

下水汚泥と稲わらの混合消化によるメタンガス回収と微生物叢の変化

金沢大学大学院 学生会員 ○大月紳司・西田裕之・中出貴大

金沢大学理工研究域 正会員 池本良子・中木原江利

石川工業高等専門学校 正会員 高野典礼

1. はじめに

近年、エネルギー問題や地球温暖化問題の解決のために、バイオマスの有効活用が求められているが、植物系バイオマスである稲わらはバイオマスとしての利用率が低だけでなく、農地への鋤きこみによって大気中にメタンを放出する危険性が高いことが指摘されている。そこで稲わらを下水処理場へ集約して混合メタン発酵を行うことによって、農地からの温暖化ガス排出抑制とバイオガス生成量増大が期待できる。しかし、稲わらの成分はヘミセルロースやリグニンによって強固な組織を形成しており、微生物分解性が悪いために、前処理が必要である。筆者らは、前処理方法として膨張軟化処理を取り上げ、回分試験によりその有効性を示した。本研究では、下水汚泥と稲わらの混合消化によるメタンガス回収と、微生物叢の変化について連続実験により検討した。

2. 下水汚泥と稲わらの連続式嫌気性消化実験

2-1. 実験方法

実験装置には図 1 に示す容量 1000mL のセパラブルフラスコに金沢市城北水質管理センターで採取した消化汚泥 1000mL と石川県産の稲わらを混合し投入した。

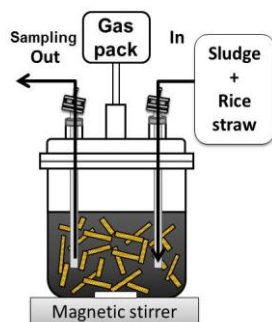


図 1 実験装置

(図 2) SRT が 25 日になるように、1 日に 1 回装置内の消化汚泥を引き抜き、基質として同処理場の生汚泥と稲わらの混合物を表 1 の条件で投入した。装置は 35℃の恒温室内に設置し、マグネチックスターラーで常時攪拌を行った。原則として週 1 回ガス発生量を測定するとともに汚泥の性状について分析を行った。また反応に関与している微生物相を解析するために、各装置内の汚泥から抽出した DNA を用いて、古細菌及び真正細菌の 16S

rRNA 遺伝子を標的とした PCR-DGGE 法を行った。



図 2 実験に使用した稲わら
(左:カット 右:膨張軟化処理)

表 1 実験条件

実験系列	生汚泥 TS (g/L)	生汚泥と稲わ らの混合比	稲わらの 前処理
Run 1	25	1 : 0.25	膨張軟化 処理
Run 2		1 : 0.5	
Run 3		1 : 1	
Run 4	30	1 : 0	—
Run 5		1 : 0.5	破碎(1cm)
Run 6		1 : 0.5	膨張軟化

2-2. 実験結果及び考察

(1) 稲わら添加量の影響

図 3 に Run 1～3 における累積ガス発生量を示す。Run 1, 2 では 30 日目以降から安定したガス生成が進行し、メタン濃度も 60%程度であったことから、良好なメタン発酵が進行したと考えられる。しかし Run 3 では 15 日目以降からガス生成の抑制がみられ、pH の低下と 4000mg/L 程度の DOC も検出されたことから、稲わらの過剰添加により、酸生成が優先化したものと考えられる。以上のことから、稲わらの混合比は汚泥に対し 0.5 (TS 比) 以下が適切と判断した。

(2) 稲わらとの混合消化による影響

Run 5, 6 では運転中期に有機酸蓄積による pH 低下がみられたが、60 日目以降から回復し、安定したメタン発酵が進行した。60 日目以降のデータから算

キーワード 嫌気性消化, 稲わら, メタン発酵, 膨張軟化

連絡先 〒920-1192 石川県金沢市角間町 金沢大学理工研究域 TEL076-234-4641

出したバイオガス及び脱離液の性状を表 2 にまとめる. 汚泥のみの Run 4 に対し, 稲わらを投入した Run 5, 6 ではガス発生量が顕著に増加していることが確認できる. また破碎のみの Run 5 では, 稲わらからのメタンガス発生量が 0.18 (L/g) に対して, 膨張軟化処理を行った Run 6 では 0.26 (L/g) と, Run 5 に対して約 1.4 倍に増加した. 回分実験で得られた稲わら 1 g からのメタンガス発生量は, 未処理で 0.17 (L/g), 膨張軟化処理で 0.26 (L/g) であり, ほぼ一致した.

