

UASB リアクターを用いたメタノール系廃水の処理における COD/SO₄²⁻比が微生物群集構造に及ぼす影響の評価

東北大学大学院工学研究科 学生会員 ○倪 嘉苓
東北大学大学院工学研究科 非会員 陸 雪琴
東北大学大学院工学研究科 正会員 久保田 健吾
東北大学大学院環境科学研究科 非会員 島田 祐輔
東北大学大学院工学研究科 正会員 李 玉友

1. はじめに

化石燃料の使用を抑えるため、廃水からのバイオエネルギーの回収は重要であり、嫌気性廃水処理はその中核技術となり得る。様々な廃水のうち、製紙産業廃水の中にはメタノールと硫酸塩濃度が高いものがある。廃水処理の効率上げるために、我々の研究グループでは、UASB リアクターによるメタノールおよび硫酸塩含有廃水処理プロセスの開発を行ってきた。本研究では、そのプロセス開発過程において異なる条件下で採取した UASB 汚泥を、16S rRNA 遺伝子のアンプリコンシーケンシングにより解析し、メタノール系廃水の COD 負荷および COD/SO₄²⁻比が微生物群集構造に及ぼす影響を調べた。

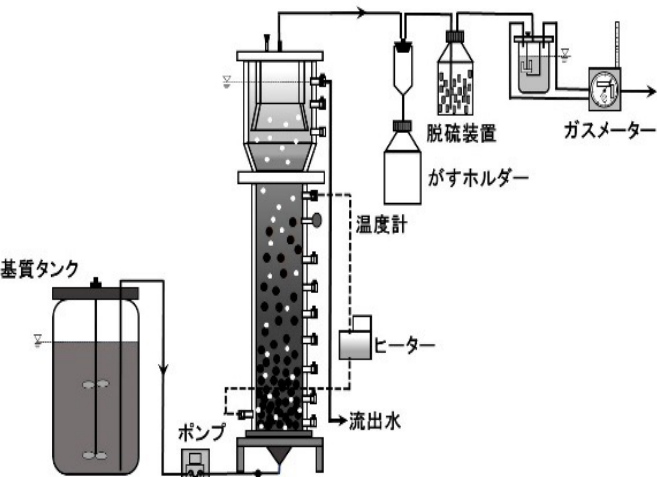


図 1. 実験のリアクター

2. 実験方法

図 1 は実験のリアクターを示す。UASB リアクターは、フェーズ 1 においては COD/SO₄²⁻比を 20 に固定して、COD 濃度を 3,000 mg/L から 15,000 mg/L まで段階的に上昇させた。フェーズ 2 では、COD 濃度は 3,000

表 1. 実験条件とサンプリングの条件

Sample	seed	153	178	231	296	326	339	395	426	454	488	537
HRT (h)						6						
COD (mg/L)		3000	6000	15000	15000				3000			
COD/SO ₄ ²⁻				20		20	10	5	3	2	1	0.5
phase 1						phase 2						

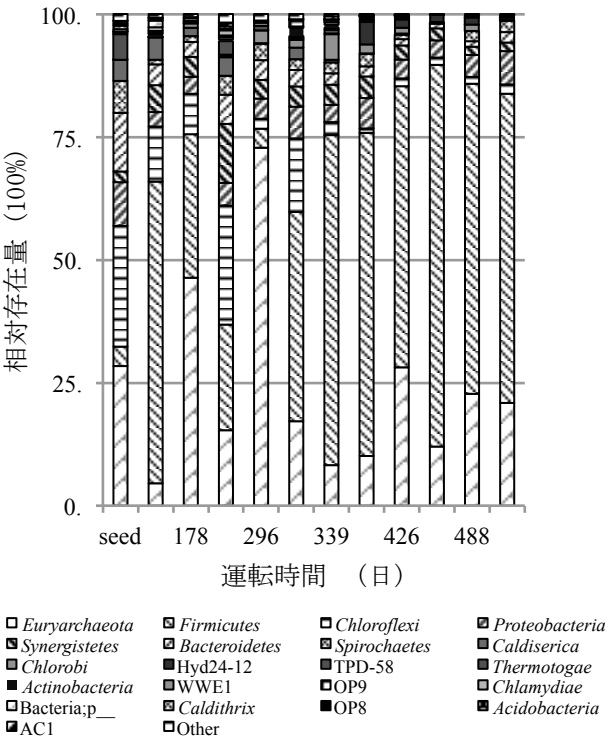


図 2. 門レベルで各サンプルの微生物の相対存在率

mg/L に固定して、COD/SO₄²⁻比を 20 から 0.5 まで段階的に減少させた。表 1 は実験条件を示す。汚泥の採取は、フェーズ 1 においては、COD 濃度が 3,000 mg/L (153 日目)、6,000 mg/L (178 日目) および 15,000 mg/L (231 日目および 296 日目[栄養塩濃度調整後]) の時に行い、フェーズ 2 においては、COD/SO₄²⁻比が 20 (326 日目)、10 (339 日目)、5 (395 日目)、3 (426 日目)、2 (454

キーワード メタノール廃水、UASB 処理、16S rRNA 遺伝子、パイロシーケンシング、硫酸還元菌

連絡先 〒980-8579 仙台市青葉区荒字青葉 6-6-06 東北大学工学研究科土木工学専攻環境保全工学研究室

TEL: 022-795-3102 Email: jialing@dc.tohoku.ac.jp

日目)、1 (488 日目)、0.5 (537 日目) の時に行った。各条件で採取した計 12 サンプルから DNA を抽出し、341f-806r プライマーセットで 16S rRNA 遺伝子の V3-V4 領域を増幅し、パイロシーケンシングに供した。得られたシーケンスデータは QIIME により解析した。

