

# Patogenhalter i svenska ytvattentäcker för QMRA

Statistisk modellering och  
utvärdering av ett hypotes-  
baserat angreppssätt

*Johan Åström*





# Svenskt Vatten Utveckling

Svenskt Vatten Utveckling (SVU) är kommunernas eget FoU-program om kommunal VA-teknik. Programmet finansieras i sin helhet av kommunerna. Programmet lägger tonvikten på tillämpad forskning och utveckling inom det kommunala VA-området. Projekt bedrivs inom hela det VA-tekniska fältet under huvudrubrikerna:

Dricksvatten  
Rörnät & Klimat  
Avlopp & Miljö  
Management

SVU styrs av en kommitté, som utses av styrelsen för Svenskt Vatten AB. För närvarande har kommittén följande sammansättning:

Anna Linusson, Ordförande  
Daniel Hellström, Utvecklingsledare  
Lena Blom  
Tove Göthner  
Bertil Johansson  
Johan Olanders  
Lisa Osterman  
Petra Viklund  
Hans Bertil Wittgren  
Carl-Olof Zetterman

Svenskt Vatten  
Svenskt Vatten  
Kretslopp och vatten, Göteborgs Stad  
Sveriges Kommuner och Landsting  
Norrvatten  
Ovanåkers kommun  
Örebro kommun  
Luleå kommun  
Sweden Water Research/VA SYD  
SYVAB

Författaren är ensam ansvarig för rapportens innehåll, varför detta ej kan åberopas såsom representerande Svenskt Vattens ståndpunkt.

Svenskt Vatten Utveckling  
Svenskt Vatten AB  
Box 14057  
167 14 Bromma  
Tfn 08-506 002 00  
Fax 08-506 002 10  
svensktvatten@svensktvatten.se  
www.svensktvatten.se  
*Svenskt Vatten AB är servicebolag till föreningen Svenskt Vatten.*

|                                 |                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                            |
|---------------------------------|--------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| <b>Rapportens titel:</b>        | Patogenhalter i svenska ytvattentäkter för QMRA – statistisk modellering och utvärdering av ett hypotesbaserat angreppssätt                                                                                                                                                                                                                |
| <b>Title of the report:</b>     | Pathogen densities in Swedish surface water supplies for QMRA – statistical modelling and evaluation of a hypothesis based approach                                                                                                                                                                                                        |
| <b>Författare:</b>              | Johan Åström, Tyréns AB                                                                                                                                                                                                                                                                                                                    |
| <b>Rapportnummer:</b>           | 2018-3                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                     |
| <b>Antal sidor:</b>             | 56                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                         |
| <b>Sammandrag:</b>              | Rapporten ger ett underlag för att definiera halten sjukdomsframkallande mikroorganismer (patogener) i råvatten, något som behöver göras i riskbedömningsverktyget QMRA. Dels ges tabellvärden för några viktiga parasiter och bakterier, dels har en kvotmodell tagits fram för att beräkna patogenhalter utifrån <i>E. coli</i> -halter. |
| <b>Abstract:</b>                | The report provides a basis for defining pathogen levels in surface waters in the form of probability distributions. Table values are given for some important parasites and bacteria, and a ratio model has been developed to calculate pathogen levels based on <i>E. coli</i> levels.                                                   |
| <b>Sökord:</b>                  | QMRA, mikrobiologisk riskbedömning, ytvatten, patogen, zoonotisk, avlopp, gödsel, nötkreatur                                                                                                                                                                                                                                               |
| <b>Keywords:</b>                | QMRA, microbial risk assessment, surface water, pathogen, zoonotic, sewage, manure, cattle                                                                                                                                                                                                                                                 |
| <b>Målgrupper:</b>              | Dricksvattenproducenter, processingenjörer, konsulter, forskare                                                                                                                                                                                                                                                                            |
| <b>Omslagsbild:</b>             | Vattenvirvel i Slumpån, foto Johan Åström 2006-11-07                                                                                                                                                                                                                                                                                       |
| <b>Rapport:</b>                 | Finns att hämta hem som PDF-fil från Svenskt Vattens hemsida <a href="http://www.svensktvatten.se">www.svensktvatten.se</a>                                                                                                                                                                                                                |
| <b>Utgivningsår:</b>            | 2018                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                       |
| <b>Utgivare:</b>                | Svenskt Vatten AB<br>© Svenskt Vatten AB                                                                                                                                                                                                                                                                                                   |
| <b>Om projektet</b>             |                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                            |
| <b>Projektnummer:</b>           | 16-119                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                     |
| <b>Projektets namn:</b>         | Haltbestämning av patogener i råvatten för QMRA                                                                                                                                                                                                                                                                                            |
| <b>Projektets finansiering:</b> | Svenskt Vatten Utveckling                                                                                                                                                                                                                                                                                                                  |

# Förord

Var och en som försökt genomföra en kvantitativ mikrobiologisk riskbedömning med det så kallade QMRA-verktyget har fått konfronteras med frågan: vilka patogenhalter ska jag anta i råvattnet för mitt vattenverk? I modellverktyget, som numera tillhandahålls i webb-version via Chalmers,<sup>1</sup> är nämligen patogenhalter i råvatten det första som ska anges. Här har det hittills saknats bra data som täcker in variationen av patogenhalter i olika typer av ytvatten runtom i Sverige. De halter som föreslogs i den rapport som medföljde lanseringen av den första versionen av verktyget, är antingen från en provtagning i Göta älv år 2004 eller hämtade från utlandet.

De stora svenska utbrotten av *Cryptosporidium* under 2010 och 2011 hade det goda med sig att två stora kartläggningsprojekt av patogener genomfördes, finansierade av Myndigheten för samhällsskydd och beredskap (MSB). För det första Livsmedelsverkets projekt ”Riskklassning av svenska ytråvatten”, som pågick 2013 till 2016. Inom det projektet genomfördes provtagningar för analys av både indikatororganismer och sjukdomsframkallande (patogena) bakterier, parasiter och virus på ”representativa” råvatten. För det andra Folkhälsomyndighetens projekt ”Integrerad riskkarakterisering och riskhantering för *Cryptosporidium*” som pågick 2012 till 2014 och som bland annat omfattat provtagning vid en rad avloppsreningsverk för analys av parasiter.

Föreliggande SVU-projekt har syftat till att nyttiggöra insamlade patogendata från ovannämnda projekt, och att underlätta för framtida användare av QMRA-verktyget att göra rimliga antaganden om patogenhalter i ytvattnet. Flera av de tabeller som finns i denna rapport innehåller värden som kan ”knappas in” i den del av QMRA-verktyget där patogenhalter ska anges, se förslag på arbetsgång i Bilaga 3. Dessutom har i projektet utprovats ett hypotesbaserat angreppssätt som gör det möjligt att beräkna en patogenhalt enbart utifrån fynd av *E. coli* och viss kunskap om vilka patogenkällor som finns uppströms. Som en slutprodukt av projektet finns nu en ”Råvattenmodul” i nytgåva, som vi hoppas inom en snar framtid ska kunna integreras i QMRA-verktyget.

Projektgruppen har utgjorts av Rikard Dryselius och Karin Jacobsson på Livsmedelsverket i Uppsala, Anette Hansen på Folkhälsomyndigheten i Solna, Ekaterina Sokolova på Chalmers, Ida Bodlund från Stockholm Vatten och Avfall samt Beatrice Svensson från Trollhättan Energi. Susan Pettersson, Water & Health i Australien, som var med och tog fram QMRA-verktyget, har bistått i de matematiska beräkningarna. Undertecknad som har samordnat projektet har upplevt samarbetet både stimulerande och lärorikt!

Alingsås, december 2017

Johan Åström

---

<sup>1</sup> Se <http://www.chalmers.se/sv/centrum/dricks/qmra>



# Innehåll

|                                                                                                 |           |
|-------------------------------------------------------------------------------------------------|-----------|
| <b>Förord</b> .....                                                                             | <b>3</b>  |
| <b>Sammanfattning</b> .....                                                                     | <b>6</b>  |
| <b>Summary</b> .....                                                                            | <b>7</b>  |
| <b>1 Inledning</b> .....                                                                        | <b>8</b>  |
| <b>2 Material och metod</b> .....                                                               | <b>13</b> |
| 2.1 Provtagning vid ytvattenverk.....                                                           | 13        |
| 2.2 Provtagning vid avloppsreningsverk.....                                                     | 14        |
| 2.3 Mikrobiologiska analyser.....                                                               | 15        |
| 2.4 Statistisk modellering av patogenhalter .....                                               | 15        |
| 2.5 Utveckling av kvotmodellen .....                                                            | 18        |
| 2.6 Fallstudieplatser för tillämpning av kvotmodellen .....                                     | 19        |
| <b>3 Resultat</b> .....                                                                         | <b>21</b> |
| 3.1 Patogener i råvatten .....                                                                  | 21        |
| 3.2 Cryptosporidium och Giardia i avloppsvatten.....                                            | 24        |
| 3.3 Utvärdering av kvotmodellen .....                                                           | 26        |
| <b>4 Diskussion</b> .....                                                                       | <b>30</b> |
| <b>5 Slutsatser</b> .....                                                                       | <b>35</b> |
| <b>6 Referenser</b> .....                                                                       | <b>36</b> |
| <b>Bilaga 1</b> .....                                                                           | <b>40</b> |
| Konceptuella modeller för patogennivåberäkning utifrån indikatorhalt.....                       | 40        |
| <b>Bilaga 2</b> .....                                                                           | <b>46</b> |
| Antaganden i kvotmodellen vid utvärdering i fallstudier.....                                    | 46        |
| <b>Bilaga 3</b> .....                                                                           | <b>49</b> |
| Beslutsträd för att med stöd av denna rapport<br>definiera patogenhalter i QMRA-verktyget ..... | 49        |

# Sammanfattning

Rapporten ger ett underlag för att definiera halten sjukdomsframkallande mikroorganismer (patogener) i råvatten, något som behöver göras i riskbedömningsverktyget QMRA. Dels ges tabellvärden för några viktiga parasiter och bakterier, dels har en kvotmodell tagits fram för att beräkna patogenhalter utifrån *E. coli*-halten.

Att analysera indikatororganismer i utgående dricksvatten från ett vattenverk eller i tappkranen ute hos en konsument är inte tillräckligt för att bedöma och förebygga risken för smitta. I dricksvattenbranschen uppmanas numera till ett riskbaserat angreppssätt, där kvantitativ mikrobiologisk riskbedömning (QMRA) är en metod för att beräkna infektionsrisken. Men för att kunna beräkna denna risk behöver patogenhalterna i råvattnet anges i QMRA-verktyget.

Hittills har det saknats bra data som täcker in variationen av olika typer av ytvatten i Sverige. Projektet, som har letts från Tyréns, har nu nyttiggjort data från provtagningsprojekt som gjordes av Livsmedelsverket åren 2013–2015. I Livsmedelsverkets regi insamlades patogenhalter från sex geografiskt spridda råvattenintag i Sverige, bland annat för de parasitära protozoerna *Cryptosporidium* och *Giardia*, samt bakterierna *Campylobacter*, *Salmonella* och shigatoxin-producerande *E. coli*. Därtill för norovirus, som med något undantag dock inte påvisades. Dessutom tog Folkhälsomyndigheten under 2014 prover på orenat och behandlat avloppsvatten där resultaten för *Cryptosporidium* och *Giardia* på motsvarande sätt skulle kunna användas inom ramen för en QMRA.

I projektet användes statistiska metoder för att översätta uppmätta patogenhalter till sannolikhetsfördelningar, och därmed återge haltvariationen vid varje provpunkt. Poisson- och Gamma-fördelningar användes, där den förstnämnda även ger möjlighet att ta hänsyn till det faktum att flertalet prover vid en provpunkt är negativa. I projektet utvecklades även ett hypotesbaserat angreppssätt att beräkna patogennivåer utifrån *E. coli*-halt under antagandet att avloppsutsläpp, gödselspridning eller betande nötkreatur var källan till uppmätta *E. coli*. Slutligen utvärderades angreppssättet genom att jämföra beräknade nivåer mot uppmätta halter av *Campylobacter*, *Cryptosporidium* och *Giardia* på två av provpunkterna. För dessa platser beräknades även osäkerhetsintervallen för sannolikhetsfördelningarna.

I projektet har ett beräkningsverktyg i programvaran Analytica<sup>®</sup> upprättats, som gör det möjligt för vilken nyfiken dricksvattenproducent som helst att utreda vad enstaka topphalter av *E. coli* i råvattnet skulle kunna motsvara i patogenhalt. Modellverktyget kallas kvotmodellen och utvärderades inom projektet i ljuset av uppmätta patogendata från två fallstudieplatser. Kvotmodellen kan användas för att förstå tillskottet av fekala källor relativt nära råvattenintaget och för att utesluta vissa potentiella källor i avrinningsområdet. Den kan även motivera till provtagning för analys av patogener i råvattnet och i avrinningsområdet.

