

Ⅱ－109

下水処理水の受容河川における指標細菌群数の統計的分布特性

岩手大学工学部 学生員 ○宇川一行

岩手大学工学部 学生員 笠原丈裕

岩手大学工学部 正 員 相沢治郎 海田輝之 大村達夫

1. はじめに

現在、水の再利用という観点から、下水処理水中に存在している病原性微生物および細菌の除去は、衛生学的に必要不可欠なものとなっている。そして、その細菌等を除去する消毒方法としては、塩素消毒を使用することが一般的となっている。しかし、塩素消毒を行うことにより、消毒後の処理水中に多くの残留塩素が含まれており、その残留塩素が処理水を受容する河川において、その河川中の生態系に何らかの影響を与えている可能性がある。

そこで、本研究では下水処理水を受容する河川において、指標細菌群である大腸菌群および腸球菌群数が、塩素消毒後に多く含まれている残留塩素によって、どのような影響を受けるのかを調べ、また、統計学的にどのような変化をあらわすのか調べた。

2. 実験方法

2-1. 実験試料

本研究に用いた試料水は、盛岡市の下水処理施設からの処理水を受容する河川より採水したものをを用いた。また、放流地点を基点として、上流約300mをSt. 1、放流地点をSt. 2、下流約100mをSt. 3とし、その3カ所から採水し、調査は4回行った。

2-2. 測定方法

残留塩素の測定は、よう素適定法を使用した。大腸菌群数および腸球菌群数の統計的分布特性を調べるのに用いた測定方法は、両細菌群とも平板法を用い、そして平板の枚数は、どの試料においても100枚とした。また、使用した培地は、大腸菌群はデゾキシコレート寒天培地とし、腸球菌群はEF寒天培地とした。

2-3. 実験の整理に用いた統計値

実験結果の整理方法としては、それぞれの試料における100枚の平板法による測定値が得られていることから、これらの測定値より頻度分布を作成し、その分布より得られた平均値、標準偏差、変動係数、歪度、尖度を用いて試料水の採水地点の違いによる統計的分布特性の差異について検討した。

3. 実験結果及び考察

3-1. 両細菌群の挙動について

表-1には、4回行った調査の各地点における残留塩素濃度および両細菌群数の平均値を示す。表-1よりSt. 1において残留塩素濃度は0であり、そして大腸菌群数の平均値は267.11(個/ml)、腸球菌群数の平均値は243.48(個/ml)となった。放流水中に含まれている残留塩素は、非保存性であるがここでは保存性であるものとし、各地点の残留塩素濃度より希釈率を概算し、放流水の希釈効果による両細菌群数の平均値を求めると、大腸菌群のSt. 2では214(個/ml)、St. 3では123(個/ml)程度となり、また腸球菌群のSt. 2では168(個/ml)、St. 3では98(個/ml)程度となる。しかし、本実験において大腸菌群のSt. 2では10.30(個/ml)、St. 3では9.49(個/ml)となり、また、腸球菌群のSt. 2では11.07(個/ml)、St. 3では4.03(個/ml)となっている。この

表-1 両細菌群数の平均値及びpH、残留塩素、SS

(1) 大腸菌群

	pH	(Cl mg/l) 残留塩素	(mg/l) SS	(個/ml) 平均値
St. 1	6.91	0	8.53	267.11
St. 2	6.79	0.271	4.63	10.30
St. 3	6.82	0.157	4.93	9.49
放流水	6.6	0.338	6	ND

(2) 腸球菌群

	pH	(Cl mg/l) 残留塩素	(mg/l) SS	(個/ml) 平均値
St. 1	6.90	0	8.2	243.48
St. 2	6.81	0.261	4.28	11.07
St. 3	6.81	0.157	5.58	4.03
放流水	6.6	0.390	6	ND

ように希釈効果だけを考えた場合の値と調査結果の値と違いがあることがわかる。こ

れは、残留塩素の影響により両細菌群ともに死滅していることを示している。特に、両細菌群の平均値をみると、両細菌群ともに放流水が混入した直後には、両細菌群数が激減しているが大腸菌群の場合、St. 2からSt. 3では約 1 割程度しか減少せず、また、腸球菌群の場合、St. 2からSt. 3では約 6 割程度減少している。このことから、大腸菌群数は残留塩素混入直後にはほぼ死滅するが、その時に死滅しなかった大腸菌群はその後

