

インドアグラ市に建設された実規模スケール下水処理 DHS リアクターの微生物群集構造

長岡技術科学大学 (学) ○野本 直樹、(正)幡本 将史、(正)山口 隆司
東北大学 Muntjeer Ali、(正)高橋 優信、(正)久保田 健吾、原田 秀樹
木更津高専 (正)大久保 努、(正)上村 繁樹、香川高専 (正)多川 正
新潟薬科大学 (正)井口 晃徳、インド工科大学 Komal Jayaswal

1. 背景および目的

地球温暖化対策について、開発途上国への技術支援の緊急性が、昨年末開催された COP21 において世界的に明示された。省エネルギー型の技術は、膨大な量の温室効果ガスを排出する下排水処理においても望まれている。本研究グループは、省エネルギー型、かつ今後発展が見込まれる開発途上国において適用可能な下水処理技術として DHS (Down-flow Hanging Sponge) リアクターを開発してきた。現在本研究グループは、開発途上国現地における DHS リアクターの適性を確認するため、インド アグラ市に実規模スケールリアクターを建設し、実証試験を行っている。これまで、実規模 DHS リアクター保持汚泥の微生物群集構造解析例は少なく、さらなる知見の収集が必要である。本研究では、実規模 DHS リアクターのスポンジ担体保持汚泥内の微生物群集構造を明らかにすることを目的として、16S rRNA 遺伝子を標的としてシーケンス解析を行った。さらに、これまで未知であった水平方向の微生物群集構造の違いについても明らかにした。

2. 実験方法

2-1 DHS リアクター

本試験に用いたリアクターの概略図を図 1 に示す。DHS リアクターは、アグラ市の下水処理場に建設し、既設の UASB (Up-flow Anaerobic Sludge Blanket) リアクターで前処理した下水をポストトリートメントとして処理した。DHS リアクターは直径 16 m、高さ 2.7 m の円筒型で、高さ方向に 4 段区切られている。これに汚泥保持のためのスポンジ担体を 187m³ (スポンジ部の有効容積) 充填した。処理流量は 5000 m³/d とした。

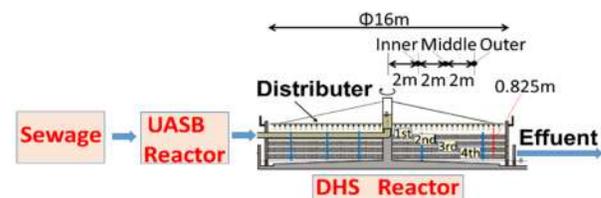


図 1 リアクター概要図

2-2 保持汚泥サンプル

スポンジ保持汚泥担体試料は、リアクター水平方向に中心より 2 m 毎に 3 地点、高さ方向 4 段、計 12 か所より採取した。試料採取は運転開始後 276 日目に行った。スポンジ採取直近 (277 日目) の水質を表 1 に示す。汚泥は各ポートのスポンジ担体 3 個ずつから搾取し、供試汚泥試料とした。

表 1 DHS 流入水と処理水の水質

		流入水	処理水
温度	(°C)	25.4	24.0
DO	(mg/L)	0.07	3.90
CODcr	(mg/L)	285	113
NH ₄ ⁺ -N	(mg-N/L)	35	25
NO ₃ ⁻ -N	(mg-N/L)	2.4	10.0

2-3 微生物群集構造解析

スポンジ担体から採取した汚泥は、基質洗浄の後、FastDNA Spin Kit for Soil (MP Biomedicals) を用いて DNA 抽出を行った。16S rRNA 遺伝子を標的とした PCR 反応は、Univ515F-Univ806F のプライマーセットを用い、既報¹⁾に基き行った。PCR 産物は QIAquick PCR Purification Kit (QIAGEN) を用いて精製した。超並列シーケンシングには MiSeq reagent Kit v2 (illumina) を用い、MiSeq (illumina) シーケンサーを用いて解析した。得られた 16S rRNA 遺伝子配列のデータ解析には Quantitative Insight Into Microbial Ecology (QIIME) のパイプラインを用い、詳細設定は既報¹⁾に従った。

