

VII-33

ジャガイモの水素・メタン発酵

東北大学大学院工学研究科 学生会員 ○大羽美香
 東北大学大学院工学研究科 正会員 李玉友
 日本大学大学院総合科学研究科 フェロー 野池達也

1. はじめに

食品廃棄物の処理の現状は、焼却・埋立処分が 90%，再利用はわずか 10%程度であり，その大半は堆肥化・飼料化である．さらなる再利用の推進に向けての有用な技術としてメタン発酵によるエネルギー回収が注目されている．本研究では，ジャガイモ加工廃棄物を対象とし，二相循環式水素・メタン発酵システムを採用し，連続運転を行った．また，PCR-DGGE 法を用いて反応槽内の微生物の群集構造解析を行った．

2. 実験材料および方法

2. 1 実験材料

原料のジャガイモはフードプロセッサーで破碎し，ペースト化して用いた．実験装置の概略は図 1 に示すとおりである．装置は混合槽，高温酸発酵槽（55℃，有効容積 3L）および中温メタン発酵槽（36℃，有効容積 12L）からなる．反応槽の運転条件は表 1 に示す通りであり，プロセス全体の HRT は 56 日，30 日，20 日および 15 日と変化させてそれぞれ，47 日間，92 日間，126 日間および 9 日間の連続運転を行った．

2. 2 実験方法

バイオガス生成量は湿式ガスメーターにより計量した．生成ガスの割合は TCD・ガスクロマトグラフで測定した．PCR-DGGE 法を用いた微生物の群集構造解析は，抽出した DNA を鋳型とし，真正細菌は 16S rDNA の V3 領域をプライマー（357fGC-518r）を用いて PCR により増幅した．古細菌のプライマーは ARC357fGC-ARC691 を使用した．PCR 増幅産物を変性剤濃度勾配ゲルによって電気泳動を行った．

3. 実験結果

3. 1 バイオガス生成速度と各ガス組成

表 2 にプロセス全体の HRT20 日のバイオガス生成速度と各ガス組成を示す．高温酸発酵槽において，バイオガス生成速度は，約 8.0L/L/d であり，水素ガスの組成は 44.6%であり，メタンガスは検出されなかった．中温メタン発酵槽のバイオガス生成速度は約 5.6L/L/d であり，メタンガスの組成は 57.5%であった．これより，本プロセスにおいて水素生成とメタン生成を完全に分離することが可能であることが

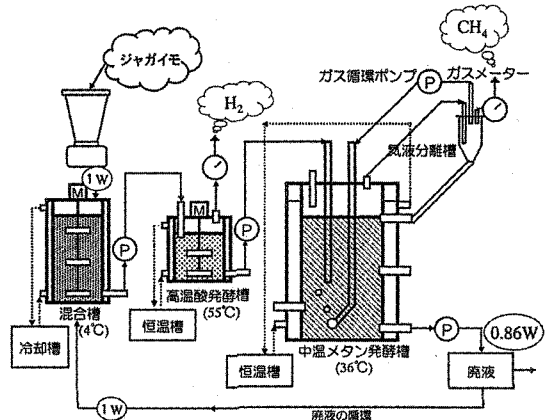


図 1 反応槽の概略図

表 1 反応槽の運転条件

全体のHRT	56日	30日	20日	15日
運転期間	47日間	92日間	126日間	9日間
CODcr負荷	4.0 g/kg/d	8.1 g/kg/d	11.5 g/kg/d	14.6 g/kg/d
温度	高温酸発酵槽; 55℃, 中温メタン発酵槽; 36℃			
有効容積	高温酸発酵槽; 3L, 中温メタン発酵槽; 12L			
pH	制御なし			
微量元素	Fe, Co, Ni等の添加なし			
	廃液循環型...水道水による希釈なし			

表 2 バイオガス生成速度とガス組成
（全体の HRT20 日）

	高温酸発酵槽	中温メタン発酵槽
バイオガス生成速度 (L/L/d)	8.0	5.6
ガス組成 (%)	CH ₄	0.0
	CO ₂	51.7
	H ₂	44.6
	N ₂	2.4

