

## II-509 単相消化と二相消化プロセスの性能比較について

○東北大学大学院 学 張天成  
東北大学工学部 正 野池達也

## 1. はじめに

従来、単相消化と二相消化プロセスについて数多の研究が進められてきたが、単相消化と二相消化の処理特性を比較した研究はあまり行われていなかった。本研究は同じ HRT 条件における単相消化と二相消化の処理性能及び関与する細菌群の分布について、実験を行い考察を加えたものである。

## 2. 実験材料及び方法

①実験装置と基質 実験装置はFig. 1 に示した。基質の組成は、蒸留水1000ml当り、Starch, 10.5g; NH<sub>4</sub>HCO<sub>3</sub>, 4.74g; NaHCO<sub>3</sub>, 2g; K<sub>2</sub>HPo<sub>4</sub>, 0.125g 及び無機塩<sup>(1)</sup> である。運転条件はTable 1 に示した。

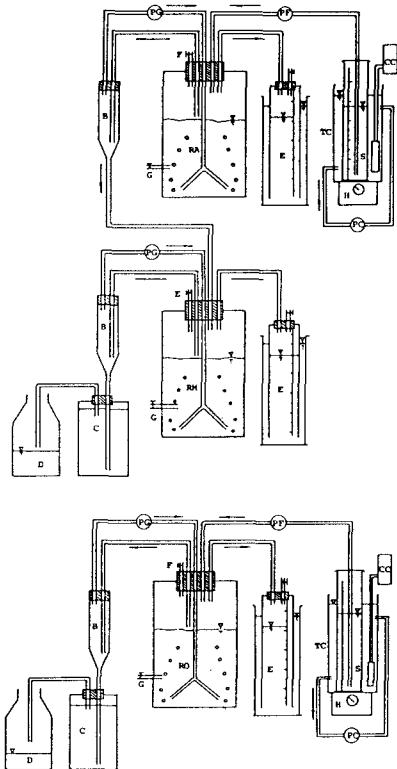
②細菌群の分布について 総細菌数及び各嫌気性細菌群の計数はそれぞれ血球板計数法及び MPN 法（五管法、36°Cで四週間以上培養する）により行った。細菌の計数に用いた培地あるいは希釀水の組成は文献<sup>(2)</sup> を参考して作成した。また、基質別のメタン菌の計数に用いた培地は1000ml当りそれぞれ、混合ガス (H<sub>2</sub>80% + CO<sub>2</sub>20%) , 2atm; CH<sub>3</sub>OH, 5ml; NaAC, 5g; HC<sub>2</sub>ONa, 5g である。生育した試験管の本数はガス組成と VFA を検討することによって決定した。

③活性の測定 120ml のバイアル瓶を用い、350 °Cで還元銅カラムによって還元されたCO<sub>2</sub> ガスを曝気しながら、80mlの基質（細菌の計数に用いた培地と同じである）と遠心分離された供試サンプル汚泥をそれぞれ注入し、気相部を十分換気してから蓋をしめて、36°CのReciprocal shaker に入れて、培養した。ガス発生量、ガス組成及びVFA の分析の結果によって、供試サンプル汚泥のVFA とメタン生成活性を計算した。

## 3. 実験結果及び考察

物質分解の挙動はTable 2 に示した。これによれば、HRT10.2 日では、単相消化と二相消化の全溶解性 COD除去率はそれぞれ44.8% 及び47.9% であり、大きな差がなかった。単相消化では流出水の溶解性糖類と溶解性蛋白質濃度はそれぞれ410.4mg/l 、 1666.1mg/l であり、二相消化の第二段階の（それぞれ98.74mg/l 、 617.7mg/l ）より高い。しかし、単相消化の流出水のVFA 濃度 (1849mg-COD/l) は二相消化の場合 (3746mg-COD/l) の程度であり、単相消化と二相消化におけるメタン発生量はそれぞれ5913.7mg-COD/l 及び3944mg-COD/l であった。結局、相分離は中間生成物及び最終産物の分布に大きく影響を与えた。

各嫌気性細菌群の計数及び活性測定の結果はTable 3, 4 にまとめた。これによれば、二相消化の第一段階のメタン菌数 ( $3.4 \times 10^5$  cell/ml) は第二段階の菌数 ( $1.9 \times 10^7$  cell/ml) の  $1/100$  ほどであつ



R0: One-phase reactor G: Mixed liquor sampling port  
RA: First-stage reactor PG: Gas recirculation pump  
RB: Second-stage reactor TC, PC, CC: Cool dip system  
E: Gas collection system S: Substrate tank  
F: Gas sampling port H: Magnetic stirrer  
B,C,D: Mixed liquor overflow system PF: Feed pump

Fig. 1 Schematic of experimental apparatus.

Table 1 The Experimental Condition

Parameters of Reactors	RUN 1	RUN 2	
		RUN 2-1	RUN 2-1
Liquid Volume (l)	6	1.2	4.8
Temper. (°C)	35 ± 1	35 ± 1	35 ± 1
HRT (d)	10.2	2.02	8.08

た。しかし、第一段階の発酵性細菌と水素生成性酢酸生成菌は第二段階の菌数より $10^2$ 倍ほどであった。これより、各細菌群の分布からみれば、相分離の結果は酸生成段階とメタン生成段階を別々に強化させたと思われる。