3. 実験結果

3.1 COD 濃度の影響

フェーズ 1 において、COD 濃度が 3,000 mg/L と 6,000 mg/L の時の COD 除去率は 90%以上であった。COD 濃度が 15,000 mg/L になると COD 除去率は 80%程度まで低下した。そこで流水中の栄養塩濃度を調整し、再度 COD 濃度を 15,000 mg/L まで上げたところ、COD 除去率は 90%以上となった。

各サンプルのシーケンスリード数は 2,475 から 6,158 までで、リアクター内の主要微生物群を明らかにするのに十分であると考えられる。図 2 は門レベルで各サンプルの微生物の相対存在率を示す。存在率が 0.5%未満の門は Other にまとめた。また、図 3 は主座標分析を示す。これらの結果は、COD 濃度やプロセスパフォーマンスによって、微生物群集構造が大きく変化していることを示していた。より詳細に見ると、メタノール資化性の *Methanomethylovorans* に近縁なシーケンスが、153 日目サンプルの 0.4%から 178 日の 42.7%に増加したが、処理が不安定になった 231 日には 5.2%にまで減少した。しかし、処理が安定した 296 日目には 72.1%まで増加した。一方、酢酸資化性の *Methanosaeta* は、153 日目には 2.9%であったが、178 日目には 2.8%、231 日目には 5.1%、296 日目には 0.7%と推移した。このことは、供給 COD 濃度およびプロセスの状態によって、酢酸を経由したメタノールの分解が行われている可能性を示唆している。

3.2 COD/SO₄²⁻の比の影響

フェーズ 2 においては、COD/SO₄²⁻比を 20 から 0.5 まで減少された時、COD の除去率はほぼ 90%以上に維持した。硫酸塩濃度に関わらず *Firmicutes* の相対存在率が最も大きかった (図 2)。*Euryarchaeota* の相対存在率は 10%から 30%までの間に変動した。硫酸塩濃度が低い時には、*Methanosaeta* が主要な *Archaea* であったが、COD/SO₄²⁻比が 5 以下になった 395 日目以降のサンプルにおいては、*Methanomethylovorans* が主要な

Archaea となった。

Desulfovibrionales と *Syntrophobacteriales* は *Proteobacteria* の中一番主要な硫酸還元菌群として検出された。326 日目、339 日目、395 日目、426 日目、454 日目、488 日目、537 日目における *Desulfovibrionales* の相対存在率は 0、0.3、2.7、1.4、0.9、2.0、3.7%であり、*Syntrophobacteriales* は、2.9、2.9、3.0、1.9、1.0、0.6、1.2%であり、それぞれのグループの硫酸塩濃度による変遷が見られた。より詳細に見ると、*Desulfomicrobiaceae*、*Syntrophaceae*、*Syntrophorhabdaceae*、*Syntrophobacteraceae* この四つの硫酸還元菌が存在する科を検出した (図 4)。硫酸塩濃度が上げされると共に、*Syntrophobacteraceae* の濃度が 2.57%から 0.20%まで低下した。

上記の様な変化は様々な OTU レベルで見られるが、主座標分析の結果は、硫酸塩濃度による群集構造の変化は、COD 濃度の変化に比べ小さいということを示唆していた。

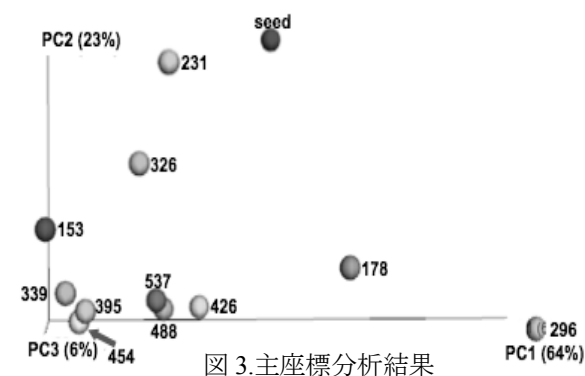


図 3.主座標分析結果

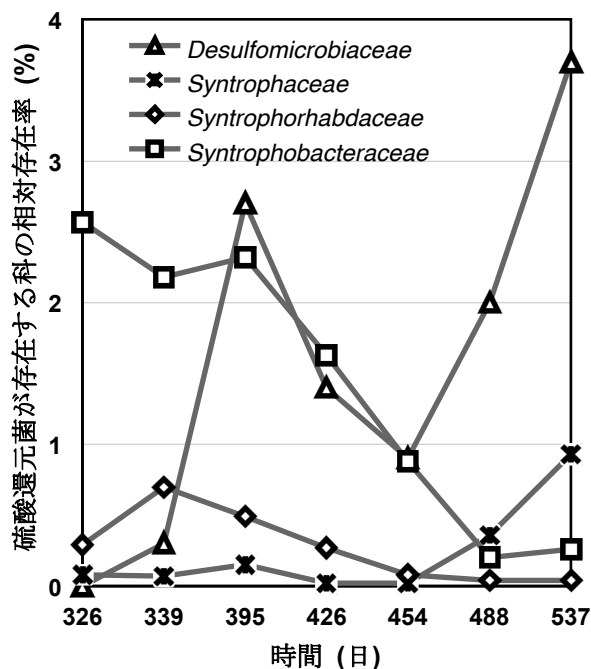


図 4. 硫酸還元菌が存在する科の相対存在率