〈特集〉

都市下水を処理する膜分離活性汚泥法の細菌叢構造

惣田 訓1.2),高田 一輝1),橋本 くるみ1.3),池 道彦1)

¹⁾大阪大学大学院工学研究科(〒 565-0871 大阪府吹田市山田丘 2-1) ²⁾(現所属)立命館大学理工学部 (〒 525-8577 滋賀県草津市野路東 1-1-1 E-mail: soda@fc.ritsumei.ac.jp ³⁾(現所属)広島大学環境安全センター

(〒739-8513 広島県東広島市鏡山1-5-3)

概要

三宝下水処理場に導入された膜分離活性汚泥法(MBR)の細菌叢を Terminal Restriction Fragment Length Polymorphism 解析によって調査した。MBRの活性汚泥には、標準活性汚泥法と は異なる優占種が出現し、細菌叢は大きく変化し続けた。ファウリングが進行した分離膜上の生物 膜には、活性汚泥とはさらに異なる細菌叢が形成され、膜間差圧や生物膜中の鉄や腐植の含有量と 相関を示す細菌の存在が示唆された。

キーワード: 膜分離活性汚泥法,ファウリング,T-RFLP 原稿受付 2017.12.14

EICA: 22(4) 41-45

1. はじめに

膜分離活性汚泥法 (Membrane Bio-Reactor: MBR) は, 最終沈殿池の代わりに膜分離を用いるため,固液分離 障害がなく,省スペースで清澄な処理水を得ることが できる利点を有しており,都市下水処理への適用例が 増加している^{1,2)}。一方,ファウリング(膜閉塞)が 生じてしまった場合,薬液を用いた逆洗浄が必要であ り,その防止策として膜表面の剪断力を高めるために 大量曝気をしなくてはならない課題も抱えている。

活性汚泥法の汚水処理能力は、微生物の中でも細菌 の特性に大きく依存している。最終沈殿池を有する標 準活性汚泥法とその変法(従来法)では、沈降性が高 い微生物を反応槽に選択的に返送している。MBRで は、すべての微生物が沈降性とは関わりなく膜分離さ れるため、固液分離による選択圧がない。従来法に比 べて汚泥滞留時間(sludge retention time, SRT)が長くな り、増殖速度の遅い微生物も生残できるようになる。 微生物濃度が高く維持され、溶存酸素濃度も高く、低 BOD-SS 負荷となることから、汚泥の自己分解も進 み、貧栄養条件に適応できる微生物に有利な環境とな る。そのため、MBR には従来法とは異なる微生物叢 が形成されることが考えられる。

一方, MBR のファウリングの原因物質は, 流入水 中の有機物(多糖類, タンパク質, 腐植物質) や無機 物(CaCO₃, SiO₂, Fe(OH)₃)であり, 細胞外高分子 物質 (extracellular polymeric substances, EPS) や溶存態代謝 産物 (soluble microbial products, SPM)を生産する細菌に 由来する場合もある。分離膜上に生物膜が形成される と膜間差圧が急上昇するため、その対策には、バイオ ファウリングに関与する微生物に関する知見が必要で ある。

しかし,実規模の MBR の微生物学的な研究例は少 ない^{1,2)}。我々の研究チームでは,真正細菌の 16S rRNA 遺伝子の T-RFLP (Terminal Restriction Fragment Length Polymorphism)³⁾ によって,MBR を用いている国内 12ヶ所の下水処理場の活性汚泥の 細菌叢が,従来法のものとは大きく異なることを明ら かにしてきた²⁾。ここでは,大阪府堺市の三宝下水処 理場(現在は三宝水再生センター)に導入された MBR の細菌叢の調査結果^{4,5)}を紹介する。

