

## 下水汚泥の堆肥化過程における微生物資材の添加効果および細菌群集構造の解析

## Effect of a microbial material and analysis of bacterial community structures

## on the process of sewage sludge composting

○江口雅昭<sup>1)</sup>・岩田文子<sup>2)</sup>・田口陽介<sup>3)</sup>・二宮善彦<sup>3)</sup>上野薫<sup>2)</sup>・浜辺久<sup>4)</sup>・澤井正和<sup>4)</sup>Masaaki Eguchi<sup>1)</sup>・Humiko Iwata<sup>2)</sup>・Yousuke Taguchi<sup>3)</sup>・Yoshihiko Ninomiya<sup>3)</sup>Kaoru Ueno<sup>2)</sup>・Hisashi Hamabe<sup>4)</sup>・Masakazu Sawai<sup>4)</sup>

## 1. はじめに

下水処理における活性汚泥法では、余剰汚泥が産業廃棄物として排出される。演者らはこの余剰汚泥の堆肥化過程で生じる発酵熱を利用して省エネルギー的に乾燥・炭化した炭化汚泥の有効利用を目指している。本報では、より省エネルギーな下水汚泥の乾燥・堆肥化を目的に、下水汚泥に市販の微生物資材を添加して好氣的に連続攪拌させ、堆肥化および高温化促進の可能性とその背景となる細菌群の把握を行った。

## 2. 材料と方法

下水汚泥由来の堆肥が混合した汚泥約 7.5kg をコンポストボックス (ZEROBOX, (株) ランド・エコ) にて攪拌, 堆肥化を試みた。微生物資材として、「自然の恵み」((株) エムスタイル) を約 15g 添加した。添加区と無添加区を設定し, 添加区では5日目より連続攪拌を開始し, 無添加区では投入日より連続攪拌を開始した。毎日 11 時, 15 時, 19 時にて汚泥の上層, 中層, 下層の温度を測定し (TM-300 THERMOMETER, アズワン), 約 30g を採取した。攪拌中の汚泥は, 含水比が約 53~60%になるように水管理を行った。採取後に強熱減量 (FO610, ヤマト科学) を測定し, 温度と強熱減量の状況を参考に, 実験開始 (初期), 40°C以上到達開始時 (中期 1), 中期 1 から強熱減量停滞までの最高温度 (中期 2), 強熱減量停滞 (後期 1), 強熱減量停滞かつ温度低下 (後期 2) の 4 点について, 硝化細菌数 (硝化細菌測定キット, (株) ヤク

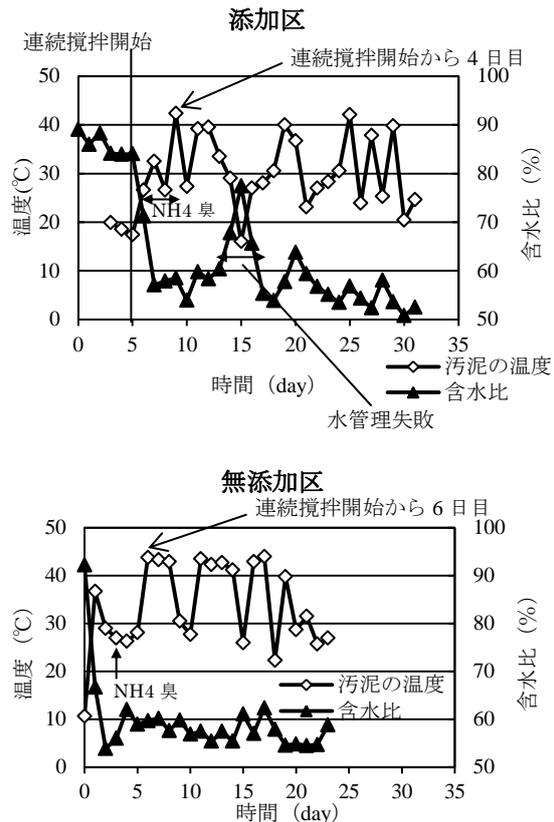


図1. 汚泥の温度と含水比 (19 時, 下層)

ルト本社) と細菌群集構造 (PCR-DGGE 法, 真正細菌 16S rRNA 遺伝子の V6-8 可変領域を標的, プライマー: F984GC, R1378, アクリルアミドゲル濃度 6%, 変性剤濃度勾配 50%~70%, 泳動温度 58°C, 泳動時間 18 時間) を把握した。

## 3. 結果と考察

汚泥温度が 40°C以上を初めて越えたのは, 添加区では攪拌開始から 4 日目, 無添加区では 6 日目であり, 添加区の方が早く高温化した (図 1)。添加区では, アンモニア臭の確認期間が長

