

## 密閉型嫌気性消化槽によるパームオイル圧搾廃液の処理特性

東北大学 (学) ○渋谷幸子 (正) 久保田健吾、(非) 谷川大輔、(非) 射手園章吾、(正) 原田秀樹  
 国立環境研究所 (正) 珠坪一晃 長岡技術科学大 (正) 山口隆司 産業技術総合研究所 (非) 関口勇地

### 1. はじめに

#### 1.1 POME の性状と問題点

パームオイルは、アブラヤシから搾られる植物油であり、世界で最も生産されている。2009年度のパームオイル生産量は全世界で4500万トンである。従来の食用や洗剤に加え、バイオディーゼルなどへも利用されており、生産量は年々増加している。パームオイル産業は、東南アジアで盛んであり、特にインドネシアとマレーシアはパームオイル総生産量の85%を占めており、両国では重要な産業となっている。しかし、この産業は大量の廃液、パームオイル圧搾廃液(POME:Palm Oil Mill Effluent)を排出してしまうという問題を抱えている。POMEは低pHで固形成分を多く含み、脂質含有量が多い高濃度有機性廃液であり、処理が難しい。現在の一般的なPOME処理方法は嫌気性ラグーン法である。嫌気性ラグーン法はラグーンと呼ばれる素堀の池で極めて長い滞留時間をかけて嫌氣的に処理する方法であり、処理過程で大量のメタンを大気中に放出する。マレーシアのパームオイル工場の96%がこの方法を採用している。Shiraiらの導いた式に基づいて算出すると、2009年には11300万m<sup>3</sup>のPOMEが排出され、147万トンのメタンが大気中に放出されたことになる。この値を二酸化炭素量に換算するとパームオイル産業から2009年に放出された二酸化炭素量は3100万トンであり、日本の温室効果ガス削減目標量の約10%(鳩山commitment)に相当する値である。この事からPOME処理プロセス開発は地球温暖化防止のために急務である。

#### 1.2 嫌気性消化槽について

POME処理方法として、密閉型嫌気性消化槽を利用した処理方法が現地で採用されている。密閉型嫌気性消化槽でPOMEを処理する利点はメタンが大気中に放出されず、メタンをエネルギー源として回収できる点である。また、複雑なプロセスを必要としないため、途上国で普及するのに適している方法である。本研究の調査対象とした嫌気性消化槽もマレーシア現地のパームオイル工場にて稼働しているリアクターである。しかし、POMEの処理方法の1つとして注目されているにも関わらずPOMEを処理する嫌気性消化槽に対する研究は今まであまり行われていない。特に微生物群集構造は未知な部分が多い。そこで、本研究では現地調査及び、分子生物学的な手法によってPOMEを処理する密閉型嫌気性消化槽の処理性能と微生物群集構造を解明することを試みた。

### 2. 実験方法

#### 2.1 水質分析

マレーシアにあるパームオイルプランテーション面積465km<sup>2</sup>、年間Fresh Fruits Bunch 30万トンを処理する工場にある嫌気性消化槽を調査対象とした。この工場からは毎日約300~500m<sup>3</sup>のPOMEが排出されている。工場から排出された後のPOMEの処理フローを図1に示す。

工場から排出されたPOMEはまずPOMEピットに貯められる。その後、一時的にタンクに貯蔵され、嫌気性消化槽で処理される。嫌気性消化槽は容量3100m<sup>3</sup>×4の完全混合型リアクターであり、今回の調査では4つの嫌気性消化槽を1つの消化槽とみなして、HRT、OLRを算出した。タンクから嫌気性消化槽への流入水、処理水及び嫌気性消化槽内部からサンプリングをし、分析した。調査は50日間行い、それぞれpH、温度、COD(HACH)、SS、VSS(下水試験法)、タンパク質(ローリー法)、炭水化物(フェノール硫酸法)、脂質(ヘキサソール・イソプロパノール法)、VFA(ガスクロマトグラフFID型検出器)、乳酸、LCFAを測定した。

