

II-161 微生物代謝産物の生成と分解を考慮した廃水処理モデル

九州大学工学部 正員○古米 弘明
イリノイ大学 B.E. Rittmann

1. はじめに 微生物廃水処理水中の溶解性有機物の多くは、流入水中の有機性基質ではなく微生物代謝産物(SMP:Soluble Microbial Products)である場合が一般的である。この微量有機物質は、THMの前駆物質、またGACおよびオゾン処理の運転条件を支配する因子として、その挙動の把握は重要になってきている。その性質としては、非常に複合した組成を有すること、必ずしも非分解性ではなく生物分解であること、および大きく分けて、基質分解(または細胞合成)と自己酸化(または維持代謝)に関連して生成されるものに分類されることが明らかにされてきている^{1), 2), 3), 4)}。

本研究では、従属栄養菌と硝化菌を微生物組成として与え、両者からのSMP生成と従属栄養菌によるSMP消費・分解を考慮した処理水質モデルを展開した。そして、従来のモデルと同様に基本的な処理水質の予測が可能であることを確認した上、処理水質に及ぼすSMPの影響について検討した結果を報告する。

2. 処理モデルの展開 ここでのモデル化は、浮遊型分散増殖プロセスにおける処理を対象とした。物質収支については、3種類の流入基質(COD、アンモニア性窒素、亜硝酸性窒素)、溶存酸素(DO)、硝酸性窒素、SMP、および4種類のバイオマス(従属栄養菌、アンモニア酸化菌、亜硝酸塩酸化菌、不活性バイオマス)を考えた。SMPについては、UAP(Utilizing Associated Products)とBAP(Biomass Associated Products)とに分類して³⁾その生成を考慮した。

以下に、モデル展開において導入した重要な仮定を示す。

- 基質消費速度はDouble Monod型で表現する。
- 流入固形有機物CODは考慮しない。
- SMP生成および分解⁴⁾は、Table-1に示す速度式で表現する。
- SMP分解に伴う微生物の増殖を考慮する。
- SMP利用に伴う、2次的なSMP生成は無視する。
- BAPは有機性窒素を含み、その比率は細胞組成と同じとする。
- 従属栄養菌の窒素源として、NH₄-Nと有機性窒素を考える。
- 自己酸化とともにBAPによる活性菌体量の減少を考慮する。
- 自己酸化に伴い、一定比率で不活性バイオマスが生成される。

主要な物質収支式および速度式をTable-1にまとめて示した。

Table 1 Mass balance equations and rate expressions

Biomass	Notations
1. Heterotrophs (X_h)	b : Decay rate constant
$dX_h/dt = X_h/\theta_x + Y_h RhX_h + Y_p R_3 X_h - b_h X_h - (1/\gamma_s) R_2 h X_h$	fd : Biodegradable fraction of cell
2. Nitrifiers ($X_n = X_{ns}$, and X_{nb})	k : Maximum specific substrate consumption rate
$dX_n/dt = X_n/\theta_x + Y_n R_n X_n - b_n X_n - (1/\gamma_s) R_2 n X_n$	k_1 : UAP formation rate constant
3. Inert biomass (X_i)	k_2 : BAP formation rate constant
$dX_i/dt = X_i/\theta_x + (1-fd) \sum b_j X_j$	k_{3m} : Multiple substrate degradation rate constant
Substrates and Products	K_s : Saturation constant for substrate
1. Substrate COD (S)	K_o : Saturation constant for oxygen
$dS/dt = (S^0 - S)/\theta - M_h X_h$	X : Biomass concentration
2. NH ₄ -N (N1)	Y : Growth yield
$dN1/dt = (N1^0 - N1)/\theta - M_{ns} X_{ns} - \gamma_n Y_h M_h X_h - \gamma_n Y_p R_3 h X_h$	Y_p : Growth yield associated with SMP degradation
$+ \gamma_n fd \sum b_j X_j + \gamma_n R_3 X_h [\sum k_{2j} X_j / \sum (k_{1j} M_j X_j + k_{2j} X_j)]$	θ : Hydraulic retention time
3. NO ₂ -N (N2)	θ_x : Sludge retention time
$dN2/dt = (N2^0 - N2)/\theta - M_{nb} X_{nb} + (1 - \gamma_n Y_{ns}) M_{ns} X_{ns}$	γ_s : Conversion coefficient of biomass concentrations to COD
4. NO ₃ -N (N3)	γ_n : Nitrogen content in biomass
$dN3/dt = (N3^0 - N3)/\theta + (1 - \gamma_n Y_{nb}) M_{nb} X_{nb}$	β : Oxygen demand for substrate consumption
5. Soluble microbial Product (P)	Subscript
$dP/dt = -P/\theta + \sum (R_{1j} + R_{2j}) X_j - R_3 X_h$	h : Heterotrophs
6. Total of originally formed SMP (P ⁰)	n : Nitrifiers
$dP^0/dt = -P^0/\theta + \sum (R_{1j} + R_{2j}) X_j$	ns : NH ₄ oxidizers
subscript $j = h, ns, nb$	nb : NO ₂ oxidizers

