

## 多摩地域の河川における大腸菌起源の特徴

石井裕一・木瀬晴美<sup>\*</sup>・増田龍彦・齋藤由美

(<sup>\*</sup>元・環境資源研究科)

\*\*\*\*\*

**【要約】**大腸菌数調査および遺伝子解析による河川水中の大腸菌の起源推定から、多摩地域における河川の大腸菌発生源を推定した。全流域で大腸菌数が少なく、ニワトリ由来大腸菌が検出された河川では、農耕地等からの面源負荷が予想された。最下流部でブタ由来大腸菌が検出された河川では、途中の雨水吐けからの高濃度のブタ由来大腸菌の流入が水質に影響しているものと考えられた。

\*\*\*\*\*

### 【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 環境基準達成率はほぼ 100%となっているものの、大腸菌群数については基準値を超過する河川が散見され、その原因究明が課題となっている。多様な発生源が想定される河川では、遺伝子解析による大腸菌の起源推定が有効である。本報では、遺伝子解析により推定された河川水中の大腸菌の起源を整理した結果を報告する。

### 【方法】

多摩地域を流れる多摩川の支川（A 河川および B 河川）を調査対象とした。A 河川の集水域の土地利用は市街地と畑地が中心であり、B 河川は市街地、畑地、畜産業等となっている。両河川の集水域では分流式下水道が整備されているが、浄化槽利用家屋等が僅かにある。調査は 2019 年度および 2020 年度の 2 ヶ年にわたり実施した。両河川の本川、支川、雨水吐等から採水を行い、大腸菌数を測定した。大腸菌の遺伝子解析については Gomi らの方法<sup>1)</sup>に準拠し、大腸菌の起源をヒト・ウシ・ブタ・ニワトリに分類した。

### 【結果の概要】

A 河川各地点における河川の縦断的な調査の結果、大腸菌数は流程全体で少なく、遺伝子解析実施時の大腸菌数は最上流の a1 で 9~11 CFU/100ml、最下流の a4 で 41~51 CFU/100ml であった。a2 および a3 ではやや大腸菌数は増加していた（150~160 CFU/100ml）。a1~a4 間には多くの支川や細流が合流しているが、一貫してニワトリ由来大腸菌が検出されていた。これらのことから、A 河川では鶏舎排水等の点源ではなく、農耕地等に施肥された鶏糞堆肥の流出等の面源が河川の大腸菌に影響している可能性が示唆された。

一方、図 2 に示した B 河川では、最上流部の b1 ではニワトリ由来の大腸菌が確認され、40%以上を占めていたが、最下流の b5 では、ニワトリ由来の大腸菌は非検出となり、ブタおよびヒト由来大腸菌が検出されていた。また、このときの b1 および b5 における大腸菌数はほぼ同程度（それぞれ 900~2,100 および 1500~2100 CFU/100ml）であったが大腸菌の起源は異なるものであった。この間に流入する雨水吐と思われる暗渠（b3 および b4）からの流入水からは比較的高濃度の大腸菌（4,000 および 77,000 CFU/100ml）が検出された。その大半がブタ由来の大腸菌であり、下流域の水質に影響を及ぼしているものと考えられた。また、b2 からはヒト由来大腸菌が検出されたが、b3 および b4 からの流入がより高濃度であり、最下流のヒト由来大腸菌についても、これらからの流入水との関連が示唆された。

以上のとおり、通常の大腸菌数の調査に加え、遺伝子解析による起源推定を併せて実施することにより、河川ごとに優占する大腸菌の由来が異なることが確認できた。本調査によって、各河川において優先的に対策すべき発生源について、一定の知見が得られたものと考えられる。しかしながら、遺伝子解析については由来不明株が多くなるなど問題を含んでおり、今後はこの精度向上が課題と考えられた。

### 【参考文献】

- 1) Gomi R. et al. : Fecal Source Tracking in Water by Next-Generation Sequencing Technologies Using Host-Specific *Escherichia coli* Genetic Markers, *Envir. Sci. Tech.* 48, pp.9616-9623 (2014)