## Summary

Analysis of indicator organisms on treated drinking water or in the consumer's tap is not sufficient to assess and prevent the risk of infection. Drinking water treatment plants differ with regard to the treatment train and risk events, and it takes a lot before faecal indicator bacteria are detected in treated water. A risk-based approach is therefore encouraged in the drinking water industry, where quantitative microbiological risk assessment (QMRA) is a method of calculating the risk of infection. To be able to calculate this risk, data on pathogen levels in the raw water is required. Naturally, it is desirable to define the pathogen levels to reflect the source water in the water treatment plant in question, and to account for the variability over time and due to microbial events.

In this project, we wanted to utilise the pathogen data collected by the National Food Agency (Livsmedelsverket) during the years 2013 to 2015 from six geographically distributed surface water intakes in Sweden. This data set is unique for Swedish conditions and includes the protozoan parasites *Cryptosporidium* and *Giardia* (presumptive and confirmed), and the bacteria *Campylobacter*, *Salmonella* and shigatoxin-producing *E. coli*. In addition, norovirus, which with few exceptions was however not detected. Moreover, the Public Health Agency (Folkhälsomyndigheten) performed analysis on *Cryptosporidium* and *Giardia* in untreated and treated sewage from several sewage treatment plants in 2014. We who participated in the project have several years of experience on the use and development of the QMRA-tool in Sweden, are working in water production or have participated in any of these two pathogen sampling projects.

Statistical methods were used to translate pathogen levels into probability distributions, and thus reflect the variability at each sampling point. Poisson and Gamma distributions were used in this project, where the Poisson distribution offers the possibility to take into account the fact that the majority of samples at a sampling point are negative. Furthermore, we developed a hypothesis-based approach to calculate the pathogen levels based on the *E. coli* levels under the assumption that sewage, manure or grazing cattle is the source of the measured *E. coli*. Finally, this approach was evaluated by comparing the calculated levels with the measured levels of *Campylobacter*, *Cryptosporidium* and *Giardia* at two case study sites. For these sites, the uncertainty bands for the probability distributions were also calculated.

A computational tool was set up in the Analytica® software, which makes it possible for curious drinking water producers anywhere to investigate what a single peak in source water levels of *E. coli* may represent in terms of pathogen levels. The computational tool, which we call the ratio model, was evaluated within the project in the light of the measured pathogen data for the two case study sites. The ratio model is considered useful to understand the potential pathogen contribution of nearby likely faecal sources and to exclude other potential faecal sources in the catchment. It can also motivate sampling for analysis of pathogens in the raw water and in the catchment area.

# 1 Inledning

Kvantitativ mikrobiologisk riskbedömning (QMRA) utförs för att teoretiskt utvärdera risken för infektion i dricksvattensystem givet en viss exponering av sjukdomsframkallande mikroorganismer (patogener). För ett ytvattenverk är exponeringen ett resultat av de patogenhalter som finns i råvattnet, reduktionen i de olika beredningsstegen på vattenverket samt mängden vatten som konsumeras. Analys av indikatororganismer på utgående dricksvatten från ett vattenverk är inte nog för att bedöma risken för smitta, och olika vattenverk skiljer sig åt vad gäller beredningsstegen och händelser som kan påverka risken. Därför har QMRA börjat användas för många ytvattenverk, inte bara i Sverige utan även internationellt, och olika beräkningsverktyg har utvecklats för detta ändamål (Pettersson & Ashbolt 2016). I Sverige exempelvis har QMRA-modellering utförts i programvaran Analytica® (Abrahamsson et al. 2009), och en vidareutveckling av det så kallade QMRA-verktyget har nyligen rapporterats (Pettersson et al. 2017). En av de första frågorna som QMRA-användare ställs inför är hur man ska definiera patogenhalten i råvattnet. Eftersom det är önskvärt att upprätta en modell som korrekt beskriver förhållandet på det lokala vattenverket, blir bristen på uppgifter om patogenhalten i råvattnet och dess variation ett hinder i QMRA-modelleringen.

Mikrobiell övervakning i vattentäkter bygger traditionellt på analys av fekala indikatororganismer såsom *E. coli* och intestinala enterokocker. Indikatororganismer utsöndras av en majoritet av varmblodiga djur och halterna av dessa återspeglar utsläpp från punktkällor (t.ex. avloppsvatten) och diffusa källor (t.ex. betande nötkreatur, gödsel och fåglar) uppströms vattenintaget. Regelbunden övervakning av fekala indikatororganismer i ytvatten ger en basinformation om fekal påverkan i vatten och hjälper till att identifiera toppar som indikerar förhöjd patogenrisk (WHO 2011). Denna typ av övervakning ger dock inte information om förekomsten av patogena mikroorganismer i råvattnet. Med tanke på att patogenhalter krävs för att kvantifiera risken har övervakning av fekala indikatorer kompletterats med analys av parasitära protozoer i råvatten vid flera ytvattenverk i Sverige. De vattenburna utbrotten av *Cryptosporidium* i Östersund 2010 och i Skellefteå 2011, där tiotusentals personer insjuknade efter att ha druckit det kommunala dricksvattnet (Widerström et al. 2014; Rehn et al. 2015), blev en väckarklocka för många vattenproducenter och ledde till att provtagning av parasiter i råvattnet infördes liksom mikrobiologiska riskbedömningar. Förutom QMRA har metoden mikrobiologisk barriäranalys (MBA) under senare år fått fylla en värdefull funktion vid mikrobiologisk riskbedömning av vattenverk (Svenskt Vatten 2015). MBA kan även användas i förenklad form för bedömning av nödvändig mikrobiologisk barriärhöjd.

Den första rapporterade undersökningen av förekomsten av *Giardia* och *Cryptosporidium* i ytvatten och dricksvatten i Sverige genomfördes 1996 och 1997; undersökningen visade att av 50 ytvattenprov var 26 % positiva för *Giardia* och 32 % positiva för *Cryptosporidium* (Hansen & Stenström

1998). Baserat på återkommande prover tagna på flera olika vattenverk under perioden 2003-2008 med parasitanalys enligt ISO (2006), rapporterade Hansen (2011) att av 200 ytvattenprov från nio olika platser var 4 % positiva för *Giardia* och 11,5 % positiva för *Cryptosporidium*; i 3 % av proverna återfanns både *Giardia* och *Cryptosporidium*. Förekomsten av bakteriella patogener är mindre studerat i Sverige; de flesta ytvattenverk har bra barriärer mot bakterier. *Campylobacter* (ett fynd) och *E. coli* O157 (inget fynd) analyserades under ett års provtagningar i Göta älv, år 2004 inom EU-projektet MicroRisk. Analyserna omfattade även *Giardia*, *Cryptosporidium*, norovirus och enterovirus (Åström et al. 2007). Vid en undersökning av 19 ytvattenverk 2011 till 2012 återfanns *Campylobacter* i drygt 20 % av nära 500 analyserade enlitersprover på råvattnet (Rikard Dryselius, personlig kommunikation). Vattenprov från Göta älv insamlades även inom EU-projektet VISK under 2011 och 2012 där analys av norovirus genogrupperna I och II utfördes både på råvatten, på orenat och på behandlat avloppsvatten (Dienus et al. 2016; Sokolova et al. 2015).

De relativt sporadiska fynden av patogener i form av parasitära protozoer, bakterier och virus i svenska ytvattentäkter kan lätt leda till uppfattningen att dessa inte utgör någon betydande risk för dricksvattenkonsumenter. En bidragande faktor till att protozoer återfinns endast sporadiskt, är förmodligen att 10 liter har varit en vanlig analysvolym på råvatten i den regelbundna provtagningen vid kommunala dricksvattenverk, åtminstone längs Göta älv. Sedan utbrotten 2010 och 2011 rekommenderas att minst 100 liter råvatten analyseras vid bestämning av halter av protozoer, något som praktiskt sett kan åstadkommas genom filtrering vid själva vattenverket (Livsmedelsverket et al. 2011). En annan förklarande faktor bakom de många noll-resultaten är förluster under analysen. Metodutbytet är ett mått på hur stor andel av de protozoer som finns i ett vattenprov som återfinns i analysen. Detta metodutbyte, om det alls mäts, är ofta under 50 % för ytvattenprover, men det redovisas i regel inte i provsvaret från analyserande laboratorium.

I avsaknad av lokala patogenfynd i råvattnet har litteraturdata från andra råvatten använts vid genomförande av en QMRA, något som exemplifieras i artikeln av Westrell et al. (2003). Även om detta kanske innebär patogenhalter som är ”på den säkra sidan” är detta tillvägagångssätt problematiskt eftersom det tar bort fokus ifrån lokala patogenhalter i vattentäkten och beaktande av riskbegränsande åtgärder i avrinningsområdet uppströms. Enstaka positiva fynd av patogener i en serie av ytvattenprover väcker naturligtvis frågan om vilken patogenhalt som är lämplig att använda i QMRA. Halterna av *Cryptosporidium* och *Giardia* exempelvis kan ofta variera över flera tiopotenser och snabba tidsmässiga variationer kan förekomma. Halterna i råvattenprov i Sverige ligger oftast under detektionsgränsen och sällan över 10 (oo)cystor per 10 eller 100 liter, vilket innebär en utmaning för att rent statistiskt förutsäga halten. Inte heller är halter av indikatorbakterier till någon större hjälp för att förutsäga patogenhalter. I det dataunderlag för protozoer som inhämtades i Sverige 2003–2008 fanns ingen allmän korrelation mellan halterna av *Cryptosporidium* eller *Giardia* och totala koliformer, *E. coli*, intestinala enterokocker och *Clostridium perfringens* (Hansen 2011).

Statistisk inferens är en teknik för att beskriva variationen i patogenhalter från endast några positiva provresultat i en större datamängd, utifrån analysvolym och antalet positiva i en given analysvolym (WHO 2016b). Den så kallade Poisson-fördelningen<sup>2</sup> är väl lämpad för att modellera patogenhalter som förekommer som enstaka mikroorganismer i ett vattenprov, då denna fördelning är diskret och börjar från noll (halter 0, 1, 2 eller 3 ...). Andra sannolikhetsfördelningar som har använts i detta sammanhang är exempelvis Gamma<sup>3</sup>-fördelning och LogNormal-fördelning vilka båda är kontinuerliga fördelningar (alla värden större än noll, även decimaltal). Passning av patogendata från provtagningskampanjer till sannolikhetsfördelningar är en teknik som ännu inte har etablerats i den svenska dricksvattenbranschen, fastän den matematik som används har många år på nacken. Några exempel finns från tidigare forskning; exempelvis användes Poisson-fördelningen för att passa fynd av protozoer, bakterier och virus från ytvattenprov till en sannolikhetsfördelning (Åström et al. 2007). Gamma-fördelningen har använts för att passa halter av norovirus i avloppsvatten (Sokolova et al. 2015).

Trots dålig eller ingen korrelation mellan indikatorer och patogener i ytvatten, kan fekala indikatororganismer användas för modellering av patogenhalter i råvatten, under antagandet att indikatorerna kommer från en enskild källa. Tekniken bygger på ett kvotförhållande mellan indikatorer och patogener, en idé som inte är ny men kan vara mycket användbar i QMRA-sammanhang (WHO 2016a). Det beräknade förhållandet mellan patogener och fekala indikatorer i en vattentäkt kommer att bero på andelen av en population som utsöndrar respektive organism (prevalens) och variera beroende på vilka fekala källor som bidrar över tid. Ett hypotesbaserat angreppssätt kan vara ett alternativ när patogendata är bristfälliga eller helt saknas, eller när det finns en önskan att förstå vad olika bakterietoppar i råvatten motsvarar i patogenhalter. Hypotesbaserade metoder för beräkning av patogenhalter utifrån indikatorhalter har använts exempelvis för att beräkna koncentration av norovirus i råvatten i älven Glomma i Norge till följd av avloppsutsläpp uppströms (Pettersen et al. 2016) och för att förutsäga infektionsrisken för badare (Schoen & Ashbolt 2010).

Patogenhalt i olika fekala utsläppskällor, spridningen till vattendrag, inaktivering och transport i vattentäkten är faktorer som styr patogenhalten i råvatten. Att göra en bedömning av dessa faktorer och transporttiden från olika källor uppströms ett råvattenintag är därför viktigt, inte bara för att kunna uppskatta patogenhalterna utan också för att på ett trovärdigt sätt kunna motivera riskreducerande åtgärder i vattentäkten. Ett hypotesbaserat angreppssätt är lämpligt att använda för patogener i allmänhet, men särskilt för zoonotiska patogener där diffusa källor bidrar till belastningen av fekal material. Vattenburna zoonotiska patogener av relevans i norra Europa och som orsakat sjukdom runt om i världen, är främst *Cryptosporidium*, *Giardia*, *Campylobacter*, *Salmonella* och shigatoxin-producerande *E. coli* (STEC), där *E. coli* O157 är den mest kända varianten av den sistnämnda (Dufour et al.

