

高温メタン発酵システムにおけるプロピオン酸分解共生系の挙動

長岡技術科学大学 学生会員 ○加藤 裕之、吉川 史江、原田 秀樹、大橋 晶良、井町 寛之

1. はじめに

これまでに、高温・高濃度の産業廃水に対し、高温 UASB プロセスの実用化に向けて開発が行われてきたが、未だ十分な実用化段階には至っていない。ここで、実用化に向け解決しなければならない深刻な問題として、処理プロセスが不安定になった際、プロピオン酸がプロセス内に蓄積し、良好な処理が望めなくなることが挙げられる。このプロピオン酸蓄積の問題は今のところ解決されておらず、また、高温嫌気環境下でのプロピオン酸分解に関与する微生物の知見もほとんどない。

そこで本研究では、プロピオン酸蓄積の問題について解決する手がかりとして基礎的な知見を収集し、高温および中温 UASB リアクターを用いてプロピオン酸単独基質での長期連続処理実験を行い、その処理特性や保持微生物叢の解析からプロピオン酸分解に関与する微生物について把握することを目的とした。

2. 実験方法

図-1 に本実験で用いた高温 UASB リアクターの実験装置の概略図を示す。高温 UASB リアクターは高さ 720mm、内径φ60mm で、反応容積は 2.2L である。リアクター内の温度は、ウォータージャケットに恒温水を循環させ 55°C に制御し運転を行った。また、中温 UASB リアクターは、高温 UASB リアクターとほぼ同型で、反応容積は 2L である。

リアクターへの供給廃水には、プロピオン酸ナトリウムを単独の炭素源とし、無機塩類および微量元素を添加したものをを用いた。

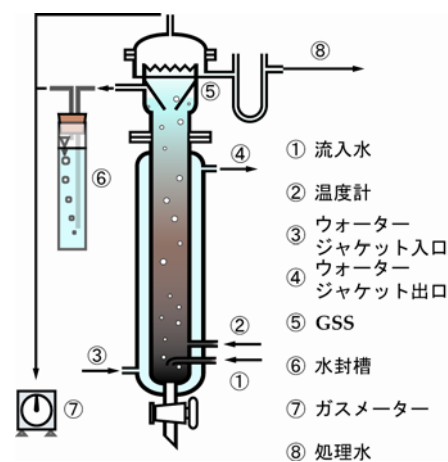


図-1 UASB リアクター概略図

3. 実験結果

1) UASB リアクターの連続処理実験結果

高温 UASB リアクターの連続処理実験の結果を図-2 に示す。実験は COD 容積負荷 $1.3\text{kg-COD}\cdot\text{m}^{-3}\cdot\text{d}^{-1}$ で運転を開始した。運転開始後 73 日目には $20.0\text{kg-COD}\cdot\text{m}^{-3}\cdot\text{d}^{-1}$ に達したが、82 日目から 90 日目は、停電によりリアクター内の温度が $20\pm 3.5^\circ\text{C}$ まで低下した。このとき許容負荷量が $1\text{kg-COD}\cdot\text{m}^{-3}\cdot\text{d}^{-1}$ まで低下し、処理水のプロピオン酸濃度は $1500\text{mgCOD}\cdot\text{L}^{-1}$ 程度蓄積し、COD 除去率も 0.5% まで低下した。本実験では、リアクター内温度の低下により、プロピオン酸が高濃度に蓄積しプロセスの失活を招いた。その後 30 日間かけてプロセスの回復をはかり、COD 容積負荷 $20\text{kgCOD}\cdot\text{m}^{-3}\cdot\text{d}^{-1}$ で、30 日間安定的した処理を維持した。

その後、負荷を $23.0\text{kg-COD}\cdot\text{m}^{-3}\cdot\text{d}^{-1}$ に上昇させたが、処理水のプロピオン酸濃度が $500\text{mgCOD}\cdot\text{L}^{-1}$ 程度蓄積し、減少傾向が見られなかったことから、負荷を $20\text{kg-COD}\cdot\text{m}^{-3}\cdot\text{d}^{-1}$ に戻し、連続運転を行った。