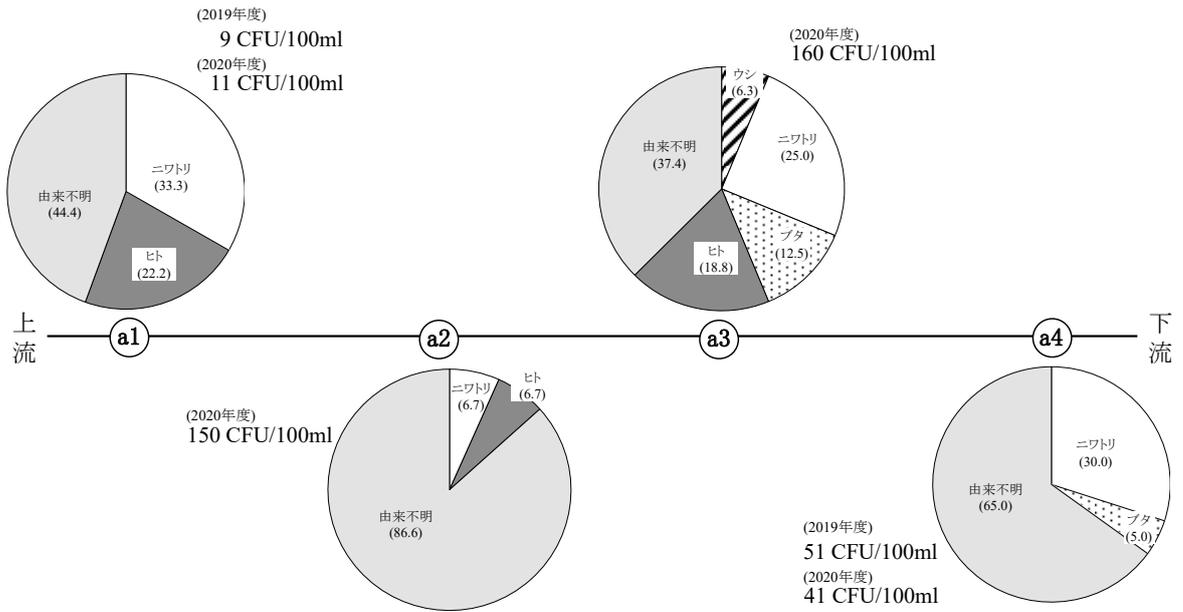


図1 A河川の各調査地点における大腸菌数 (CFU/100ml) と推定された大腸菌の起源

上流域 a1 から下流域の環境基準点 a4 までニワトリ由来の大腸菌が検出されており、農耕地からの鶏糞堆肥の流出などの面源負荷の可能性が示唆された。なお、大腸菌の遺伝子解析は、a1 および a4 は 2019 年度、a2 および a3 は 2020 年度に、それぞれ実施した。

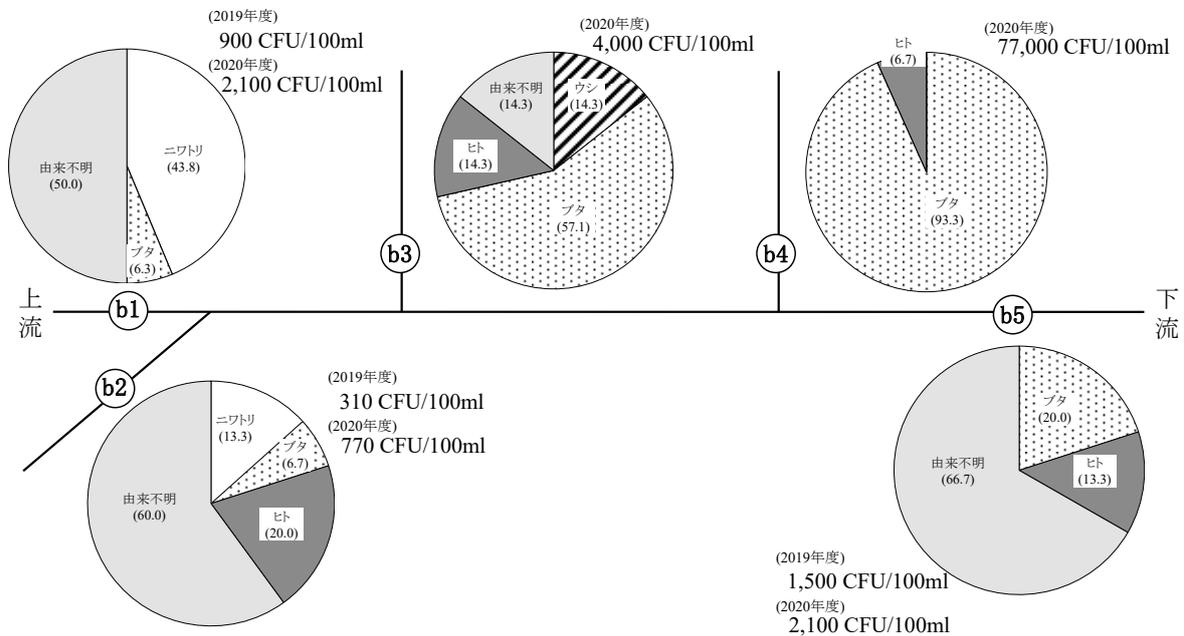


図2 B河川の各調査地点における大腸菌数 (CFU/100ml) と推定された大腸菌の起源

雨水吐 b3 および b4 ではブタ由来の大腸菌が検出された。これらからの流入水量は少ないものの、下流域の環境基準点における大腸菌起源の構成に影響を及ぼしている可能性が示唆された。なお、大腸菌の遺伝子解析は、b1、b2 および b5 は 2019 年度、b3 および b4 は 2020 年度に、それぞれ実施した。