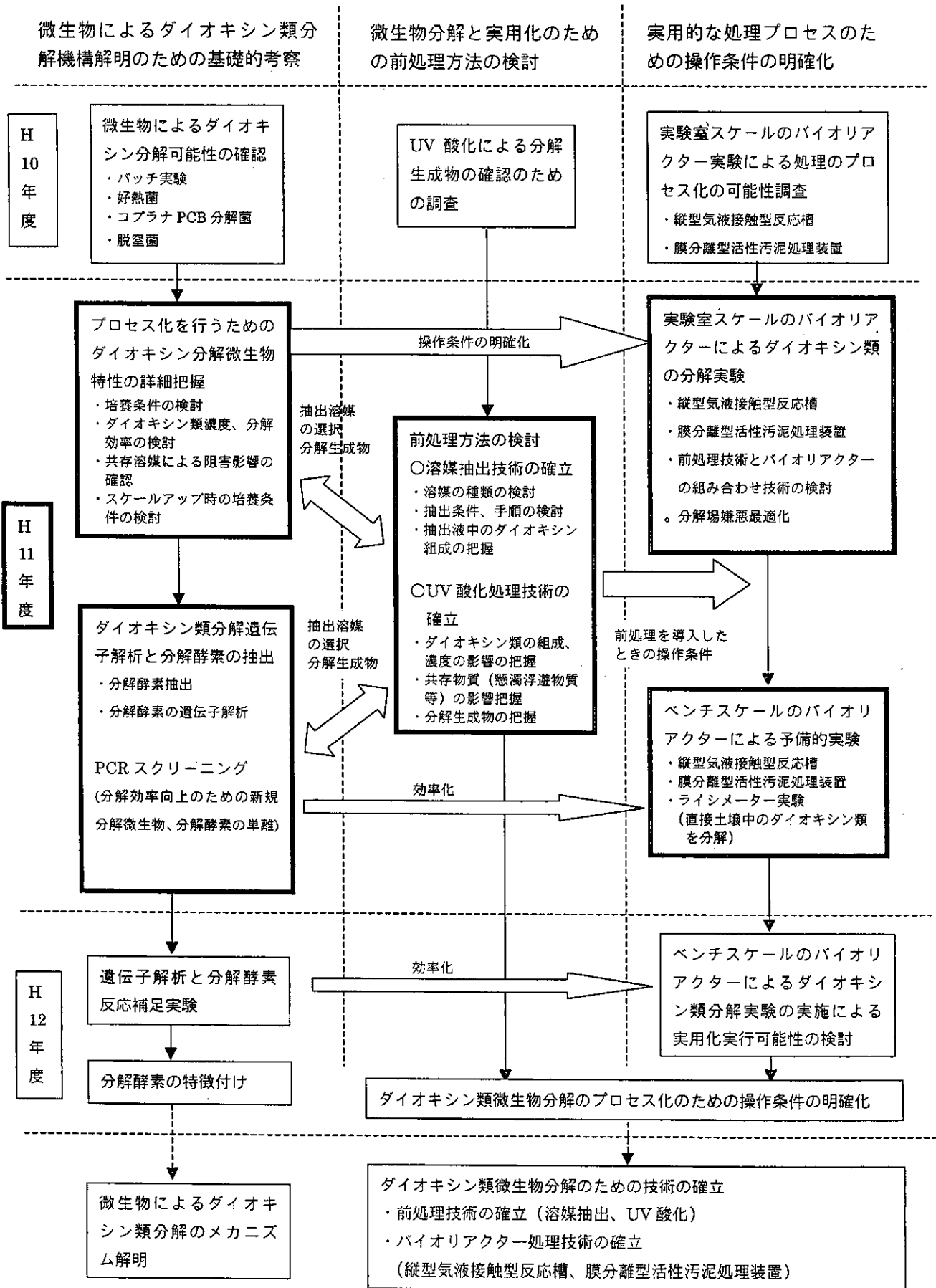


図 7-2 実験計画構想図

本研究プロジェクトのスタンスとしては、まず撤去された土壌を対象にしたリアクター処理を念頭にしているが、撤去が不可能で、さらに低濃度に汚染された土壌を対象とした場合には原位置での処理技術も検討しておく必要がある。原位置のバイオレメディエーションに関しては、社会的容認など様々な問題が存在するが、その可能性を検討することは有意義である。

