

Fekalkildesporing i Nitelva, Lillestrøm kommune. Skyldes det mennesker?

Av Ruth Vingerhagen, Adam M. Paruch, Lisa Paruch og Vegard Kvisle

Ruth Vingerhagen har doktorgrad i geokjemi fra ETH Zurich (2011) og jobber som konsulent i Norconsult AS.

Adam M. Paruch har doktorgrad innen miljøutvikling (2000) samt professorkompetanse (2011) og jobber som seniorforsker i NIBIO.

Lisa Paruch har medisinsk utdanning som lege (1995) samt doktorgrad i mikrobiell genetikk (2001) og jobber som forsker i NIBIO

Vegard Kvisle er miljøingeniør fra USU i Utah (1994). Han leder miljøavdelingen i Norconsult AS.

Summary

Faecal source tracking in Nitelva. Does it originate from humans? Faecal source tracking is a technique that provides information on the origin of faecal contamination. NIBIO has recently developed a method that gives the relative proportion of faecal contamination from five groups: four animal-specific groups (including humans) and a fifth group which covers all other animal species. The method enables faecal pollution sources to be distinguished e.g. municipal waste water (humans) versus other sources (e.g. pets or wild animals). This article describes the use of the method along Nitelva in the former Skedsmo municipality (now Lillestrøm). High *Escherichia coli* (*E. coli*) concentrations measured in spring (May 2019) are attributed to faecal water pollution arising from animals (most likely aquatic birds) and not humans.

Sammendrag

Fekalkildesporing er en teknikk som gir informasjon om hvilken dyregruppe bakterier fra avføring stammer fra. NIBIO har nylig utviklet en metode som angir hvilken andel bakterier

som stammer fra fem grupper: fire spesifikke dyregrupper (inkludert mennesker) og en femte gruppe som dekker øvrige dyrearter. Metoden gjør det mulig å skille utslipp fra kommunalt nett (mennesker) fra andre kilder (f.eks. dyrehold eller vilt). Denne artikkelen beskriver bruk av metoden langs Nitelva på strekningen gjennom gamle Skedsmo kommune (nå Lillestrøm). De høye konsentrasjonene av *Escherichia coli* (*E. coli*) som ble målt på våren (mai 2019) definerer fekal vannforurensing som skyldes dyr (mest sannsynlig vannfugler) og ikke mennesker.

Innledning

Nitelva er en 37 km lang elv som har sitt utspring ved Grua og munner ut i Svellet i nordenden av Øyeren. Elva går gjennom fire kommuner: Lunner, Nittedal, Skedsmo og Rælingen (kommunnavn før 2020). På grunn av høyt biologisk mangfold er vassdraget vernet med to naturreservater (Sørumsneset og Nordre Øyeren). Både Lillestrøm (befolkning – 12 500) og Strømmen (befolkning – 12 400) grenser til Nitelva. Tidligere resultater av vannprøver har påvist så

høye konsentrasjoner av fekale bakterier at vannet har blitt klassifisert som «uegnet» for bading (Statens forurensningstilsyn, 1997). Skedsmo kommune ville vite om bakteriekonsentrasjon skyldes utslipp fra kommunalt nett (mennesker) eller om det fantes andre kilder.

I de siste årene har NIBIO utviklet en DNA-basert metode som kan identifisere forureningskilde ved bruk av vertsspesifikke genetiske markører av *Bacteroidales* bakterier som stammer fra avføring (Paruch et al., 2019a). Bruk av DNA i miljøundersøkelse er et sterkt voksende fagfelt som er kalt «eDNA» eller «environmental DNA» (Rees et al., 2014; Ruppert et

al., 2019). Fekalkildesporing er en applikasjon av eDNA som har stort potensial innen forvaltning av vannressurser (Martellini et al., 2005; Paruch et al., 2020). Fekal vannforurensning er en av de vanligste årsakene til sykdommer, spesielt vannbårne zoonoser (dvs. infeksjoner og sykdommer overført mellom dyr og mennesker gjennom vann). Identifikasjon av kilde til fekalforurensning kan være avgjørende både i vurdering av tilstand i en vannforekomst og for å kunne iverksette effektive tiltak mot tilførsler av fekale mikrober. Med kunnskap om kilder kan helserisiko for mennesker gjennom kontakt med drikke-, bade- og vanningsvann reduseres.