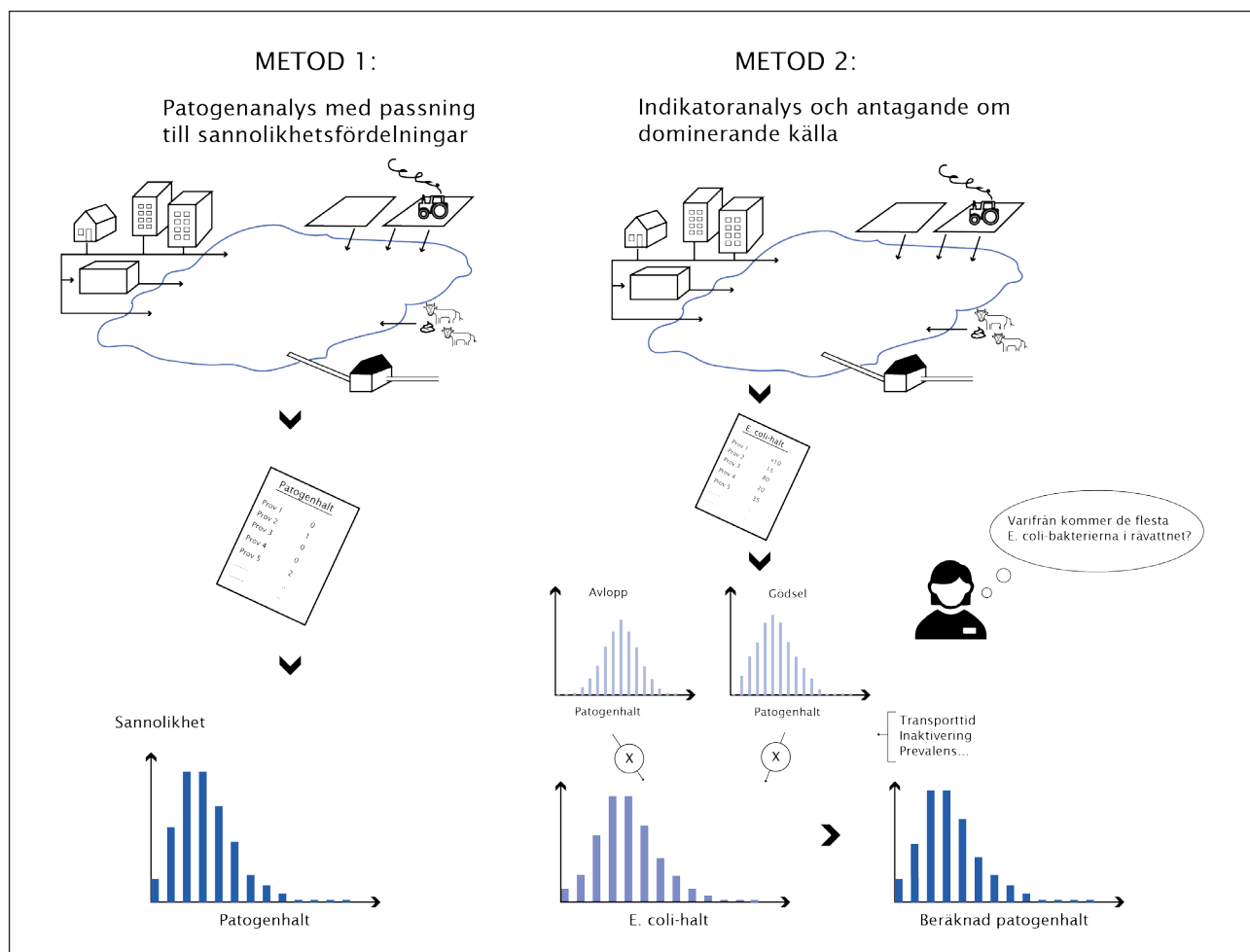
<sup>2</sup> Poissonfördelningen, som har sitt ursprung i Binomialfördelningen, är diskret samt icke-negativ och beskriver oberoende händelser. Kan patogenerna i ett vattenprov antas vara väl omblandade, är Poissonfördelning ett bra alternativ.

<sup>3</sup> Gammafördelningen är kontinuerlig samt icke-negativ. Den används ofta för att beskriva tiden mellan händelser i en så kallad Poisson-process, och är därmed lämpad för patogenhalter i vattenprov.

2012). Råvattenprovtagning av dessa patogener har ännu inte jämförts med de halter ett hypotesbaserat angreppssätt ger vid handen, där patogenhalter beräknas utifrån halter av indikatororganismer och information om patogenkällor uppströms, inaktivering och transport i avrinningsområdet.

De stora svenska utbrotten av *Cryptosporidium* under 2010 och 2011 hade det goda med sig att två stora kartläggningsprojekt av patogener genomfördes, finansierade av Myndigheten för samhällsskydd och beredskap (MSB). För det första Livsmedelsverkets projekt "Riskklassning av svenska ytråvatten", som pågick 2013 till 2016. Inom det projektet genomfördes provtagningar för analys av både indikatororganismer och patogena bakterier, parasiter och virus på "representativa" råvatten. För det andra Folkhälsomyndighets projekt "Integrerad riskkaraktisering och riskhantering för *Cryptosporidium*" som pågick 2012 till 2014 och som bland annat omfattat provtagning vid en rad avloppsreningsverk för analys av parasiter.

Föreliggande SVU-projekt har syftat till att nyttiggöra insamlade patogendata från ovannämnda projekt, och att underlätta för framtida användare av QMRA-verktyget att göra rimliga antaganden om patogenhalter i ytvattnet. I projektet ingick för det första, att statistiskt modellera halterna av *Cryptosporidium*, *Giardia*, *Campylobacter*, *Salmonella* och STEC utifrån provtagningsdata från sex olika råvatten i Sverige (metod 1 i Figur 1.1) och



Figur 1.1 Konceptuell illustration av syftet med SVU-projektet, där två olika metoder använts för att fastställa patogenhalt i råvatten med hänsyn till variation. Illustration Emma Ask, Tyréns.

dessutom att statistiskt modellera halterna av *Cryptosporidium* och *Giardia* från sju kommunala reningsverk. För det andra, att utveckla en metod för hypotesbaserad haltbestämning av patogener i råvattnet (kvotmodellen) utifrån information om patogenkällor uppströms och förhållandet mellan *E. coli*- och patogenhalten i råvattnet (metod 2 i Figur 1.1). För det tredje, att utvärdera användbarheten av denna metod i två vattentäkter, genom att jämföra statistiskt modellerad halt av *Cryptosporidium*, *Giardia* och *Campylobacter* med resultat från kvotmodellen.

## 2 Material och metod

### 2.1 Provtagning vid ytvattenverk

Ett antal råvattenintag vid ytvattenverk valdes ut inom ramen för Livsmedelsverkets MSB-projekt "Riskklassning av svenska ytråvatten", som genomfördes 2013 till 2016 (Livsmedelsverket 2016). Urvalet gjordes utifrån vattenkvalitetsdata som täcker in det stora flertalet av ytvattenverken i Sverige. Det baserades på parametrar såsom *E. coli*, koliforma bakterier, COD, turbiditet (Tabell 2.1), samt information om nederbörden på platsen. Med stöd av så kallad principalkomponentanalys valdes provtagningspunkter som representerar olika typer av ytvattentäkter. Sex vattenverk – fem där råvatten tas från sjöar och ett där en älv utgör vattentäkt – valdes ut för provtagning under perioden september 2013 till juli 2015. Dessa platser, där vattenverket producerar dricksvatten till mellan 20 000 och 600 000 människor, representerar en variation när det gäller geografisk lokalisering och fekala källor i avrinningsområdet (Tabell 2.1).

Tabell 2.1 Ytvattenintag vid dricksvattenverk i Sverige som ingick i provtagningsprogrammet 2013–2015. Medelvärde och spridningsintervall är från vattenverkets egna mätningar under minst en fyraårsperiod fram till år 2013.

| Punkt | Täkttyp | Fekala utsläppskällor uppströms vattenintaget, angivna i en enkät av vattenproducenterna | Medelvärde (spridningsintervall) |                                       |                               |                            |
|-------|---------|------------------------------------------------------------------------------------------|----------------------------------|---------------------------------------|-------------------------------|----------------------------|
|       |         |                                                                                          | <i>E. coli</i><br>(antal/100 ml) | Koliforma bakterier<br>(antal/100 ml) | COD<br>(mg/l O <sub>2</sub> ) | Turbiditet<br>(NTU)        |
| A     | Sjö     | Reningsverk, avloppsutsläpp, betesdjur, gödsel, badande, dagvatten                       | 1,5 (0-15)                       | 87 (0-2 419)                          | 8,0 (5,8-11)                  | 2,9 (1,2-6)                |
| B     | Älv     | Reningsverk, avloppsutsläpp, betesdjur, gödsel, enskilda avlopp, dagvatten               | 31 (0-486)                       | 95 (0-2 400)                          | 4,3 (3,4-6,1)                 | 4,2 (1,0-19)               |
| C     | Sjö     | Betesdjur, gödsel, enskilda avlopp                                                       | 0,1 (0-2)                        | 57 (1-530)                            | 8,3 (6,8-11)                  | 1,5 (0,7-3,4)              |
| D     | Sjö     | Avloppsreningsverk, avloppsutsläpp, betesdjur, gödsel, badvatten, dagvatten              | 0,6 (0-9) <sup>a</sup>           | 11,9 (0-360) <sup>a</sup>             | 1,6 (-2,5) <sup>a</sup>       | 0,4 (0,2-1,6) <sup>a</sup> |
| E     | Sjö     | Avloppsreningsverk, betesdjur, gödsel, badande, enskilda avlopp, dagvatten               | 1,5 (0-32)                       | 36 (0-1 100)                          | 3 (-7,3) <sup>a</sup>         | 0,3 (0,12-1)               |
| F     | Sjö     | Betesdjur, gödsel, fåglar, badande, enskilda avlopp, dagvatten, avloppsutsläpp           | 5,0 (0-200)                      | 70 (0-13 000)                         | 9,1 (6,6-13,4)                | 1,2 (0,46-3,2)             |

<sup>a</sup> Data från Vattentäcksarkivet vid SGU.

Stickprover togs för analyser av fekala indikatorer två gånger i veckan och för analyser av patogener varannan vecka. Dessutom utfördes händelsebaserad provtagning, med i vissa fall flera prover inom några timmar eller dagar, för att övervaka förväntade patogentoppar under specifika händelser, såsom vid förhöjda indikatornivåer på grund av kraftigt regn, snösmältning, bräddning o.s.v. För analys av bakteriella patogener koncentrerades 60 liter råvatten på plats med hjälp av ultrafiltrering (Smith & Hill 2009). För analys av *Cryptosporidium* och *Giardia* filtrerades 30 till 100 liter råvatten genom kapselfilter. Filtren anslöts till råvattenkranar vid varje vattenverk. Filtrerat vattenvolym noterades och alla prover transporteras nedkyllt för

ankomst inom 24 timmar till Livsmedelsverket för analys av *Campylobacter* och indikatorer, till Statens veterinärmedicinska anstalt för analys av *Salmonella* och STEC, och till Folkhälsomyndigheten för analys av *Cryptosporidium* och *Giardia*.

## 2.2 Provtagning vid avloppsreningsverk

Fem avloppsreningsverk (ARV) valdes ut för regelbunden månatlig provtagning under helåret 2014 inom Folkhälsomyndighetens MSB-projekt ”Integrerad riskkaraktärisering och riskhantering för *Cryptosporidium*”. Dessa var Ryaverket i Göteborg, Göviken i Östersund, Danviken och Sickla (två separata linjer på Henriksdals ARV i Stockholm) samt Vänersborgs reningsverk. Urvalet gjordes baserat på geografisk spridning, antalet personer anslutna till reningsverken och, för reningsverket Göviken, utifrån en historia med tidigare *Cryptosporidium*-utbrott i området. Orenat avloppsvatten provtogs vid alla ARV (Tabell 2.2) och dessutom behandlat avloppsvatten vid punkterna 2 och 7. På grund av ett mindre *Cryptosporidium*-utbrott under 2014 tillades Halmstad ARV (punkt 3) senare under 2014. Likaså Visby ARV på grund av sitt geografiska läge med lokalisering på Gotland (punkt 6).

Antalet ansluta till reningsverken varierade från 27 000 till 726 000 personer. Såväl kombinerade som duplikata avloppssystem ingick, med varierande andel dagvatten, och systemtypen anges översiktligt i Tabell 2.2. Uppgifter om incidens av dessa parasiter, rapporterade på länsnivå under 2014 (fall per 100 000 invånare och år) anges i samma tabell, som antyder högst incidens av både *Giardia* och *Cryptosporidium* i Hallands län.