7.2 本研究で想定する実処理装置のイメージ

本研究で想定する実処理装置のイメージに関して再度整理を行う必要がある。今後以下の項目について具体的に詰める必要がある。

(1)処理対象

土壌、浸出液、地下水

(2)処理濃度範囲

(3)処理プロセス (図 7-3 参照)

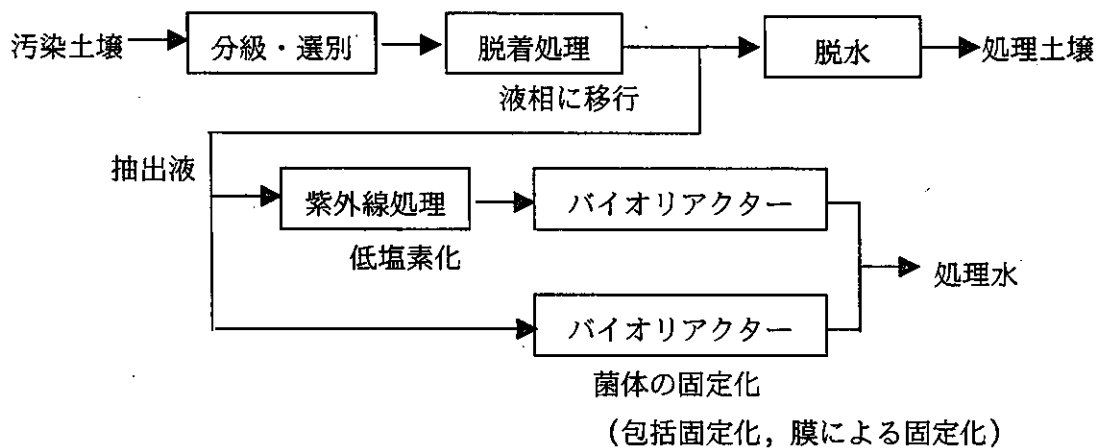


図 7-3 汚染土壌処理フローのイメージ

8章 まとめ

(主任研究者 古市 徹 北海道大学大学院工学研究科 教授)

本研究の目的は、ダイオキシン類によって汚染された土壌・地下水、不適正埋立処分場における埋立浸出液の実用的な処理技術を開発することである。これまでのダイオキシン類分解技術は、溶融処理などの熱処理が中心で、高熱、高温、高圧でコストが高く、副生成物による二次汚染も懸念されている。このような背景から、低コストで安全で大量処理可能な、そして環境に優しい処理技術が求められている。このような背景から我々は微生物処理に注目し、物理化学的な前処理技術も含めたトータル的な処理システムとして構築することを検討した。そこで今年度の研究の達成目標を、

- ①我々の単離した微生物によるダイオキシン分解を確認すること、
 - ②前処理技術も含めた実用的な処理プロセスの可能性を検討すること、
- とし研究を進めた。

1章においては、ダイオキシン類に関する基礎的な知見として、ダイオキシン類の構造、定義、物理化学特性について概観し、一般環境中におけるダイオキシン類濃度、及び現在問題となっている廃棄物処理施設（焼却処理施設）周辺、及び最終処分場周辺の汚染状況などについてレビューを行った。それから、本研究の目的を述べた後で、本研究におけるダイオキシン処理技術の基本的なスタンスについて確認した。

2章においては、現在報告されている熱処理以外のダイオキシン分解技術についてのレビューを行った。物理化学的分解として、現在実用化されているのは、熱処理以外では浸出液を対象とした紫外線・オゾン分解のみである。また微生物分解に関して実験室レベルの実験では、細菌を用いた好気性分解の場合、低塩素化のダイオキシン類は効率よく分解するが、3,4 塩素以上のダイオキシン類に関しては、著しく効率が悪く、分解しないという報告例もあった。また細菌を用いた嫌気性分解の場合は、脱塩素反応が起こるが、その反応速度は好気性分解に比して著しく遅いことが分かった。また白色腐朽菌を用いた場合は、低塩素、高塩素化両方のダイオキシン類を分解することが試験管レベルの実験より明らかになっているが、その処理のプロセス化には至っていないことが分かった。