Tabell 1: Oversikt over stasjoner og prøvepunkter i Nitelva og nærliggende vassdrag.

Stasjon	Prøvepunkter	Koordinater (WGS 1984 UTM sone 32N)	Prøvetatt mars 2019	Prøvetatt mai 2019	Prøvetatt november 2019	Beskrivelse
1	1a	0610089 6651693	X	X	X	Oppstrøms Åros bru.
	1b	0610095 6651679				
	1c	0610091 6651675				
2	2a	0611419 6651147	X		X	Oppstrøms E6.
	2b	0611423 6651135				
	2c	0611413 6651122				
3	3a	0611940 6650928	X			Nedstrøms E6.
	3b	0611940 6650909				
	3c	0611928 6650898				
4	4a	0612570 6650677	X	X	X	Nedstrøms PA6.
	4b	0612564 6650668				
	4c	0612558 6650649				
5	5a	0616140 6645724	X	X	X	Ved PA15. Stasjonen ligger nedstrøms utløp fra Leira.
	5b	0616112 6645716				
	5c	0616092 6645691				
6	6a	0617281 6647730		X	X (kun 6a)	Nedstrøms Borgen bro. Leira.
	6b	0617291 6647724				
	6c	0617300 6647713				
7	7a	0615582 6646451		X	X	Oppstrøms utløp fra Leira.
	7b	0615550 6646415				
	7c	0615523 6646378				
8	8	0612767 6648477		X	X	Fossen på Sagelva oppstrøms Skjervagapet.
9	9	0613756 6647836		X	X	Utslippsvannet fra Nedre Romerike Avløpselskap (NRA).



Figur 1: Oversiktskart over stasjoner (rosa punkter) brukt til prøvetaking i mars, mai og november 2019. Kilde: Norgeskart © Kartverket

Metoder

Prøvetaking

Vannprøver ble tatt på forskjellige årstider for å undersøke mulige endring i bidrag fra ulike kilder. Det var tre prøvetakingsrunder i løpet av 2019, i mars, mai og november. Prøvene ble tatt langs Nitelva fra kommunegrensen ved Nittedal til utløpet ved Svellet/Øyeren. Prøver ble også tatt i Leira, Sagelva og i utløp fra Nedre Romerike Avløpsselskap. Totalt var det ni prøvepunkter. En oversikt over plassering av punkter og når de ble prøvetatt er vist i Tabell 1 og Figur 1.