Tabell 2.2 Beskrivning av reningsverk som ingick i provtagningsprogrammet 2014 för analys av *Giardia* och *Cryptosporidium*, samt rapporterad incidens av dessa parasiter på länsnivå under 2014 (fall per 100 000 invånare och år).

| Punkt | ARV        | Provtagen avloppsfraktion   | Personer anslutna | Systemtyp               | Stad       | Län             | Rapporterad incidens |                 |
|-------|------------|-----------------------------|-------------------|-------------------------|------------|-----------------|----------------------|-----------------|
|       |            |                             |                   |                         |            |                 | Giardia              | Cryptosporidium |
| 1     | Ryaverket  | Orenat                      | 725 617           | Främst duplikat         | Göteborg   | Västra Götaland | 9,6                  | 1,8             |
| 2     | Göviken    | Orenat (2a), Behandlat (2b) | 51 700            | Nästan enbart duplikat  | Östersund  | Jämtland        | 19,7                 | 3,9             |
| 3     | Halmstad   | Orenat                      | 70 837            | Främst duplikat         | Halmstad   | Halland         | 20,0                 | 34,4            |
| 4     | Danviken   | Orenat                      | 389 102           | Kombinerat och duplikat | Stockholm  | Stockholm       | 13,3                 | 3,5             |
| 5     | Sickla     | Orenat                      | 394 962           | Kombinerat och duplikat | Stockholm  | Stockholm       | 13,3                 | 3,5             |
| 6     | Visby      | Orenat                      | 39 431            | Främst duplikat         | Visby      | Gotland         | 3,5                  | 0,0             |
| 7     | Vänersborg | Orenat (7a), Behandlat (7b) | 27 480            | Främst duplikat         | Vänersborg | Västra Götaland | 9,6                  | 1,8             |

Avloppsvatten insamlades tidsstyrt under 24 timmar, lades samman till en provvolym, varav sedan 0,5 liter transporterades kylt i plastflaska inom 24 timmar till Folkhälsomyndigheten för analys av *Cryptosporidium* och *Giardia*.

## 2.3 Mikrobiologiska analyser

### 2.3.1 Analyser för bakterier

Okoncentrerade råvattenprov analyserades för *E. coli* och koliforma bakterier med hjälp av Colilert® – 18 (IDEXX, Westbrook, Maine, USA). Inför analys av bakteriella patogener eluerades filtret till en slutlig analysvolym av 600–700 ml. Eluatet delades i portioner som användes i en egenutvecklad semikvantitativ MPN-metod baserad på odling av *Campylobacter* och *Salmonella* och påvisande av toxingener med PCR för STEC. Det mest troliga antalet utlästes ur en MPN-tabell (ISO 2005).

### 2.3.2 Analyser för *Cryptosporidium* och *Giardia*

Råvatten- och avloppsvattenprover analyserades inom tre dagar efter provtagning. Kapselfilter med koncentrerat råvatten eluerades för att lösgöra (oo)cystorna med hjälp av buffertlösning, vilket genomfördes i två steg enligt ISO (2006). Koncentratet centrifugerades, varefter den överliggande vätskefasen avlägsnades inför vidare analys av det kvarvarande materialet. Avloppsvattenproverna koncentrerades direkt i centrifugrör (50–200 ml orenat avloppsvatten och 400–650 ml behandlat avloppsvatten analyserades). Den överliggande vätskefasen avlägsnades inför vidare analys, på motsvarande sätt som för råvattenproven.

Från de uppkoncentrerade råvatten- och avloppsvattenproven avskildes partiklar med hjälp av immunmagnetisk separation (IMS) med DynaBeads GC-Combo Kit (Invitrogen, Dynal AS, Oslo, Norge). Det kvarvarande provet infärgades på objektglas med fluorescerande antikroppar mot cystor av *Giardia* och oocystor av *Cryptosporidium* (Aqua-Glo G/C direct, Waterborne, Inc., New Orleans, LA, USA) och därefter med DAPI (4, 6-diamidin-2-fenylindol) enligt standardiserade metoder. Cystor av *Giardia intestinalis* och oocystor av *Cryptosporidium* spp.<sup>4</sup> identifierades enligt deras karakteristiska fluorescensfärg, form, storlek och interna strukturer. Därefter screenades proven med Zeiss-mikroskop med filter för FITC och DAPI. Ett prov ansågs konfirmerat för *Cryptosporidium* oocystor och *Giardia* cystor om 3–4 färgade kärnor observerades, men ansågs presumtivt om färre kärnor observerades. I orenat avloppsvatten förhindrade förekomsten av skräp identifieringen av (oo)cystor med hjälp av DAPI.

## 2.4 Statistisk modellering av patogenhalter

Patogenhalten vid respektive provpunkt definierades med hjälp av statistiska modeller för att beskriva nivån och variationen i ytvatten, orenat avloppsvatten respektive behandlat avloppsvatten. Med tanke på att patogener inte självklart påvisas i prov från ytvattentäkter i Sverige, behövs det statistiska metoder som är lämpliga att beskriva en situation där flera prov från en provtagningskampanj är negativa. Se illustrationen i Figur 1.1 avseende Metod 1. Avsnittet som här följer beskriver avancerade matematiska beräk-

<sup>4</sup> Förkortningen spp. som står för species, anger att flera olika arter av nämnda mikroorganism finns eller kan potentiellt finnas med.

ningar, och är att betrakta som överkurs för den bredare läsekretsen av SVU-rapporter.

När patogener förekommer som enskilda partiklar i en vattenvolym, eller där resultatet rapporteras som närvaro/frånvaro av en patogen, är en diskret sannolikhetsfördelning lämpligt att använda. Om istället halten rapporteras som en koncentration, kan en kontinuerlig sannolikhetsfördelning vara mer användbar. För statistisk karakterisering av patogenhalterna av de prov som analyserades inom detta projekt, användes passning till Poisson-fördelningar (*Cryptosporidium* och *Giardia*) och till Gamma-fördelningar (*Cryptosporidium*, *Giardia*, *Campylobacter*, *Salmonella*, STEC). De ekvationer som användes finns härledda i Petterson et al. (2015) och beskrivs kortfattat nedan. Proceduren sådan den tillämpats på patogener i vattenprover utvecklades av forskare i bland annat Nederländerna (Teunis et al. 1997; Teunis et al. 1999).

När fynd av *Cryptosporidium* och *Giardia* i ett vattenprov antas genereras från en slumpmässig så kallad Poisson-process och ska korrigeras för metodutbyte, kan halten antas följa en Poisson-fördelning. Poisson är en diskret fördelning och har följande ekvation i detta fall:

$$p(n|\pi, \mu, V) = \frac{(\pi \cdot \mu \cdot V)^n e^{-(\pi \cdot \mu \cdot V)}}{n!} \quad (1)$$

där  $n$  organismer återfinns i ett prov av volymen  $V$  och med genomsnittlig koncentration  $\mu$  och metodutbytet  $\pi$ , där det sistnämnda kan sägas vara sannolikheten för att bli upptäckt i analysen. Den så kallade Loglikelihood-funktionen (trolighetsfunktionen) för en genomsnittlig koncentration  $\mu$ , ges från en uppsättning data med  $m$  stycken prov med vardera  $n$  organismer, provvolymen  $V$  och metodutbytet  $\pi$ , enligt ekvationen:

$$L(\mu|n_i, V_i, \pi_i) = \prod_{i=1}^m p(\mu | n_i, V_i, \pi_i) \quad (2)$$

För varje datauppsättning maximerades trolighetsfunktionen för att hitta det troligaste värdet (MLE, maximum likelihood estimate) för Poisson-parametern  $\mu$  (genomsnittlig koncentration).

Om istället den genomsnittliga koncentrationen antas variera, och inte bara måste anta heltalsvärden, kan en Gamma-fördelning med formparametern  $\alpha$  och skalparametern  $\beta$  användas att modellera koncentrationen av *Cryptosporidium* och *Giardia*. Fördelningen av antalet organismer efter analysprocessen kan då beskrivas med ekvationen:

$$g(n|\pi, \beta, \alpha, V) = \frac{(\pi V \beta)^n (1 + \pi V \beta)^{-n-\alpha} \Gamma(n+\alpha)}{n! \Gamma(\alpha)} \quad (3)$$

Loglikelihood-funktionen för  $\alpha$  och  $\beta$  i en datauppsättning med  $m$  stycken prov med vardera  $n$  organismer, provvolymen  $V$  och metodutbytet  $\pi$  ges av ekvationen:

$$L(\alpha, \beta|n_i, V_i, \pi_i) = \prod_{i=1}^m g(\alpha, \beta | n_i, V_i, \pi_i) \quad (4)$$

För varje uppsättning data maximerades trolighetsfunktionen för att hitta MLE för parametrarna  $\alpha$  och  $\beta$ , vilka definierar Gamma-funktionen.

I detta projekt fanns ett fåtal bestämmningar av metodutbytet för *Cryptosporidium* och *Giardia* att tillgå från prov på råvatten, orenat respektive

från behandlat avloppsvatten. Det är ovanligt att metodutbyte alls mäts i Sverige, eftersom detta är ett omfattande och kostsamt arbete. När det som i detta fall ändå finns några enstaka mätvärden, kan antalet påvisade (oo) cystor och metodutbytet betraktas som oberoende variabler. Enligt den procedur som beskrivs av Petterson et al. (2007) modellerades metodutbytet  $\pi$  i Beta-fördelningar. Med hjälp av en trolighetsfunktion uppskattades parametrarna  $\alpha$  och  $\beta$  för respektive Beta-fördelning, utifrån de metodutbytesdata för ytvatten ( $n = 7$ ) och orenat avloppsvatten ( $n = 7$ ) som fanns att tillgå i denna studie. Medelvärden från dessa Beta-fördelningar användes i den vidare haltbestämningen av *Cryptosporidium* och *Giardia*. För behandlat avloppsvatten användes ett enstaka värde ( $n = 1$ ) i brist på flera prov.

Baserat på Gamma-fördelningar av halterna av *Cryptosporidium* och *Giardia* beräknades log-reduktionen med hjälp av Monte Carlo-simuleringar för de avloppsreningsverk där prov tagits på både orenat och behandlat avloppsvatten.

För bakteriella patogener och för *E. coli*, antogs koncentrationen  $C$  vara variabel och en Gamma-fördelning med parametrarna  $\alpha$  och  $\beta$  kan då användas för att modellera koncentrationen:

$$g(C|\alpha, \beta) = \frac{C^{\alpha-1} e^{-C/\beta} \beta^{-\alpha}}{\Gamma(\alpha)} \quad (5)$$

Loglikelihood-funktionen för en uppsättning data på  $m$  stycken prov med vardera  $n$  organismer ges då av ekvationen:

$$L(\alpha, \beta | n_i) = \prod_{i=1}^m g(\alpha, \beta | n_i) \quad (6)$$

För varje provpunkt och varje passning till fördelning, beräknades värdet  $D$ , som kan sägas motsvara avvikelsen mellan uppmätta halter och den antagna fördelningen ( $D = -2 \times \text{Loglikelihood}$ ). Detta  $D$  ger alltså ett mått för att jämföra passningen av patogendata till den statistiska fördelning som använts.

För att bestämma den osäkerhet som är förknippad med de parametervärden som modellerats fram för de olika sannolikhetsfördelningarna, tillämpades ett förfarande som bygger på så kallad Markov Chain Monte Carlo (MCMC)-teknik. För en detaljerad förklaring av MCMC-tekniker och program hänvisas till Gilks et al. (1996) och Gelman et al. (2014). Här användes den så kallade Metropolis Hastings-algoritmen för att få ett urval av posterior-fördelningar (några tusen slumpvärden) för respektive modellparameter. Detta urval användes sedan för att bygga trovärdiga intervall för den sannolikhetsfördelning av patogenhalt som motsvarar undre och övre 95 % konfidensintervall. Osäkerheten bestämdes för de Gamma-fördelningar som beskriver halten av *Campylobacter*, presumtiva samt konfirmerade *Cryptosporidium* och *Giardia* i råvatten vid punkterna A och B. Dessa två platser användes som fallstudier för att utvärdera den så kallade kvotmodellen (se nedan).

De statistiska modelleringarna genomfördes i programvaran Wolfram Mathematica® 10.0.

## 2.5 Utveckling av kvotmodellen

### 2.5.1 Konceptuella modeller

En modelleringsstrategi användes för att beräkna patogennivån från olika fekala källor inom en ytvattentäkt. Tre konceptuella modeller togs fram<sup>5</sup> för att beräkna patogenhalt med hänsyn till patogentransport från följande källor: (1) avloppsvatten (orenat eller behandlat avloppsvatten från människa), (2) gödselspridning, samt från (3) betesdjur. Dessa konceptuella modeller, vars ekvationer med härledning redovisas i Bilaga 1, integrerades i ett beräkningsverktyg som vi valt att kalla kvotmodellen.