単相消化と二相消化の菌群分布を比較すれば、次のことが分った。単相消化の総メタン菌( $1.4 \times 10^7$  cell/ml)は二相消化の第二段階の菌数( $1.9 \times 10^7$  cell/ml)より僅かに少いが、基質別のメタン菌の分布は異なっていた。 $H_2$ 利用性と酢酸利用性のメタン菌に対して、二相消化の第二段階の数量は単相消化のより多い。これは二相消化の第二段階だけのメタン発生量は単相消化のと同程度であることの原因であると思われる。一方、単相消化のホモ酢酸生成菌( $1.3 \times 10^7$  cell/ml)と水素生成性酢酸生成菌( $2.8 \times 10^8$  cell/ml)は二相消化の第二段階の菌数(それぞれ: $1.1 \times 10^6$  cell/ml,  $4.0 \times 10^6$  cell/ml)より、それぞれ10倍、100倍多い。これは単相消化の水素生成性酢酸生成菌の活性が二相消化の第二段階よりも大きいこと(Table 4)によって)が原因であると思われる。

Table 4によれば、加水分解菌の活性は、二相消化が最も高く、次は単相消化であり、最も低いのは酸生成段階である。汚泥のメタン生成活性については二相消化の第二段階が単相消化の場合と同程度であるが、二相消化の第一段階のメタン生成活性は第二段階のそれよりずっと低い( $H_2$ 利用性のメタン菌を除く)。プロピオン酸と酪酸を基質とした水素生成性酢酸生成菌において、酢酸への生成速度は $H_2$ 利用性と酢酸利用性のメタン菌のメタン生成速度と同程度であり、加水分解菌のプロピオン酸と酪酸への生成速度よりずっと小さい。従って、水素生成性酢酸生成菌の数量はC<sub>3</sub>, C<sub>4</sub>のVFAから酢酸への変換反応、メタンガスの発生に対して重要な因子になる。これは単相消化での低いVFA濃度の原因であると推察される。

#### 4. おわりに

今後、上記の研究を進めていく予定である。

#### 参考文献

- (1) 遠藤、野池、松本：嫌気性消化の酸生成相におけるセルロースとグルコースの分解特性、土木学会論文報告集、No. 325, 1982-9
- (2) 李玉友：嫌気性消化の各段階に関する細菌およびその活性の定量について、汚染制御工学研究討論会 No. 65, 1988-1

Table 2 The Results of Continuous Experiment

Parameters	RUN 1	RUN 2-1	RUN 2-2	
Soluble COD <sub>Cr(in)</sub> (mg/l)	9972	9972	8997	
Soluble COD <sub>Cr(out)</sub> (mg/l)	5506	8997	5195	
SS (mg/l)	585.5	1267.3	502.3	
VSS (mg/l)	484.3	1081	407.5	
Soluble carbohydrate (mg/l)	410.4	396.0	98.74	
Soluble protein (mg/l)	1666.1	495.9	617.7	
Gas producing rate (ml/l·d)	335.8	725.1	232.5	
Methane percentage (%)	44.3	10.8	61.7	
pH	7.04	5.69	7.08	
VFA	HAC (mg/l)	762.9	2322.8	1772.0
	HPR (mg/l)	471.5	1056.8	744.0
	I-HBU (mg/l)	26.1	47.0	66.5
	N-HBU (mg/l)	93.4	1356.9	216.7
	I-HVA (mg/l)	14.5	7.0	23.0
	N-HVA (mg/l)	37.3	304.4	83.7

Table 3 The Result of Enumeration(MPN Cell/ml)

Run No. Metabolic groupes	RUN 1	RUN 2	
		RUN 2-1	RUN 2-2
Fermentative bacteria	$1.8 \times 10^6$	—	$1.45 \times 10^6$
Total $H_2$ -Producing acetogenic bacteria	$2.8 \times 10^6$	$5.4 \times 10^6$	$4.0 \times 10^6$
Homocetogenic bacteria	$1.3 \times 10^7$	$2.45 \times 10^6$	$1.1 \times 10^6$
Methanogen			
Total	$1.4 \times 10^7$	$3.4 \times 10^6$	$1.9 \times 10^7$
$H_2$ -utilization	$1.25 \times 10^6$	$2.25 \times 10^5$	$1.7 \times 10^6$
HAC utilization	$1.9 \times 10^6$	$2.75 \times 10^4$	$1.7 \times 10^7$
Formate utilization	$9.4 \times 10^5$	$3.4 \times 10^4$	$7.9 \times 10^5$
Methanol utilization	$1.2 \times 10^7$	$2.4 \times 10^6$	$2.3 \times 10^6$
Total number of bacteria*	$8.43 \times 10^9$	$8.03 \times 10^9$	$6.75 \times 10^9$

\*:Microscopic count using Petroff-Hausser counting chamber.

Table 4 Methane and VFA Production Activities of the Sludge

Test Substrate	Run No.	RUN 1	RUN 2	
			RUN 2-1	RUN 2-2
Methanogens			ml-CH <sub>4</sub> /gVSS·d	
$H_2$		156.29	117.10	142.70
NaAC		259.23	38.77	275.19
HCOONa		149.18	35.46	202.86
CH <sub>3</sub> OH		1680.42	222.32	1566.20
Mixing acid of C <sub>3</sub> ~ C <sub>6</sub>		317.4	185.63	326.07
$H_2+NaAC+HCOONa+CH_3OH$		1916.01	341.30	1829.76
Fermentative bacteria			mg-COD/gVSS·d	
Gulucose Producing HAC		2087.71	1180.15	2557.70
+Peptone Producing HPR		410.86	2219.28	1263.48
Producing HBU		4908.33	1562.30	9758.09
Producing Total COD		6668.59	4734.41	12037.31
$H_2$ -Producing acetogenic bacteria		mg-COD/gVSS·d		
HPR Producing HAC		133.42	90.41	123.58
HBU Producing HAC		245.12	82.93	165.44