なお, T-RFLP は末端蛍光標識したプライマー セットで鋳型 DNA を PCR 増幅し,制限酵素による 消化後,その断片を解析する方法である³⁾。適切な制 限酵素を選択すれば,細菌の種類によって異なる長さ の断片 (T-RF)がエレクトロフェログラムに現われ る。細菌の属種までは正確にはわからないが,そのプ ロファイル (T-RF の長さと数,蛍光強度)によって, 細菌叢構造を大まかに把握できるフィンガープリン ティング解析の一つである。T-RF プロファイルから, その類似度に基づいて試料を分類するクラスター解析 や,主成分を抽出し,より低次元にて試料を序列化す る主成分分析が行われることも多い。

2. MBR の活性汚泥細菌叢⁴⁾

高速道路の建設に伴う水処理施設の移転に伴い,三 宝下水処理場では、旧1系の標準活性汚泥法を改造し、 2011~2014年まで MBR を仮設備として導入した。 そのため、国内の他の MBR は処理量が数千 m³/日ま でであるのに対し¹⁾、三宝下水処理場の MBR は、日 最大 60,000 m³/日(計画日最大フラックス 0.58 m/ 日)もの下水を合流式で処理する特殊事例となった。

2011 年 3 月 6 日 (運転 0 日 目) から MBR は運転 された。標準法 7 系のうち, 5 系 (No. 1~5) が MBR9 系 (No. 1-1, No. 1-2, No. 2-1, No. 2-2, No. 3, No. 4-1, No. 4-2, No. 5-1, No. 5-2) に 改 修 さ れ た。 標準法の残りの 2 系 (No. 6, No. 7, 各曝気槽 3,200 m³, 最終沈殿池 1719 m³) では, 改修事業が終了する 7 月まで (121 日 目), MBR と並行して同じ下水を処 理する運転がなされた。

No.3 系以外の MBR 反応槽は,幅4.0 m×長さ99.7 m×有効水深4.0 m であり,窒素除去を目的として, 無酸素槽(323 m³),好気槽(472 m³),膜分離槽 (800 m³)で構成されていた。No.3 系は他よりも幅が 約1.2 倍大きかった。塩素化ポリエチレン製の浸漬型 平膜カートリッジ(0.8 m²/枚,公称孔径0.4 µm,(㈱ クボタ)が膜分離槽に設置され,膜分離槽から無酸素 槽へ硝化液が循環された。従来法の余剰汚泥が種汚泥 として MBR に導入され,汚泥(MLSS)濃度の調整 のために4月に生汚泥も導入されたが,3月21日からは通常の処理運転がなされた。

分離膜が 300 枚/膜ユニット×46 基が設置されてい た No. 2-1 系 MBR および No. 6 系標準法の活性汚泥 試料を解析対象とした。汚泥 (mixed liquor suspended solids, MLSS) 濃度は,標準法が 0.7~1.5 g/L 程度であっ たのに対し, MBR は 8~10 g/L に維持された。SRT は、標準法が約20日、MBRは約250日であった。 溶存酸素濃度は、標準法が1.5~3.0 mg/L であり、 MBR は大量曝気によって 1.9~9.9 mg/L と高かった。 また、日平均膜間差圧は 1.3~21.4 kPa を示し、次亜 塩素酸ナトリウム溶液によるインライン洗浄が約1か 月に1回実施された。標準法の溶存態有機炭素,全窒 素,ケルダール窒素の除去率は,それぞれ 68~82%, 48~69%, 53~84% であった。一方, MBR の溶存態 有機炭素,全窒素,ケルダール窒素の除去率は、それ ぞれ83%以上,65%以上,90%以上と良好であった。 なお、全リンの除去率は、MBR (30~80%) よりも 標準法(50~85%)のほうが良好であった。

MBR と標準法の活性汚泥の制限酵素 *Hha*I で消化 した T-RF プロファイルは,流入水のものと大きく 異なり,下水中の細菌群は,生物処理槽で生存しにく いことが示唆された。標準法からは 18~31 個, MBR



Fig. 1 Principal component scatter diagram based on the *Hha*I-digested T-RF profiles of the MBR and the conventional activated sludge (CAS) process. The number near the plot is the sampling date. Vectors of the correlation coefficients between the operational indicators and principal component scores are also shown.

