

II-172

膜分離型酸発酵槽への HRT変化の影響

東北大学大学院 学生員○小松敏宏
仙台市 大坪昭彦
東北大学工学部 正員 野池達也

1. はじめに

現在、菌体を反応槽内に高濃度で保持できる高効率の嫌気性消化法としてUASB、流動床、汙床などのプロセスが開発され応用されつつあるが、それよりさらに高効率でしかも安定なプロセスをめざして膜分離を導入したプロセスの開発研究が進められている。本実験では、膜分離を導入した場合の反応槽に対してHRTを変化させ処理特性の変化について研究を行なつたものである。

2. 実験装置、材料および方法

2.1 実験装置

実験装置は高率嫌気性消化反応槽にT社製分画分子量300万の限外汙過膜分離モジュールを組込んだものであり水理学的滞留時間は0.5、1.0、2.0日とした。

2.2 種汚泥および基質

実験に用いた基質はグルコースを单一炭素源とする COD濃度約 $12000 \text{ mg} \cdot \text{l}^{-1}$ の合成基質である。

実験に用いた種汚泥は嫌気性菌を多く含むと考えられる大豆塊に合成基質を投入して1カ月以上馴養したものである。またこの種汚泥の基質分解特性としては滞留時間2日で前に述べた合成基質を発酵して生成した揮発性脂肪酸(VFA)は酢酸が約 $1200 \text{ mg} \cdot \text{l}^{-1}$ 、プロピオン酸が約 $600 \text{ mg} \cdot \text{l}^{-1}$ 、n-酪酸が約 $3000 \text{ mg} \cdot \text{l}^{-1}$ であった。

3. 実験結果および考察

図1に水理学的滞留時間に対する透過水中の蛋白質および炭水化物濃度を示す。これによれば透過水中の炭水化物濃度は水理学的滞留時間に対しほどんと変化していないが、蛋白質濃度は水理学的滞留時間に対し直線的に減少している。

図2に水理学的滞留時間に対する揮発性脂肪酸(VFA)濃度を示す。これによれば滞留時間の増加にしたがってVFAは炭素数の少ないものに移行し、特にプロピオン酸についてはHRTに対して直線的な增加をしている。また、HRTごとのVFAはHRT=0.5日でn-吉草酸>n-酪酸>プロピオン酸>酢酸>カプロン酸>iso-吉草酸、HRT=1.0日でプロ

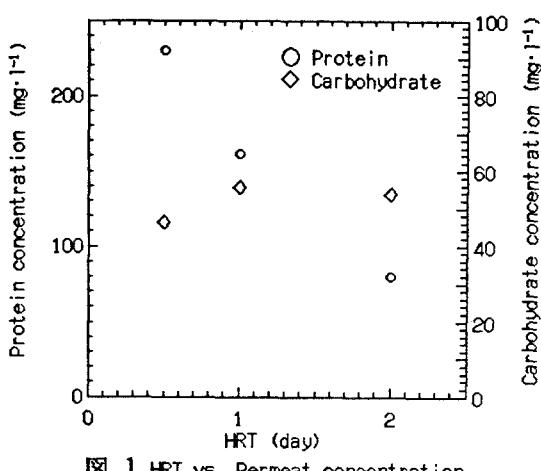


図1 HRT vs. Permeat concentration

ロピオン酸>*n*-吉草酸>酢酸>*n*-酪酸、HR
T=2.0日でプロピオン酸>*n*-吉草酸>酢酸
>*n*-酪酸となっていた。

図3に水理学的滞留時間に対する菌体蛋白質濃度を示す。これによれば水理学的滞留時間の増加にしたがって菌体濃度は減少する結果が得られている。

また、微生物学的な視点からすると反応槽外への菌体流出が無いために理論的には水理学的滞留時間に対して反比例した菌体量になることが予想される。

表1に水理学的滞留時間における酸生成菌数、炭水化物分解菌数および蛋白質分解菌数の関係を示す。これによれば、菌種に対しては蛋白質分解菌が最も少ない。しかし、基質の炭素源としてはグルコースであるにも関わらず蛋白質分解能をもつ菌体が10%以上存在する。また、どのHRTにおいてもほとんど全ての菌が炭水化物分解能を持っていると考えられる。

4.まとめ

- ①膜分離を導入した反応槽におけるHRTの影響に関する実験ではHRTの減少に伴つてより長鎖の脂肪酸が多くなる傾向を示すVF A組成変化となつた。特にプロピオン酸についてはHRTと直線的な関係が得られた。
- ②反応槽内に保持されてる菌体蛋白質はHRTの増加に伴い減少した。また、理論的な変化とは異なつた。
- ③菌体数としては膜分離を導入したことによって全酸生成菌として 1.7×10^{10} 以上の菌数となつた。

表1 全酸生成菌、炭水化物分解菌、蛋白質分解菌 (MPN・ml⁻¹)

| HRT(day) | 0.5 | 2.0 |
|----------|----------------------|----------------------|
| 全酸生成菌 | 3.4×10^{10} | 1.7×10^{10} |
| 炭水化物分解菌 | 3.4×10^{10} | 1.7×10^{10} |
| 蛋白質分解菌 | 5.2×10^9 | 7.9×10^9 |

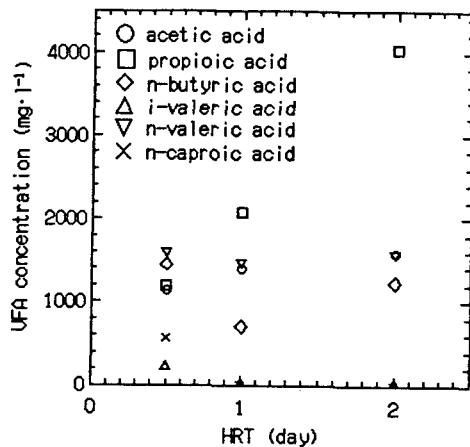


図2 HRT vs. UFA concentration

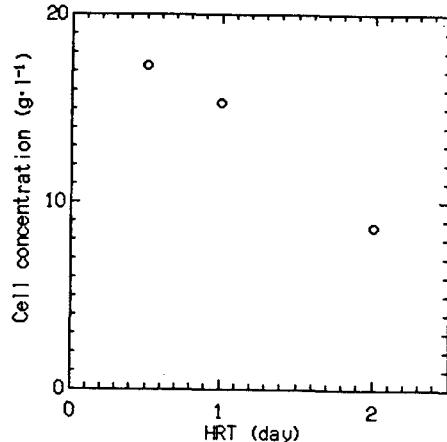


図3 HRT vs. Cell concentration