キーワード Down-flow Hanging Sponge (DHS)、微生物群集構造、下水処理、開発途上国

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 水圏土壌研究室 TEL:0258-47-9642

3. 実験結果および考察

12 種類の汚泥試料に対し 16S rRNA 遺伝子を対象とした超並列シーケンス解析を行った結果、各試料あたり約 14000~67000 リードの 16S rRNA 遺伝子配列を得た。各サンプリングポートの Bacteria の門、綱レベルの検出頻度および OTUs (Operational Taxonomic Unit) を図 2 に示す。OTUs は、得られた 16S rRNA 遺伝子配列を無作為に 10000 リード抽出し、相同性 97%以上を同一グループと設定した。Proteobacteria 門がいずれのサンプルにおいても全リード数の約半分を占めており、その他では Actinobacteria 門、Bacteroides 門、Firmicutes 門等が検出された。OTUs については、2nd-Outer ポートが高い値を示したが、その他は約 830~1270 であった。また、微生物の多様性については、1st、2nd レイヤー等上層と比較し、3rd、4th レイヤー等下層の方が全体的に高めの傾向があることが示唆された (データ非表示)。

続いて、分類された種の内訳を属レベルで確認した所、1st レイヤーでは、Thiothrix 属に近縁な種が水平方向いずれのポートにおいても最も検出頻度が高く、Inner 12.4%、Middle 33.1%、Outer 18.1%の頻度で検出された。また、垂直方向では Inner のみ Thiothrix 属に近縁な種が 4th レイヤーまで高い検出頻度を示したのに対し、Middle、Outer においては下層ではその存在比が減少していたことから、水平方向で分布が異なることが明らかとなった。一方で、1st レイヤーにおいて Thiothrix 属の次に検出されたのは、硫酸還元能力を有する Desulfobulbaceae 科に近縁な種で、それぞれのポートにおいて Inner 1.1%、Middle 16.1%、Outer 17.8%の頻度で見られた。この結果より、最上段、とりわけ Middle、Outer ポートでは硫黄酸化と硫酸還元が競合していたと考えられる。

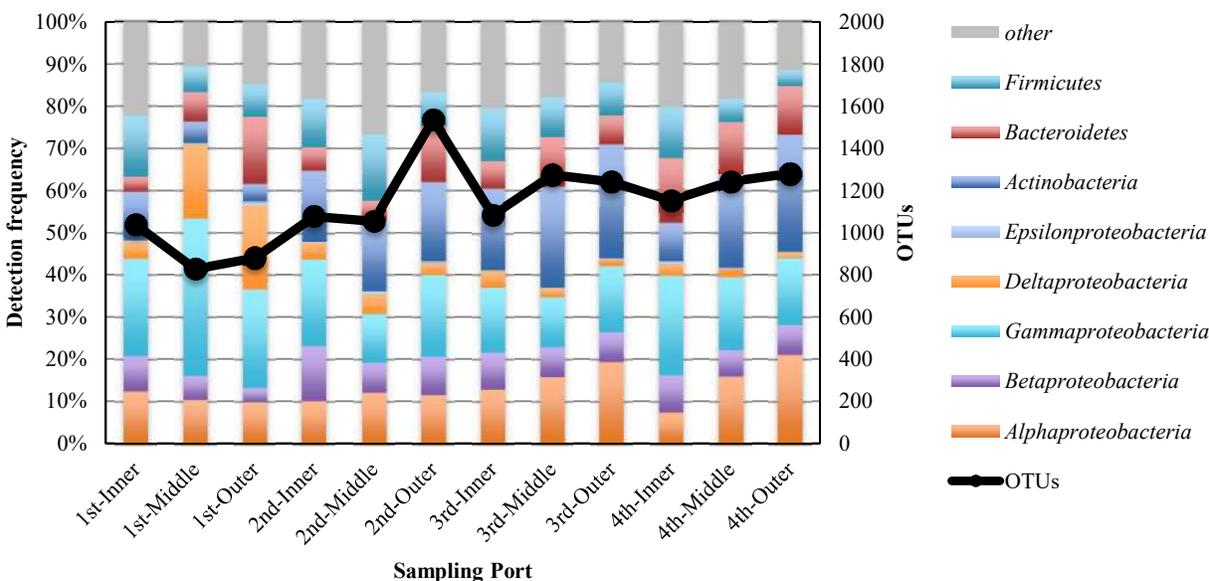


図 2 DHS リアクター内各ポート担体保持汚泥内における、綱レベルの細菌の検出頻度および OTUs

4. 今後の展望

今後は、季節毎および長期運転時の微生物群集構造の変化を観測し、水質プロファイルと比較考察する等により、実規模 DHS リアクターの反応機構とその特徴を明らかにしていく。

謝辞

本研究は、JST-JICA 地球規模課題対応国際科学技術協力事業「エネルギー最小消費型の下水処理技術の開発」から支援を受けて遂行しました。ここに記して感謝申し上げます。

参考文献

- 1) 黒田ら (2014) 土木学会論文集 G, vol. 70, No.3, pp.42-52