からは 17~49 個の T-RF が検出され、そのプロファ イルの主成分分析の結果を Fig.1 に示す。主成分1 と主成分2の二次元空間において、プロファイルの類 似しているものは、近くにプロットされる。標準法の 活性汚泥では、202~203 bp の T-RF が 0~121 日目 まで優占し、類似したプロファイルが得られた。 β-Proteobacteria と推定されるこの T-RF は、従来法 を採用している大阪府内の他の処理場でも優占するこ とが報告されており²⁾、やはり最終沈殿池によって沈 降性が高い細菌が選択されることが、細菌叢の安定性 の理由と思われる。MBR の活性汚泥の細菌叢は、運 転45日目までは標準法のものと類似していた。しか し,73日目から大きく変化し,202~203 bpのT-RF は相対量が10%以下となり,499日目以降には Firmicutes と推定される 406~409 bp の T-RF が優 占し,700日が経過しても細菌叢は変化し続けた。処 理場の運転管理指標と第2主成分には強い相関が見い だせなかったが、第1主成分は、MLSS 濃度やアンモ ニア態窒素・全窒素の除去率と相関があった。標準法 に適応していた細菌叢に沈降性による選択圧がなくな り、長い SRT や硝化・脱窒の促進など、MBR の環 境条件が細菌叢を遷移させたと考えられる。

3. MBR のファウリングに関与する細菌叢⁵⁾

続いて No.3 系, No.5-1 系, No.5-2 系を対象に ファウリングに関与する細菌叢を調査した。No.3 系 には 400 枚/膜ユニット×42 基, No.5-1 系は 300 枚/ 膜ユニット×46 基, No.5-2 系は 300 枚/ 膜ユニット ×36 基が設置されていた。なお, 2014 年 12 月からリ ン除去のために No. 5-2 系は上流の膜ユニット 10 基 を除去し,凝集剤が添加された。**Table 1** に示すよう に各調査において,膜分離槽から活性汚泥(試料 AS)を採取し,上流(試料 MU)および下流(試料 MD)の分離膜上の生物膜を採取した。

膜間差圧,フラックス,生物膜中の化学物質の含有 量を Table 2 に示す。流入水には,溶存態鉄が 0.25~0.50 mg/L 含まれており,分離膜表面には酸化 鉄を含むと思われる赤茶色の生物膜が形成された。生 物膜試料は,鉄やカルシウムなどの無機物質を多く含 んでおり,SMP も多かった。運転701日目の MU-1 と MD-1 は,雨水の流入によって高フラックス運転 となったことでファウリングが顕著に進行した状態の 生物膜試料である。MU-2,MU-3,MU-4,MU-5 は中度のファウリング状態のものであり,MD-2と MD-3 は軽度のファウリング状態の生物膜試料である。 No.5-1 系 MBR の試料である MU-2と MU-4 の物理 化学指標の差は,18日間のファウリングの進行を, MU-5 の指標は、逆洗浄から7日後のファウリングの 再進行を反映している。

T-RFの相対量と、そのプロファイルをクラスター 解析した結果を **Fig.2**に示す。運転 192~701 日目に 高頻度で検出された 406~409 bp の T-RF は、701~ 1080 日目にも活性汚泥中で優占していた。軽度な ファウリング時の生物膜の細菌叢は、活性汚泥のもの と類似しており、クラスター解析によってグループ I を形成した。これらの試料は 406~409 bp に加え、 1085~1087 bp の T-RF を共通して含み、AS-2 を除 いて 560~565 bp の T-RF も多かった。また、201 bp の T-RF は少なかった。

 Table 1
 Abbreviations of samples of biofilm on the membranes and activated sludge

Days from the start-up	MBR	Abbreviations of the samples from				
		upstream	downstream	activated		
		membrane	membrane	sludge		
701	No. 3	MU-1	MD-1	AS-1		
1054	No. 5–1	MU-2	MD-2	AS-2		
1055	No. 5–2	MU-3	MD-3	AS-3		
1072	No. 5–1	MU-4	Not collected	AS-4		
1080	No. 5-1	MU-5	Not collected	AS-5		

