

都内河川における衛生指標細菌の発生源の推定 ～多摩地域・湧水河川での事例～

石井裕一・内多美穂子*・安藤晴夫

(*現所属：環境局環境改善部)

【要約】多摩地域の湧水河川2河川において縦断調査及び遺伝子解析により大腸菌の増大要因推定を試みた。対象河川の下流域で大腸菌数が増大することが確認され、その上流側に合流する別河川の影響が示唆された。遺伝子解析では、支川から特徴的なウシ由来の大腸菌が検出された。それが下流域で合流する本川の大腸菌組成に影響にも反映されており、大腸菌数のみならず大腸菌組成からも水質形成への影響が示唆された。

【キーワード】大腸菌、遺伝子解析、湧水河川

【背景と目的】

東京都内の河川では下水道の普及等により水質改善が進み、BOD（生物化学的酸素要求量）の環境基準達成率は98%（2022年度）と高い水準となっている。その一方で、新たな衛生指標項目として2022年4月に環境基準に追加された大腸菌数は、環境局による調査では基準値を超過する河川が散見されており、その原因究明と水質改善策が求められている。多摩地域ではBODが低く水質が良好な河川が多く、類型に応じた厳しい環境基準値が適用されているが、湧水が多く流入する清澄な河川であっても大腸菌数は環境基準値を超過する傾向にある。そのため、河川の流下過程での大腸菌の増大区間や発生源の特定が求められている。本報では、2021年度からの3年間で実施した調査・研究の内、代表的な事例として、多摩地域の湧水河川において実施した大腸菌の縦断分布及び遺伝子解析による大腸菌起源推定から河川の大腸菌増大要因を検討した結果を報告する。

【方法】

多摩地域を流れる荒川水系の2河川（A河川及びB河川）を調査対象とした。両河川は類型指定がなされており、それぞれA類型及びAA類型となっている。図1に示すように、B河川はA河川に合流しており、B河川にはC湧水群及びD湧水群からの流入があり、その下流側でE支川が合流している。E支川は畑地・住宅地内を流下する小河川である。これら河川等に11地点（地点a～地点k）の調査地点を設定し、2023年4月、9月及び11月に調査地点の全部または一部で大腸菌数

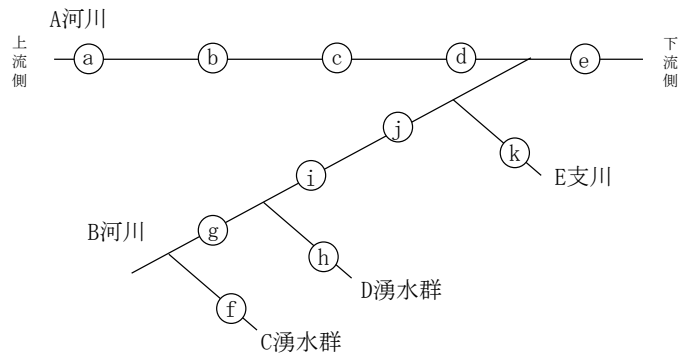


図1 調査地点略図

の調査を実施した。9月の調査では、A河川の4地点（b、c、d及びe）、B河川の2地点（g及びj）、E支川の1地点（k）において大腸菌の遺伝的特徴からヒト、ウシ、ブタ及びニワトリ由来に分類し、河川水中の大腸菌の起源推定を試みた。なお9月は降雨後増水時の調査であった。

【結果の概要】

A河川における各調査地点の大腸菌数を図2に示す。4月は地点b～地点e、9月及び11月は地点a～地点eの区間で調査を実施した。4月の調査では、A河川の上流～中流の大腸菌数は比較的少なかったが、最下流の地点eでは620 CFU/100mLであり基準値（300 CFU/100mL）を超過していた。9月には地点b～c間で大腸菌数

