

都市下水処理 DHS リアクターによる病原性細菌の除去メカニズム

水圏土壌環境研究室：高橋 省悟
指導教員：山口 隆司、幡本 将史

研究背景

上下水道の普及により、わが国では水系感染症は大幅に減少した。しかしながら、開発途上国では以前として上下水道が不足しており、汚染水の利用を原因とした水系感染症は依然として大きな課題として残っている。水系感染症を対策するに当たり、原因となる病原性細菌の挙動を把握することは重要である。

本研究室では省エネルギーかつ低コストな排水処理技術として下降流懸垂型スポンジ (Down-flow Hanging Sponge: DHS) システムの開発を行っている。DHS システムはスポンジを汚泥の保持担体として用いた排水処理技術で、装置上部から散水された排水がスポンジへの浸透・浸出を繰り返し処理されるというシンプルな構造である。スポンジへの浸透・浸出の過程で排水と大気が接触することにより DHS システムは高い溶存酸素濃度を実現する。

DHS システムにおける水系感染症の原因となる微生物の知見は、水質指標微生物である大腸菌・大腸菌群および大腸菌ファージなどに留まっている。これらの指標微生物は病原性細菌の存在を予測するものであり、直接的に表すものではないため正確性にかけて考えられる。そこで本研究では、Real-time PCR 法を用いて病原性細菌の定量を行い、都市下水処理 DHS リアクターの有する病原性細菌除去能力および DHS リアクターにおける病原性細菌除去メカニズムの解明を試みた。

研究の目的

都市下水処理 DHS リアクターの有する病原性細菌除去メカニズムの解明を最終目的として、培養法および Real-time PCR 法を用いて下水処理場に設置した沈殿槽-DHS システム中の水質指標微生物および病原性細菌の定量を行った。

実験内容

本研究では、以下の実験によって DHS リアクターにおける病原性細菌除去メカニズムの解明を試みた。

- ① 経目的な流入下水および各処理水中の病原性細菌の定量
DHS リアクターの有する病原性細菌除去能力を把握するために行った。
- ② DHS リアクターの高さ方向におけるプロファイル分析
DHS リアクター内における病原性細菌の除去特性を把握するため、プロファイル分析を行った。

DHS リアクターの処理性能

下記に実験期間中における DHS システムの処理性能をまとめる。

Table.1 実験期間中における DHS システムの処理性能

		下水	沈殿槽処理水	DHS 処理水	除去率 (下水→DHS 処理水)
温度	°C	21.5±3.9	21.8±4.1	22.2±4.1	-
pH	-	6.8±0.2	6.7±0.2	6.5±0.6	-
DO	mg/L	0.4±0.3	0.5±0.4	5.7±0.6	-
ORP	mV	-199.9±41.0	-211.8±32.4	164.8±54.7	-
全 COD 濃度	mg/L	515±439	321±173	63±35	85.1±8.5%
溶解性 COD 濃度	mg/L	171±78	141±56	36±16	78.1±10.0%
全 BOD 濃度	mg/L	270±315	178±96	13±18	95.1±6.6%
溶解性 BOD 濃度	mg/L	123±58	99±50	4.9±4.5	96.1±2.9%
SS	mg/L	139±167	91±87	31±32	78.5±21.7%
VSS	mg/L	125±76	83±85	17±19	85.7±16.7%
NO ₂ -N	mg/L	0.0537±0.143	0.0473±0.0969	0.163±0.178	-
NO ₃ -N	mg/L	0.282±0.994	0.0913±0.118	7.98±5.62	-
NH ₄ ⁺ -N	mg/L	19.6±7.4	20.9±7.7	7.79±6.13	-
有機体窒素	mg/L	23.4±13.7	19.4±11.1	6.73±6.58	-
全窒素	mg/L	41.6±12.1	35.3±7.8	19.6±10.3	51.9±25.8%
TKN	mg/L	42.2±12.3	35.7±8.0	12.6±9.6	69.8±22.9%

指標微生物および病原性細菌の定量結果

DHSリアクターが有する病原性細菌除去能力を把握するため、処理水中の水質指標微生物および病原性細菌を経日的に定量した。標的とした遺伝子は、下水においてPCR増幅が確認された、*ftsZ*・*uidA*(大腸菌)、*eaeA*(腸管出血性大腸菌)、*plc*・*cpe*(ウェルシュ菌)とした。

下水および各処理水中の大腸菌群および大腸菌数を Fig.1(a) に、標的遺伝子のコピー数を Fig.1(b) に示す。

ftsZ・*uidA* および *eaeA* の除去率は、培養法を用いた大腸菌の除去率とほぼ一致した。このことから、腸管出血性大腸菌も大腸菌と同様に除去されることが示された。また、大腸菌と *ftsZ*・*uidA* の除去率が一致した一方で、処理水中の含有数は培養法と PCR 法に 10^1 オーダーの差が確認された。この原因として培養法が生菌のみを検出することに対し、PCR 法は死菌も検出することが考えられた。このため、PCR 法による定量は処理水中の微生物を過剰評価する可能性が示唆され、より正確な定量には生菌のみを検出可能な PCR 法を用いる必要が示唆された。