中度のファウリング時の生物膜試料は、グループ II を形成した。これらの細菌叢には、201 bp の T-RF が多く、グループ I に優占していた 406~409 bp の T-RF が少なかった。また、MU-2 と MU-3 には 203 bp と 341~343 bp が、MU-3 と MU-4 には 58~59 bp の T-RF が多いことが特徴的であった。

グループ I とグループ II の試料の多くは,560~ 565 bp と 1085~1087 bp の T-RF を含んでいたが, それらを含まない試料は,どちらのグループにも属さ なかった。顕著なファウリング時の生物膜試料 MU-1 には 370 bp,さらに MD-1 には 375 bp と 675 bp の T-RF が特徴的に含まれていた。MU-1 はグループ II に共通して検出された 201 bp の T-RF や, MU-2 と MU-3 に検出された 58~59 bp の T-RF も含んでいた。 活性汚泥 AS-1 と AS-5 には、グループ I に特徴的な 406~409 bp の T-RF も含んでいた。

T-RF プロファイルの主成分分析の結果を Fig.3 に 示す。第1主成分の負荷量の絶対値が大きい T-RF it, 201 bp (+0.42), 1085 \sim 1087 bp (-0.77), 406 \sim 409 bp (-0.23) であった。そのため、グループⅠの 第1主成分得点は負値となり、グループⅡに属する 中度のファウリング時の生物膜と MU-1. どちらのグ ループにも属さない試料は第1主成分得点が正値と なった。第2主成分の負荷量の絶対値が大きい T-RF lt, 1045 bp (+0.40), 406~409 bp (+0.33), 560~ 565 bp (-0.50), 201 bp (-0.40), 1085~1087 bp (-0.26) であった。そのため、グループ II の試料は 第2主成分得点が負値となった。物理化学指標との相 関解析の結果, 膜間差圧と試料中の腐植と鉄の含有量 は, 第1主成分と正の相関を示した。すなわち, 生物 膜中において 201 bp の T-RF を持つ細菌が優占化し、 1085~1087 bp と 406~409 bp の T-RF を持つ細菌が 非優占化すると、ファウリングが進行していることを 示している。

バイオファウリングの進行モデル⁶⁾では、まず分離 膜に付着しやすい先駆種が生物膜の形成のきっかけと なるとされている。先駆種は EPS や SMP を生産し、 分離膜への付着性は、細胞の表面構造や疎水性、電荷 などが関与している。さらに他の細菌種を巻き込んで

 Table 2
 Characteristics of the membranes and the biofilm samples in the MBRs

Sample	Days after backwashing [days]	Average TMP [kPa]	Flux [m/d]	Fe	Ca	Al [mg/m²-membrane]	Protein	Humus
MU-1	28	15.4	0.57	62	23	13	9	13
MD-1	28	9.9	0.57	2	2	2	10	5
MU-2	13	2.3	0.36	20	10	9	19	6
MD-2	13	1.2	0.36	2	3	3	2	1
MU-3	35	2.2	0.37	<1	<1	<1	3	1
MD-3	10	1.1	0.37	<1	<1	<1	<1	<1
MU-4	31	3.9	0.47	33	14	12	9	14
MU-5	7	2.5	0.46	14	5	5	5	2



Fig. 2 Dendrogram showing clustering of the *Hha*I-digested T-RF profiles of biofilm on the membranes and activated sludge in the MBRs. The ratio of the major T-RFs with dominance >0.05 in each T-RF profile are also shown. The figures in the bar graphs mean length of the T-RFs, whereas commonly dominant T-RFs are shown as the patterns of the bars.



Fig. 3 Principal component scatter diagram based on the *Hha*I-digested T-RF profiles of biofilm on the membranes and activated sludge in the MBRs. Vectors of the correlation coefficients between the fouling indicators and principal component scores are also shown.

