

図6 DNA固定化法により定量したBrdU標識DNA量と微生物細胞数との関係
(左図:P17株, 右図:NOX株)

水道水試料中の従属栄養細菌数測定への適用

浄水処理方式の異なる2つの配水区において採水した浄水試料を対象として、残留塩素中和後に再増殖した従属栄養細菌数とBrdU標識DNA量との関係を調べた結果を図7に、得られた回帰式を表1に示す。BrdU標識DNA量の定量は、細胞固定化法とDNA固定化法の両法を用いて行った。いずれの方法を用いた場合でも、高度浄水処理水中で再増殖した微生物を対象として算出した回帰式の方がわずかではあるが大きな傾きを示した。また2種類の固定化法を比較すると、DNA固定化法でこれまたわずかではあるが大きな傾きを示しており、DNA固定化法の方がより検出感度が高いと考えることができる。

一方、急速ろ過処理水中では半数の試料で微生物再増殖に要する倍加時間が6hr未満となったのに対して、高度浄水処理水の平均倍加時間は 10.1 ± 3.3 hrであった。このようにわずかではあるが高度浄水処理水で微生物が再増殖しにくい状況にあることが確認されたものの、いったん再増殖が起こった場合には最終的な再増殖量は急速ろ過処理水との間には大きな違いは見られなかった。こ

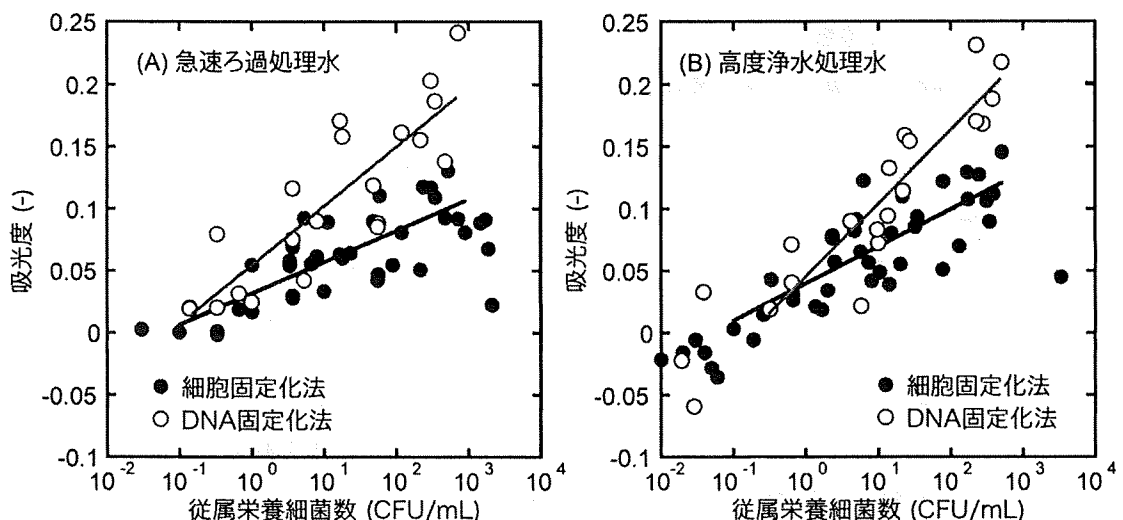


図7 処理方式の異なる浄水中で再増殖した微生物を対象としたBrdU標識DNA量と微生物細胞数との関係 (A:急速ろ過処理水, B:高度浄水処理水)

表 1 再増殖微生物細胞数と BrdU 標識 DNA 量の関係式

	細胞固定化法	DNA固定化法
急速ろ過処理水	$y=0.025 \cdot \log x + 0.006$	$y=0.048 \cdot \log x + 0.008$
高度浄水処理水	$y=0.030 \cdot \log x + 0.010$	$y=0.059 \cdot \log x - 0.015$

れは、以前の調査結果で判明したように、これらの調査対象区域の浄水中 AOC 濃度が同レベルにあるためと考えられる。なお、今回の調査では再増殖微生物種の同定は行っていないため、これら再増殖微生物群を構成する集団が両配水区で異なるかどうかは不明であり、観察された回帰式の傾きの違いがどのような要因に起因するかは特定できていない。

D. 考察

1) 微生物増殖を促進しない水質要件の決定

高度浄水処理プロセスにおける AOC 除去特性

原水と処理水の AOC 濃度がほとんど変わらないことから、今回の調査対象施設におけるプロセス構成ならびに運転条件は AOC 除去に対してほとんど効果がないと判断される。一方、冬季に BAC による AOC 除去率が大きく低下したことが明らかになっている。BAC 流出水中の HPC 数を両シーズンで比較すると、冬季には 5 CFU/mL であったのに対して夏季には 105 CFU/mL に増加しており、冬季には BAC 表面の微生物叢が未成熟であったことが示唆された。冬季における BAC 運転条件の変更により、AOC 除去効果を改善することが可能と考えられる。

残留塩素濃度を低減した浄水中で微生物再増殖を抑止可能な AOC レベルの把握

図 5 では培養 10 日後のデータセットを用いて解析した結果を示しているが、実際の給配水時間により近い培養 4 日後のデータセットを用いた試算も試みた。しかし、得られた許容 AOC 濃度は同等の数値であった。試算された AOC 濃度は、表流水を原水として用いた場合には通常の浄水処理技術では達成が困難な要求水準であり、目標達成には新たな処理技術の導入あるいは処理プロセスの再構築が不可欠と考えられる。

van der Kooij は、残留塩素フリーの水道システムを対象とした給水栓水サンプリング結果に基づいて、微生物再増殖を促進しない水質として AOC 10 $\mu\text{gC/L}$ を提唱している²⁾。我々の結果は、残留塩素濃度を 0.05 mgCl_2/L に維持したとしても同等の水質が要求されることを意味している。このようにより厳しい AOC 要求水準が得られた理由として以下の 3 点が考えられる。

- 1) 今回の回分培養系では純粋に植種量以上の微生物数が検出されないことを微生物学的安定性の定義としているのに対して、van der Kooij らは、給水栓水で検出される浮遊性従属栄養細菌が一定水準 (DBA カウントで 1000 CFU/mL) を超えないこととしており、この条件では実際には配管内におけるバイオフィーム形成が進んでいると考えられる (検出された DBA カウントはバイオフィームから剥離した微生物数と解釈される)。
- 2) オランダの調査対象配水システムの平均水温はそれぞれ 14.5 $^{\circ}\text{C}$ (表流水), 13.7 $^{\circ}\text{C}$ (地下水) と報告されている²⁾。本研究で回分培養を行った水温 20 $^{\circ}\text{C}$ と比較して低水温であり、かつ微生物再増殖が起こりにくいとされている温度領域であることが、より高濃度な AOC を許容したと考えられる。ただし、日本の配水システムにおける平均水温を考慮すると、本研究で得られたより厳し

