

東北大学 学生員 ○張 祖恩  
同 正員 松本順一郎  
同 正員 野池慶也

1. はじめに

嫌気性消化のメタン生成相は、酸生成相によって生産された揮発性有機酸をメタンと炭酸ガスへ転換する過程である。メタン生成相の担い手であるメタン菌は、基質代謝能力や増殖の活性及び環境条件への順応性の面で酸生成菌群より劣るため、嫌気性消化過程全体の律速段階であると考えられている。本研究は嫌気性消化をより効率的なプロセスに改善するため、菌体滞留時間及び投入基質濃度を各々独立の実験パラメータとして変化させた場合におけるメタン生成相の基本的な特性について連続実験により求めた結果を検討したものである。

表-1 基質の無機塩濃度

(NH <sub>4</sub> ) <sub>2</sub> HPO <sub>4</sub>	700mg/l
NH <sub>4</sub> Cl	850mg/l
MgSO <sub>4</sub> ·7H <sub>2</sub> O	250mg/l
KCl	750mg/l
MgCl <sub>2</sub> ·6H <sub>2</sub> O	810mg/l
FeCl <sub>3</sub> ·6H <sub>2</sub> O	420mg/l
NaHCO <sub>3</sub>	6720mg/l
CoCl <sub>3</sub> ·6H <sub>2</sub> O	18mg/l

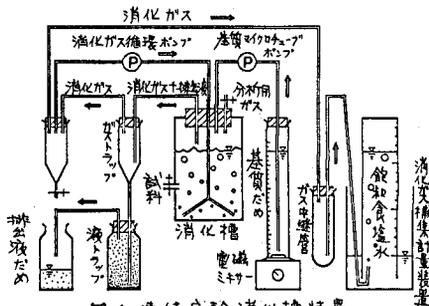


図-1 連続実験消化槽装置

2. 実験装置および方法

実験装置は図-1に示すような嫌気的なケモスタット反応槽を用い、実験温度は35±0.1℃に設定した。実験はまず

始めに消化槽に種汚泥を嫌気的に接種して開始した。種汚泥は嫌気性消化槽より得られた消化汚泥を3年にわたり酢酸を単一炭素源として培養してきたものである。連続実験において用いた基質もまた酢酸を単一炭素源とするものの無機塩濃度は表-1に示すように調製した。水理学的滞留時間(HRT)は約14日、10日、7日、5日の4系列を設定し、各々について投入基質の酢酸濃度を1万、2万、3万、4万mg/lに順次変化させた。分析項目は混合液pH、アルカリ度、混合液中に含まれる全有機炭素(TOC)、残存揮発性有機酸(VFA)、残存溶解性COD、MLSS、MLVSS、菌体COD、ガス発生量並びにガス組成をそれぞれ測定した。

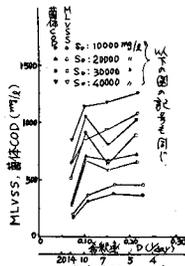


図-2 MLVSS、菌体CODとS<sub>0</sub>の関係

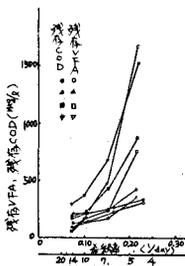


図-3 残存VFA、残存CODとS<sub>0</sub>の関係

3. 実験結果および考察

本実験の運転期間は設定菌体滞留時間(SRT=HRT)の約4~6倍として実験を行なった。又定常状態に達するまでに要する期間は、設定滞留時間の3倍ぐらいと判断した。連続実験の定常期間における各濃度と希釈率(D=1/SRT)、投入基質濃度(S<sub>0</sub>)の関係を図-2~5に示した。図-2ではDが0.15付近の系では谷が見られる。これは細菌相の遷移や多様性が影響しているものと思われるが、はっきりした原因はわかっていない。図-3からDが大きくなるに従って、S<sub>0</sub>の増加が残存VFA、残存溶解性CODの急激な変化をもたらすことがわかる。図-4に示すように混合液pH、アルカリ度、pH、TOCと残存VFAは相互に影響しているため、残存VFAの増加に伴い、重炭酸塩pH度は減少し、そのためpHが低下し、その結果混合液TOCの減少がもたらされる。生成したガスのメタン含有率、酢酸除去率を図-5から考察すると、除去率は各D、各S<sub>0</sub>の系では、