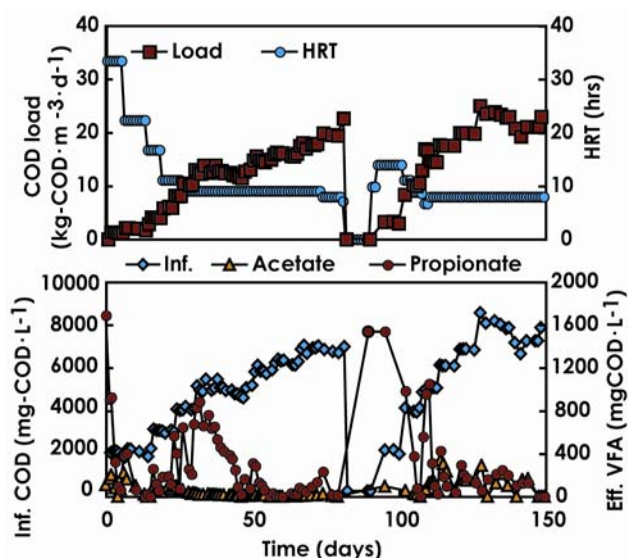


図-2 高温 UASB リアクター連続処理実験結果

キーワード UASB リアクター, プロピオン酸, *Pelotomaculum thermopropionicum*, Strain SI

連絡先 〒940-2188 新潟県長岡市上富岡町 1603-1 長岡技術科学大学 環境工学システム系 水圏土壌環境制御研究室

これより、本実験において、プロピオン酸単独基質での高温 UASB リアクターの最大許容 COD 容積負荷は、 $20\text{kg-COD}\cdot\text{m}^{-3}\cdot\text{d}^{-1}$ 程度であることが確認された。

次に、中温 UASB リアクターの連続実験結果を図-3に示す。実験は COD 容積負荷 $1\text{kg-COD}\cdot\text{m}^{-3}\cdot\text{d}^{-1}$ で運転を開始した。68 日目には COD 容積負荷 $40\text{kg-COD}\cdot\text{m}^{-3}\cdot\text{d}^{-1}$ を許容した。その後、約1ヶ月間 COD 除去率は95%以上、処理水の VFA 濃度はプロピオン酸 $25\text{mgCOD}\cdot\text{L}^{-1}$ 以下、酢酸 $10\text{mgCOD}\cdot\text{L}^{-1}$ 以下となり、良好な処理を維持していた。さらに COD 容積負荷の上昇をはかったが、 $60\text{kg-COD}\cdot\text{m}^{-3}\cdot\text{d}^{-1}$ でプロセスの破綻を招いたことから、プロピオン酸単独基質での中温 UASB リアクターの最大許容 COD 容積負荷は、 $40\text{kg-COD}\cdot\text{m}^{-3}\cdot\text{d}^{-1}$ 程度であることが確認された。その後負荷を $27\text{kgCOD}\cdot\text{m}^{-3}\cdot\text{d}^{-1}$ まで減少させたところ、処理水のプロピオン酸濃度が $66\text{mgCOD}\cdot\text{L}^{-1}$ まで低下し、COD 除去率は95%まで回復したことから、中温 UASB プロセスは、高温同様にプロピオン酸の蓄積によりプロセスの破綻を招くが、回復が早く維持管理が容易であることが確認された。

2) 保持微生物群の微生物叢解析結果

高温および中温グラニュールからそれぞれ50クローンずつの16SrDNAライブラリを作成し、その塩基配列を決定し微生物叢の解析に用いた。その結果、高温クローンライブラリからは33種類、中温クローンライブラリからは34種類の異なる配列を検出した。

図-4に高温および中温グラニュールのクローンライブラリの解析結果を示す。高温クローンライブラリ内で最も多くのクローンが属した分類群は、*Pelotomaculum thermopropionicum* (31%) であったのに対し、中温クローンライブラリ内では *Proteobacteria* デルタサブクラス (60%) であった。また、高温において *Pelotomaculum thermopropionicum* に属する細菌で最も多く存在したのは、*Pelotomaculum thermopropionicum*. Strain SI であった。

中温性プロピオン酸分解細菌が属する *Proteobacteria* デルタサブクラス、Gram-positive bacteria の low G+C サブクラスは高温でも検出され、約20%属していたことから、中温性のプロピオン酸酸化細菌は温度による影響を受けにくく高温域でも存在できることが示唆された。