い AOC 要求水準が妥当と判断される。

3) 式 1 で求めた曲線は、残留塩素濃度 $0 \text{ mgCl}_2/\text{L}$ の場合に AOC $0 \text{ }\mu\text{gC}/\text{L}$ を要求しているが、実際には AOC 濃度が十分に低い場合には微生物が静止菌体状態に陥る、あるいは増殖速度が非常に小さいため試験期間中には増殖が確認されないと考えられる。そのため、“微生物増殖が起こらない最小 AOC 濃度”が存在するはずであり、図 5 の曲線原点は右側にシフトすべきである。ただし、得られたデータセットからは上記の最小 AOC 濃度を求めることができなかったため、検討を見送った。今後、試料中 AOC 濃度をさらに低減することができれば、最小 AOC 濃度を用いた補正が可能になるだろう。

その反面、今回の培養試験系では実際の給配水システム内で見られる“連続的な基質供給”が再現されていない点にも注意が必要である。

2) 浄水中の従属栄養細菌数を迅速に測定する手法の確立

今回新たに検討した DNA 固定化法では、細胞数-BrdU 標識 DNA 量の関係において細胞固定化法を用いた場合よりも大きな吸光度変化が得られた。このように、わずかではあるが検出感度が高いことに加えて、細胞壁処理の省略により抗原抗体反応の前処理プロセスで 3 時間程度の操作時間が短縮できたことから、DNA 固定化法がより優れた方法と判断される。さらに、実際の水道水試料中で再増殖した従属栄養細菌を対象とした検討結果においても、モデル微生物を用いた場合に得られた BrdU 標識 DNA 量と微生物細胞数の関係式と類似した両者の関係式が得られたことから、決定した BrdU ラベル化反応および標識 DNA 定量条件は混合微生物系に対しても適用可能であると考えられる。

E. 結論

本研究では残留塩素濃度を最小限にした水道システムの構築を想定し、微生物再増殖を抑止するために要求される水質を調べた。現状の高度浄水処理水中の AOC 濃度は概ね $50 \text{ }\mu\text{gC}/\text{L}$ 以上とかなり高濃度であり、対象施設の高度浄水処理プロセス構成ならびに運転条件は、AOC 除去に対してはほとんど効果がないことが確認された。一方、最小限の残留塩素存在環境 ($0.05 \text{ mgCl}_2/\text{L}$) で微生物再増殖を防止するためには、AOC 濃度を約 $11 \text{ }\mu\text{gC}/\text{L}$ まで低減する必要があることが回分培養試験により示された。この要求水準は、表流水を原水として用いた場合には通常の浄水技術では達成が困難であり、目標達成には新たな処理技術の導入あるいは処理プロセスの再構築が不可欠と考えられる。

一方、浄水中の従属栄養細菌数を迅速に測定する手法として、短時間の培養により BrdU 標識された核酸量を定量する方法を提案した。昨年度までに検討を行った細胞固定化法に対して、より検出感度が高く、また抗原抗体反応の前処理時間が短縮される DNA 固定化法がより優れていることを示すとともに、実際の浄水試料中の再増殖微生物についても、細胞濃度 $10^1 \sim 10^3 \text{ CFU}/\text{mL}$ 細胞数の対数値と BrdU 標識 DNA 量の間には比例関係が得られることを確認し、本手法は混合微生物系に対しても適用可能であることを示した。

F. 健康危険情報

なし

G. 研究発表

1. 論文発表

1) Yumiko Ohkouchi, Bich Thuy Ly, and Sadahiko Itoh (2009) Detection of bacterial regrowth in water distribution system using endotoxin as an alternative indicator, *Advances in Asian Environmental Engineering*, Vol.8, No.1, pp.13-19.

2. 学会発表

1) Bich Thuy Ly, Yumiko Ohkouchi, Sadahiko Itoh (2009) Investigation of related factors to biological stability in drinking water distribution system and the possibility of AOC removal by ion exchange, *The 8th International Symposium on Water Supply Technology Proceedings*, pp.270-278.

2) 伊藤禎彦 (2009) 高度浄水処理水を越える水道水質ニーズとリスク管理のゆくえ, *環境衛生工学研究*, Vol.23, No.3, pp.3-9.

3) Yumiko Ohkouchi, Shinya Echigo, Nagahisa Hirayama and Sadahiko Itoh (2009) Our approaches for reducing chlorinous odor to establish satisfactory water supply systems in Japan, *Proceedings of 6th Netherlands-Japan Workshop on Water Technology*, pp.30-33.

4) Yusuke Aoki, Shinya Echigo, Yumiko Ohkouchi and Sadahiko Itoh (2009) Fate of amino acids in drinking water treatment process, *Proceedings of 6th Netherlands-Japan Workshop on Water Technology*, pp.98-99.

5) Yasuhiro Asada, Yumiko Ohkouchi and Sadahiko Itoh (2009) Rapid quantification of heterotrophic bacteria in drinking water based on the amount of DNA labeled with Bromodeoxyuridine, *Proceedings of 6th Netherlands-Japan Workshop on Water Technology*, pp.108-109.

6) Yoshihiro Kawano, Bich Thuy Ly, Suguru Ishikawa, Yumiko Ohkouchi and Sadahiko Itoh (2009) AOC removal during drinking water treatment processes in Japan, *Proceedings of 6th Netherlands-Japan Workshop on Water Technology*, pp.113-114.

7) Yumiko Ohkouchi, Bich Thuy Ly, Suguru Ishikawa, Yoshihiro Kawano, Sadahiko Itoh (2009) Present AOC levels in drinking water and its required level for biologically stable water with lower chlorine residual, *Proceedings of the 17th Seminar of JSPS-MOE Core University Program on Urban Environment*, pp. 1-9.

8) 伊藤禎彦, Patrick Smeets, Gertjan Medema (2009) 微生物の定量的感染リスク評価手法日中戦略的国際科学技術協力推進事業 第3回シンポジウム 水の反復利用によるリスク低減のためのモニタリング評価と対策技術に関する研究, pp.74-76.

9) 伊藤禎彦, Patrick Smeets, Gertjan Medema, 宋金姫 (2010) 定量的感染リスク評価における浄水処理プロセスの流入・流出水濃度のデータペアリング方法, 第44回日本水環境学会年会講演集, pp.76.