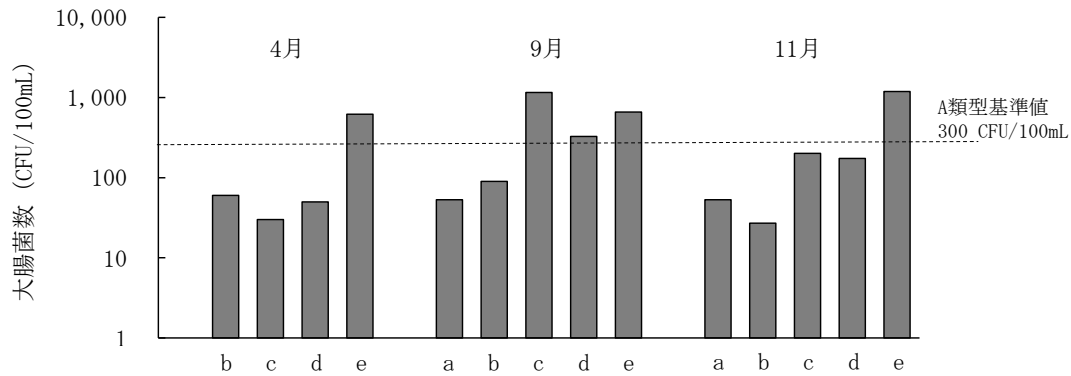


図2 A河川における各調査地点の大腸菌数

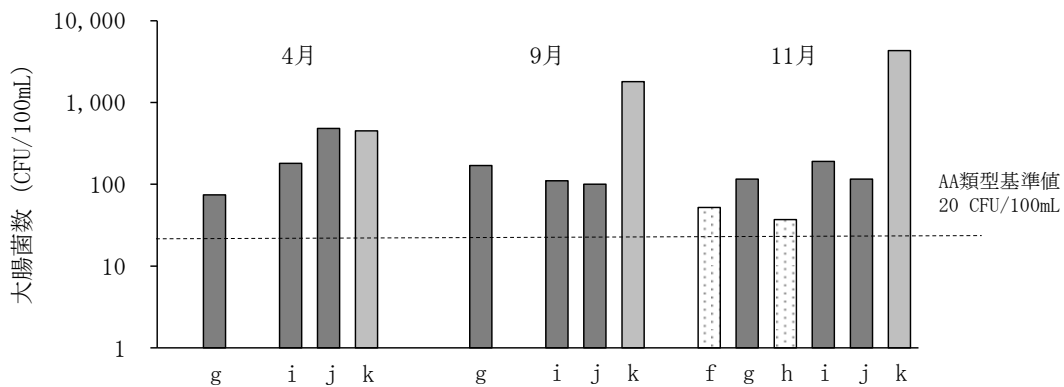


図3 B河川における各調査地点の大腸菌数

が増大していたが、その下流の地点 d で減少し、さらに下流側（地点 e）で再び増大に転じていた。この区間の大腸菌数の増減は 11 月にも同様の傾向が認められた。地点 b-c 間では、現地調査時には確認ができなかったが、比較的多くの大腸菌を含んだ湧水等の流入があるものと考えられた。地点 d-e 間には B 河川が合流しており、この合流の影響が示唆された。

B 河川の大腸菌数は図 3 に示すとおりで、調査期間中において全ての調査地点で AA 類型の環境基準値（20 CFU/100mL）を超過していた。地点 f 及び地点 h の調査は、11 月のみ実施した。4 月は地点 g から地点 j まで流下に伴い大腸菌数は増大しており、それぞれの地点間への大腸菌の流入が示唆された。降雨後増水時の調査となった 9 月には地点 g-j 間で大腸菌数は減少しており、雨水の流入による希釈と考えられた。この区間の下流側に合流する E 支川の大腸菌数は 1,800 CFU/100mL と極めて多く、AA 類型の基準値を遥かに超過していた。平水時の調査であった 11 月にも E 支川の大腸菌数は高い値（4,300 CFU/100mL）となっており、大腸菌の何らかの発生源の存在が示唆された。B 河川に合流する 2 つの湧水群からの流入水中の大腸菌数は、環境基準値は超過しているものの B 河川本川よりも低い値であり、B 河川における大腸菌数の増大への寄与は認められなかった。

E 支川合流後の B 河川は、A 河川の地点 d-e 間に合流している。この区間では、図 1 に示したとおり大腸菌数の増大が確認されているが、多量に大腸菌を含んだ E 支川の影響を受けた B 河川の合流が、地点 e での大腸