3章においては、本研究における分析方法について述べた。4 塩素以上のダイオキシン類に関しては、前処理方法、測定方法に関するマニュアルが存在しそれらに準拠して行ったが、3 塩素化以下のダイオキシン類に関しては、公定法が存在しないためこれまで報告されている測定例を参考に、安定同位体で標識した内部標準物質を用い、回収率より対象とする化合物の測定値を補正する手法を用いた。

4章においては、上述した目的の①を達成するため基礎的な検討として我々が単離した菌によるダイオキシン分解実験を行った。4章1節においては、好熱菌によるダイオキシン分解実験を行い、2,3-, 2,8-, 2,3,7-, 2,3,7,8-クロロジベンゾパラダイオキシンが分解されることを確かめた。さらにその特徴的なプラスミド上にその遺伝子塩基配列がコードされている可能性が示唆された。好熱菌は 62°C以上の発育温度域をもち、実用化時の他の環境微生物に対して優性を維持できること、ヒトへの病原性が考えられないこと、そして2分裂時間が約5分であることから難分解性物質に対する微生物分解の高い速度を得るのに有効であると考えられた。そして4章2節

においては、コブラナ PCB 分解菌を用いたダイオキシン類の分解の検討を行った。そのうち、特にダイオキシン類と同様の毒性を有するコブラナ PCB も含む PCB の分解特性の把握を行った。その結果、コブラナ PCB の一つである 3,4,3,4-Tetrachlorobiphenyl が分解されることを確かめた。また無塩素のジベンゾフランの分解を確認する上で、中間代謝物の同定を行ったところ、安臭香酸やジベンゾエーテルが検出された。

5章においては、4章で用いた好熱菌、コブラナ PCB 分解菌、及び K 汚泥を用いた実験室規模でのバイオリクター実験 (15L 容量) を行った。好熱菌、コブラナ PCB 分解菌は 4 日間の培養で 1ppm の無塩化のジベンゾフランをほぼ 100% 分解することを示した。コブラナ PCB 分解菌に関しては連続的な処理の可能性を示すことができた。また脱窒条件下において K 汚泥を用い、高塩素のダイオキシン類の分解を行ったところ、4 週間の培養で 15ng/L のダイオキシンのうち 96% 分解することを、系内の物質収支を確認することで示すことができた。結果として上述した②の達成目標である実用的な処理プロセスの可能性を示すことができた。

6章においては、前処理プロセスの検討として UV 照射によるダイオキシン分解に関する文献レビューを行い、その結果 UV 照射することにより高塩素化のダイオキシン類が分解されることが分かった。つまり、前処理として UV 処理することにより、後段の微生物分解プロセスの効率上がる可能性があり、プロセスフローの一つの可能性を示すことができた。また、5章で述べた膜分離型活性汚泥処理装置の他に、縦型気液接触装置の可能性の検討を行った。

7章においては、次年度以降の研究課題の洗い出し、及び研究計画に関して述べた。

本研究の今年度の結論を以下にまとめる。

- (1)好熱菌によって 2,3-, 2,8-, 2,3,7-, 2,3,7,8-クロロジベンゾダイオキシンが分解されることを確認した。
- (2)コブラナー PCB 分解菌によって、コブラナー PCB 及び無塩化ジベンゾフランが分解されることを確認した。
- (3)有効容量 15L のバイオリクター用いた好熱菌、コブラナ PCB 菌によるリアクター処理の可能性を検討したところ、4 日間の運転と無塩化ジベンゾフランの分解を確認することができた。
- (4)4 価から 8 価までのジベンゾダイオキシン及びジベンゾフランの混合物を対象に、K 汚泥を用いたリアクター実験を行ったところ、計 28 日間の連続運転が可能であり、約 96% の注入ダイオキシンが処理されることを確かめることができた。しかし、今後さらに実験を重ねる必要がある。
- (5)UV 分解により、8 価及び 7 価のダイオキシン類が減少することを文献調査により確かめた。つまり UV 処理と微生物処理の組み合わせによるダイオキシン類の処理の可能性を示すことができた。

