

近年の生物科学の発展は目を見張るものがある。しかし、生物学的廃水処理というものはその新しい生物科学の恩恵を最も受けていない技術の一つではなかろうか。活性汚泥に対する基本的な理解を考えても、近年の分子生物学の対象とは無縁の世界—生物量をVSSで表わし、基質量をBODで表わす—で議論が行われているのが現状であり、このことが先端的生物科学を受け入れにくくしている一因であろう。極めてヘテロな系を相手にしているため、マクロな取り扱いは工学的には有益であるが、時代の流れとしては研究の方向がよりミクロな現象解明に向かうことは必然であり、また、必要なことといえる。たとえば、バルキングの問題では個々の細菌種の特性が問題にされ、生物学的リン除去の研究では細胞内で生じている代謝反応のレベルで議論がなされるようになっている。本研究も、より精密な活性汚泥の理解を目指した研究として位置付けられる。

本研究では、ポリペプチド（ペプトン）、それと同一アミノ酸組成のアミノ酸混合物、および単独アミノ酸の活性汚泥による除去速度の違いについて実験的検討がなされている。ペプトンの除去機構を構成アミノ酸にまでさかのぼって調べるという着想は興味深いが、実験結果の解釈には問題があるようだ。本研究の考察の基本は、ある微生物は特定の有機物のみを利用し他の有機物は基質として利用できない、という考え方である。この考え方には筆者には納得できない。その根拠は以下のとおりである。

- 1) Bergey's Manualに記載されているようなバクテリアのはほとんどすべては多様な有機物を利用しうる。一種類の有機基質しか利用できない微生物はまれであるといえる。
- 2) 多種のアミノ酸を含むペプトンに馴致した汚泥中では、複数のアミノ酸を利用する菌のほうが一種類しか利用できない菌より有利であり、系内では前者が優占すると考えたほうが自然である。
- 3) 著者らは、EckenfelderおよびChudobaの考え方を準拠したとしているが、動力学のモデル上では上のようないくつかの誤りがある。

本研究で得られている実験結果は、以下のように解釈するのが妥当と考える。

- 1) ペプトンの除去においては、そのアミノ酸への加水分解が律速になっているとする著者らの結論は妥当である。ただし、Val, Lis, HisなどA/B比が1程度のアミノ酸では取り込み、代謝が律速段階であるといえる。
- 2) アミノ酸混合物除去時と単独アミノ酸除去時で除去速度が変わらない（C/B比が1程度である）アミノ酸（Val, Leu, Ile, Lys, Phe）が存在する理由として、著者らは、これらのアミノ酸を資化する菌は基質選択性が強くそれ以外の菌はこれらを資化できないため、これらのアミノ酸は常にある特殊な菌群によって代謝され、したがって、共存アミノ酸の有無によらず除去速度は一定である、との考え方を示している。しかし、前に述べたとおり基質選択性のきわめて狭い菌の存在は仮定しにくい。
- 3) 筆者らも言及しているとおり、Glu, Ala, Ser, Asp, Glyはその代謝において多くの物質の代謝に共通の代謝経路である解糖経路やTC回路に入る。これらのアミノ酸の代謝では、互いが共存することにより酵素の取り合い（拮抗阻害）が生じ、結果として個々のアミノ酸の除去速度が低下することはよく理解できる。一方、Val, Leu, Ile, Lys, Phe, Thrはそれぞれが特殊な代謝経路を持っており、アミノ酸の共存による酵素の奪い合いは生じにくい。したがって、共存による除去速度の低下は生じない。

以上のように、筆者は、酵素に対する基質の競合（同一細胞内での）を通して実験結果を解釈する立場を取るので、活性汚泥には基質選択性の強い細菌が存在することが明らか、とする本論文の結論は受け入れがたい。

本実験結果に対する解釈は著者らと筆者では異なるが、その研究の方向は評価に値すると考えている。細胞生理学的レベルでの生物処理プロセスの理解を進めるための議論はさまざまな場においてもっと増えるべきものと考えており、その意味で、本研究の今後の発展を期待して止まない。