10) 伊藤禎彦, Patrick Smeets, Gertjan Medema, (2010) 定量的感染リスク評価の感度解析における非加熱飲料水消費量データの影響, 第44回日本水環境学会年会講演集, pp.76.

11) 河野圭浩, Ly Bich Thuy, 大河内由美子, 伊藤禎彦 (2010) 浄水処理過程における生物分解性有機炭素の除去特性, 第44回日本水環境学会年会講演集, pp.178.

H. 知的財産権の出願・登録状況

- 1.特許取得 なし
- 2.実用新案登録 なし
- 3.その他 なし

参考文献

- 1) Srinivasan, S, and Harrington, G.W.: Biostability analysis for drinking water distribution systems, Water Res., 41(10), pp. 2127-38, 2007.
- 2) van der Kooij, D: Assimilable organic carbon as an indicator of bacterial regrowth, J. AWWA, 84(Feb), pp.57-65, 1992.

ATP機器分析法との組合せによる
水道水中AOC濃度迅速評価法の検討

研究代表者 島崎 大
研究協力者 武井 佳奈子

厚生労働科学研究（健康安全・危機管理対策総合研究事業）
「水道の配水過程における水質変化の制御および管理に関する研究」
平成 21 年度分担研究報告書

ATP 機器分析法との組合せによる水道水中 AOC 濃度迅速評価法の検討

研究代表者 国立保健医療科学院水道工学部 島崎 大
研究協力者 国立保健医療科学院水道工学部 武井 佳奈子

研究要旨

AOC 分析に係る時間短縮を目的として、混釈培地法の代わりに ATP アナライザおよび ATP 消去剤キットを用いた ATP 濃度の迅速分析法の適用を試みた。直接法では ATP 分析法による代替の可能性が示されたものの、ろ過法では測定者間の操作の相違や外部からのコンタミ等によると想定される分析精度の低下が著しく現れた。また、ATP 濃度は対数増殖期の後に低下することが示唆されたため、各供試細菌の増殖フェーズに留意した適用が必要と考えられる。

A. 研究目的

標準的な AOC 分析においては、採水試料への供試細菌(*Pseudomonas fluorescens* P17 および *Spirillum* sp. NOX)の植菌後、細菌密度が定常に達するまでの約 10~15 日間、定期的に細菌数を確認する必要がある。この際、通常は混釈培地法を用いるため、AOC 濃度の確定には最大 3 週間程度を要する。そこで、AOC 分析に係る時間短縮を目的として、混釈培地法の代わりに ATP アナライザおよび ATP 消去剤キットを用いた ATP 濃度の迅速分析法の適用による検討を行った。

B. 研究方法

供試水として酢酸ナトリウム標準溶液 (0,50,100 μ g/L) および科学院水道水を用い、AOC 分析は通常法に準じた。すなわち、滅菌・有機物酸化済み 200mL ガラス製三角フラスコ 2 個に検水を各 100mL 無菌的に採取した。残留塩素を含む水道水については、三角フラスコ内にあらかじめ 1%チオ硫酸ナトリウム溶液を 0.1mL 加えた。恒温水槽で 75°C・20 分間加熱処理し、室温まで冷却した後、各フラスコ内に P17 試験菌株液あるいは NOX 試験菌株液を 1mL 加えた。20°Cのインキュベータ内に静置し、2~3 日おきに各菌数を R2A 混釈培地法および ATP 濃度測定法により計数し、各菌体の最大増殖量を求めた。

ATP 濃度の迅速分析には、ATP アナライザ（東亜 DKK 社製 AF-100）および消去剤キット（同社製 AF-3X2）を用いた。ここでは、試料の濃縮を行わない「直接法」と 0.45 μ m フィルター濃縮を行う「ろ過法」との比較を行った。各操作フローを図 1 に示す。

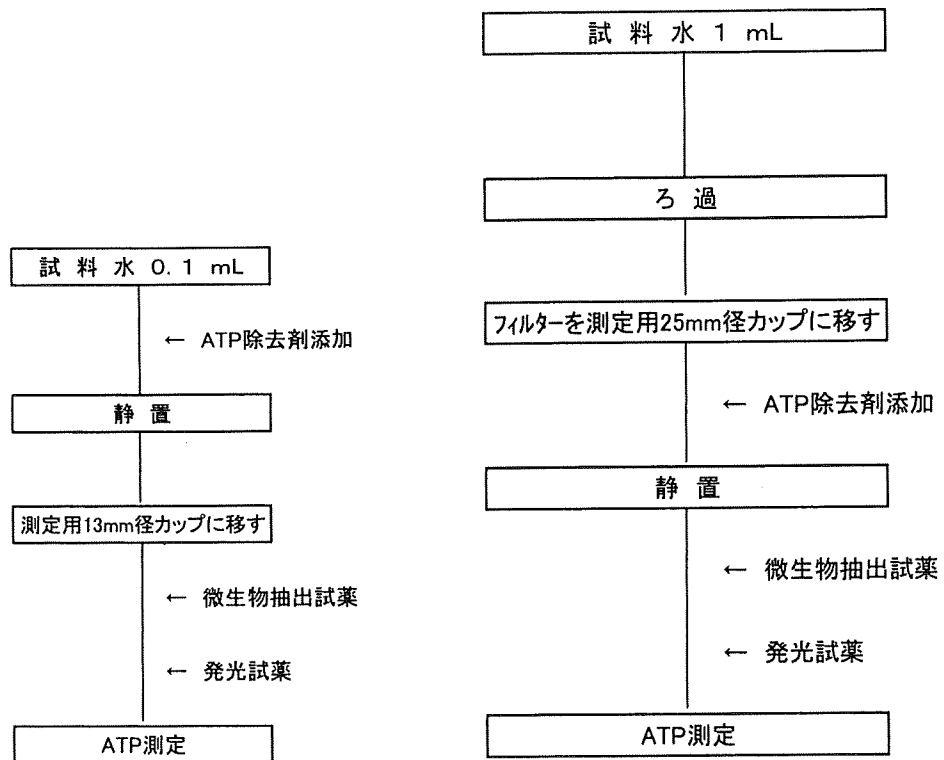


図1 ATP濃度分析における直接法（左）およびろ過法（右）の操作フロー

C. 結果

①直接法における菌体濃度および ATP 濃度の関連

酢酸ナトリウム標準溶液 $0.50 \mu\text{g/L}$ を供試水とした。植菌を 8 月 6 日に行い、各菌体の採取を植菌後 4, 6, 8, 11, 13 日目に行った。P17 株および NOX 株における菌体増殖曲線を図 2 に示す。各菌体とも 8~11 日目に最大増殖に達したことが確認された。同時に測定した ATP 濃度(図 3)は、P17 株では最大で約 16pmol/L 、NOX 株では 17pmol/L 検出された。ATP 濃度の増加は菌の増殖傾向と同様であるが、いったん最大増殖に達すると、それ以降の ATP 濃度は低下する傾向となった。これは各菌体が対数増殖期から定常期に移行することに対応すると考えられる。R2A 混釈培地法および ATP 濃度法との相関を確認したところ、P17 株は 0.77、NOX 株は 0.78 の相関係数が得られた。

