

II-503 汚泥の嫌気性消化におけるメタン菌 およびAcetogenic菌の挙動

東北大学 正 員 李 玉友
東北大学 正 員 野池達也

1. はじめに

汚泥の嫌気性消化プロセスは加水分解反応、酸生成反応、Acetogenic反応およびメタン生成反応という多段的過程より構成されており、関与する微生物は加水分解菌、水素生成性酢酸生成菌、ホモ酢酸生成菌およびメタン菌の4群に分けられている。演者らはこのプロセスを解明する一環として、生物化学および動力学的の見地から有機物の分解特性について研究を進めてきた¹⁾。しかし、各細菌群の分布、相互作用およびそれぞれの働きを定量的に把握することは重要でありながらも、定量方法が未確立のために、いままで余り研究されなかった。そこで、本研究においては有機物の分解過程を解析することに加え、メタン菌およびAcetogenic菌の挙動について研究してみた。

2. 実験装置および方法

2.1 消化槽および基質 本研究に用いた消化槽は図1に示したように、発生した消化ガスを循環させることによって反応槽内を攪拌し、連続的基質の投入と引き抜きを行う嫌気性ケモスタット反応槽であり、有効容積2.0～3.6Lの反応槽を4基用意し滞留時間（SRT）をそれぞれ1.5日、3.0日、5.0日および10.0日と設定して35℃で実験を行った。基質は175℃で30分間熱処理した余剰活性汚泥（COD_{cr}濃度15930mg/l）を用いた。

2.2 実験方法 種汚泥は下水汚泥消化槽より採取した消化汚泥に熱処理した余剰汚泥を投入して35℃で2カ月間馴養したものを用いた。各実験条件に対して定常状態における3回以上の水質分析のデータを平均してそれぞれの代表値とした。

2.3 嫌気性細菌の計数 定常状態におけるメタン菌、水素生成性酢酸生成菌およびホモ酢酸生成菌の計数は5本シリーズのMPN法を用いた。嫌気性操作法はHungateのガス噴射法を用い、噴射ガスは350℃で還元銅カラムによって還元されたCO₂ガスを用いた。培地は表1に示した各菌群の基礎培地にそれぞれの炭素源を加えて作成した。基質別メタン菌および基質別水素生成性酢酸生成菌を測定する培地はそれぞれ酢酸3.0g、ギ酸3.0g、メタノール3.0ml、H₂(80%)+CO₂(20%) 2atm、プロピオン酸3.0gおよび酪酸3.0gを添加した。メタン菌およびAcetogenic菌の生育した試験管の本数コードはそれぞれガス組成（CH₄）およびVFA（酢酸）をチェックすることによって決定した。

3. 結果および考察

3.1 有機物の分解率 CODの除去率およびVSS、たんぱく質、炭水化物、脂質の分解率は図2に示した。これによれば、いずれの条件において高いCOD除去率が示され、特

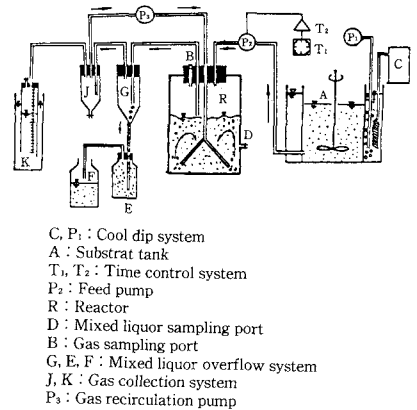


Fig.1 Experiments apparatus

Table 1 Composition of the basic media used for enumeration of three groups bacteria (per liter)

Components	Methano- gens	Acetogenic bacteria	
		H ₂ -producing	Homo-
Energy sources	3.0g	3.0g	—
H ₂ (80%)+ CO ₂ (20%) (2 atm) ^{a)}	—	—	2 atm.
KH ₂ PO ₄	0.4g	0.4g	0.4g
K ₂ HPO ₄	0.4g	0.4g	0.4g
NH ₄ Cl	1.0g	1.0g	1.0g
MgCl ₂	0.1g	0.1g	0.1g
CaCl ₂	—	0.05g	—
Mineral solution ^{a)}	10ml	10ml	20ml
Vitamin solution ^{a)}	10ml	10ml	20ml
Yeast extrat	2.0g	2.0g	2.0g
Digester fluid	150ml	150ml	150ml
NaHCO ₃	6.0g	6.0g	10.0g
Cysteine·HCl·H ₂ O	0.5g	0.5g	0.5g
NaS ₂ O ₄ ·9H ₂ O	0.5g	0.5g	0.25g
Resazurine	0.002g	0.002g	0.002g
pH	7.0~7.2	7.0~7.2	7.0~7.2

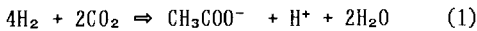
a), see references 2

に SRT 5.0 日の条件では COD の除去率は 59% であり、通常の末処理場合の 30% より約 1 倍ほど上回る。これは前熱処理することにより汚泥の可溶性反応が促進されたためと思われる。また、汚泥の主成分であるたんぱく質、炭水化物および脂質も 50% 以上の分解率を示している。これらの成分が分解されて有機酸に転換されるが、Table 2 によれば生成された酢酸、プロピオン酸および酪酸などの有機酸は余り蓄積せず、速やかにメタンまで分解されたことがわかる。