添 付 資 料

○3章に関連

別添資料0 ダイオキシン類測定に用いた試薬、器具、機器、分析条件

○4章に関連

別添資料1 *Bacillus midousuji* 16S リボソーム RNA 塩基配列決定成績と相同性検索結果

別添資料2 *Bacillus midousuji* SH2A ATCC55926, SH2B ATCC202050 菌株データベース

別添資料3 *Bacillus midousuji* のプラスミド電気泳動像写真(J1:*B.midousuji* SH2A HA1001, J2:*B.midousuji* SH2B HB1002)

別添資料4 *Bacillus midousuji* SH2A のプラスミド pSA101 の DNA 塩基配列と相同性検索

別途資料5 Columbia Innovation Enterprise, Columbia University のホームページ
(<http://www.cc.columbia.edu/cu/cie/>)

別添資料6 米国コロンビア大学地球環境研究所(Lamont Earth Observatory)でのニューヨーク、ジャマイカ湿地帯環境改善計画(The Jamaica Bay Meeting)での口頭発表抄録
1999年2月1日 座長 Dr. Arnold L. Gordon(agordon@ldeo.columbia.edu)
Lamont Earth Observatory, Columbia University

○その他

別添資料7 厚生科学研究費補助金生活安全総合研究事業
「ダイオキシン微生物処理技術の研究」プロジェクトメンバー

別添資料 0

○試薬類、装置、器具及びその留意点

(1)試薬類

全ての試薬類にはダイオキシン類の測定分析に影響を及ぼす妨害成分が含まれていないものを用いた。使用に先立って確認試験を行った。

メタノール：残留農薬試験用、残留PCB試験用、ダイオキシン類分析用または同等以上のもの。

アセトン：残留農薬試験用、残留PCB試験用、ダイオキシン類分析用または同等以上のもの。

n-ヘキサン：残留農薬試験用、残留PCB試験用、ダイオキシン類分析用または同等以上のもの。

トルエン：残留農薬試験用、残留PCB試験用、ダイオキシン類分析用または同等以上のもの。

ジクロロメタン：残留農薬試験用、残留PCB試験用、ダイオキシン類分析用または同等以上のもの。

ノナン：試薬特級または同等以上のもの。

精製水：適宜 n-ヘキサンで洗浄した。

硫酸：試薬特級または同等以上のもの。

無水硫酸ナトリウム：残留農薬試験用、残留PCB試験用、または同等以上のもの。使用前に 400℃にて数時間加熱処理した。

塩化ナトリウム：残留農薬試験用、残留PCB試験用、または同等以上のもの。使用前に 400℃にて数時間加熱処理した。

シリカゲル：カラムクロマトグラフィー用シリカゲル（メルク社製）をメタノール及びトルエンを用い、順次洗浄を行った後、減圧乾燥し、ガラス製ビーカー等に入れ、層の厚さを 10mm 以下にし、130℃で約 18 時間乾燥した後、デシケータ内で放冷し保存した。

アルミナ：塩基性または中性のカラムクロマトグラフィー用アルミナ（メルク社製）をガラス製ビーカー等に入れ、層の厚さを 10mm 以下にして 130℃で約 18 時間乾燥した後、デシケータ内で放冷し、保存した。アルミナは製造ロットや保存状態により活性度が著しく異なるのでロット毎に溶出条件を確認した。

銅粉または銅チップ：あらかじめアセトン及びトルエンで洗浄した。

活性炭シリカゲル：活性炭シリカゲルをトルエンで十分洗浄後、ロータリーエバポレーターで乾燥し、密閉可能な容器に入れ、使用までデシケータ内で保存した。

標準溶液：市販の標準溶液を n-デカンなどで希釈、混合して調製した。

内部標準物質：使用した内部標準物質を表-1 に示す。

内部標準溶液：市販の溶液をトルエンで希釈、混合して調製した。

円筒濾紙：セルロース製のものを使用する場合、使用に先立ってアセトン洗浄し、さらにジクロロメタンでソックスレー抽出器を用いて、予備洗浄する。ガラスまたは石英繊維製のものを使用する場合は同様に予備洗浄するかまたは、400℃で数時間加熱処理し、用