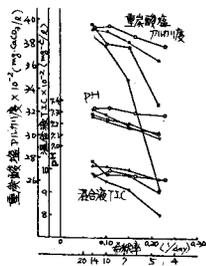


図-4 重炭酸塩pH度、混合液pH、TOCと残存VFAは相互に影響しているため、残存VFAの増加に伴い、重炭酸塩pH度は減少し、そのためpHが低下し、その結果混合液TOCの減少がもたらされる。

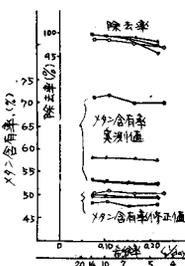


図-5 CH<sub>4</sub>含有率、除去率とS<sub>0</sub>の関係

98%でほぼ一定とみなせる。メタン含有率は実測値では50~70%の値を示しているが、混合液中に含まれている炭酸ガスの量を実測したTECによって計算すると、図の修正値となる。これは酢酸を揮発性消化した場合の理論的なメタンと炭酸ガスの比が1対1になることに一致する。

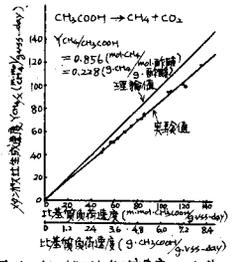


図-6はメタンガス比生成速度と比基質負荷速度の関係について示したものである。これより酢酸のメタンへの転換割合は $S_0, D$ に依存せず、線形回帰直線の傾きより酢酸1モルからメタンが0.856モル生じることがわかる。図-7からメタン比生成速度に及ぼす $S_0$ と $D$ の影響を考察すると、 $S_0$ と $D$ の増加するに従って、メタン比生成速度は増加するが、低希釈率ではこの傾向は成立しない。図-8は酢酸の比消費速度( $\mu$ )と比増殖速度である $D$ の関係をプロットしたものである。図-7に示したメタン比生成速度と $D$ の関係をよく類似している。酢酸から菌体を生成する割合、真の増殖率( $Y_g$ )と自己分解係数( $k_d$ )が、希釈率(即ち、見掛けの比増殖速度)に依存せず一定であると仮定すると、 $X$ を槽内菌体濃度、 $S$ を槽内基質濃度として定常状態での菌体物質収支式から次式が導かれる:

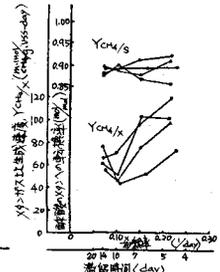


図-6 メタン比生成速度と比基質負荷速度の関係。

$$\mu = \frac{(S_0 - S)D}{X} = \frac{1}{Y_g} D + \frac{k_d}{Y_g}$$
 もし、 $\mu$ と $D$ がこの式に従って線形性を満足しているならば、その回帰直線の切片と傾きから、 $Y_g$ と $k_d$ が評価できる。しかし、図-8の

図-7 メタン比生成速度、酢酸のメタンへの転換率と $S_0, D$ の関係

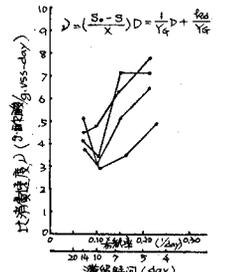


図-8 比消費速度と $S_0, D$ の関係

ように線形性は満足されない。これは $D$ の違いによって細菌相が遷移し、 $Y_g$ と $k_d$ が変化するためと解釈される。比消費速度 $\mu$ がMonodモデルに従うと仮定すると、 $\mu$ の基質依存性は $\mu = \frac{\mu_{max} S}{K_s + S}$ のようになると。この式を逆数変形して、Hofsteeの形にすると、 $\frac{\mu}{D} = \frac{K_s}{\mu_{max}} + \frac{S}{\mu_{max}}$ のようになり、 $S$ の定常値と $\mu$ から図-9が得られる。この図より最大比消費速度 $\mu_{max}$ は8.49 mg酢酸/mg.VSS-day、基質飽和定数 $K_s$ は161 mg酢酸/gと決定され、過去に報告されている値と比較してよく一致する。表-2は各系において投入された基質中の炭素が、メタン、炭酸ガス、菌体に転換した割合を示したものである。表より消費された炭素の菌体への