<sup>1)</sup>中部大学大学院応用生物学研究科, Graduate School of Bioscience and Biotechnology, Chubu University, <sup>2)</sup>中部大学応用生物学部, College of Bioscience and Biotechnology, Chubu University, <sup>3)</sup>中部大学工学部, College of Engineering, Chubu University, <sup>4)</sup>(株)オオブユニティ, Obu Unity Co., Ltd  
キーワード: 汚泥, 堆肥, 発酵

く、臭気も強かったことから、添加区で初期発酵が活発であったことが示唆された。

強熱減量の停滞は、添加区では攪拌開始から14日目、無添加区では15日目であり、強熱減量の減少量は添加区で約1.4%多かった(図2)。このことから、添加区で有機物分解が活発であったことが推察された。また、添加区では、連続攪拌開始前に強熱減量の低下が確認されており、添加資材内に易分解性有機物を分解する微生物が存在していたと推察された。

硝化細菌数をみると、添加区にて *Nitrosomonas* 属と *Nitrobacter* 属が増加し、有機物分解の停滞に伴い減少していた。無添加区では、*Nitrosomonas* 属と *Nitrobacter* 属の増加は認められず、*Nitrospira* 属が後半に増加していた。このことから、両区では活性化する硝化細菌の種が異なることが示され、添加区ではアンモニア酸化細菌と亜硝酸酸化細菌の両方の活性があることが確認された。

細菌群集構造解析の結果を図3に示す。添加区では、時間の経過に伴いバンドが濃くなり、微生物量が増加した。無添加区では、後期1以降はバンドが薄くなり、微生物量は減少した。特徴的なバンドとしては、下水汚泥由来(A)、堆肥化汚泥由来(B, C)、添加資材由来(D)、堆肥化汚泥と添加資材両方由来(E)が得られた。添加区の実験初期のみ出現したバンド(F)は、強熱減量の結果から易分解性有機物の分解に関与していると推察された。添加区にて前半に濃く、後半に薄くなるバンド(G)は、上述した硝化細菌(*Nitrosomonas* 属または *Nitrobacter* 属)と推察された。さらに中期1に増殖したCとHは、発熱に関与していると考えられた。

#### 4. おわりに

本実験で使用した微生物資材は、下水汚泥の堆肥化過程において、初期の有機物分解および硝化反応を促進し、有機物分解と高温化を早め

る効果が確認された。発熱に関与したと思われる微生物のバンドパターンを把握することができたので、これらの特徴的な微生物の種同定を行い、汚泥の堆肥化・高温化に有益な微生物を特定することが今後の課題である。

謝辞：本研究にて使用した微生物資材は(株)エムスタイルに提供していただいた。記して御礼申し上げる。

なお、本研究はNEDO「水処理汚泥を利用した水処理省エネルギー利用技術の研究開発」の一部として実施された。

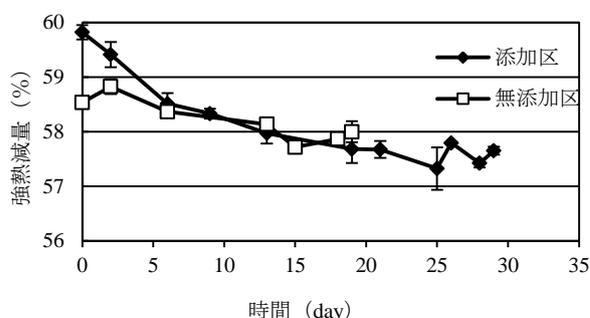


図2. 強熱減量の変化

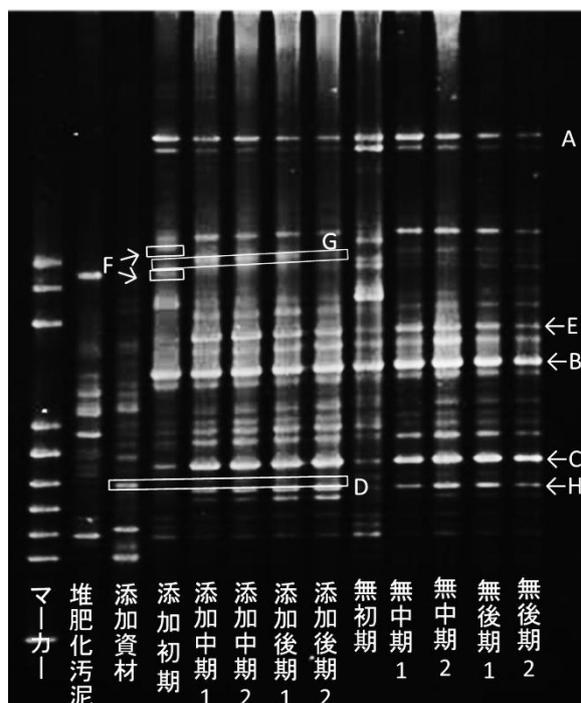


図3. 細菌群集構造