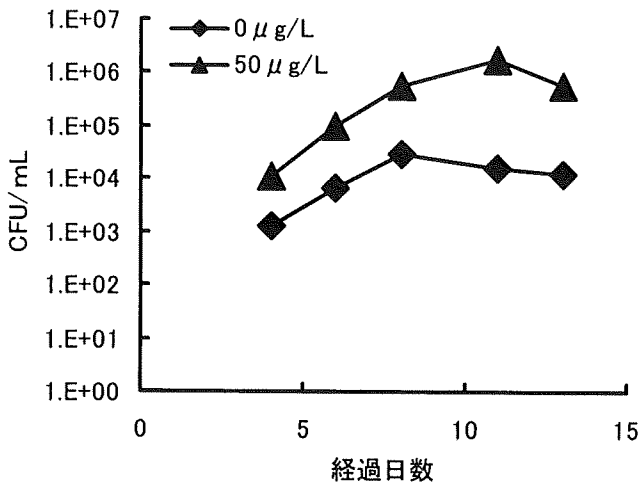


図 2(a) P17 株の増殖曲線 (直接法)

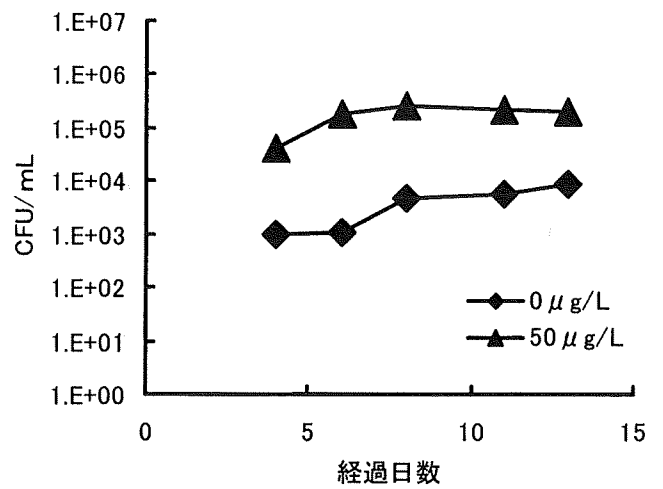


図 2(b) NOX 株の増殖曲線 (直接法)

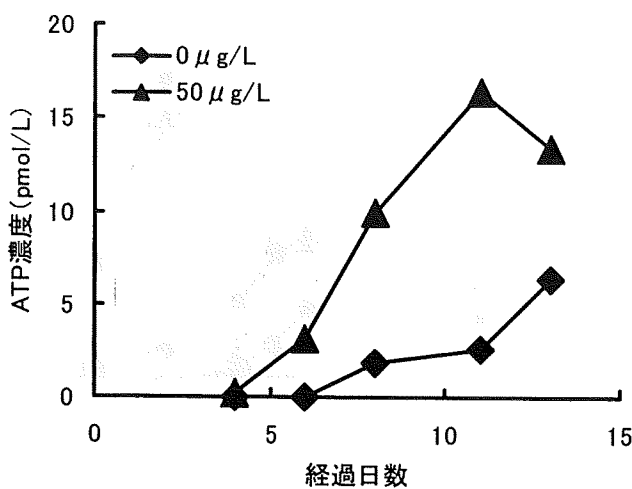


図 3(a) P17 株の ATP 濃度 (直接法)

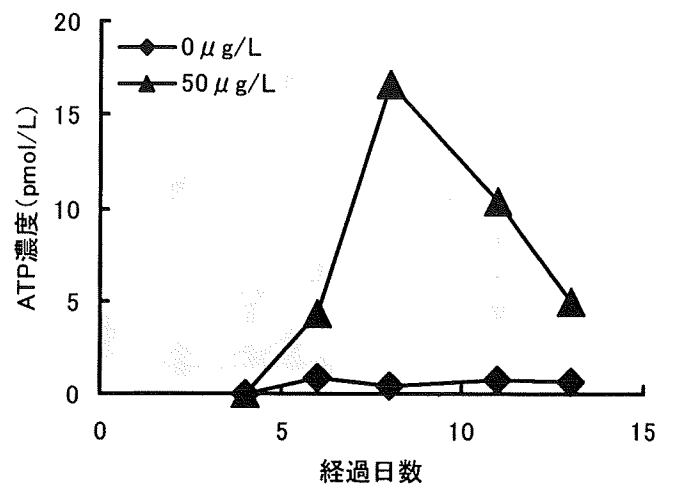


図 3(b) NOX 株の ATP 濃度 (直接法)

②ろ過法における菌体濃度および ATP 濃度の関連

酢酸ナトリウム標準溶液 0,50,100 μg/L および国立保健医療科学院水道水を供試水とした。植菌を 10 月 1 日に行い、各菌体の採取を植菌後 6,7,8,10,12 日目に行った。P17 株および NOX 株における菌体増殖曲線を図 5 に示す。P17 株では、酢酸ナトリウム溶液を加えたものは 7~10 日に最大増殖に達し、水道水では計数期間中では 12 日目の菌数が最大となった。NOX 株では 6~7 日目に最大増殖となったが、水道水では全く菌が検出されなかった。同時に測定した ATP 濃度(図 6)では、P17 株では最大で約 58pmol/L、NOX 株は 120pmol/L が検出されたが、ともに激しい濃度の増減が観察された。R2A 混釈培地法および ATP 濃度法との相関係数は、P17 株は 0.36、NOX 株は 0.22 となり相関は認められなかった。

なお、水道水中の最大増殖菌数から標準的菌体収率係数(P17: 4.1×10^6 CFU/酢酸 C μg)により AOC 濃度を求めると、68 μg/L となった。