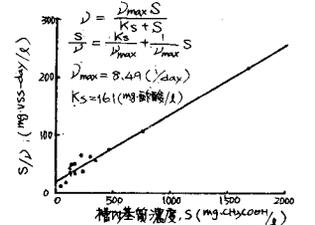


図-9  $\mu/D$ と $S$ のHofstee plot

の転換率は2~5%程度であり、他の細菌のそれに比較して約1/40小さい値であることがわかる。またメタンへの転換率は44%程度であり、炭酸ガスへの転換率もほぼ同程度である。メタン生成菌は形態学上大きく2種類に分けられる。本実験においては、低希釈率の系では長さが様々に異なった桿菌が優占し、高希釈率の系では八連球菌が優占することが観察された。一方、見掛けの増殖率と $\mu_{max}$ の値から最小世代時間を計算すると、桿菌優占の低希釈率域では4.8日、連球菌優占の高希釈率域では2.4日という値が求まり、これから判断すると、最小世代時間が菌相の遷移を左右しているものと思われる。希釈率域は $D = 0.1 \sim 0.15/day$ の間に落ちると考えられる。

表-2 消化槽中の炭素物質収支

Run	投入量 (%)	CO <sub>2</sub>	CH <sub>4</sub>	TEC	TEC/CO <sub>2</sub>	TEC/CH <sub>4</sub>	TEC/TEC	微生物 (%)
1	100	18.3	42.3	24.2	1.3	2.3	89.8	
2		17.2	42.7	24.2	1.4	4.3	91.5	
3		18.4	42.3	24.2	2.3	5.3	92.3	
4		18.4	42.0	22.8	2.1	4.2	92.3	
5		21.8	42.3	12.7	0.5	1.6	40.9	
6		21.7	42.2	12.7	0.6	2.9	42.1	
7		21.4	42.1	12.4	0.9	3.4	41.2	
8		22.3	41.3	11.9	1.7	3.9	40.9	
9		22.0	42.3	12.6	0.2	2.0	42.1	
10		21.0	42.2	12.1	0.6	3.5	42.4	
11		22.8	42.2	9.1	0.9	2.4	42.3	
12		22.6	41.4	7.5	2.9	2.4	42.4	
13		22.1	42.7	6.1	0.3	1.9	40.1	
14		22.0	42.1	5.7	0.4	2.4	41.9	
15		22.9	42.8	5.7	2.7	2.7	42.3	
16		22.9	42.8	5.0	3.1	2.1	42.0	

微生物 TEC = 0.4 + 4.4VFA (CH<sub>3</sub>COOH)  
 菌体 TEC = 0.429 + 0.11VSS (C<sub>2</sub>H<sub>4</sub>O<sub>2</sub>)

4. まとめ 本実験においては系が定常状態に達するまでに要した期間は設定滞留時間の3倍程度だった。1モルの酢酸が除去される際、0.86モルのメタンが生じた。同様に炭素物質収支から消費された酢酸の炭素の44%がメタンへ、2~5%程度が菌体へ転換された。この転換割合は基質負荷速度と希釈率に依存せず一定だった。酢酸化メタン菌の最大比消費速度は8.49 mg酢酸/mg.VSS-day、また基質飽和定数 $K_s$ は161 mg酢酸/gだった。優占菌種については、低希釈率域では桿菌が優占し、最小世代時間は4.8日、高希釈率域では八連球菌が優占し、最小世代時間は2.4日だった。

5. おわりに 共同研究者として協力をいただいた東北大学大学院石川徳春君に感謝いたします。

(参考文献) (1) Lawrence and McCarty (2) 小松、松本 野地 WPCF Vol. 41 No. 2 (1969) 第33回年報 (1978) (3) 高尾、松本、野地 第34回年報 (1979)