いた。

(2)装置及び器具

使用する全ての器具及び装置にはダイオキシン類の測定分析に影響を及ぼす妨害成分による汚染が無いことが要求される。測定に使用した器具及び装置は以下のような点に留意し、予め前処理を行い妨害成分による汚染が無いことを確認して使用した。

ガラス器具：洗剤で洗浄し、水洗した後、アセトン及びトルエンで洗浄した。

ロータリーエバポレーター：大気開放コックを通しての汚染に留意した。低濃度のダイオキシンの測定については大気開放コックの先に活性炭カラム、エアフィルターを装着した。

シリカゲルカラムクロマト管：内径 10mm、長さ 300mm のガラス製カラムクロマト管にシリカゲル 3g、無水硫酸ナトリウム 6g を n-ヘキサンで湿式充填したものを n-ヘキサン 200ml を流速 2.4ml/min を流し、充填物を洗浄した。

カラムオープン：カラムオープンの温度制御範囲が 50-350°C であり、測定対象物質の最適分離条件を設定・制御する昇温プログラムで使用した。

表-1 内部標準物質の例

ダイオキシン類同族体	PCDD 化合物名	PCDF 化合物名
Tetra	12C12-1,2,3,4-T ₄ CDD 12C613-1,2,3,4-T ₄ CDD 13C12-1,3,6,8-T ₄ CDD 13C12-2,3,7,8-T ₄ CDD* 37C14-2,3,7,8-T ₄ CDD	13C12-2,3,7,8-T ₄ CDF 13C613C6-2,3,7,8-T ₄ CDF 13C12-1,2,3,4-T ₄ CDF 13C12-1,2,7,8-T ₄ CDF
Penta	13C12-1,2,3,7,8-P ₅ CDD 13C12-1,2,3,4,7-P ₅ CDD	12C12-1,2,3,7,8-P ₅ CDF 13C12-2,3,4,7,8-P ₅ CDD 12C613C6-2,3,4,7,8-P ₅ CDF
Hexa	13C12-1,2,3,4,7,8-H ₆ CDD 13C12-1,2,3,6,7,8-H ₆ CDD 13C12-1,2,3,7,8,9-H ₆ CDD 13C12-1,2,3,4,6,7-H ₆ CDD 13C12-1,2,3,4,7,8-H ₆ CDD	13C12-1,2,3,4,7,8-H ₆ CDF 13C613-1,2,3,4,7,8-H ₆ CDF 13C12-1,2,3,6,7,8-H ₆ CDF 13C12-1,2,3,7,8,9-H ₆ CDF 13C12-2,3,4,6,7,8-H ₆ CDF
Hepta	13C12-1,2,3,4,6,7,8-H ₇ CDD	13C12-1,2,3,4,6,7,8-H ₇ CDF 12C613-1,2,3,4,6,7,8-H ₇ CDF 13C12-1,2,3,4,7,8,9-H ₇ CDF
Octa	13C12-1,2,3,4,6,7,8,9-O ₈ CDD	13C12-1,2,3,4,6,7,8,9-O ₈ CDF

*ガイドラインでは通常この異性体の内、1 種類以上の標準物質を選択して用いるが、本研究では、無・低塩化のダイオキシンの定量に用いるため、37C14-2,3,7,8-TCDD を内部標準とした。あらかじめ 1ng/μL に調整された 37C14-2,3,7,8-TCDD 溶液から、10μL をマイクロシリンジで分取し各試料溶液に添加した。

キャピラリーカラム：内径 0.25-0.32mm、長さ 25-60m の熔融シリカ製のもので、内面に液相を塗布したものを使用した。

検出器（質量分析装置、MS）：四重極型（ヒューレットパッカード社 HP5890, 5971A）、または二

重収束型（日本電子 JMS-700Mstation、GC は HP6890）
製）のもので、イオン源は、温度を 160-300°C に保ち、電子衝撃
イオン化法（Electron Ionization: 以後 EI 法）を用い、イオン化
電圧を 25-70eV 程度に制御し、検出法として選択イオン検出法
（Selected Ion Monitoring: 以後 SIM 法）を用い、必要な測定質
量数のチャンネル数と感度の関係から考えて SIM 法における周期
を最大 1 秒以下にして使用した。