も残留塩素の影響をほぼ受けないことが分

かる。しかし、腸球菌群の場合には、残留塩素混入直後にはほぼ死滅し、その後も徐々に死滅していることがわかる。

3 2. 統計的分布特性について

表- 2 にSt. 1～St. 3の測定値の頻度分布より得られた各統計値を示す。表- 2において、歪度および尖度をみると、大腸菌群の場合St. 1では、歪度は 0.088と小さな値となっており、また尖度は 3.141とほぼ3.00の値を示していることから、ほぼ正規分布形になっていることがわかる。そしてSt. 2では、歪度は 0.997であり、尖度は 6.090となっていることから、St. 2における分布形は正規分布を示さないことがわかる。また、同様にSt. 3では歪度は0.52となっており、尖度は 3.382となっていることから、正規分布を示さないと考えられる。また、腸球菌群の場合には、歪度および尖度は、St. 1では 0.348、2.863であり、St. 2では 1.514、6.630であり、そしてSt. 3では 0.668、2.947 となっている。この値より大腸菌群と同様にSt. 1では正規分布形を示すが、St. 2とSt. 3では正規分布形以外の分布形を示すものと考えられる。次に変動係数をみると、大腸菌群の場合には、St. 1は 0.212とSt. 2およびSt. 3に比べて小さな値となっていることから、St. 2と 3に比べて測定値にばらつきが少ないことが分かった。これは、St. 2と 3では残留塩素等が存在し、測定値に影響を与えている可能性がある。また、腸球菌群においても大腸菌群と同様であり、両細菌群とも細菌数の値は残留塩素等の水質によって影響を受ける可能性がある。ただし、St. 1からSt. 3まで両細菌数とも細菌数が減少しており、細菌数の大小が標準偏差や変動係数に影響を及ぼしている可能性は否定できず、今後検討する必要がある。

4. まとめ

以上の結果より、放流水中に含まれる残留塩素が河川に流入すると、大腸菌群数および腸球菌群数に影響を与え、両細菌群数が減少し、統計値に大きな影響を及ぼすことにより、頻度分布特性が正規分布を示さずに他の頻度分布特性へ変化するものと考えられる。

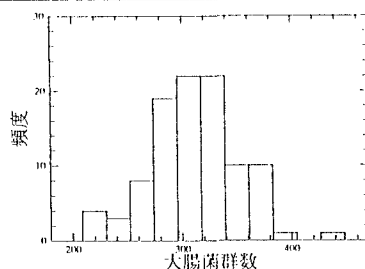
表- 2 大腸菌群及び腸球菌群の各統計値

(1) 大腸菌群

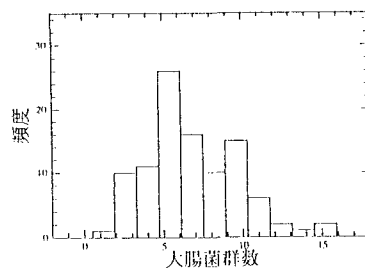
	(個/ml) 平均値	(個/ml) 標準偏差	歪度	尖度	変動係数
St. 1	267.11	49.903	0.088	3.141	0.212
St. 2	10.30	3.812	0.997	6.090	0.391
St. 3	9.49	3.332	0.520	3.382	0.381

(2) 腸球菌群

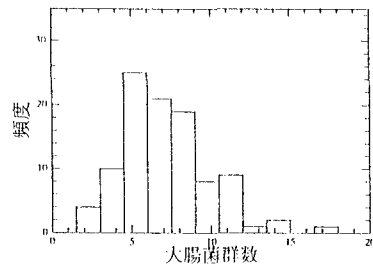
	(個/ml) 平均値	(個/ml) 標準偏差	歪度	尖度	変動係数
St. 1	243.48	22.032	0.348	2.863	0.217
St. 2	11.07	3.812	1.514	6.630	0.526
St. 3	4.03	3.332	0.668	2.947	0.633



St. 1における頻度分布図



St. 2における頻度分布図



St. 3における頻度分布図

図- 1 大腸菌群のSt.1～St.3における頻度分布図