Where M : Specific substrate consumption rate
 $= k [Sub] [O_2]/(K_s + [Sub])/(K_o + [O_2]),$

here $[Sub] = S, N1$ and $N2$

R1: Specific UAP formation rate $= k_1 M$

R2: Specific BAP formation rate $= k_2$

R3: Specific SMP consumption rate $= k_{3m}(P/P^0)$

Table 2 Values of Kinetic Parameters

Parameters	X_{ns}	X_{ns}	X_h
k [mg mg ⁻¹ day ⁻¹]	2.0	6.0	15.0
K_s [mg/l]	1.0	1.0	10.0
K_o [mg O ₂ /l]	0.5	0.5	0.1
b [day ⁻¹]	0.05	0.05	0.10
Y [mg mg ⁻¹]	0.44	0.12	0.5
fd [-]	0.8	0.8	0.8
k_1 [mg mg ⁻¹]	0.25	0.077	0.2
k_2 [mg mg ⁻¹ day ⁻¹]	0.1	0.1	0.1
k_{3m} [mg mg ⁻¹ day ⁻¹]	-	-	1.0
Y_p [mg mg ⁻¹]	-	-	0.5

Unit of cell : COD mg

Unit of substrate: mgCOD and mgN

計算に必要な基質消費や増殖等の動力学定数値を、文献値⁴⁾を参考してTable 2に示すように与えた。しかしながら、硝化菌によるUAPおよびBAP生成についての文献値は、ほとんどない。今回は、暫定的に従属栄養菌の細胞合用量に対するUAP生成量の比をもとに硝化菌のUAP生成速度定数を推定し、BAPについては、自己酸化は基質の種類に依存しないと考え、従属栄養菌と同じ値を用いた。

3. モデル実験結果

3-1 廃水処理のシミュレーション 流入濃度レベルとして下水処理の例を取り上げ、定常状態での処理水質をSRTをパラメータとして検討した。Fig. 1は、流入CODおよびNH₄-N濃度をそれぞれ200mg/l、20mg/l、HRTを6時間とした場合の流出水質およびCOD収支の結果である。ただし、今回は酸素の影響がない条件で計算を行った。SRTの増加とともに、流入基質COD(CODs)の単調な減少が見られるが、流出CODはおよそSRT=1日あたりから、ほぼ20mg/lで変化しない傾向を示している。これは、流出CODのうちSMPが主要な部分を占めていることに起因している。NH₄-Nについては、低いSRT条件では従属栄養菌の細胞合成にのみ利用され、およそSRT>1.5日で硝化菌による硝化が進行する。そして、SRT>5日程度で十分な硝化が達成されている。

次に、COD収支図より、SRT増加とともに流入COD成分はバイオマスから自己酸化によるCO₂へ移行していくことがわかる。非常に長いSRTでは、系から出るCOD成分のうち、SMPと余剰汚泥とが同程度になる。ここで、注目すべきことは、SRT>1.5日以上でCOD成分の合計が200mg/lを越えている点である。これは、硝化菌による細胞合成とSMP生成による増分を示すものである。しかしながら、流入CODs量に比べ、この増分は6%にしか相当していない。言い替えれば、逆に流入水のC/N比が低い微生物処理系では、硝化菌からのSMPが重要になることが考えられる。