4. まとめ

高温および UASB リアクターの許容容積負荷は、それぞれ $20\text{kg-COD}\cdot\text{m}^{-3}\cdot\text{d}^{-1}$ 、 $40\text{kg-COD}\cdot\text{m}^{-3}\cdot\text{d}^{-1}$ であった。高温の保持汚泥中では、*Pelotomaculum thermopropionicum*. Strain SI が優占化していることが確認された。

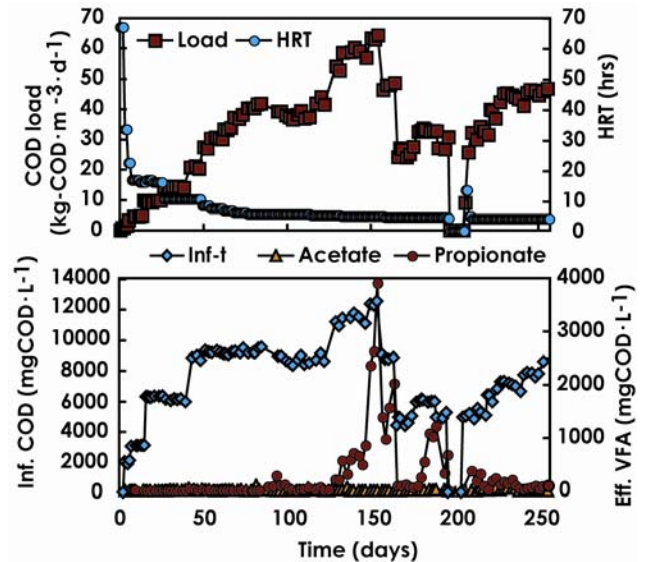


図-3 中温 UASB リアクター連続処理実験結果

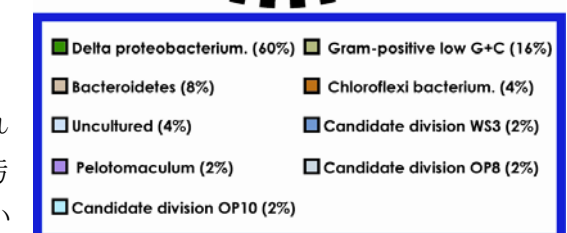
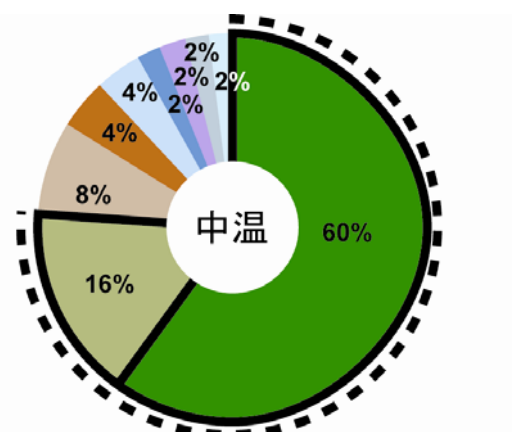
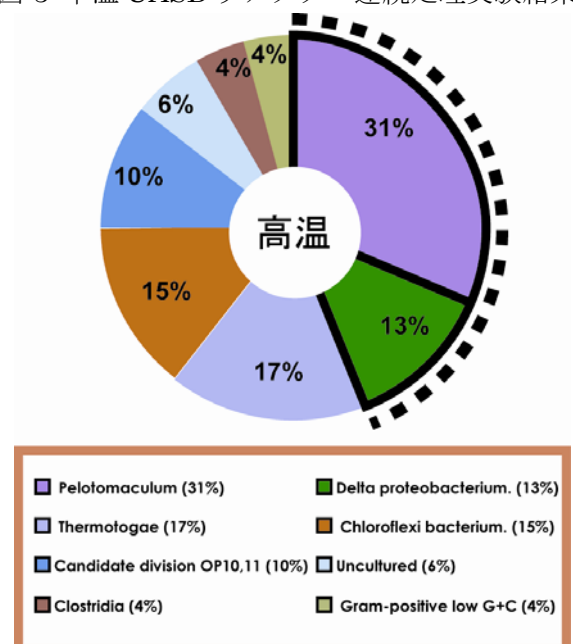


図-5 微生物叢解析結果（上：高温、下：中温）