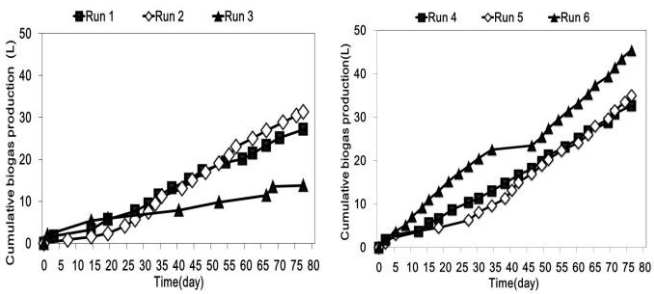


図 3 各系列のガス発生総量の経日変化
(左: Run 1~3 右: Run 4~6)

表 2 60 日目以降のバイオガス, 脱離液の性状

実験系列	Run 1	Run 2	Run 3	Run 4	Run 5	Run 6
ガス発生量(L)	7.0	8.3	4.0	9.6	12.7	14.0
pH	7.03	7.13	6.28	7.21	7.34	7.36
TS除去率(%)	51.9	51.4	22.1	58.9	51.3	55.0
VS/TS	0.94	0.92	0.89	0.80	0.78	0.75
脱離液のDOC(mg/L)	231.2	350.5	3825	59.3	342.3	214.7

※ガス発生量以外は60日目以降の平均値

(3) 装置内の微生物叢

図 4 に Run 1~3 における古細菌, 真正細菌の 16S rRNA 遺伝子を標的とした DGGE の電気泳動写真を, 表 3 に, 特徴的なバンドを切り出して行った系統解析結果を示す. メタン発酵が順調に進行した Run 1, 2 における古細菌の電気泳動写真では, 75 日目に *Methanosarcina* 属のみが同位置に検出された. また酸生成が優占化した Run 3 では, pH が低いところで検出される *Methanosarcina barkeri* の近縁種が検出された. 一方, 真正細菌ではいずれの系列でも, 日数の経過とともに, バンドパターンが多様化していることがわかる. これらの結果より稲わらの投入によっ

て, 真正細菌の多様性が増したものと推定できる.

今後は Run 4-6 の微生物解析を進めていく予定である.

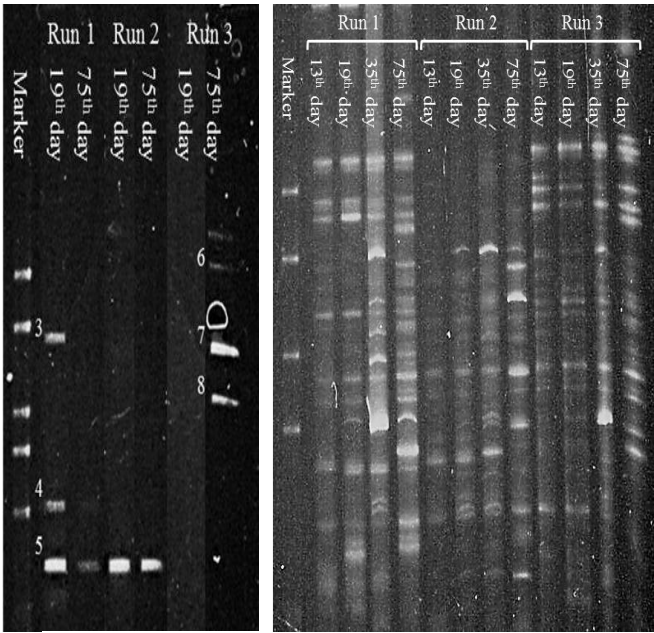


図 4 Run 1~3 における 16S rRNA 遺伝子を
標的とした DGGE の電気泳動写真
(左: 古細菌, 右: 真正細菌)

表 3 Run1~3 における古細菌の系統解析結果

Band No.	species	Accession No.	Identity (%)
19th day			
75th day			
Run 1	3	<i>anaerobic methanogenic archaeon</i>	AJ244305 97.4
	4	<i>Methanomicrobiaceae archaeon</i>	GU129104 95.7
	5	<i>Methanosarcina</i> sp.	AB300208 95.4
Run 2	5	<i>Methanosarcina</i> sp.	AB300208 97.3
Run 3	6	<i>Methanosarcina barkeri</i>	AF028692 94.5
	7	<i>Methanosarcina barkeri</i>	AT196682 97.7
	8	<i>Methanosarcina barkeri</i> str. Fusaro	CP000099 96.3

3. まとめ

下水汚泥と稲わらの連続式嫌気性消化実験を行い, 稲わらの添加量, 稲わらとの混合消化による影響を検討した. その結果, 混合比を TS 比 0.5 以下にすることで安定したメタン発酵ができ, 汚泥と稲わらの混合消化・膨張軟化処理を行うことでメタンガス生成量や分解性が向上し, 嫌気性消化が促進されることが明らかとなった. また微生物叢の解析を行った結果, 古細菌の多様性は減少し, 真正細菌の多様性が増すことが示された.