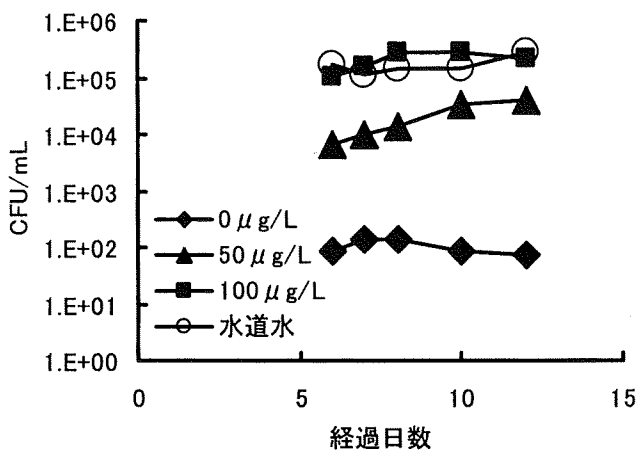


図 4(a) P17 株の増殖曲線

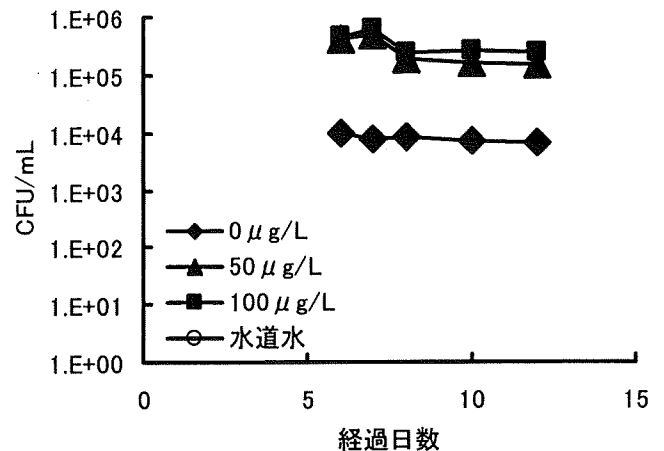


図 4(b) NOX 株の増殖曲線

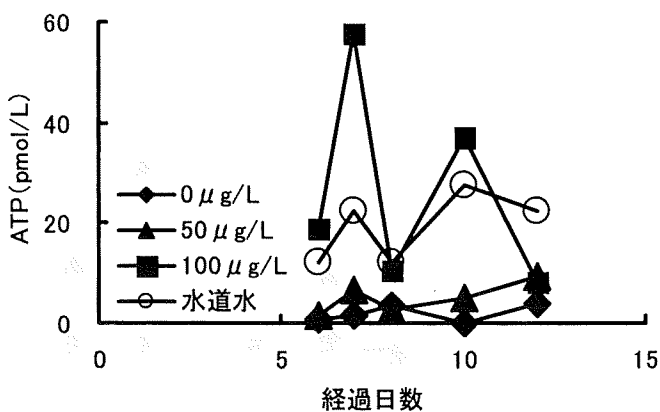


図 5(a) P17 株の ATP 濃度 (ろ過法)

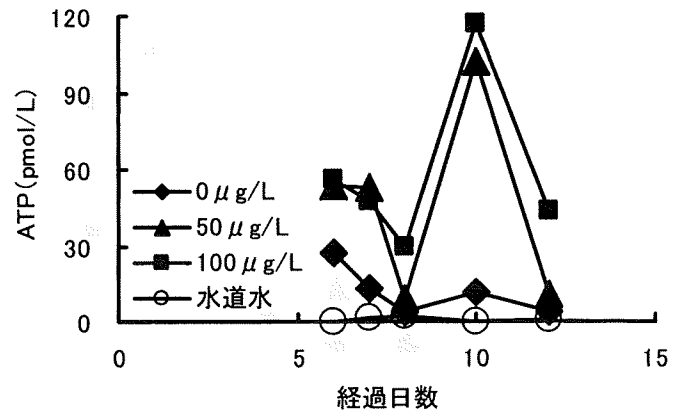


図 5(b) NOX 株の ATP 濃度 (ろ過法)

D. 考察

R2A 混釈培地法による細菌数測定値と ATP 分析法による ATP 濃度との相関について、直接法にて細菌数と有意な相関がみられたものの、ろ過法では全く相関がみられなかった。後者については、試料水への植菌から 6 日後の試料採取の時点で、AOC 標準細菌はほぼ定常状態に達していたためと思われる。微生物の集落数と ATP 濃度の関係について非常に高い相関関係を示した報告りもあることから、対数増殖期を確実に含んだ菌数測定および ATP 分析を行うことで、混釈培地法と ATP 分析法の相関関係が明確に示されると考えられる。

ATP 分析における直接法とろ過法の比較について、直接法は試料水の厚みの影響を受けるのに対して、ろ過法は試料がフィルター上に均一に広がり検出感度に優れるため直接法よりも微量な菌体数の測定に適することが期待された。しかし、ろ過法においては分析値が大幅にばらつく結果となった。今回の分析精度低下の原因として、直接法は試料採取後の遊離 ATP の消去作業を蓋付きの容器内で行うのに対して、ろ過法は開放系の装置で試料をろ過し、また、広口の ATP 測定容器内で遊離 ATP の消去を行うため、コンタミネーションの可能性がより高い可能性が考えられる。

E. 結論

直接法では ATP 分析法による代替の可能性が示されたものの、ろ過法では測定者間の操作の相違や外部からのコンタミ等によると想定される分析精度の低下が著しく現れた。ATP 分析感度は直接法よりもろ過法のほうが優れているため、同一測定者による測定手順の均一化や、コンタミ防止等の方策によるろ過法の分析精度の向上が必用である。また、ATP 濃度は対数増殖期の後に低下することが示唆されたため、各供試細菌の増殖フェーズに留意した適用が必要になると考えられる。

F. 健康危険情報

なし

G. 研究発表

1. 論文発表

なし

2. 学会発表

なし

H. 知的財産権の出願・登録状況

- | | |
|-----------|------|
| 1. 特許取得 | 該当なし |
| 2. 実用新案登録 | 該当なし |
| 3. その他 | 該当なし |

参考文献

- 1) 巽有紀子、塩出貞光：水道における微生物学指標としての ATP に関する調査，大阪市水道局水質試験所調査研究ならびに試験成績，第 55 集(2004).