示唆された。

3. 2 COD 物質収支

プロセス全体のHRT20日のCOD物質収支を図2に示す。高温酸発酵槽ではCOD成分の5.3%が水素ガス、中温メタン発酵槽では80.6%がメタンガスに転換された。

3. 3 反応槽内の微生物

運転時の二相循環式プロセスの各反応槽（全体のHRTが20日のときの混合タンク、高温酸発酵槽および中温メタン発酵槽）を比較した真正細菌および古細菌のDGGEバンドプロファイルである。真正細菌において、異なる反応槽における微生物の変化は、共通したバンドがいくつか出現した。このことは、本研究で用いたプロセスが廃液循環型であることから、いくつかの細菌が返送され、それぞれの反応槽内に定着したことを示している。古細菌においては、共通のバンドパターンであり、シーケンスの結果、バンドAは*Methanosarcina siciliae*、バンドBは*Methanoculleus bourgensis*に近縁な種であった。

図4に本プロセスにおける代表的な微生物を示す。高温酸発酵槽では水素生成細菌の*T. thermosaccharolyticum*、*C. sporosphaeroides*に近縁な種が定着した。また、*Bacteroides*と*Flavobacterium*に近縁な種は高温酸発酵槽および中温メタン発酵槽から検出された。中温メタン発酵槽で検出された真正細菌は*Spirochete* sp.および*Capnocytophaga* sp.の近縁種であった。メタン生成を担う古細菌は*Methanosarcina siciliae*に近縁な種と*Methanoculleus bourgensis*に近縁な種が検出された。

4. 結論

- 1) HRT20日の高温酸発酵槽のバイオガス生成速度は、約8.0L/L・dで、水素ガスの組成は45%であった。中温メタン発酵槽のバイオガス生成速度は約5.6L/L・d、メタンガスの組成は58%であった。また、水素生成とメタン生成を完全に分離することが可能であることが示唆された。
- 2) PCR-DGGE法を用いた微生物群集構造の解析の結果、高温酸発酵槽の真正細菌において水素生成細菌に近縁な種のバンドが検出された。中温メタン発酵槽の古細菌は*Methanosarcina siciliae*に近縁な種と*Methanoculleus bourgensis*に近縁な種が検出された。

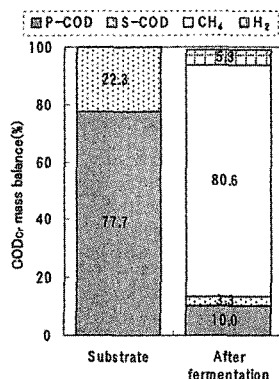


図2 物質収支

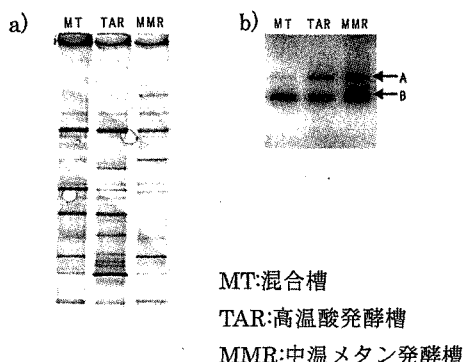


図3 DGGE プロファイル

a)真正細菌、b)古細菌

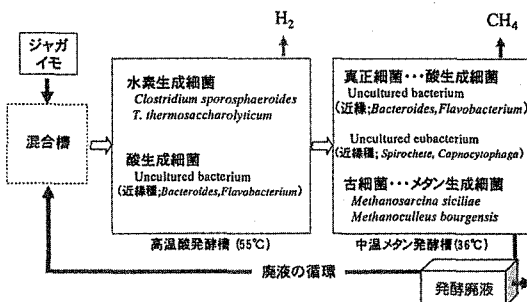


図4 本プロセスにおける代表的な微生物 (HRT20日)

5. 参考文献

- 1) 大羽美香, 李玉友, 野池達也(2005)水環境学会誌, Vol.28, No.10, pp.629-636.