

生物処理・生物脱リン(2) (3-D-10-4 ~ 3-D-12-1)

生物脱リンプロセスにおいては、リン除去を担うポリリン酸蓄積細菌 (PAO) と、ポリリン酸は蓄積しないが嫌気条件下でグリコーゲンのような菌体内貯蔵物質の蓄積能を有するため PAO と競合する細菌などが共存している。本セッションでは、主として分子生物学的手法を用いて、これら生物脱リンに係る微生物の挙動や役割を明らかにする試みが報告された。分子生物学的手法により明らかにされてきた事実は多いが、課題もまだ多く残されている。

PAO については酢酸やグルコースを基質とした解析例は多いが、実下水中には様々な炭素源が存在し、複雑な微生物群集構造を形成していると考えられる。宇田ら (3-D-11-4) は処理方式の異なる様々な実下水処理場から採取した汚泥中の *Rhodocycls* 属近縁種の割合を FISH 法で調べた結果、リン含有率との関係は必ずしも明確でないことを報告した。Chua ら (3-D-11-3) は嫌気好気法実下水処理場の汚泥について、基質資化性を調べ、実下水においては処理場ごとに基質資化性に多様性があることを示唆した。金山ら (3-D-11-2) は実下水を処理する実験プラントから採取した汚泥を種汚泥として、嫌気 - 無酸素条件集積培養を行い FISH 法で解析した結果、*Rhodocycls* 属近縁種が優占化したが、実下水汚泥中では優占種とはなっていないことを報告した。一方、大江ら (3-D-10-4) はアスパラギン酸を主体とする人工下水で嫌気好気運転を行い、汚泥中の微生物群集構造を解析した結果、*Rhodocycls* 属近縁種が優占化したが、DGGE バンド強度と FISH 計数結果が必ずしも一致していないことを報告した。これらの結果は、提案されている PAO にも多様性があることを示すものであり、さらに多様な細菌群をターゲットとする適切な検出手法の開発が必要となるだろう。

近藤ら (3-D-11-1) は MAR-FISH 法を用いて、活性汚泥中の存在割合は低いものの、グルコース蓄積性細菌の一種が基質資化活性が高い状態で保持されていることを明らかにした。このような細菌は、流入基質濃度変化のような現象をきっかけに著しく増殖する可能性が示されたもので、本手法を用いた今後の実処理場での挙動解明が期待される。

Zengin ら (3-D-12-1) はアスパラギン酸を基質とした場合の代謝経路を提案したが、炭素収支が完全にはとれていない。今後、様々な基質について解析が進められることで、実下水のような複雑な基質での現象解析につながることを期待される。

(荏原総合研究所 宮 晶子)