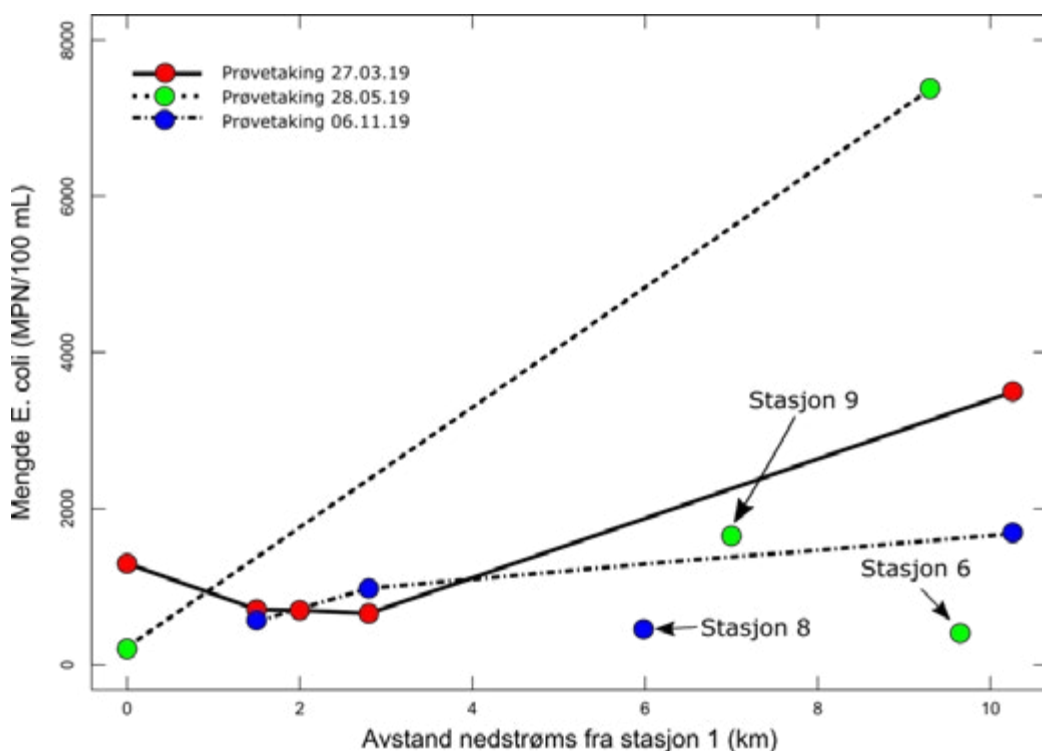
Analyse

E. coli i naturen stammer hovedsakelig fra avføring av varmblodige dyr. Analyse av *E. coli*-konsentrasjoner ble utført av enten Eurofins eller NIBIO etter standard metode (NS-EN ISO 9308-2). NIBIO utførte fekalkildesporing ved bruk av en internutviklet metode (Paruch et al., 2019b). Metoden bruker qPCR (quantitative polymerase chain reaction) for å identifisere og kvantifisere 16S rRNA avledede genetiske markører fra *Bacteroidales*. Disse markørene er vertsspesifikke (knyttet til en type vertsdyr). Bidrag fra forskjellige kilder kan dermed kvanti-

Tabell 2: E. coli-konsentrasjoner i prøver tatt langs Nitelva i 2019.

Stasjon	Avstand fra stasjon 1 (km)	E. coli (MPN/100 mL)		
		mars 2019	mai 2019	november 2019
Nitelva - hovedløp				
S1	0	1300	207	>200
S2	1,5	710	i.m.	550
S3	2	700	i.m.	
S4	2,8	660	>200	980
S7	9,3	i.m.	7380	>200
S5	10,25	3500	>200	1700
Vanntilførsel til Nitelva				
S8 (Sagelva)	6,0	i.m.	>200	460
S9 (utslippsvann NRA)	7,0	i.m.	1652	>24000
S6 (Leira)	9,65	i.m.	406	>200