各異性体のクロマトグラム上における溶出順位の判明しているカラムを使用した。また、
2,3,7,8-位塩素置換異性体が他の異性体と良好に分離されることを確認した。本研究においては、
塩化物の測定分析に際しシアノプロピル系の強極性の液相を用いた。

(3) 測定条件

(3)-1 四重極質量分析計の分析条件

○分離系

GC HP5890
カラム J&W DB-5 0.25mm×30m 膜厚 0.25um
オープン 100°C×1min
100~190°C 10°C/min
190~290°C 5°C/min
290°C hold
注入口 280°C スプリットレス
キャリアガス He 1ml/min

○検出系

MS HP5971A
イオン化法 EI
イオン源温度 170°C
測定モード SIM

(3)-2 高分解能 GC/MS の分析条件

○分離系

GC HP6890
カラム スペルコ 2331 0.25mm×60m 膜厚 0.25um
オープン 100°C×1min
100~250°C 8°C/min
250~290°C 4°C/min
290°C hold
注入口 270°C スプリットレス
キャリアガス He 0.8ml/min

○検出系

MS JMS-700 MStation
イオン化法 EI
イオン源温度 270°C
分解能 10000 以上
イオン化電流 600uA

加速電圧 10kV
電子加速電圧 70eV
測定モード SIM

J1(U1)

Query= (532 letters)

embI226927|BD16SRRNB B.denitrificans gene for 16S ribosomal RNA

Length = 1515

Score = 1027 bits (518), Expect = 0.0

Identities = 528/532 (99%), Positives = 528/532 (99%)

Query: 1 cgagcgttgccggaattattgggcgtaaagcgcgcgcaggcggtccttaagtctgatg 60
 |||
 Sbjct: 533 cgagcgttgccggaattattgggcgtaaagcgcgcgcaggcggtccttaagtctgatg 592

Query: 61 tgaaagcccacggctcaaccgtggagggtcattggaaactggggacttgagtgcaggag 120
 |||
 Sbjct: 593 tgaaagcccacggctcaaccgtggagggtcattggaaactggggacttgagtgcaggag 652

Query: 121 aggagagcgggaattccacgtgtagcggtgaaatgcgtagagatgtggaggaacaccagtg 180
 |||
 Sbjct: 653 aggagagcgggaattccacgtgtagcggtgaaatgcgtagagatgtggaggaacaccagtg 712

Query: 181 gcgaaggcggctctctggcctgtaactgacgctgaggcgcgaaagcgtggggagcaaaca 240
 |||
 Sbjct: 713 gcgaaggcggctctctggcctgtaactgacgctgaggcgcgaaagcgtggggagcaaaca 772

Query: 241 ggattagataccctggtagtccacgccgtaaacgatgagtgctaagtgttagaggggtca 300
 |||
 Sbjct: 773 ggattagataccctggtagtccacgccgtaaacgatgagtgctaagtgttagaggggtca 832

Query: 301 cacccttagtgctgtagctaacgcgataagcaactccgcctggggagtacggccgcaagg 360
 |||
 Sbjct: 833 cacccttagtgctgtagctaacgcgataagcaactccgcctggggagtacggccncaagg 892

Query: 361 ctgaaactcaaaggaattgacgggggcccgcacaagcgggtggagcatgtggtttaattcg 420
 |||
 Sbjct: 893 ctgaaactcaaaggaattgacggggncccgcacaagcgggtggagcatgtggtttaattcg 952

Query: 421 aagcaacgcgaagaaccttaccaggtcttgacatcccctgacaaccaagagattgggcg 480
 |||
 Sbjct: 953 aagcaacgcgaagaaccttaccaggtcttgacatcccctgacaaccaagagattgggcg 1012

Query: 481 ttcccccttcggggggacaggggtgacaggtggtgcatggttgcgtcagctc 532
 |||
 Sbjct: 1013 ttcccccttcggggggacaggggtgacaggtggtgcatggttgcgtcagctc 1064

J1(U8)