3.2 メタン菌の挙動 消化槽におけるメタン菌の分布は Table 3 に示したように、SRT 1.5 日の短い滞留時間においては Total メタン菌数がやや少ないが、 10^7 個/ml オーダーが検出された。これらのメタン菌の基質利用特性を検討してみた結果、 H_2 を利用するものが一番多く (89%)、続いて酢酸 (49%) > メタノール (42%) > ギ酸 (17%) の順になっている。その基質利用特性および形態から判断して短い滞留時間で増殖したメタン菌は Methanosarcina 属が優占菌種となっていたことが推察される。また、長い SRT の条件においてギ酸を利用するメタン菌の増加が見られた。さらに SRT 1.5 日における基質別のメタン菌数とそのメタン生成活性との間に相関関係が見られた。

3.3 水素生成性酢酸生成菌： この菌群は汚泥消化槽において $10^6 \sim 10^8$ 個/ml 程度存在しており、滞留時間 1.5 日での菌数は滞留時間 3.0 の場合より多い。またプロピオン酸を分解するものは酪酸を分解するものより多い。

3.4 Homoacetogenic 菌： ホモ酢酸生成菌は次の (1) 式のように $H_2 + CO_2$ を代謝して酢酸だけを生成すると報告されている³⁾。



本研究に用いた計数方法の概要は Fig. 3 に示したように培養した試験管の発酵液の VFA を測ることによって MPN を決定した。この菌群はメタン菌より早く増殖するようであるが、計数のためにはやはり 3 週間以上の培養が必要である。また、汚泥消化槽における本菌群の数は $10^4 \sim 10^6$ 個/ml であって H_2 利用するメタン菌の 1% 程度であると報告されているが、本研究ではホモ酢酸生成菌の分布およびそのメタン菌との比率は滞留時間の影響を受けることが分った。

4、おわりに 今後加水分解菌についても研究を行う予定である

- 参考文献： 1) 李, 野池 (1987), 水質汚濁研究, Vol. 10, No. 12, 2) 李, 野池 (1988), 土木学会東北支部研究発表会講演集 3) M. Braun et al (1979), Arch. Microbiol., Vol. 120, 201.

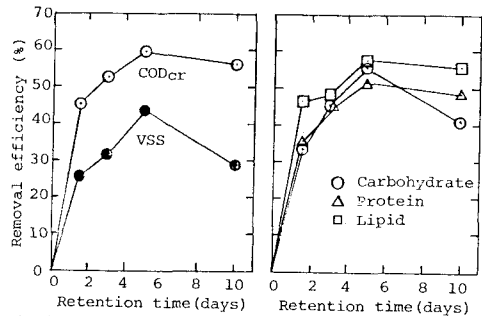
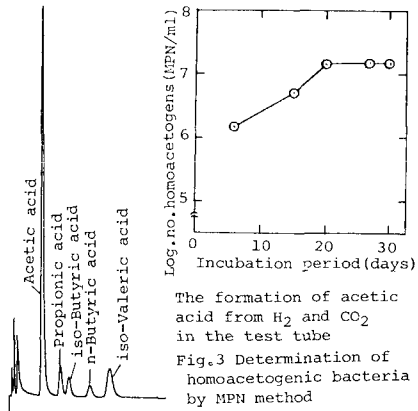


Fig.2 Effect of SRT on removal of organic materials

Table 2 Average of experiments results under steady state condition

Retention time(Days)	Inferent	Effluent			
		1.5	3.0	5.0	10.0
pH	7.17	7.32	7.37	7.42	7.49
MLVSS(mg/l)	4762	3530	3276	2707	3386
Soluble COD _{Cr} (mg/l)	8783	3031	2040	1822	1515
Acetic acid (mg/l)	757	108	42	28	16
propionic acid(mg/l)	197	24	6	5	1
butyric acid (mg/l)	251	19	2	5	1
Gas production rate (ml/l.day)	—	1725	906	614	339
Gas composition (%)	CH ₄	69.5	69.6	69.1	70.0
	CO ₂	27.6	28.4	27.9	26.3



The formation of acetic acid from H_2 and CO_2 in the test tube

Fig.3 Determination of homoacetogenic bacteria by MPN method

Table 3 Culture counts of different metabolic groups of bacteria present at different SRT

Metabolic group	No./ml of digester content	
	SRT=1.5d	SRT=3.0d
Methanogens		
Total	1.9×10^7	9.4×10^7
H_2 degraders	1.7×10^7	2.8×10^7
Acetate degraders	9.4×10^6	2.4×10^6
Methanol degraders	7.9×10^6	2.3×10^6
Formate degraders	3.3×10^6	3.3×10^5
Homoacetogenic bacteria		
H_2 -producing acetogenic bacteria		
Total	1.3×10^7	4.9×10^6
Propionate degraders	4.9×10^7	—
Butyrate degraders	7.9×10^6	—