i.m. ikke målt



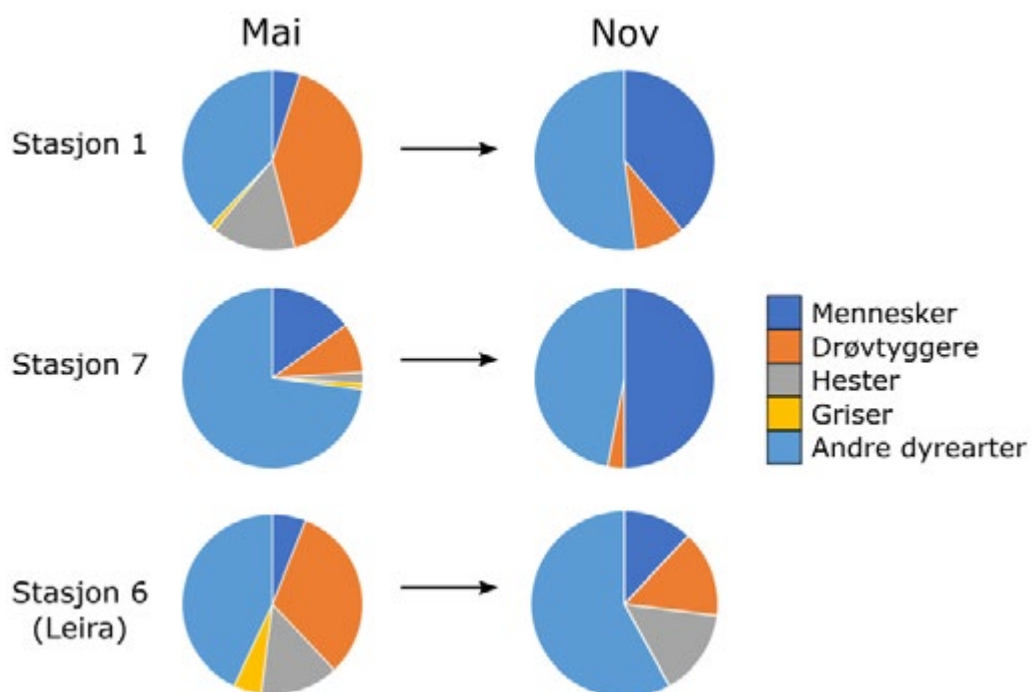
Figur 2: Mengde E. coli-bakterier målt i mars (hel linje), mai (stiplete linje) og november (dot-dash linje) 2019 langs Nitelva fra Stasjon 1 til Stasjon 5. Prøvene fra tre andre prøvepunkter er også vist (Sagelva (Stasjon 8), utslippsvann NRA (Stasjon 9) og Leira (Stasjon 6)).

fiseres. Metoden kan identifisere fem forskjellige kilder: mennesker, drøvtyggere (samlegruppe for f.eks. kyr, sau, geit, hjortedyr), hester, griser og andre dyrearter (samlegruppe for øvrige

varmblodige dyr som f.eks. hund, katt, vilt osv.). Metoden ble testet ut og benyttet i forskjellige vannkvalitetstester (Paruch et al., 2016 a, b, c; Paruch et al., 2017; Paruch & Paruch 2019).

Tabell 3: Andel av fekale bakterier fra fem undersøkte kilder fra prøver tatt i mai og november 2019.

Tid	mai 2019					november 2019				
	Mennesker	Drøvtyggere	Hester	Griser	Andre dyrearter	Mennesker	Drøvtyggere	Hester	Griser	Andre dyrearter
	%	%	%	%	%	%	%	%	%	%
S1 (oppstrøms)	5	41	15	1	38	39	9	0	0	52
S6 (Leira)	6	32	14	5	43	12	15	15	0	58
S7 (nedstrøms)	15	9	2	1	73	50	3	0	0	47



Figur 3: Sirkeldiagram som viser andel av fekale bakterier fra fem undersøkte kilder fra prøver tatt i mai og november 2019.

Resultater

Bakteriekonsentrasjoner

På grunn av at bakteriekonsentrasjoner i Nitelva er noe høyere enn i sammenlignbare elver, oppsto det noen problemer med analysen. Noen prøver ble ikke fortennet nok, og kom dermed over analysegrenseverdiene. Siden analyse må skje innen et visst tidsrom, var det ikke mulig å gjenta analysen med egnet fortenningsfaktor. På

dissene prøvene er *E. coli*-konsentrasjon rapportert som større enn analysegrenseverdien f. eks. > 200 MPN/100 mL (Tabell 2).

Både den høyeste og laveste *E. coli*-konsentrasjonen ble målt i mai 2019. Den høyeste *E. coli*-konsentrasjonen var målt på stasjon 7, oppstrøms fra tilløpet til Leira og lavest var målt på stasjon 1 ved den gamle kommunegrense

Tabell 4: Beregnet mengde bakterier fra hver kilde i mai og november 2019.