菌数の増大要因であると推察された。

遺伝子解析により大腸菌の起源を推定した結果を図4に示す。A河川の地点bから地点dの区間では、ヒト由来の大腸菌多く検出された。地点b-c間でその比率は増加しており、何らかの発生源の存在が示唆された。地点eでは、それより上流側とは組成が異なり、由来不明の割合が多くなっていた。一方、B河川では、地点gにおける大腸菌起源の組成はA河川の地点bに類似しており、ヒト由来大腸菌の割合が50%を占めていた。その下流側の地点jでは組成が大きく異なり、70%が由来不明と判定された。この間の主な合流には、測定対象外としたD湧水群からの流入が挙げられ、この流入水の影響を受けているものと推察される。E支川では、ヒト由来大腸菌の割合が最も多くなっていたが、ウシ由来の大腸菌が検出されたことが特徴的であった。E支川は畑地や住宅地の間を流れる小河川であり、集水域内に牛舎等の点源は存在しないが、大腸菌の面源として畑地等の農耕地が挙げられる。降雨時の畑地からの表面流出に伴う大腸菌の混入は、河川水中の大腸菌の増大要因として指摘されている¹⁾。遺伝子解析に供した河川水サンプルは降雨後の増水時に採取したものであるが、集水域内の畑地や河川に隣接する宅地の家庭菜園等に牛糞堆肥が施用されていれば、降雨に伴う表面流出によりウシ由来の大腸菌がE支川に混入した可能性がある。しかしながらE支川では平水時（11月）にも大腸菌数は高い値であった。このウシ由来の大腸菌はB河川合流後のA河川の地点eでも検出された。地点eよりも上流側のA河川ではウシ由来の大腸菌は検出されていないことから、この地点の大腸菌組成はE支川の影響を受けているものと推察された。加えて、地点eで由来不明の大腸菌が多く検出されたこともB河川の地点jの大腸菌組成の特徴を反映しているものと考えられ、前述の大腸菌数のみならず、遺伝子解析によっても地点eの水質形成へ及ぼすB河川の影響を示唆する結果が得られた。

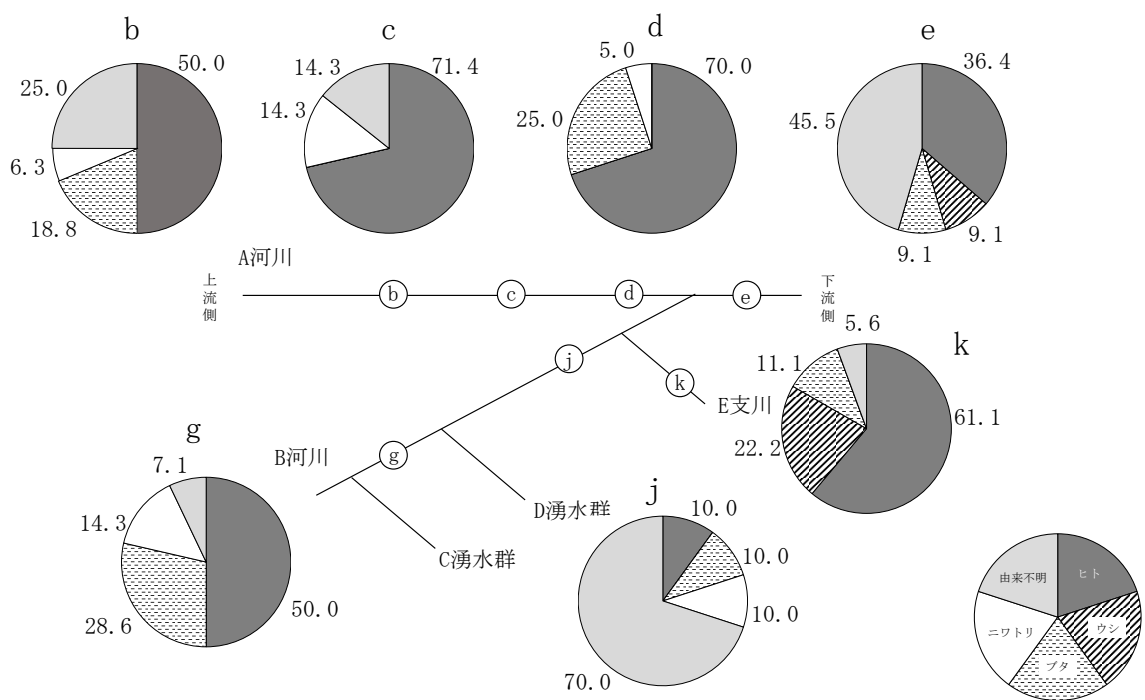


図4 遺伝子解析による大腸菌起源の推定結果

【引用文献】

- 1) 石川 (2014) 牛糞堆肥を施用した畑地における大腸菌の流出抑制に関する研究、東京農業大学学位論文。