#### 2.2 微生物群集構造解析

微生物群集構造解析については嫌気性消化槽中の汚泥を対象にBacteria及びArchaeaの16S rRNA遺伝子に基づいたクローン解析を行った。まず、Mobio社のUltraClean Soil DNA Isolation Kitを用いてDNAを抽出した。その後、PCRを行った。使用したPrimerはBacteriaに関してはEUB8FとUNIV1500Rを用い、Archaeaに関してはArc109FとUNIV1500Rを用いた。アニーリング温度はBacteriaを50°C、Archaeaを52°Cで行った。その後、精製を行い、Invitrogen社のTOPO TA cloning kitを用いてクローニングを行った。得られたクローンの塩基配列はタカラバイオ社に依頼して塩基配列を読んだ。

#### 2.3 ガス組成試験

本研究は現地にある実機を対象に調査を行った。実機にガスのサンプリングポートがなかったためガスの発生量を測定することができなかった。そこで、嫌気性消化槽中の汚泥をサンプリングし、バイアル実験を行いガスの組成を調査した。バイアル瓶に汚泥を入れ、気相部に窒素を置換した。その後、バイアル瓶をインキュベーターに入れ、経時的にガスをサンプリングし、ガスクロマトグラフでガスの組成を測定した。

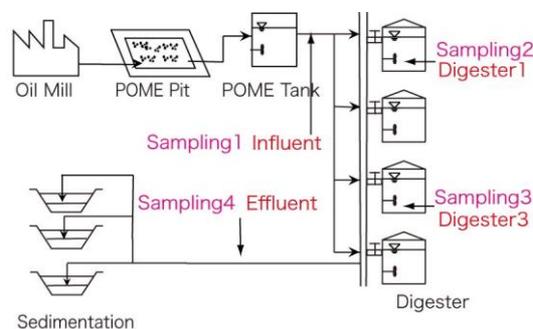


図1 工場から排出されたPOMEの処理フロー

キーワード パームオイル圧搾廃液、嫌気性処理、微生物群集構造解析、地球温暖化

連絡先 〒980-8579 仙台市青葉区荒巻字青葉6-6-06 東北大学工学部 環境保全工学研究室 TEL022-795-3584

実験結果と考察

3.1 水質分析結果

pH は流入水が 4.3, 嫌気性消化槽内が 7.3, 処理水が 7.2 であり, 流入水では酸性であったが, 消化槽内と処理水は中性に変移していた。温度は流入水が 47.4°C と高温であり, 嫌気性消化槽内が 34.8°C, 処理水が 35.3°C であった。調査期間中の HRT は平均 47 日, OLR は平均 1.32 kgCOD/m<sup>3</sup>・d であった。一方で年間を通しての POME の嫌気性消化槽への流入量から算出した HRT は 40 日であった。この結果は, 調査期間中, 祝日および消化槽のメンテナンス等により消化槽の運転停止日が多かったことが影響していると考えられる。これより, 工場の稼働状況によって負荷は変動していると考えられるが, 年間を通して嫌気性消化槽は低負荷で稼働していると考えられた。調査期間中の流入 3 水と処理水の COD の経時変化を図 2 に, 流入水と処理水と消化槽内の全 COD の内訳を図 3 に示す。全 COD 除去率は 73%, 溶解性 COD 除去率は 93% であった。全 COD 除去率が溶解性 COD 除去率よりも 20% 低いのは調査対象としている嫌気性消化槽が完全混合型リアクターであり消化槽中が攪拌されているため, 槽内の汚泥が処理水に含まれるためであると考えられる。SS 除去率は 33% であり, 処理水の全 COD の 40% をタンパク質が占めていたことも, 流出水に汚泥成分が含まれていることを示す結果となった。また, 攪拌されていることにより嫌気性消化槽内の分析結果と処理水の分析結果は, ほぼ等しかった。POME は脂質含有量が多い廃液であるが, 今回の調査結果でも流入水の全 COD の 33% が脂質であり高濃度であった。流出水では脂質の 85% が除去されていた。脂質, 特に高級脂肪酸は微生物の働きを阻害するという知見があり, 脂質が良好に除去されていることが嫌気性消化槽の処理性能に影響していると考えられた。流入水の VFA 濃度は 7400 mgCOD/L であり, 酢酸が 55%, プロピオン酸が 17%, ノルマル酪酸が 24% を占めていた。流出水では, 全 VFA の 94% が除去されていた。各成分の解析結果から嫌気性消化槽内で POME は良好に安定して処理されていたと考えられる。