生物膜は成長し,ある程度肥大化すると,内部に酸素 や基質が届きにくくなり,先駆種の何種類は生存しに くくなる一方,遷移種や極相種である細菌種が優占化 する。分離膜上の生物膜が,大量曝気による剪断力で も剥離できないほどの極相に達すると,膜間差圧が上 昇し,薬液洗浄が必要となる。

このモデルに基づいて考えると,406~409 bp, 560~565 bp,1085~1087 bpのT-RFを持つ細菌は, 洗浄後の分離膜の表面に付着する先駆種である可能性 がある。一方,生物膜には少なく,活性汚泥のみから 検出された1038~1039 bpのT-RFを持つ細菌は,分 離膜に付着しにくい種類かもしれない。406~409 bp の T-RF を持つ細菌は,生物膜が成長すると優占化 しにくいものの,201 bp,58~89 bp,203 bp,341~ 343 bp の T-RF を持つ細菌は,生物膜形成の遷移種 または極相種である可能性がある。なお,雨水の流入 後にファウリングが顕著に進行した状態の生物膜は, 高フラックス運転によって有機物,無機物とともに, 微生物が分離膜上に付着・濃縮され,307 bp の T-RF を持つ細菌のような特殊な細菌叢を形成したと考えら れる。

4. おわりに

T-RFLP 解析により, 沈殿池を有する従来法とは 異なる活性汚泥細菌叢が MBR には形成され, 分離膜 上の生物膜には, バイオファウリングに関与する細菌 叢が形成される知見が得られた。最近では, 次世代 シーケンサーによる網羅的な遺伝子解析が可能になり, MBR に特徴的な細菌の特性を把握することができれ ば, 運転操作や処理性能と関連付けることによって, 新たなリアクターデザインや論理的な運転指針の構築 につながるものと考えられる。

謝 辞

本原稿は、堺市、日本下水道事業団、大阪大学の共 同研究成果^{4,5)}をもとに再構成したものである。堺市 ならびに日本下水道事業団、クボタ環境サービス株式 会社の関係各位に謝意を表する。

参考文献

- C.-Y. Wan, H. De Wever, L. Diels, C. Thoeye, J.-B. Liang and L.-N. Huang: Biodiversity and Population Dynamics of Microorganisms in a Full-scale Membrane Bioreactor for Municipal Wastewater Treatment. Water Res., Vol. 45, No. 3, pp. 1129-1138 (2011)
- 2) K. Takada, K., Hashimoto, S. Soda, S., M. Ike, K. Yamahsita and T. Hashimoto: Characterization of Microbial Community in Membrane Bioreactors Treating Domestic Wastewater. J. Water Environ. Technol., Vol. 12, No. 2, pp. 99-107 (2014)
- 3) C. L. Kitts: Terminal Restriction Fragment Patterns: A Tool for Comparing Microbial Communities and Assessing Community Dynamics. Curr. Issues Intest. Microbiol., Vol. 2, No. 1, pp. 17-25 (2001)
- 4) K. Hashimoto, H. Tsutsui, K. Takada, H. Hamada, K. Sakai, D.

Inoue, K. Sei, S. Soda, K. Yamashita, K., Tsuji, K., T. Hashimoto and M. Ike : Changes in Bacterial Community Structure in a Full-scale Membrane Bioreactor for Municipal Wastewater Treatment, J. Biosci. Bioeng., Vol. 122, No. 1, pp. 97–104 (2016)

- 5) K. Takada, K. Hashimoto, S. Soda, S., M. Ike, M., T. Makio, Y. Nakayama, H. Miyamoto, K. Yamashita and T. Hashimoto: Microbial Communities on the Submerged Membranes in Full-scale Membrane Bioreactors Treating Municipal Wastewater, J. Environ. Eng., Vol. 144, No. 1, 04017084 (2017)
- 6) K. Zhang, H. Choi, D. D. Dionysiou, G. A. Sorial and D. B. Oerther : Identifying Pioneer Bacterial Species Responsible for Biofouling Membrane Bioreactors. Environ. Microbiol., Vol. 8, No. 3, pp. 433-440 (2006)