Tabell 2.3 Beskrivning av information för att bestämma kvoten mellan patogenhalt och indikatorhalt i de konceptuella modellerna. Ekvationer med namnet inom parentes beskrivs i detalj i tabellerna B1.1, B1.2 och B1.3 i Bilaga 1.

| Tillgänglig information                                         | Konceptuell modell 1:<br>avloppsutsläpp (ekvation)                                                                                                                                          | Konceptuell modell 2:<br>gödsling på mark (ekvation)                                                                                                                                          | Konceptuell modell 3:<br>betesdjur (ekvation)                                                                                                                                                 |
|-----------------------------------------------------------------|---------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|-----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|-----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| Avskiljning vid källan, transporttid och inaktiveringshastighet | Kvoten av patogen och indikatorbakterie i råvattnet (RS1)                                                                                                                                   | Kvoten av patogen och indikatorbakterie i råvattnet (RM1)                                                                                                                                     | Kvoten av patogen och indikatorbakterie i råvattnet (RA1)                                                                                                                                     |
| Avskiljning vid källan                                          | Kvoten av patogen och indikatorbakterie i råvattnet, antaget samma överlevnad av indikatorbakterie och patogen (RS2)                                                                        | Kvoten av patogen och indikatorbakterie i råvattnet, antaget samma överlevnad av indikatorbakterie och patogen (RM2)                                                                          | Kvoten av patogen och indikatorbakterie i råvattnet, antaget samma överlevnad av indikatorbakterie och patogen (RA2)                                                                          |
| Ingen information                                               | Kvoten av patogen och indikatorbakterie i råvattnet, antaget samma överlevnad av indikatorbakterie och patogen OCH samma reduktion av indikatorbakterie och patogen i avloppsreningen (RS3) | Kvoten av patogen och indikatorbakterie i råvattnet, antaget samma överlevnad av indikatorbakterie och patogen OCH samma avskiljning vid marktransport av indikatorbakterie och patogen (RM3) | Kvoten av patogen och indikatorbakterie i råvattnet, antaget samma överlevnad av indikatorbakterie och patogen OCH samma avskiljning vid marktransport av indikatorbakterie och patogen (RA3) |

### 2.5.2 Uppsättning av ett beräkningsverktyg i Analytica

Kvotmodellen konstruerades i programvaran Analytica® för att möjliggöra Monte Carlo-simuleringar av de parametrar som är angivna med sannolikhetsfördelning. Grunden till kvotmodellen redovisas i Tabell 2.3 och ekvationerna med härledning redovisas i Bilaga 1, tabellerna B1.1, B1.2 och B1.3. Detta verktyg, vilket illustreras med ett skärmfönster i Figur 2.1, kan användas för att uppskatta patogenhalter, separat för tre olika fekala källor, baserat på uppmätta halter av *E. coli* i råvattnet och tillgänglig information om patogenreduktion vid den fekala källan (log-reduktion på reningsverket respektive sannolikheten att patogener i gödsel eller i komockor når ett vattdrag). De standardvärden som finns inlagda i verktyget avser att ange en rimlig nivå, men det är upp till modell användaren att ändra till lämpligare värden om bättre information finns att tillgå. Alla värden är möjliga att ändra genom att klicka sig vidare in i beräkningsverktyget, exempelvis inaktiveringshastighet av olika mikroorganismer.

<sup>5</sup> Detta utgjorde en del av Folkhälsomyndighetens MSB-projekt, men i SVU-projektet har kvotmodellen vidareutvecklats och bland annat utökats till att omfatta de åtta referenspatogener som finns med i QMRA-verktyget.

## 2.6 Fallstudieplatser för tillämpning av kvotmodellen

För utvärdering av det hypotesbaserade angreppssättet beräknades halterna av *Campylobacter*, *Cryptosporidium* och *Giardia* utifrån kvotmodellen i råvattnet på platserna A och B och jämfördes med uppmätta halter av dessa patogener, dels i stickprov och dels statistiskt modellerade med osäkerhetsintervall. Rapporterade fekala källor uppströms dessa båda råvattenintag omfattar reningsverk, avloppsutsläpp, betesmarker, gödsel, badande och dagvatten (Tabell 2.1).

Tre fekala källor valdes vid punkt A där en sjö utgör råvattentäkt: ett reningsverk, en bräddpunkt och ett område där gödsling förmodas förekomma. Reningsverket och området med gödsel var belägna några kilometer från råvattenintaget västerut och bräddpunkten ca 15 km norrut (Tabell 2.4). Transporttiden uppskattades baserat på erfarenheter från hydrodynamisk modellering av denna sjö.

För punkt B utgör en älv råvattentäkt och fekala källor rapporterade i avrinningsområdet är reningsverk, bräddpunkter, betesmark, gödselspridning, enskilda avlopp och dagvatten (Tabell 2.1). Fyra fekala källor valdes, lokaliserade några kilometer uppströms råvattenintaget. Transporttiden i ytvattnet till intaget uppskattas vara i intervallet från minuter till timmar (Tabell 2.4).

Calculating pathogen densities from the ratio pathogen to E. coli concentration - a hypothesis testing tool

Note for the module:  
1) Point (.) instead of a comma (,) should be used to indicate decimals.  
2) Users should replace the default value to what is appropriate in each specific case.  
2) Place the mouse pointer over the drop down menus for more information.

Measured E. coli concentration (org./100 mL)

Select likely faecal source of measured E. coli concentration

For the selected source, add information in the corresponding box below. Press "Calc" to get the results. Change current default values to reflect the situation in your water source. You can try different sources if you want, but only the selected likely source is represented in the final raw water concentration.

Final raw water concentration due to selected faecal source (org./L)

A. Assuming a single sewage discharge (raw or treated) is the source of the measured E. coli concentration

Can you estimate sewage treatment performance?

Can you estimate transport time in water?

Can you estimate no. of persons connected to the sewer?

Persons connected to sewer

Raw water sewage-pathogen concentration (org./L)

B. Assuming a single manure application is the source of the measured E. coli concentration

Can you estimate probability of overland transport to water?

Can you estimate transport time on land and in water?

Raw water manure-pathogen concentration (org./L)

C. Assuming a single grazing cattle flock is the source of the measured E. coli concentration

Can you estimate probability of overland transport to water?

Can you estimate transport time on land and in water?

Can you estimate number of grazing animals in the flock?

Number of grazing animals in the flock

Raw water animal-pathogen concentration (org./L)

Inactivation rates

Figur 2.1 Skärmfönstret som utgör startsidan för kvotmodellens beräkningsverktyg i programvaran Analytica®, sådan den ser ut vid detta projekts avslutning.

Tabell 2.4 Beskrivning av fallstudieplatser för utvärdering av kvotmodellen. Avståndet fågelvägen och väderstreck har bedömts med hjälp av Google Earth (NV nordväst, N nord, V väst, NNO nordnordost, NO nordost).

| Fallstudie punkt | Fekal källa | Lokalisering relativt råvattenintag |             | Uppskattad transporttid (dygn) |                    |
|------------------|-------------|-------------------------------------|-------------|--------------------------------|--------------------|
|                  |             | Avstånd fågelvägen (km)             | Väderstreck | Ovan mark (min-max)            | I vatten (min-max) |
| A                | Reningsverk | 2,1                                 | NV          | 0                              | 0,5-7              |
|                  | Bräddpunkt  | 15,4                                | N           | 0                              | 7-14               |
|                  | Gödselmark  | 1,8                                 | V           | 5-10                           | 0,5-10             |
| B                | Reningsverk | 7,2                                 | NNO         | 0                              | 0,1-0,2            |
|                  | Bräddpunkt  | 5,3                                 | NO          | 0                              | 0,05-0,15          |
|                  | Betesdjur   | 1,2                                 | NNO         | 1-10                           | 0,005-0,015        |
|                  | Gödselmark  | 0,9                                 | NO          | 1-10                           | 0,005-0,02         |

### 2.6.1 Antaganden i utvärderingen av kvotmodellen

För att utvärdera alla tre konceptuella modeller som finns beskriva ovan, gjordes beräkningar utifrån följande hypoteser:

- A. Antag att utsläpp av avloppsvatten (orenat eller behandlat) är orsaken till uppmätta *E. coli*-halten
- B. Antag att en gödselmark är orsaken till uppmätta *E. coli*-halten
- C. Antag att en flock med nötkreatur är orsaken till uppmätta *E. coli*-halten

För varje hypotes testades alla de tre typerna av kvotberäkningar som anges i Tabell 2.3. Maximal halt och Gamma-modellerad halt av *E. coli* användes för utvärderingen av kvotmodellen. En översiktlig litteraturgenomgång gjordes i syfte att hitta värden som kan anses representera Sverige eller nordiska länder så långt som möjligt när det gäller prevalens och utsöndringshalt. För beräkning av prevalensen hos människor, sannolikheten för en enskild individ att vara infekterad ”just nu”, användes ekvationen  $P = I \cdot D / 365$  där  $I$  är incidensen (fall per invånare och år),  $D$  är varaktigheten av utsöndring under infektion (dygn) och 365 är antalet dygn per år. Incidensen, baserad på nationell statistik för *Campylobacter*infektion, *Cryptosporidium*infektion och *Giardia*infektion, korrigerades för antalet personer anslutna till respektive avloppssystem med hjälp av en Binomial-fördelning;  $\text{Binomial}(N, I_r/100\,000)/N$ , där  $N$  är antalet personer anslutna och  $I_r$  är den rapporterade incidensen (infektioner per 100 000 invånare och år). Samtliga antaganden som användes för utvärderingen listas med referenser i Tabell B2.1 (Bilaga 2).

## 3 Resultat

### 3.1 Patogener i råvatten

Av de patogener som analyserades i råvatten var *Campylobacter* den mest frekventa och *Salmonella* den minst frekventa vid de olika provtagningspunkterna (Tabell 3.1). Mellan 32 % (punkt E) och 87 % (punkt B) av proven var positiva för *Campylobacter*, medan mellan 0 % (punkt A, C, D) och 22 % (punkt B) av proven var positiva för *Salmonella*. Parasiten

Tabell 3.1 Antal prov på råvatten vid punkterna A-F under perioden september 2013 till juli 2015, samt ingående antal händelseprov och andelen positiva i analysen för protozoer och bakteriella patogener. Analyserad volym varierade mellan olika prover och mikroorganismer, se avsnitt 2.3. Klassificeringen av prover som händelseprover baserades på den bedömning som personal vid varje vattenverk gjorde i samband med provtagningen.

| Punkt |                 | <i>Cryptosporidium</i> spp.<br>pres. | <i>Cryptosporidium</i> spp.<br>konf. | <i>Giardia</i> spp.<br>pres. | <i>Giardia</i> spp.<br>konf. | <i>Campylobacter</i> spp. | <i>Salmonella</i> spp. | STEC |
|-------|-----------------|--------------------------------------|--------------------------------------|------------------------------|------------------------------|---------------------------|------------------------|------|
| A     | Totalantal prov | 43                                   | 43                                   | 43                           | 43                           | 43                        | 42                     | 42   |
|       | Händelseprov    | 1                                    | 1                                    | 1                            | 1                            | 1                         | 1                      | 1    |
|       | Positiva        | 21                                   | 8                                    | 7                            | 1                            | 32                        | 0                      | 5    |
|       | % Positiva      | 49                                   | 19                                   | 16                           | 2                            | 74                        | 0                      | 12   |
| B     | Totalantal prov | 44                                   | 44                                   | 44                           | 44                           | 45                        | 45                     | 45   |
|       | Händelseprov    | 4                                    | 4                                    | 4                            | 4                            | 4                         | 4                      | 4    |
|       | Positiva        | 11                                   | 7                                    | 7                            | 2                            | 39                        | 10                     | 20   |
|       | % Positiva      | 25                                   | 16                                   | 16                           | 5                            | 87                        | 22                     | 44   |
| C     | Totalantal prov | 40                                   | 40                                   | 40                           | 40                           | 41                        | 41                     | 40   |
|       | Händelseprov    | 0                                    | 0                                    | 0                            | 0                            | 0                         | 0                      | 0    |
|       | Positiva        | 15                                   | 4                                    | 3                            | 0                            | 14                        | 0                      | 4    |
|       | % Positiva      | 38                                   | 10                                   | 8                            | 0                            | 34                        | 0                      | 10   |
| D     | Totalantal prov | 33                                   | 33                                   | 33                           | 33                           | 33                        | 33                     | 33   |
|       | Händelseprov    | 0                                    | 0                                    | 0                            | 0                            | 0                         | 0                      | 0    |
|       | Positiva        | 4                                    | 3                                    | 8                            | 1                            | 11                        | 0                      | 1    |
|       | % Positiva      | 12                                   | 9                                    | 24                           | 3                            | 33                        | 0                      | 3    |
| E     | Totalantal prov | 39                                   | 39                                   | 39                           | 39                           | 41                        | 41                     | 41   |
|       | Händelseprov    | 1                                    | 1                                    | 1                            | 1                            | 1                         | 1                      | 1    |
|       | Positiva        | 9                                    | 1                                    | 4                            | 3                            | 13                        | 1                      | 3    |
|       | % Positiva      | 23                                   | 3                                    | 10                           | 8                            | 32                        | 2                      | 7    |
| F     | Totalantal prov | 47                                   | 47                                   | 47                           | 47                           | 48                        | 48                     | 48   |
|       | Händelseprov    | 8                                    | 8                                    | 8                            | 8                            | 9                         | 9                      | 9    |
|       | Positiva        | 22                                   | 13                                   | 12                           | 1                            | 38                        | 8                      | 19   |
|       | % Positiva      | 47                                   | 28                                   | 26                           | 2                            | 79                        | 17                     | 40   |

*Cryptosporidium* återfanns mer frekvent jämfört med *Giardia*, men endast en andel av de presumtiva (oo)cystorna kunde klassas som konfirmerade. Här kan nämnas att fler prov var positiva för *Cryptosporidium* vid plats A (en sjö) än vid plats B (en älv) trots att *E. coli* påvisades betydligt oftare i råvattnet vid plats B (98 %) än vid plats A (50 %). För plats E var 23 % av proven positiva för presumtiva *Cryptosporidium* oocystor men enbart 3 % för konfirmerade. STEC påvisades mest frekvent vid platserna B och F där betesmark och gödselspridning rapporterats som viktiga fekala källor i avrinningsområdet. Rådata med halter av patogener kommer att rapporteras separat av Livsmedelsverket i deras rapportserie (planeras utkomma våren 2018) men har redan nu redovisats kort i "Handbok Dricksvattenrisker. Mikrobiologiska risker i ytråvatten" (Livsmedelsverket 2016).