また、大腸菌の遺伝子に比べ、ウェルシュ菌の遺伝子の除去量が小さい値を示した。この原因として、下水中に存在するウェルシュ菌は芽胞型であるのに対し、大腸菌は栄養型であるため環境の影響を受けやすい事、またウェルシュ菌より大腸菌のサイズが小さいため大腸菌がよりスポンジ深層まで吸着可能なことが示唆された。

実験結果から DHS リアクターは活性汚泥法と同等の大腸菌群・大腸菌および病原性細菌除去能力を有することが示唆された。

■ 下水 ■ 沈殿槽処理水 ■ DHS処理水
■ 活性汚泥法最終沈殿槽処理水

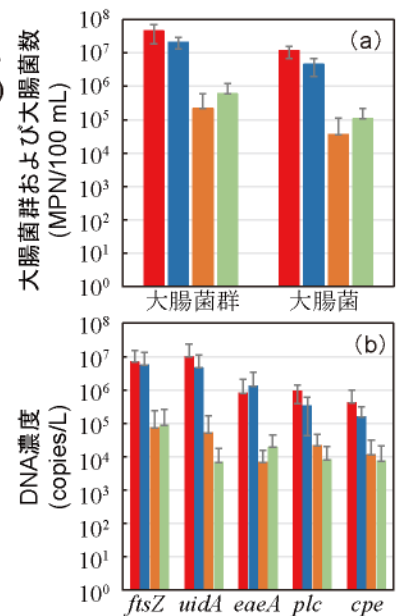


Fig.1 下水および各処理水中の
(a) 大腸菌群および大腸菌数
(b) 標的遺伝子の濃度

DHS リアクターの高さ方向におけるプロファイル分析

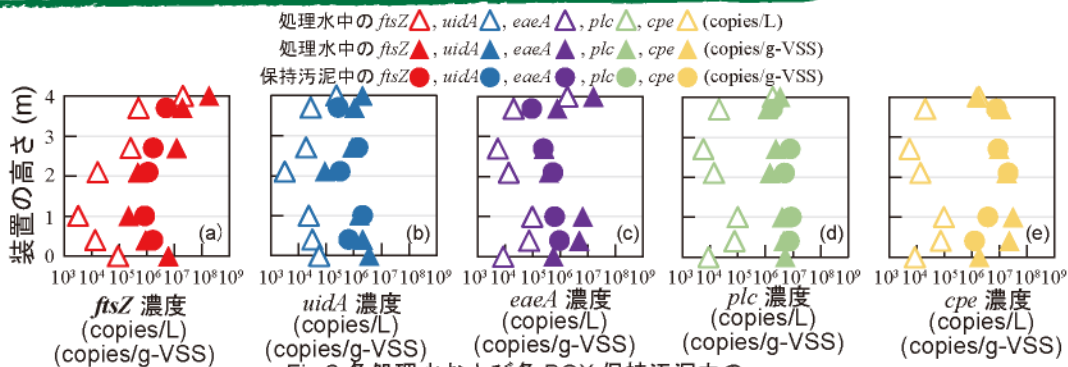


Fig.2 各処理水および各 BOX 保持汚泥中の
(a) *ftsZ*, (b) *uidA*, (c) *eaeA*, (d) *plc*, (e) *cpe* 遺伝子のコピー数

DHS リアクター内の詳細な病原性細菌の除去を把握するため、DHS リアクターの高さ方向におけるプロファイル分析を行った。各処理水および各 BOX 保持汚泥中における標的遺伝子のコピー数 Fig.2(a)-(e) に示す。

処理水中の標的遺伝子のコピー数は装置下部で減少が確認された。一方で、処理水中の VSS 当たりの標的遺伝子のコピー数はリアクターの高さ方向において差は確認されなかった。また、処理水中の VSS 当たりの遺伝子のコピー数は保持汚泥中の遺伝子数に近い値を示した。

このことから DHS システムにおける標的遺伝子の除去は SS の除去に関与することが示唆され、DHS リアクターにおける病原性細菌の主要な除去メカニズムはスポンジへの吸着であることが示唆された。

まとめ

本研究では DHS リアクターにおける病原性細菌の除去メカニズムを明らかにするため、培養法および PCR 法を用いて指標微生物および病原性細菌が有する遺伝子の定量を行った。

DHS リアクター処理水中における指標微生物・標的遺伝子のコピー数は活性汚泥法と同等の値を示した。

DHS リアクター処理水で大腸菌の遺伝子に比べウェルシュ菌の遺伝子除去量は小さい値を示した。

DHS リアクターの下部において処理水中の遺伝子数は減少が確認された。一方で、処理水中の VSS 当たりの遺伝子のコピー数はほとんど減少せず、保持汚泥中の遺伝子のコピー数に近い値を示した。このことから、標的遺伝子の除去は、SS 除去に関わる事が示唆され、DHS リアクターにおける主要な病原性細菌除去メカニズムは吸着である可能性が示唆された。