Query= (534 letters)

emblZ26927|BD16SRRNB B.denitrificans gene for 16S ribosomal RNA
Length = 1515

Score = 1031 bits (520), Expect = 0.0

Identities = 530/534 (99%)

Strand = Plus / Minus

Query: 1 tgcaccacctgtcaccctgtccccccgaagggggaacgccaatctcttgggttgcagg 60
|||||

Sbjct: 1048 tgcaccacctgtcaccctgtccccccgaagggggaacgccaatctcttgggttgcagg 989

Query: 61 ggatgtcaagacctggaagggttcttcgcggttgccttgaattaaccacatgctccaccg 120
|||||

Sbjct: 988 ggatgtcaagacctggaagggttcttcgcggttgccttgaattaaccacatactccaccg 929

Query: 121 cttgtgcgggcccccgtaattcctttgagtttcagccttgccggcgtactccccaggcg 180
|||||

Sbjct: 928 cttgtgcgggncccccgtaattcctttgagtttcagccttgnggccgtactccccaggcg 869

Query: 181 gagtgttatcgcgtagctacagcactaaaggggtgtgaccttctaacttagcactc 240
|||||

Sbjct: 868 gagtgttatcgcgtagctgcagcactaaaggggtgtgaccttctaacttagcactc 809

Query: 241 atcgtttacggcgtggactaccagggtatctaactcctgtttgcctccccacgctttcgcg 300
|||||

Sbjct: 808 atcgtttacggcgtggactaccagggtatctaactcctgtttgcctccccacgctttcgcg 749

Query: 301 ctcagcgtcagttacaggccagagagccgccttcgccactggtgttctccacatctcta 360
|||||

Sbjct: 748 ctcagcgtcagttacaggccagagagccgccttcgccactggtgttctccacatctcta 689

Query: 361 cgcatttcaccgctacacgtggaattccgctctcctctcctgactcaagtccccagtt 420
|||||

Sbjct: 688 cgcatttcaccgctacacgtggaattccgctctcctctcctgactcaagtccccagtt 629

Query: 421 tccaatgaccctccacggttgagccgtgggctttcacatcagacttaaggaccgcctgc 480
|||||

Sbjct: 628 tccaatgaccctccacggttgagccgtgggctttcacatcagacttaaggaccgcctgc 569

Query: 481 gcgcgctttacgccaataattccggacaacgctcgccccctacgtattaccgc 534
|||||

Sbjct: 568 gcgcgctttacgccaataattccggacaacgctcgccccctacgtattaccgc 515

J3(U1)

Query= (308 letters)

gbIAF067651IAF067651 *Bacillus caldoxylolyticus* 16S ribosomal RNA
gene, partial sequence
Length = 1516

Score = 595 bits (300), Expect = e-168
Identities = 303/304 (99%), Positives = 303/304 (99%)

```

Query: 1   cgagcgttgtccggaattattgggcgtaaagcgcgcgcaggcggtcaccttaagtctgatg 60
          |||
Sbjct: 541 cgagcgttgtccggaattattgggcgtaaagcgcgcgcaggcggtcaccttaagtctgatg 600

Query: 61   tgaagccccacggctcaaccgtggagggtcattgaaactggggacttgagtgcagaag 120
          |||
Sbjct: 601 tgaagccccacggctcaaccgtggagggtcattgaaactggggacttgagtgcagaag 660

Query: 121  aggagagcgggaattccacgtgtagcggtgaaatgcgtagagatgtggaggaacaccagtg 180
          |||
Sbjct: 661 aggagagcgggaattccacgtgtagcggtgaaatgcgtagagatgtggaggaacaccagtg 720

Query: 181  gcgaaggcggctctctggtctgtaactgacgctgaggcgcgaaagcgtggggagcaaaca 240
          |||
Sbjct: 721 gcgaaggcggctctctggtctgtaactgacgctgaggcgcgaaagcgtggggagcaaaca 780

Query: 241  ggattagataccctggtagtcacgcccgtaaacgatgagtgctaagtgttagaggggtta 300
          |||
Sbjct: 781 ggattagataccctggtagtcacgcccgtaaacgatgagtgctaagtgttagaggggtca 840

Query: 301  aacc 304
          |||
Sbjct: 841 aacc 844