Statistiska modellparametrar som passats till råvattendata för fynd och halter av *Cryptosporidium* spp. och *Giardia* spp. visas i Tabell 3.2. Här visas även troligaste halt och övre 95-percentilsvärde utifrån den Gamma-modell som passats till data för att beskriva variationen. Enligt Gamma-modellerna är alltså dessa värden långt under nivån 1 (oo)cysta per liter, något som har att göra med att enbart ett fåtal av proven vid varje provpunkt var positiva för *Cryptosporidium* och *Giardia*.

Tabell 3.2 Resultat från statistisk modellering av råvattenhalter av *Cryptosporidium* spp. och *Giardia* spp. Både presumtiva och konfirmerade (oo)cystor representeras med Poisson-fördelning medan endast konfirmerade med Gamma-fördelning.

| Punkt                  | Passning till Poisson-modell |          |                |          | Passning till Gamma-modell |         |          |                     |                                  |
|------------------------|------------------------------|----------|----------------|----------|----------------------------|---------|----------|---------------------|----------------------------------|
|                        | Presumtiva                   |          | Konfirmerade   |          | Konfirmerade               |         |          | Förväntad medelhalt | Övre 95-percentil av variationen |
|                        | D <sup>a</sup>               | μ        | D <sup>a</sup> | μ        | D <sup>a</sup>             | α       | β        | Antal/liter         | Antal/liter                      |
| <i>Cryptosporidium</i> |                              |          |                |          |                            |         |          |                     |                                  |
| A                      | 172,2                        | 0,045    | 83,4           | 0,015    | 65,0                       | 0,180   | 0,083    | 0,015               | 0,118                            |
| B                      | 134,3                        | 0,030    | 64,4           | 0,012    | 53,4                       | 0,216   | 0,055    | 0,012               | 8,63E-02                         |
| C                      | 93,0                         | 0,025    | 42,0           | 6,89E-03 | 36,1                       | 0,128   | 0,053    | 6,76E-03            | 6,08E-02                         |
| D                      | 39,3                         | 7,55E-03 | 25,6           | 4,31E-03 | 24,2                       | 0,238   | 0,018    | 4,34E-03            | 3,05E-02                         |
| E                      | 54,9                         | 6,57E-03 | 9,1            | 5,47E-04 | 9,08                       | 591     | 9,25E-07 | 5,47E-04            | 5,92E-04                         |
| F                      | 125,1                        | 0,038    | 61,9           | 0,013    | 61,8                       | 2973    | 4,49E-06 | 0,013               | 0,014                            |
| <i>Giardia</i>         |                              |          |                |          |                            |         |          |                     |                                  |
| A                      | 44,9                         | 6,56E-03 | 10,2           | 8,20E-04 | 10,2                       | 1,51E+4 | 5,41E-08 | 8,20E-04            | 8,94E-04                         |
| B                      | 54,3                         | 9,03E-03 | 23,0           | 2,71E-03 | 20,0                       | 0,073   | 0,037    | 2,72E-03            | 0,029                            |
| C                      | 27,5                         | 3,64E-03 | -              | -        | -                          | -       | -        | -                   | -                                |
| D                      | 44,5                         | 9,98E-03 | 8,7            | 9,98E-04 | 8,7                        | 877     | 1,14E-06 | 9,98E-04            | 1,07E-03                         |
| E                      | 186                          | 0,015    | 74,1           | 5,57E-03 | 32,4                       | 0,040   | 0,149    | 5,91E-03            | 0,068                            |
| F                      | 65,6                         | 0,012    | 10,4           | 8,83E-04 | 10,4                       | 818     | 1,08E-06 | 8,83E-04            | 9,44E-04                         |

<sup>a</sup> Värdet D kan sägas motsvara avvikelsen mellan uppmätta halter och den antagna fördelningen ( $D = -2 \times \text{Loglikelihood}$ ).

Parametervärden för Gamma-fördelningar passade till råvattendata för *Campylobacter* spp., *Salmonella* spp. och STEC visas i Tabell 3.3. Den vanligast påvisade bakterien var *Campylobacter*, med ett beräknat medelvärde i intervallet från 0,070 på punkt C upp till 6,26 bakterier per liter på punkt F, och där med ett övre 95-percentilvärde på 35,9 bakterier per liter. *Salmonella* detekterades endast på punkterna B och F, med medelhalt beräknad till 0,1 bakterier per liter på punkten F (95-percentilvärde 0,468). De högsta nivåerna av STEC, enligt modellen, återfanns på punkt B med en medelhalt beräknad till 1,33 bakterier per liter (95-percentilsvärde 9,06).

Konfidensintervall för att beskriva osäkerheten i passningen till Gamma-fördelningen beräknades för punkterna A och B och för patogenerna *Campylobacter*, *Cryptosporidium* och *Giardia*, och resultaten användes för att utvärdera kvotmodellen (se nedan). Som exempel visas i Figur 3.1 både det troligaste värdet och i 95 % konfidensintervall osäkerheten i den Gamma-fördelning som passats till halterna av *Campylobacter* på punkt B.

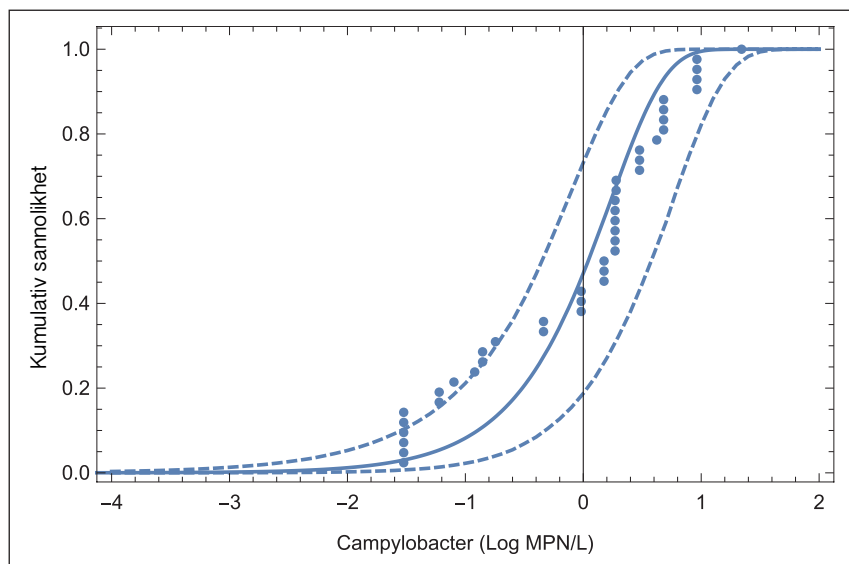
Tabell 3.3 Resultat för statistisk modell passad till råvattendata för *Campylobacter* spp., *Salmonella* spp. och STEC (shigatoxin-producerande *E. coli*). ED = ej detekterade.

| Punkt                | Passning till Gamma-modell |          |         | Förväntad medelhalt | Övre 95-percentil av variationen |
|----------------------|----------------------------|----------|---------|---------------------|----------------------------------|
|                      | D <sup>a</sup>             | $\alpha$ | $\beta$ | Antal/liter         | Antal/liter                      |
| <i>Campylobacter</i> |                            |          |         |                     |                                  |
| A                    | 72,2                       | 0,403    | 3,196   | 1,28                | 7,14                             |
| B                    | 152                        | 0,512    | 5,366   | 2,74                | 13,7                             |
| C                    | -137                       | 1,51     | 0,046   | 0,070               | 0,216                            |
| D                    | -9,6                       | 0,394    | 1,204   | 0,475               | 2,66                             |
| E                    | -119                       | 1,48     | 0,045   | 0,066               | 0,206                            |
| F                    | 219                        | 0,375    | 16,707  | 6,26                | 35,9                             |
| <i>Salmonella</i>    |                            |          |         |                     |                                  |
| A                    | -                          | -        | -       | ED                  | -                                |
| B                    | -179,2                     | 2,118    | 0,023   | 0,050               | 0,136                            |
| C                    | -                          | -        | -       | ED                  | -                                |
| D                    | -                          | -        | -       | ED                  | -                                |
| E                    | -                          | -        | -       | 0,14 <sup>b</sup>   | -                                |
| F                    | -117,2                     | 0,671    | 0,159   | 0,106               | 0,468                            |
| STEC                 |                            |          |         |                     |                                  |
| A                    | -184,1                     | 2,11     | 0,022   | 0,047               | 0,128                            |
| B                    | 7,5                        | 0,255    | 5,22    | 1,33                | 9,06                             |
| C                    | -157,9                     | 1,44     | 0,037   | 0,053               | 0,168                            |
| D                    | -                          | -        | -       | 0,08 <sup>c</sup>   | -                                |
| E                    | -96,3                      | 0,642    | 0,150   | 0,096               | 0,433                            |
| F                    | -66,3                      | 0,612    | 0,327   | 0,200               | 0,919                            |

<sup>a</sup> Värdet D kan sägas motsvara avvikelserna mellan uppmätta halter och den antagna fördelningen ( $D = -2 \times \text{Loglikelihood}$ ).

<sup>b</sup> *Salmonella typhimurium* påvisad i ett prov.

<sup>c</sup> VT2 påvisad i ett prov (i en av tre brunnar).



Figur 3.1 Exemplifiering av Gamma-modell anpassad till uppmätta halter av *Campylobacter* (prickar) vid provpunkt B. Variationen visas i heldragen linje, osäkerhetsintervall i form av undre och övre 95-percentil i streckade linjer.

### 3.2 *Cryptosporidium* och *Giardia* i avloppsvatten

I avloppsvattenprover från reningsverk påvisades *Giardia* mycket oftare än *Cryptosporidium* (Tabell 3.4). Medan presumtiva *Giardia* påvisades i samtliga prover från punkterna 1–5, upptäcktes presumtiva *Cryptosporidium* mest frekvent vid punkt 6 där 75 % prover var positiva för presumtiva och 50 % för konfirmerade *Cryptosporidium*. I behandlat avloppsvatten vid punkt 2 upptäcktes både presumtiva samt konfirmerade protozoer. På punkt 7 däremot kunde varken konfirmerade *Cryptosporidium* eller konfirmerade *Giardia* påvisas.

Tabell 3.4 *Cryptosporidium* och *Giardia* i orenat och behandlat avloppsvatten på reningsverk, punkt 1–7, provtagna under 2014. Den analyserade volymen varierade mellan olika prov, se avsnitt 2.3.2.

| Punkt | Fraktion  |                 | <i>Cryptosporidium</i><br>spp. pres. | <i>Cryptosporidium</i><br>spp. konf. | <i>Giardia</i> spp. pres. | <i>Giardia</i> spp. konf. |
|-------|-----------|-----------------|--------------------------------------|--------------------------------------|---------------------------|---------------------------|
| 1     | Orenat    | Totalantal prov | 15                                   | 15                                   | 15                        | 15                        |
|       |           | Positiva        | 7                                    | 2                                    | 15                        | 9                         |
|       |           | % Positiva      | 47                                   | 13                                   | 100                       | 60                        |
| 2     | Orenat    | Totalantal prov | 14                                   | 14                                   | 14                        | 14                        |
|       |           | Positiva        | 5                                    | 0                                    | 14                        | 9                         |
|       |           | % Positiva      | 36                                   | 0                                    | 100                       | 64                        |
| 2     | Behandlat | Totalantal prov | 14                                   | 14                                   | 14                        | 14                        |
|       |           | Positiva        | 4                                    | 1                                    | 8                         | 2                         |
|       |           | % Positiva      | 29                                   | 7                                    | 57                        | 14                        |
| 3     | Orenat    | Totalantal prov | 5                                    | 5                                    | 5                         | 5                         |
|       |           | Positiva        | 3                                    | 0                                    | 5                         | 2                         |
|       |           | % Positiva      | 60                                   | 0                                    | 100                       | 40                        |

| Punkt | Fraktion  |                 | <i>Cryptosporidium</i><br>spp. pres. | <i>Cryptosporidium</i><br>spp. konf. | <i>Giardia</i> spp. pres. | <i>Giardia</i> spp. konf. |
|-------|-----------|-----------------|--------------------------------------|--------------------------------------|---------------------------|---------------------------|
| 4     | Orenat    | Totalantal prov | 8                                    | 8                                    | 8                         | 8                         |
|       |           | Positiva        | 2                                    | 0                                    | 8                         | 3                         |
|       |           | % Positiva      | 25                                   | 0                                    | 100                       | 38                        |
| 5     | Orenat    | Totalantal prov | 8                                    | 8                                    | 8                         | 8                         |
|       |           | Positiva        | 1                                    | 0                                    | 8                         | 5                         |
|       |           | % Positiva      | 13                                   | 0                                    | 100                       | 63                        |
| 6     | Orenat    | Totalantal prov | 4                                    | 4                                    | 4                         | 4                         |
|       |           | Positiva        | 3                                    | 2                                    | 3                         | 2                         |
|       |           | % Positiva      | 75                                   | 50                                   | 75                        | 50                        |
| 7     | Orenat    | Totalantal prov | 15                                   | 15                                   | 15                        | 15                        |
|       |           | Positiva        | 11                                   | 3                                    | 14                        | 11                        |
|       |           | % Positiva      | 73                                   | 20                                   | 93                        | 73                        |
| 7     | Behandlat | Totalantal prov | 14                                   | 14                                   | 14                        | 14                        |
|       |           | Positiva        | 6                                    | 0                                    | 6                         | 0                         |
|       |           | % Positiva      | 43                                   | 0                                    | 43                        | 0                         |

Statistiska modellparametrar som passats till avloppsvattendata för fynd och halter av *Cryptosporidium* spp. och *Giardia* spp. visas i Tabell 3.5. Enbart presumtiva (oo)cystor representeras med Poisson-modellen, medan både presumtiva och konfirmerade data representeras med Gamma-modellen.