分担研究報告書 6

モデルシミュレーションによる配水過程における
微生物再増殖性および汚染事故発生時の健康リスク評価

研究分担者 伊藤 竜生
研究協力者 船水 尚行

モデルシミュレーションによる配水過程における
微生物再増殖性および汚染事故発生時の健康リスク評価

研究分担者 北海道大学大学院工学研究科 伊藤 竜生

研究協力者 北海道大学大学院工学研究科 船水 尚行

研究要旨

より実態に近いシミュレーションモデルを構築するため、給配水系を配管網として計算を行うようにし、また塩素の消費速度に関する有機物との反応モデルを組み入れた。具体的に次のような改良を行った。配水管網中の水道水の移動について、各節点におけるエネルギー位を求め、配水管内での流行および流速を求める。このエネルギー位をもとに配水管を上流から順位付けし、塩素、有機物および微生物の反応を計算する。この改良モデルを用いて配管網内での従属栄養細菌の再増殖速度と、原水水質および浄水場における有効塩素濃度との関係について検討を行い、次にあげる結論を得た。配水池が複数あるような複雑な配水管網に対応し、各節点における給水量変動に対応した。微生物の再増殖について、浄水中の残留塩素濃度と給水栓における微生物濃度の関係を明らかにし、原水水質と微生物の再増殖抑制のための必要残留塩素濃度の関係が計算可能であることを示した。

A 研究目的

残留塩素濃度を低減した配水管網において、水道水の健康リスクを一定以下にするための方策（浄水系、給配水系の運転管理法）を提言するため、これまでに開発されてきた原水から給配水系までの水道にかかわるプロセスを包括的に表現し、健康リスクを推算するシミュレーションモデルの改良を行う。本年度はシミュレーションモデルをより実態に近づけるため、給配水系を配管網として計算を行うようにし、また塩素の消費速度に関して、有機物との反応を組み入れたモデルを再構築し、配管網内での従属栄養細菌の再増殖速度と、原水水質および浄水場における有効塩素濃度との関係について検討を行った。

B 研究方法

(1) シミュレーションモデル

図 1 に本研究で用いたシミュレーションモデルの概要を示す。本シミュレーションモデルは浄水処理の単位プロセスごとに計算を行う。入力パラメータとして原水の平均水質(過マンガン酸

消費量、大腸菌群数)、消毒に用いる浄水中残留塩素濃度を用いて、配水池、配水管および高架水槽内での残留塩素の消費量、同化可能有機物(AOC)の変化量、従属栄養細菌の再増殖量を計算する。この結果として、給水栓における残留塩素濃度、有機物濃度、微生物濃度が推算される。

この浄水中の塩素、有機物および微生物の反応に関して、図2に示すマルチコンポーネントモデルを採用した。このモデルは、主流であるバルク相と壁面に付着した生物膜内の壁面相でそれぞれの反応がおこり、互いの相間では境界膜を通じた物質移動が起こっていると仮定する。本年度使用したモデルは、昨年度のモデルに有機物による塩素の消費を加えた。この反応モデル式を次に示す。

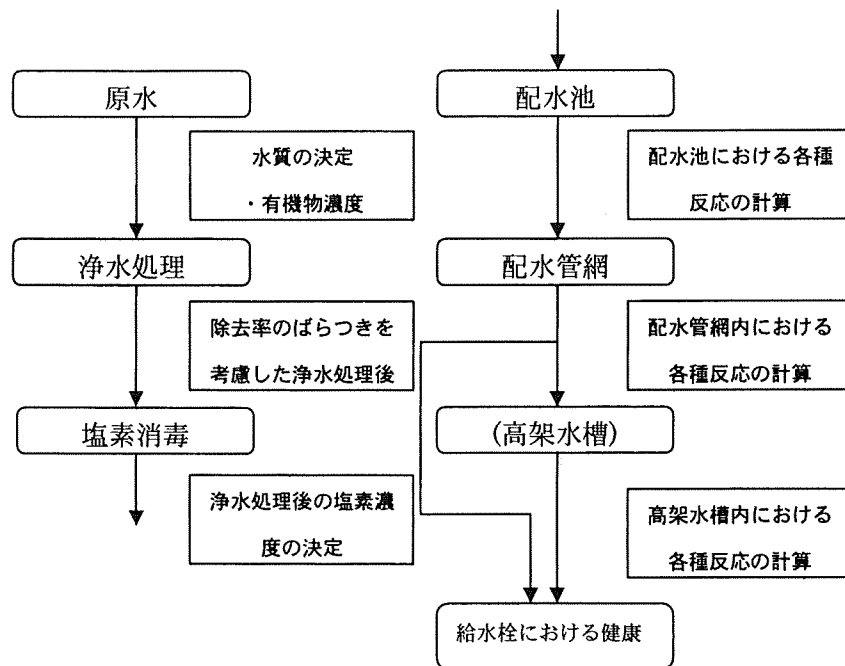


図1 シミュレーションモデル

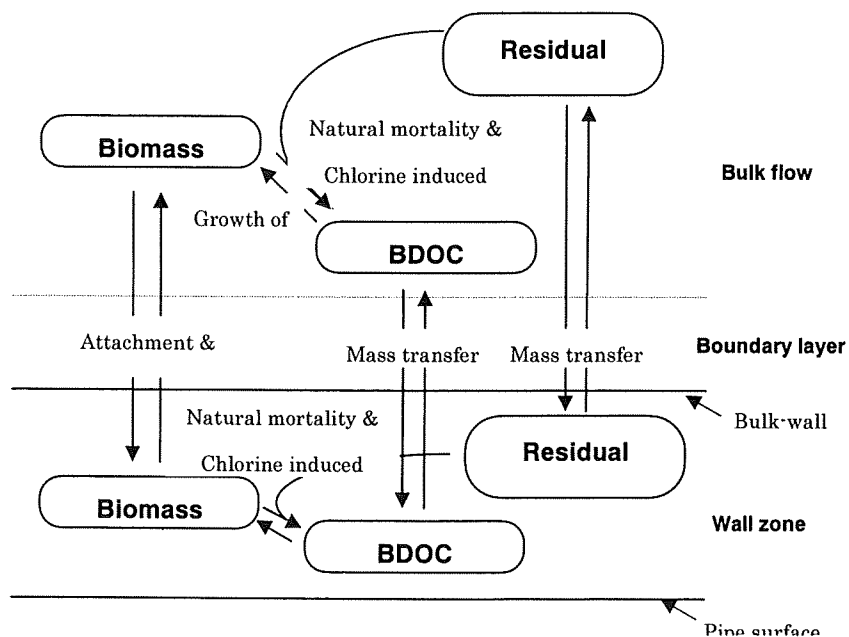


図2 マルチコンポーネントモデル

また、実際の配水管網では任意の点における流速、流行が刻一刻と変化するため、さらに配水池が複数あるような配水管網における流速を求めるためにエネルギー位法を用いて流速計算を行うモデルを組み込んだ。これにより、ある配水管網について各節点における給水量の時間変化を与えることにより、各時刻における配水管内での流速、流行を求めることが可能となった。この結果から、図3に示すフローチャートに従い水質変化の計算を行う管の順番を求め、各時刻における流量変化を考慮した水質変化の計算を任意の配管網に対して行えるようにシミュレーションプログラムを改良した。