Tid	mai 2019					november 2019*				
	Mennesker	Drøvtyggere	Hester	Griser	Andre dyr	Mennesker	Drøvtyggere	Hester	Griser	Andre dyr
S1 (oppstrøms)	10	85	31	2	79	215	50	0	0	286
S6 (Leira)	24	130	57	20	175	66	83	83	0	319
S7 (nedstrøms)	1107	664	148	74	5387	850	51	0	0	799

*Estimert bakteriekonsentrasjon i S1 og S6 er basert på målinger gjort i S2. Beregning for S7 bruker bakteriekonsentrasjon målt på S5. Se tekst for detalj.

mellom Skedsmo og Lillestrøm kommune. Konsentrasjon av *E. coli* bakterier øker langs Nitelva. Økningen er størst i mai og minst i november (Figur 2).

Fekale forurensningskilder

Prøvene i mai hadde genetiske markører fra alle undersøkte fekale forurensningskilder (Tabell 3, Figur 3). Andel fekale bakterier fra drøvtyggere og andre dyrearter var til sammen mellom 75 og 82%. Andel fekale bakterier fra andre dyrearter økte fra 38 til 73% fra øverste til nederste prøve i Nitelva. Prøve fra Leira (S6) hadde en lignende sammensetning av fekale forurensningskilder som Stasjon 1 (oppstrøms, Figur 3).

Sammenlignet med prøvene tatt i mai, var andel fekale bakterier fra drøvtyggere betydelig mindre i november (3-15%, Tabell 3). Andel fekale bakterier fra mennesker i hver prøve hadde økt (Tabell 3, Figur 3) og andelen var høyest på nedstrøms prøvepunkt (50%, S7). En økt andel av fekale bakterier fra mennesker i de kalde årstidene har også blitt observert i andre deler av Norge (Paruch et al., 2016 a,b,c; Paruch et al., 2017; Paruch & Paruch 2019). I Nitelva var det ingen bidrag fra hester eller griser i november (Figur 3). Den største kilden av fekale bakterier i november var fra andre dyrearter (47-58%).

Diskusjon

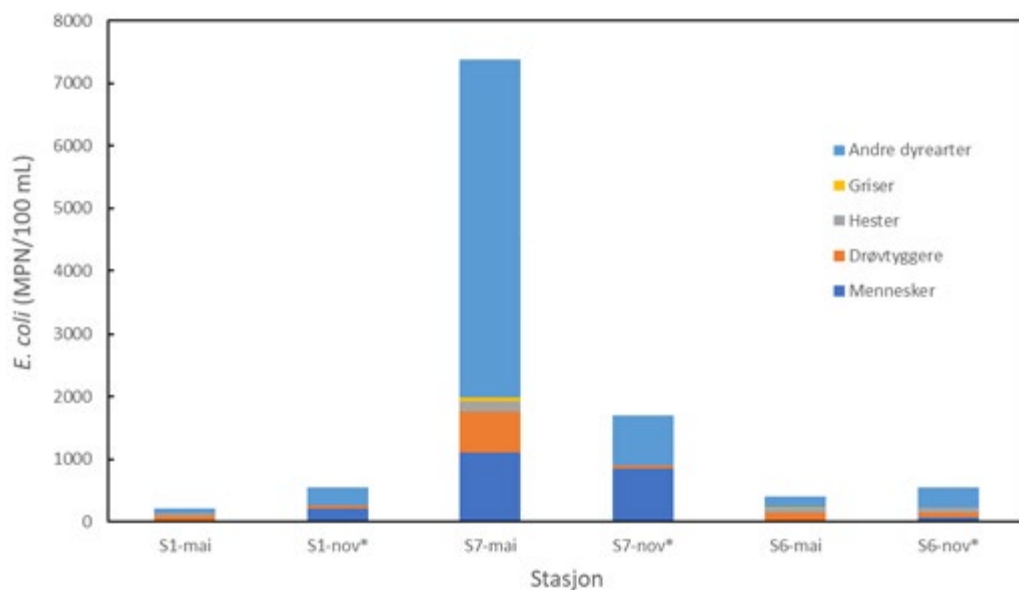
Kvantifisering av *E. coli* fra hver kilde