Tabell 3.5 Resultat från statistisk modellering av *Cryptosporidium* spp. och *Giardia* spp. i obehandlat (1-7) och i renat (2b och 7b) avloppsvatten. Enbart presumtiva data representeras med Poisson-modellen, medan både presumtiva och konfirmerade data representeras med Gamma-modellen.

| Passning till Poisson-modell |                |          | Passning till Gamma-modell |          |          |                |          |          |                     |                                  |
|------------------------------|----------------|----------|----------------------------|----------|----------|----------------|----------|----------|---------------------|----------------------------------|
| Presumtiva                   |                |          | Presumtiva                 |          |          | Konfirmerade   |          |          | Förväntad medelhalt | Övre 95-percentil av variationen |
| Punkt                        | D <sup>a</sup> | μ        | D <sup>a</sup>             | α        | β        | D <sup>a</sup> | α        | β        | Antal/liter         | Antal/liter                      |
| <i>Cryptosporidium</i>       |                |          |                            |          |          |                |          |          |                     |                                  |
| 1                            | 718            | 1,35E+03 | 145                        | 0,84     | 1,80E+03 | 89,6           | 0,255    | 1,42E+03 | 80,4                | 299                              |
| 2a                           | 213            | 718      | 113                        | 1,82     | 406      | 63,0           | 0,409    | 293      | 38,6                | 39,1                             |
| 2b                           | 90,8           | 7,88     | 54,2                       | 0,415    | 18,89    | 19,8           | 0,078    | 21,2     | 2,4                 | 11,4                             |
| 3                            | 166            | 1,88E+03 | 48,8                       | 1,83     | 1,02E+03 | 19,4           | 0,142    | 1,16E+03 | 393                 | 2,19E+03                         |
| 4                            | 452            | 2,17E+03 | 89,5                       | 2,07     | 1,29E+03 | 38,1           | 0        | 2,47E+03 | 26,4                | 46,4                             |
| 5                            | 773            | 1,75E+03 | 91,2                       | 1,09     | 2,32E+03 | 41,4           | 0        | 371      | 26,7                | 282                              |
| 6                            | 27,6           | 129      | 21,4                       | 1,08     | 134      | 9,8            | 1,18E+04 | 2,42E-03 | 162                 | 162                              |
| 7a                           | 520            | 1,07E+03 | 138                        | 0,93     | 1,22E+03 | 90,0           | 0        | 657      | 231                 | 679                              |
| 7b                           | 45,2           | 2,98     | 38,5                       | 0,53     | 5,66     | -              | -        | -        | 3,07                | 11,3                             |
| <i>Giardia</i>               |                |          |                            |          |          |                |          |          |                     |                                  |
| 1                            | 39,3           | 74,87    | 36,8                       | 0,98     | 81,6     | 16,1           | 0        | 112      | 1,52E+03            | 6,03E+03                         |
| 2a                           | 19,6           | 38,6     | 19,6                       | 1,90E+04 | 0,00     | -              | 0        | -        | 739                 | 2,13E+03                         |
| 2b                           | 28,3           | 2,39     | 26,3                       | 0,55     | 4,32     | 7,5            | 2778     | 1,23E-04 | 7,84                | 42,9                             |
| 3                            | 41,1           | 393      | 22,3                       | 0,40     | 985      | -              | 0        | -        | 1,88E+03            | 5,40E+03                         |
| 4                            | 11,2           | 26,7     | 11,2                       | 8,91     | 2,97     | -              | 0        | -        | 2,67E+03            | 7,36E+03                         |
| 5                            | 13,2           | 16,5     | 9,66                       | 0,077    | 349      | -              | 0        | -        | 2,53E+03            | 9,00E+03                         |
| 6                            | 12,9           | 162      | 12,9                       | 6,73E+05 | 0,00     | 10,2           | 2        | 49       | 145                 | 518                              |
| 7a                           | 65,4           | 231      | 60,2                       | 1,75     | 132      | 15,6           | 0        | 71       | 1,13E+03            | 4,29E+03                         |
| 7b                           | 34,8           | 3,04     | 32,8                       | 1,00     | 3,08     | 0,0            | 0        | -        | 3,02                | 14,7                             |

<sup>a</sup> Värdet D kan sägas motsvara avvikelserna mellan uppmätta halter och den antagna fördelningen ( $D = -2 \times \text{Loglikelihood}$ ).

I tabellen visas även troligaste halt och övre 95-percentilsvärde utifrån Gamma-modellen, som passats till data för att beskriva variationen. Förväntade genomsnittliga halter av *Cryptosporidium* i obehandlat avloppsvatten varierade från 26,4 (punkt 4) till 162 (punkt 6) oocystor per liter. Generellt hittades högre halter av *Giardia*, med genomsnittliga halter i obehandlat avloppsvatten alltifrån 145 (punkt 6) till 2 670 (punkt 4) cystor per liter.

Log-reduktionen för presumtiva *Cryptosporidium* och *Giardia* vid de två reningsverk där prover togs både på orenat och behandlat avloppsvatten (nr. 2 och 7) visas som medianvärden med 95 % konfidensintervall i Tabell 3.6. I allmänhet åstadkoms en större reduktion vid reningsverk nr. 7, där avloppsreningen omfattar förfällning, biologisk rening, kväverening och efterfällning, jämfört med reningsverk nr. 2 där reningen omfattade enbart mekanisk, kemisk och biologisk rening. Beräkningarna visar dessutom på en större reduktion av *Giardia* jämfört med *Cryptosporidium* vid båda reningsverken. Beräkningen utgick från presumtiva protozoer som bedöms ge en bättre bild av den faktiska reduktionen jämfört med konfirmerade protozoer där osäkerheten är stor när det gäller den faktiska halten i avloppsvatten. Vid reningsverk nr. 7 påvisades som sagt inga konfirmerade (oo)cystor i utgående behandlat avloppsvatten (Tabell 3.4).

Tabell 3.6 Log-reduktion av presumtiva *Cryptosporidium* och *Giardia* på reningsverk nr 2, med mekanisk, kemisk och biologisk rening, och på reningsverk nr 7, med förfällning, biologisk rening, kväverening och efterfällning.

| Organism               | Reningsverk, punkter <sup>a</sup> | Statistisk modell för passning av mätdata | Log10-reduktion, percentiler |      |      |
|------------------------|-----------------------------------|-------------------------------------------|------------------------------|------|------|
|                        |                                   |                                           | 2,5                          | 50   | 97,5 |
| <i>Cryptosporidium</i> | 2a och 2b                         | Poisson                                   | 0,73                         | 1,09 | 1,63 |
|                        |                                   | Gamma                                     | 0,50                         | 1,27 | 1,60 |
|                        | 7a och 7b                         | Poisson                                   | 1,46                         | 1,77 | 2,37 |
|                        |                                   | Gamma                                     | 0,70                         | 1,76 | 2,54 |
| <i>Giardia</i>         | 2a och 2b                         | Poisson                                   | 1,68                         | 1,92 | 2,26 |
|                        |                                   | Gamma                                     | 0,79                         | 2,13 | 3,14 |
|                        | 7a och 7b                         | Poisson                                   | 2,13                         | 2,43 | 3,03 |
|                        |                                   | Gamma                                     | 0,77                         | 2,41 | 3,41 |

<sup>a</sup> Se vidare beskrivning i Tabell 2.2.

### 3.3 Utvärdering av kvotmodellen

För fallstudieplatserna A och B beräknades halten *Campylobacter*, *Cryptosporidium* och *Giardia* med kvotmodellen, baserat på högsta uppmätta halten av *E. coli* (Tabell 3.7) och baserat på en Gamma-fördelning passad till samtliga resultat av *E. coli* under provtagningsperioden (Tabell 3.8). De uppmätta halterna av *Campylobacter*, *Cryptosporidium* och *Giardia* användes som jämförelse. Eftersom uppmätta halter i råvattnet kan avspegla en påverkan från flera fekala källor är det inte möjligt att validera kvotmodellen som bygger på en hypotes om vilken källa som dominerar. Däremot är det rimligt att diskutera kvotmodellens användbarhet genom en jämförelse med uppmätta data.

Beräkning med kvotmodellen baserat på högsta *E. coli*-halten, visar att antagandet om avloppsutsläpp (A1) som den troliga källan till *E. coli* gav resultat som till del överensstämde med patogenmätningarna. Det bör noteras att vare sig *Campylobacter* eller *Giardia* kunde detekteras i det prov som uppvisade högsta *E. coli*-halten. Antagandet att reningsverk var den troligaste källan, baserat på ekvationer RS3 och RS1 (se Tabell 2.3), gav de resultat för *Campylobacter* som bäst överensstämde med mätningarna. Om det istället antas att *E. coli*-halten beror på bräddning (A2), där utsläppspunkten ligger långt från råvattenintaget, gav ekvation RS3 bäst överensstämmelse med mätdata. Antagandet att gödsel skulle vara källan till *E. coli* (A3) gav orealistiskt höga nivåer av *Cryptosporidium* och *Giardia*, såväl vid punkt A som vid punkt B. För punkt B förefaller reningsverk (B1) och bräddpunkt (B2) vara sannolika källor för alla tre patogenerna baserat på kvotmodell RS3. Jämförs resultat från kvotmodellen med mätningar verkar det som om boskap på punkt B skulle kunna vara en möjlig källa till råvat-

Tabell 3.7 Nivåer av *Campylobacter*, *Cryptosporidium* och *Giardia* (organismer per liter, 2,5; 50 och 97,5-percentiler) beräknade med kvotmodellen för punkt A och B baserat på maximal *E. coli*-halt. Uppmätta patogenhalter i samma prov som uppvisade de högsta halterna av *E. coli* anges för jämförelse.

|                                                                    |              |               |     | Campylobacter |       |         | Cryptosporidium |         |         | Giardia |       |         |
|--------------------------------------------------------------------|--------------|---------------|-----|---------------|-------|---------|-----------------|---------|---------|---------|-------|---------|
| Punkt och källa nr.                                                | Beskrivning  | Kvot-ekvation |     | 0,025         | 0,5   | 0,975   | 0,025           | 0,5     | 0,975   | 0,025   | 0,5   | 0,975   |
| A                                                                  | 1            | Reningsverk   | RS3 | 0,000         | 0,004 | 0,100   | 0,000           | 0,000   | 0,004   | 0,000   | 0,000 | 0,000   |
|                                                                    |              |               | RS2 | 0,006         | 0,191 | 7,64    | 0,001           | 0,024   | 1,092   | 0,000   | 0,001 | 0,025   |
|                                                                    |              |               | RS1 | 0,003         | 0,090 | 4,42    | 0,004           | 0,148   | 8,70    | 0,000   | 0,000 | 0,004   |
|                                                                    | 2            | Bräddpunkt    | RS3 | 0,000         | 0,004 | 0,100   | 0,000           | 0,000   | 0,004   | 0,000   | 0,000 | 0,000   |
|                                                                    |              |               | RS2 | 2,95          | 44,5  | 999     | 0,063           | 1,18    | 35,4    | 0,011   | 0,096 | 2,43    |
|                                                                    |              |               | RS1 | 0,308         | 5,50  | 137     | 5,53            | 170     | 7386    | 0,945   | 14,6  | 631     |
|                                                                    | 3            | Gödselmark    | RM3 | 0,094         | 0,354 | 7,34    | 0,674           | 14,8    | 288     | 0,418   | 9,17  | 178     |
|                                                                    |              |               | RM2 | 0,094         | 1,18  | 26,2    | 0,894           | 28,8    | 786     | 0,394   | 17,6  | 429     |
|                                                                    |              |               | RM1 | 0,094         | 1,18  | 26,2    | 0,894           | 28,8    | 786     | 0,394   | 17,6  | 429     |
| Patogenhalter uppmätta i det prov som uppvisade högst E. coli-halt |              |               |     |               |       |         |                 |         |         |         |       |         |
|                                                                    | Presumtiva   |               |     |               |       |         |                 | 4       |         |         | <2    |         |
|                                                                    | Konfirmerade |               |     |               | <0,06 |         |                 | <2      |         |         | <2    |         |
| B                                                                  | 1            | Reningsverk   | RS3 | 0,036         | 0,540 | 12,1    | 0,001           | 0,014   | 0,429   | 0,000   | 0,001 | 0,029   |
|                                                                    |              |               | RS2 | 0,667         | 22,8  | 1,20E03 | 0,118           | 3,14    | 93,0    | 0,003   | 0,083 | 3,52    |
|                                                                    |              |               | RS1 | 0,642         | 22,2  | 1,16E03 | 0,126           | 3,35    | 101,9   | 0,003   | 0,090 | 3,83    |
|                                                                    | 2            | Bräddpunkt    | RS3 | 0,036         | 0,540 | 12,1    | 0,001           | 0,014   | 0,429   | 0,000   | 0,001 | 0,029   |
|                                                                    |              |               | RS2 | 358           | 5397  | 1,21E05 | 7,6             | 143,4   | 4,29E03 | 1,3     | 11,6  | 295     |
|                                                                    |              |               | RS1 | 348           | 5308  | 1,19E05 | 8,0             | 149,7   | 4,40E03 | 1,4     | 12,2  | 304     |
|                                                                    | 3            | Gödselmark    | RM3 | 11,3          | 42,9  | 890     | 81,6            | 1788    | 34867   | 51      | 1111  | 2,16E04 |
|                                                                    |              |               | RM2 | 11,4          | 143   | 3,17E03 | 108             | 3,49E03 | 9,53E04 | 48      | 2136  | 5,19E04 |
|                                                                    |              |               | RM1 | 11,4          | 143   | 3,17E03 | 108             | 3,49E03 | 9,53E04 | 48      | 2136  | 5,19E04 |
|                                                                    | 4            | Betesdjur     | RA3 | 0,100         | 1,87  | 25,9    | 15,4            | 394     | 6721    | 23      | 576   | 6724    |
|                                                                    |              |               | RA2 | 0,100         | 1,87  | 25,9    | 15,4            | 394     | 6721    | 23      | 576   | 6724    |
|                                                                    |              |               | RA1 | 0,053         | 1,87  | 50,7    | 4,28            | 266     | 7567    | 5       | 365   | 9208    |
| Patogenhalter uppmätta i det prov som uppvisade högst E. coli-halt |              |               |     |               |       |         |                 |         |         |         |       |         |
|                                                                    | Presumtiva   |               |     |               |       |         |                 | <5      |         |         | <5    |         |
|                                                                    | Konfirmerade |               |     |               | 3     |         |                 | <5      |         |         | <5    |         |