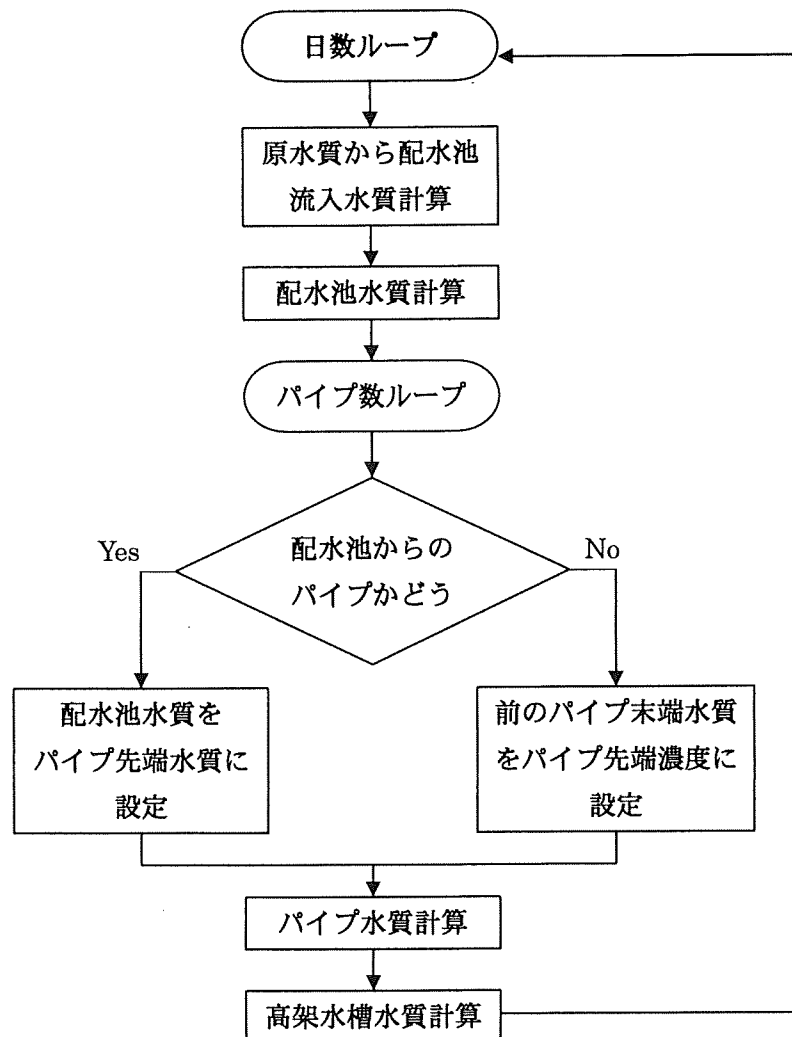


図3 計算順序決定のためのフローチャート

(2) シミュレーション対象の設定

シミュレーションに用いた配水管網の概略を図4に示す。昨年度までの研究と同様に水道統計にある浄水場を3種類に分類し、その中で最も大きい配水区を対象とした。水質初期値の影響をわかりやすくするため、原水水質、各成分除去率、各節点における配水量を一定とした。平均大腸菌群数を $2.4 \times 10^{-1} \text{mg/L}$ 、平均過マンガン酸消費量を $10^{0.7} \sim 10^{2.0} \text{mg/L}$ とし、計算時間を90日間とした。浄水処理後の残留塩素濃度を $0 \sim 0.24 \text{mg/L}$ と変化させた。