I tillegg til kunnskap om fekale forurensningskilder, er det viktig å vite om en relativ økning i bidrag samsvarer med en reell økning i mengde

bakterier. Vi antar at bidrag fra hver kilde til total *E. coli*-konsentrasjon er det sammen som for *Bacteroidales* da begge stammer hovedsakelig fra avføring. For mai var mengden *E. coli*-bakterier fra hver kilde beregnet ved å multiplisere total *E. coli*-konsentrasjon med andel fra hver kilde (basert på *Bacteroidales*). For november har vi ikke total bakteriekonsentrasjoner for tre av stasjonene. Her er teoretisk mengde *E. coli* bakterier estimert basert på bakteriekonsentrasjoner i de andre stasjoner som ble prøvetatt på samme dag (Tabell 4). I mars var det liten endring i bakteriekonsentrasjoner mellom stasjon 1 og stasjon 2. Vi antar derfor at verdi på stasjon 1 i november også er tilsvarende det som ble målt på stasjon 2. I mai hadde stasjon 6 (Leira) sammenlignbare bakteriekonsentrasjoner som stasjon 1 og vi bruker derfor verdi målt på stasjon 2 også for stasjon 6. Vi antar ikke store endringer i bakteriekonsentrasjoner mellom stasjon 7 og 5 som ligger rett oppstrøms, og bruker bakteriekonsentrasjoner målt på stasjon 5 for stasjon 7. De absolutte bidragene fra hver kilde til total *E. coli*-konsentrasjoner, på hvert målepunkt er vist i Figur 4.

Årstidsendringer

Både absolutt og relativt bidrag av *E. coli* bakterier som stammer fra hester, griser og drøvtyggere er mindre i november enn i mai (Figur 3, Figur 4). Det kan forklares med at beitedyr har blitt tatt inn for vinteren. Det er helt vanlig at fekal forurensningen fra hus- og beitedyr avhenger av når og hvor dyrene er ute, og at vesentlig større andel av beite-



Figur 4: Endring i *E. coli*-konsentrasjon fra de fem undersøkte kildene mellom mai og november 2019.

* *E. coli*-konsentrasjoner i november er estimert basert på konsentrasjoner målt på andre stasjoner i elva.

dyr går ute i den varme årstiden (Paruch et al., 2017).

Mengde *E. coli* bakterier fra mennesker på stasjon 7 er relativt stabilt mellom mai og november, selv om relativt bidraget endres fra 15 til 50% (Tabell 3, Figur 4). Det er observert en liten økning i mengde *E. coli* bakterier fra mennesker og andre dyrearter fra mai til november på stasjoner 1 og 6. Det er usikkert om dette er en reell økning da det er basert på konsentrasjon målt på stasjon 2.

Den mest tydelige forskjellen mellom mai og november er at mengden av *E. coli* som stammer fra andre dyrearter på stasjon 7 har gått betraktelig ned fra ca. 5300 til 800 MPN/100 mL (Tabell 4). Stasjon 7 ligger i Sørumsneset naturreservat som grenser til Nordre Øyeren naturreservat. Nordre Øyeren naturreservat har Ramsar-status på grunn av sin betydning for trekkfugler. I perioder kan vann fra Øyeren bli trukket oppover vassdraget. Vannstand ved prøvetaking i mai var høy, og det er derfor sannsynlig at stasjon 7 ble påvirket av vann fra Øyeren og bakterier fra fugler som er i området. I november har mesteparten av trekkfuglene fløy- et av sted. Likevel ble det observert en del fugl

under prøvetakingen i november som samlet seg i områder med åpent vann. Selv om andre dyrearter (mest sannsynlig vannfugl) er en hovedkilde av fekale bakterier også i vintermånedene, er belastningen mindre.