```

J3(U8)

Query= (218 letters)

gbIAF067651|AF067651 *Bacillus caldoxylolyticus* 16S ribosomal RNA
 gene, partial sequence
 Length = 1516

Score = 424 bits (214), Expect = e-117
 Identities = 214/214 (100%), Positives = 214/214 (100%)

Query: 1 tgcaccacctgtcacctgtccccccgaagggggaacgccctgtctccagggttgtcagg 60
 |||
 Sbjct: 1056 tgcaccacctgtcacctgtccccccgaagggggaacgccctgtctccagggttgtcagg 997

Query: 61 ggatgtcaagacctggtaaggttcttcgcggttcttcgaattaaaccacatgctccaccg 120
 |||
 Sbjct: 996 ggatgtcaagacctggtaaggttcttcgcggttcttcgaattaaaccacatgctccaccg 937

Query: 121 cttgtgcgggcccccgtaattcctttgagtttcagccttgcgccgtactccccagggcg 180
 |||
 Sbjct: 936 cttgtgcgggcccccgtaattcctttgagtttcagccttgcgccgtactccccagggcg 877

Query: 181 gagtgcttaacgcgtagctacagcactaaaggg 214
 |||
 Sbjct: 876 gagtgcttaacgcgtagctacagcactaaaggg 843

J1(U1)

Query= (532 letters)

Sequences producing significant alignments:		Score (bits)	E Value
<u>emb Z26927 BD16SRRNB</u>	<u>B.denitrificans gene for 16S ribosomalRNA</u>	1027	0.0
emb Z26922 BC16SRRNB	B.caldotenax gene for 16S ribosomal RNA	1017	0.0
emb Z26926 BT16SRRNG	B.thermocatenulatus gene for 16S ribosomal...	1015	0.0
emb Z26923 BT16SRRNF	B.thermoleovorans gene for 16S ribosomal RNA	1015	0.0
emb Z26925 BC16SRRND	B.caldovelox gene for 16S ribosomal RNA	1013	0.0

J1(U8)

Query= (534 letters)

Sequences producing significant alignments:		Score (bits)	E Value
<u>emb Z26927 BD16SRRNB</u>	<u>B.denitrificans gene for 16S ribosomal RNA</u>	1031	0.0
emb AJ005760 BSA005760	Bacillus stearothermophilus K1041 16S rR...	1029	0.0
emb Z26922 BC16SRRNB	B.caldotenax gene for 16S ribosomal RNA	1021	0.0
emb Z26926 BT16SRRNG	B.thermocatenulatus gene for 16S ribosomal...	1019	0.0
emb Z26923 BT16SRRNF	B.thermoleovorans gene for 16S ribosomal RNA	1019	0.0

J3(U1)

Query=(308 letters)

Sequences producing significant alignments:		Score (bits)	E Value
<u>gb AF067651 AF067651</u>	<u>Bacillus caldoxylolyticus 16S ribosomal RN...</u>	595	e-168
gb L29507 BAC1RRAAA	Bacillus sp. 16S ribosomal RNA (16S rRNA) gene.	587	e-166
gb U59630 BSU59630	Bacillus ICPS6 16S ribosomal RNA gene, seque...	587	e-166
gb L09227 SAHRDGX	Saccharococcus thermophilus 16S ribosomal RNA...	579	e-163
emb Z26922 BC16SRRNB	B.caldotenax gene for 16S ribosomal RNA	575	e-162

J3(U8)

Query= (218 letters)

Sequences producing significant alignments:		Score (bits)	E Value
<u>gb AF067651 AF067651</u>	<u>Bacillus caldoxylolyticus 16S ribosomal RN...</u>	424	e-117
gb L29507 BAC1RRAAA	Bacillus sp. 16S ribosomal RNA (16S rRNA) gene.	389	e-106
gb U59630 BSU59630	Bacillus ICPS6 16S ribosomal RNA gene, seque...	389	e-106
emb Z26926 BT16SRRNG	B.thermocatenulatus gene for 16S ribosomal...	377	e-103
emb Z26923 BT16SRRNF	B.thermoleovorans gene for 16S ribosomal RNA	377	e-103