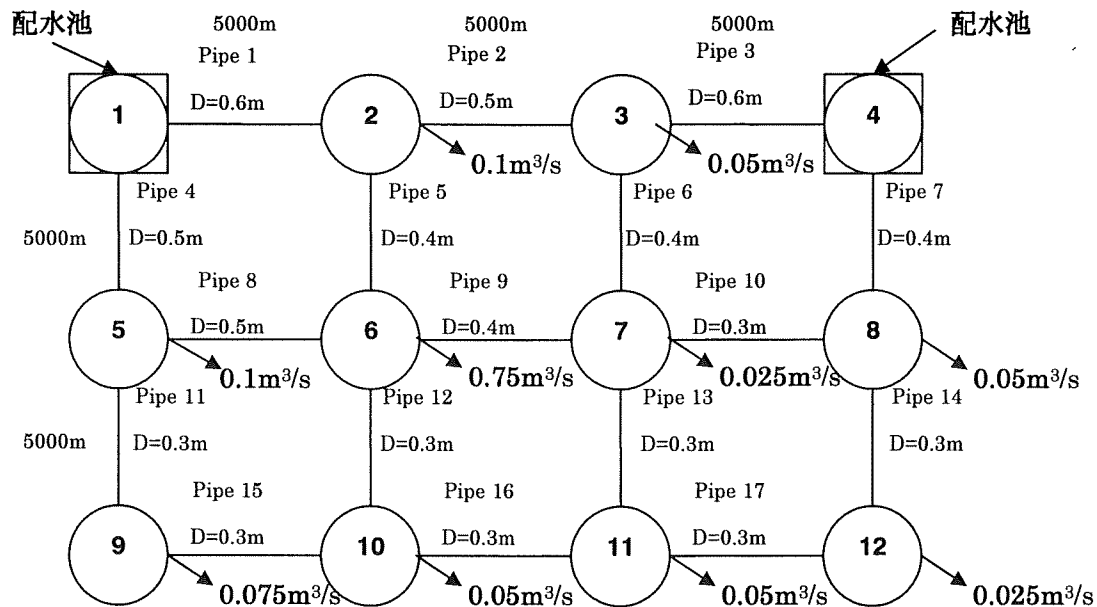


図4 配水管網概略

C, D 研究結果と考察

原水中有機物濃度を $10^{1.1} \text{mg/L}$ と固定し、浄水中残留塩素濃度を $0.01 \sim 0.14 \text{mg/L}$ と変化した場合の各節点における微生物濃度を図5~7に示す。残留塩素濃度が低濃度の場合、配水池に最も近い節点1, 4が塩素濃度にかかわらずどの点よりも微生物濃度は低かったが、浄水中での微生物濃度 $2.4 \times 10^{-8} \text{mg/L}$ より高くなった。これは、塩素濃度が低いために微生物の塩素による死滅速度や自然死滅速度に比べ増殖速度が大きく、配水池内で微生物の再増殖が起きているためだと考えられる。また、配水池から遠い節点では微生物濃度が高い傾向が見られた。これは配水管内で微生物の再増殖が起きていることを示している。また、残留塩素濃度が高くなるに従い、各節点での微生物濃度は低くなり、塩素濃度 0.09mg/L では、節点間の微生物濃度の差が小さくなった。さらに塩素濃度が高い範囲では、微生物濃度は節点1, 4が最も高く、配水池から遠い節点は微生物濃度が低い結果になった。節点1, 4における微生物濃度は浄水中の微生物濃度よりも低く、配水池および配水管網での微生物の死滅速度が増殖速度より高いことが分かった。そこで、低塩素濃度で微生物濃度が最も高かった節点10に着目し、塩素濃度と微生物濃度の関係を有機物濃度をパラメータとして計算した結果を図8に示す。塩素濃度が高くなるにつれて微生物濃度が低くなるが、微生物濃度が急速に低くなる塩素濃度があることがこの図から見出された。また、この塩素濃度は有機物濃度が高くなるにつれて高くなる傾向を示し、有機物濃度が微生物の再増殖と塩素消費に影響を与えることが明らかになった。

以上の結果から、浄水中微生物濃度と節点10での微生物濃度が等しくなる塩素濃度を限界塩素濃度と定義し、これと有機物量の関係を図9に示す。限界塩素濃度は有機物量が増加する

に従い大きくなることが示された。これにより微生物の再増殖を制御するための塩素濃度の指標を定量化できることが分かった。

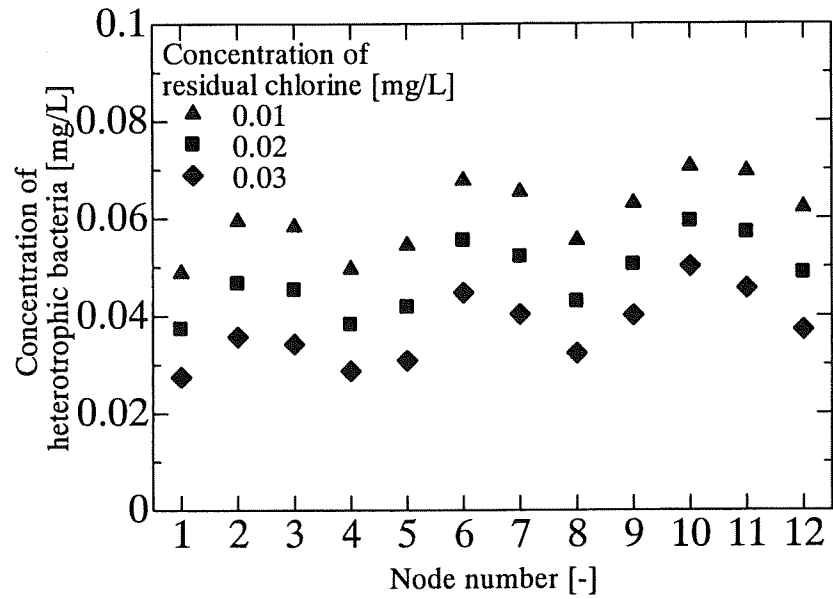


図5 各節点における微生物濃度

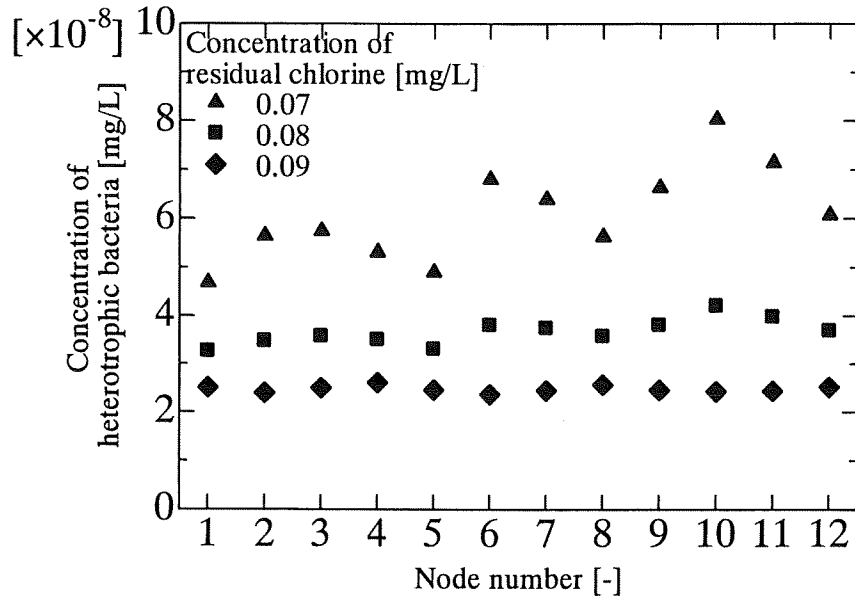


図6 各節点における微生物濃度

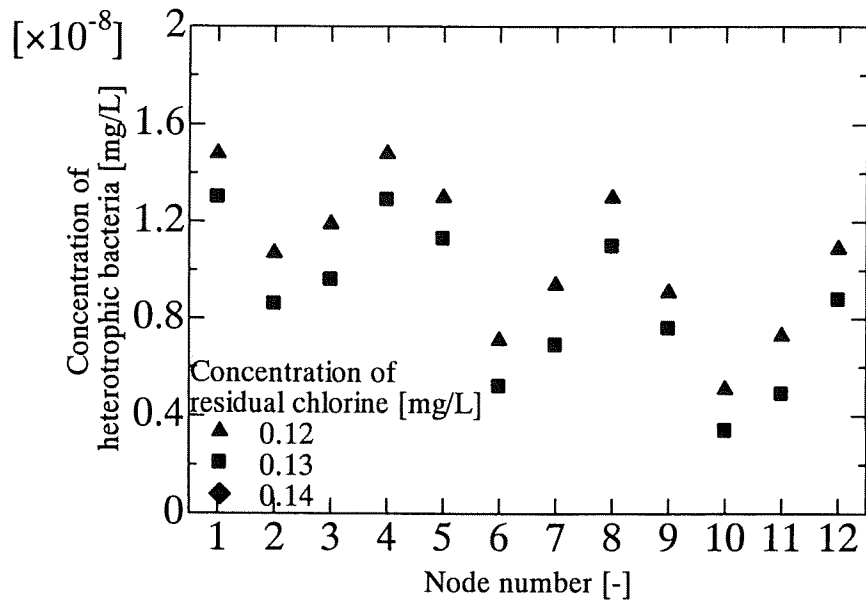


図7 各節点における微生物濃度