Konklusjon

Fekale bakteriebelastningen til Nitelva er stor og øker fra kommunegrense ved Nittedal til utløp ved Svellet/Øyeren. En undersøkelse av bakteriekilder viser at totalandelen av drøvtyggere, griser og hester i november er mindre og totalandel fra mennesker og andre dyrearter hadde økt sammenlignet med mai. Andel og konsentrasjon av fekale bakterier som stammet fra andre dyrearter økte langs Nitelva i mai fra henholdsvis 38 til 73% og ca. 80 til 5400 MPN/100 mL. På bakgrunn av naturforhold (Nordre Øyeren naturreservat) vurderes det at «andre dyrearter» mest sannsynlig er vannfugler. Dette kan eventuelt bli bekreftet ved bruk av markør spesifikke tilpasset fugler som er under utvikling i NIBIO. Selv om total bakteriebelastning er mindre i november enn i mai, er fugler knyttet til vann og våtmark mest sannsynlig en hovedkilde av fekale bakterier i Nitelva også om høsten og

vinteren. På alle prøver var andel av fekal forurensning som stammet fra zoologiske/naturlige kilder større enn andel fra mennesker.

Referanser

Martellini, A., Payment, P., Villemur, R., 2005. Use of eukaryotic mitochondrial DNA to differentiate human, bovine, porcine and ovine sources in fecally surface water. *Water Res.* 39, 541–548. <https://doi.org/10.1016/j.watres.2004.11.012>

Paruch A.M., Paruch L. 2019. Kildesporing av fekal vannforurensning i området rundt Hunnebunn, Fredrikstad kommune: Fekale forurensningskilder i Vispen badeplass og noen bekker rundt Hunnebunn. NIBIO Rapport 5/125, 40 pp.

Paruch, L., Paruch, A.M., Eiken, H.G., Sørheim, R., 2019a. Aquatic microbial diversity associated with faecal pollution of Norwegian waterbodies characterized by 16S rRNA gene amplicon deep sequencing. *Microb. Biotechnol.* 12, 1487–1491.

Paruch, L., Paruch, A.M., Eiken, H.G., Sørheim, R., 2019b. Faecal pollution affects abundance and diversity of aquatic microbial community in anthropo-zoogenically influenced lotic ecosystems. *Scientific Reports*, 9, 19469. <https://doi.org/10.1038/s41598-019-56058-x>

Paruch A.M., Paruch L., Mæhlum T. 2016a. Kildesporing av fekal vannforurensning i Jordalsvatnet med nedbørfelt (Source tracking of fecal water contamination in the catchment of Jordalsvatnet lake). NIBIO Rapport 2/49, 42 pp.

Paruch A.M., Paruch L., Mæhlum T. 2016b. Kildesporing av fekal vannforurensning i noen av tilløpsbekkene til Maridalsvannet og utløp Akerselva. NIBIO Rapport 2/27, 25 pp.

Paruch A.M., Paruch L., Mæhlum T. 2016c. Kildesporing av fekal vannforurensning i tilløpsbekkene til Jonsvannet. NIBIO Rapport 2/34, 60 pp.

Paruch A.M., Paruch L., Mæhlum T. 2017. Kildesporing av fekal vannforurensning med molekylærbiologiske metoder – Eksempler på undersøkelser i Norge. NIBIO Rapport 3/66, 70 pp.

Paruch, L., Paruch, A.M., Sørheim, R., 2020. DNA-based faecal source tracking of contaminated drinking water causing a large *Campylobacter* outbreak in Norway 2019. *Int. J. Hyg. Environ. Health.* <https://doi.org/10.1016/j.ijheh.2019.113420>

Rees, H.C., Maddison, B.C., Middleditch, D.J., Patmore, J.R.M., Gough, K.C., 2014. The detection of aquatic animal species using environmental DNA – a review of eDNA as a survey tool in ecology. *J. Appl. Ecol.* 51, 1450–1459. <https://doi.org/10.1111/1365-2664.12306>

Ruppert, K.M., Kline, R.J., Rahman, M.S., 2019. Past, present, and future perspectives of environmental DNA (eDNA) metabarcoding: A systematic review in methods, monitoring, and applications of global eDNA. *Glob. Ecol. Conserv.* 17, e00547. <https://doi.org/10.1016/j.gecco.2019.e00547>

Statens forurensningstilsyn, 1997. Klassifisering av miljøkvalitet i ferskvann. TA-1468/1997.