3-2 水処理系における微生物前処理のシミュレーション ここでは、水処理における前処理用微生物処理プロセスを対象として検討を行った。3段階のNH₄-N流入濃度に対し、流入CODs濃度を変化させた場合の流出CODs、従属栄養菌濃度、流出CODの変化をFig. 2に示した。ただし、固定床型プロセスを模擬化するために、SRTを100日とした。Monod型の増殖項のみを考慮する場合と異なり、流入CODsおよびNH₄-N濃度が流出CODs濃度に影響していることがわかる。流入NH₄-N濃度=0.1mg/lの場合を除き、流入CODs濃度の増加にともない、流出CODs濃度は連続的に増加し、また、流入NH₄-N濃度が高いほど低くなっている。これは、流入NH₄-N濃度が高いほど、硝化菌から多く生成されるSMPを基質として従属栄養菌が一層増殖しているためである。一方、流出COD濃度は硝化菌からのSMPの生成により、流入NH₄-N濃度が高いほど増加している。以上のことより、流入CODs濃度とともにNH₄-N濃度が、流出COD濃度を大きく支配する可能性があることが示された。

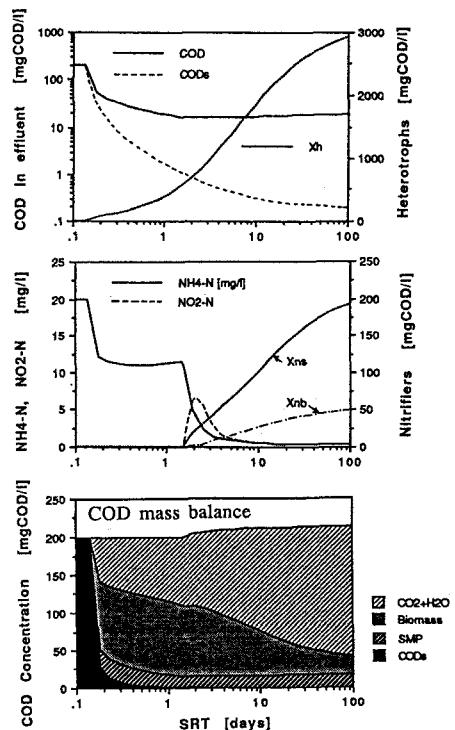


Figure 1. Model predictions
(CODs⁰=200 mgCOD/l,
NH₄-N⁰=20 mg/l, Θ=0.25 days)

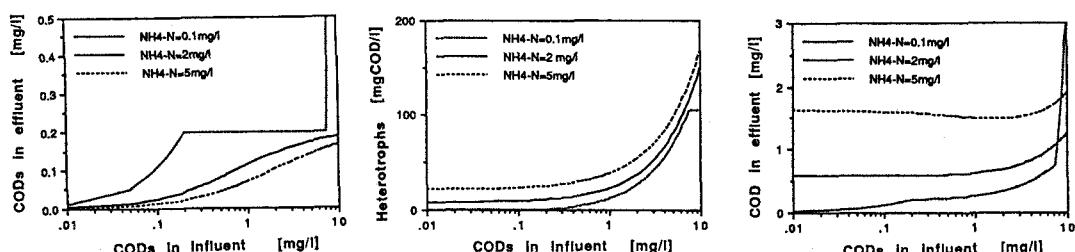


Figure 2. Model predictions (SRT=100 days, Θ=0.25 days)

4. まとめ 微生物代謝産物の生成と分解を考慮したモデルにより、塩素消毒やGACおよびオゾン処理の設計、運転のために重要な、微生物由来の微量有機物質の挙動を大まかに捉えることが可能であることが明かとなった。また、流入水のC/N比の低い水処理系において、硝化菌由來のSMPがその処理系における従属栄養菌の増殖および流出COD濃度に深く関わっている可能性が示唆された。

<参考文献> 1)Chudoba, Wat.Res. 11, 1049-1057: 2)Grau et al., Wat.Res. 9, 637-642: 3)Numkung and Rittmann, Wat.Res. 20, 795-806: 4)Rittmann et al., Wat.Sci.Tech. 19, No.3/4, 517-528