3.2 ガス組成

発生したガスの組成は 60~70% がメタンであり, 嫌気性消化槽内でメタンが発生していることを示す結果となった。

3.3 微生物群集構造解析

嫌気性消化槽中の汚泥を対象に *Bacteria* 及び *Archaea* の 16S rRNA 遺伝子に基づいたクローン解析を行った。図 4 に *Bacteria* の微生物群集構造解析を示す。*Bacteria* の群集構造解析の結果, 50% が *Firmicutes* 門に分類された。その内の 17% が *Syntrophomonadaceae* 科に分類された。*Syntrophomonadaceae* 科は余剰汚泥を処理する消化槽など高級脂肪酸を多く含まないリアクター汚泥ではあまり検出されないため脂質含有量が多い POME 処理特有の結果となった。*Archaea* の群集構造解析の結果, 97% が *Methanosaeta* 属に分類され, 3% が *Methanospirillum* 属に分類された。

4. まとめと今後の予定

本研究で, パームオイル圧搾廃液を処理する実規模の密閉型嫌気性消化槽の処理特性と処理に携

わる微生物群集構造が明らかになった。嫌気性消化槽は低負荷であるが, 水質分析結果より各成分が良好に嫌気性消化槽内で分解されていることがわかった。今後は, 嫌気性消化槽内の汚泥に関して, 定量 PCR や FISH を行い微生物群集構造解析を更に進めていく予定である。また, 高級脂肪酸の分解挙動についても解析を進めていく予定である。

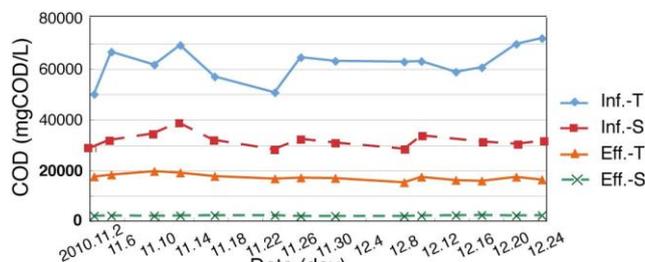


図 2 流入水と処理水の COD 経時変化

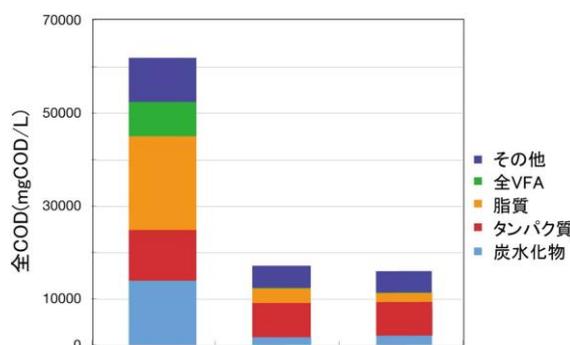


図 3 流入水と処理水と消化槽内の全 COD の内訳

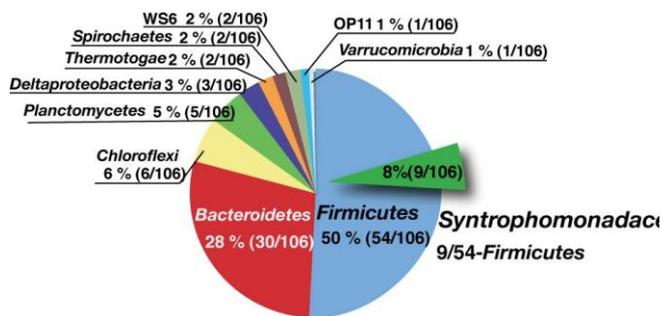


図 4 嫌気性消化槽内の *Bacteria* の微生物群集構造

謝辞

この研究は環境省の環境研究総合推進費 (S2-03) および科学技術振興機構の支援を受けた。ここに記して感謝いたします。

参考文献

1) Shirai et al.,(2003)Mitigation and Adaptation Strategies for Global Change,8 :237-252