tenfynd av *Campylobacter*, däremot inte till fynd av *Cryptosporidium* och *Giardia*.

Nivåer av *Campylobacter*, *Cryptosporidium* och *Giardia* framräknade med kvotmodellen baserat på *E. coli*-halter från hela provtagningsprogrammet, definierade i Gamma-fördelningar, presenteras i Tabell 3.8. Percentilvärden för uppmätta patogenhalter, där osäkerheten i respektive Gamma-fördelning beräknats, anges för jämförelse. Generellt visar dessa beräkningar liknande tendenser angående vad som kan vara trolig källa till *E. coli*, som när beräkningen utgick från högsta *E. coli*-halten (Tabell 3.7). För gödselspridning vid punkt A överensstämmer halten av *Campylobacter* beräknad med kvotmodellen väl med de uppmätta halterna, dock inte för *Cryptosporidium* och *Giardia*, vilket gör gödselspridning jämte utsläpp från reningsverk till

Tabell 3.8 Nivåer av *Campylobacter*, *Cryptosporidium* och *Giardia* (organismer per liter, 2,5; 50 och 97,5-percentiler) beräknade med kvotmodellen för punkt A och B baserat på samtliga mätningar av *E. coli* passade till Gamma-fördelningar. Uppmätta patogenhalter, passade till Gamma-fördelning för jämförelse.

|                                                                                          |              |               |       | Campylobacter |         |         | Cryptosporidium |       |         | Giardia |       |         |
|------------------------------------------------------------------------------------------|--------------|---------------|-------|---------------|---------|---------|-----------------|-------|---------|---------|-------|---------|
| Punkt och källa nr.                                                                      | Beskrivning  | Kvot-ekvation |       | 2,5           | 50      | 97,5    | 2,5             | 50    | 97,5    | 2,5     | 50    | 97,5    |
| A                                                                                        | 1            | Reningsverk   | RS3   | 0,000         | 0,007   | 0,214   | 0,000           | 0,000 | 0,007   | 0,000   | 0,000 | 0,001   |
|                                                                                          |              |               | RS2   | 0,008         | 0,310   | 20,4    | 0,001           | 0,044 | 2,40    | 0,000   | 0,001 | 0,061   |
|                                                                                          |              |               | RS1   | 0,001         | 0,040   | 2,41    | 0,113           | 7,20  | 498     | 0,003   | 0,193 | 15,7    |
|                                                                                          | 2            | Bräddpunkt    | RS3   | 0,000         | 0,007   | 0,214   | 0,000           | 0,000 | 0,007   | 0,000   | 0,000 | 0,001   |
|                                                                                          |              |               | RS2   | 3,73          | 73,7    | 2,14E03 | 0,064           | 2,17  | 69,9    | 0,010   | 0,189 | 5,64    |
|                                                                                          |              |               | RS1   | 0,420         | 9,50    | 291     | 7,05            | 324   | 1,92E04 | 0,930   | 30,7  | 1,22E03 |
|                                                                                          | 3            | Gödselmark    | RM3   | 0,056         | 0,772   | 17,1    | 0,796           | 29,2  | 664     | 0,501   | 16,6  | 410     |
|                                                                                          |              |               | RM2   | 0,092         | 2,20    | 64,9    | 1,07            | 51,4  | 1,62E03 | 0,472   | 33,3  | 922     |
|                                                                                          |              |               | RM1   | 0,092         | 2,20    | 64,9    | 1,07            | 51,4  | 1,62E03 | 0,472   | 33,3  | 922     |
| Patogenhalter från hela provtagningsprogrammet, Gamma-fördelning med osäkerhetsintervall |              |               |       |               |         |         |                 |       |         |         |       |         |
|                                                                                          | Presumtiva   |               |       |               |         |         | 0,000           | 0,048 | 0,396   | 0,000   | 0,006 | 0,055   |
|                                                                                          | Konfirmerade |               | 0,003 | 1,602         | 22,5    | 0,000   | 0,016           | 0,150 | 0,000   | 0,001   | 0,012 |         |
| B                                                                                        | 1            | Reningsverk   | RS3   | 0,000         | 0,148   | 11,1    | 0,000           | 0,004 | 0,285   | 0,000   | 0,000 | 0,021   |
|                                                                                          |              |               | RS2   | 0,007         | 6,63    | 1103    | 0,001           | 0,816 | 93,2    | 0,000   | 0,022 | 2,30    |
|                                                                                          |              |               | RS1   | 0,007         | 6,42    | 1066    | 0,001           | 0,870 | 97,9    | 0,000   | 0,024 | 2,47    |
|                                                                                          | 2            | Bräddpunkt    | RS3   | 0,000         | 0,160   | 8,69    | 0,000           | 0,004 | 0,270   | 0,000   | 0,000 | 0,020   |
|                                                                                          |              |               | RS2   | 1,03          | 1,60E03 | 8,69E04 | 0,037           | 42,0  | 2,70E03 | 0,006   | 3,70  | 199,2   |
|                                                                                          |              |               | RS1   | 1,019         | 1,56E03 | 8,60E04 | 0,039           | 43,8  | 2,87E03 | 0,006   | 3,85  | 205     |
|                                                                                          | 3            | Gödselmark    | RM3   | 0,028         | 15,8    | 698     | 0,553           | 540   | 2,41E04 | 0,312   | 340   | 1,67E04 |
|                                                                                          |              |               | RM2   | 0,047         | 42,7    | 2,41E03 | 0,745           | 958   | 5,47E04 | 0,306   | 557   | 4,93E04 |
|                                                                                          |              |               | RM1   | 0,047         | 42,7    | 2,41E03 | 0,745           | 958   | 5,47E04 | 0,306   | 557   | 4,93E04 |
|                                                                                          | 4            | Betesdjur     | RA3   | 0,001         | 0,527   | 26,8    | 0,129           | 104   | 4,94E03 | 0,222   | 173   | 7,31E03 |
|                                                                                          |              |               | RA2   | 0,001         | 0,527   | 26,8    | 0,129           | 104   | 4,94E03 | 0,222   | 173   | 7,31E03 |
|                                                                                          |              |               | RA1   | 0,001         | 0,463   | 43,1    | 0,056           | 63,7  | 5,49E03 | 0,086   | 91,9  | 9,94E03 |
| Patogenhalter från hela provtagningsprogrammet, Gamma-fördelning med osäkerhetsintervall |              |               |       |               |         |         |                 |       |         |         |       |         |
|                                                                                          | Presumtiva   |               |       |               |         |         | 0,000           | 0,035 | 0,341   | 0,000   | 0,009 | 0,079   |
|                                                                                          | Konfirmerade |               | 0,003 | 1,60          | 19,7    | 0,000   | 0,012           | 0,118 | 0,000   | 0,002   | 0,031 |         |

sannolika källor för *Campylobacter*. Beräknade nivåer av *Cryptosporidium* och *Giardia* antaget att reningsverk eller bräddning utgör källan ger en god överensstämmelse med uppmätta halter. Gödselspridning, å andra sidan, verkar vara en osannolik källa till *Cryptosporidium* och *Giardia*, vilket gäller för både punkt A och B.

## 4 Diskussion

I detta projekt har statistiska analyser genomförts utifrån patogendata från sex råvatten i Sverige, i syfte att tillhandahålla indata till QMRA där hänsyn tas till haltvariationer över en tidsperiod av knappt två år. Patogendata passades till Poisson-fördelningar (*Cryptosporidium* och *Giardia*) och till Gamma-fördelningar (*Cryptosporidium*, *Giardia*, *Campylobacter*, *Salmonella* och shigatoxin-producerande *E. coli*/STEC och *E. coli*). Poisson-fördelningen tar hänsyn till att parasiter förekommer som enskilda (oo)cystor i ett vattenprov, där halten kan vara noll eller ett positivt heltal, medan Gamma-fördelningen anger att halten kan variera på en kontinuerlig skala och anta värden större än noll. I projektet utvecklade vi även ett hypotesbaserat angreppssätt att beräkna patogennivåer utifrån *E. coli*-halt, under antagandet att avloppsutsläpp, gödselspridning eller betande nötkreatur är källan till uppmätta *E. coli*-halter. Slutligen utvärderades detta angreppssätt genom att jämföra beräknade halter med provtagningsdata för *Campylobacter*, *Cryptosporidium* och *Giardia* på två av provpunkterna, där hänsyn även togs till den osäkerhet som finns med i passningen av provtagningsdata till Gamma-fördelningar.

Var och en som försökt genomföra en kvantitativ mikrobiologisk riskbedömning med QMRA-verktyget har fått konfronteras med frågan: vilka patogenhalter ska jag anta i råvattnet för mitt vattenverk? Här har det hittills saknats patogenhalter för olika typer av ytvatten runt om i Sverige. De data som föreslogs i den rapport som medföljde lanseringen av QMRA-verktyget, är antingen från en provtagning i Göta älv år 2004 eller hämtade från utlandet (Abrahamsson et al. 2009). Resultaten från provtagningarna i Göta älv 2004 (Åström et al. 2007) uppvisade vissa likheter med de patogenhalter i råvatten som redovisas i denna rapport; nivåerna av *Cryptosporidium* och *Giardia* är likartade, däremot har nu gjorts betydligt rikligare fynd av *Campylobacter* än vad som gjordes i Göta älv. Tidigare saknades data för *Salmonella* och STEC/EHEC/*E. coli* O157, men genom nu genomförda provtagningar finns halter av dessa som kan användas i QMRA-verktyget. Fortfarande finns sparsamt med data för virus. Av norovirus gjordes i stort sett inga fynd inom Livsmedelsverkets MSB-projekt, men dessa påvisades desto mer frekvent i det så kallade Norvid-projektet (Ansker et al. 2013).

Patogendata insamlade genom provtagningar av såväl råvatten som orenat eller behandlat avloppsvatten behöver vara i ett lämpligt format för att knappa in i QMRA-verktyget (Pettersson et al. 2017). När väl patogenhalten har definierats, har man sedan att ta hänsyn till reduktionen över vattenverkets olika beredningssteg och vattenkonsumtionen innan infektionsrisken kan beräknas. Det provtagningsprogram som genomfördes vid de sex råvattenintagen bekräftar tidigare konstaterande om att *Cryptosporidium* och *Giardia* ofta förekommer sporadiskt och i generellt låga nivåer, även när provtagningsvolymerna upp till 100 liter analyseras. En rad negativa värden och med enbart enstaka positiva fynd ställer naturligt nog frågor inför vidare riskanalys: Vilken halt är det egentligen jag ska ange i min QMRA;

är det medelvärde eller den högsta uppmätta halten i de fåtal prover som var positiva, och hur ska jag tänka kring negativa värden? I detta projekt passades sannolikhetfördelningar till alla de provpunkter där åtminstone ett eller två prov var positiva för en patogen.

Med Poisson-fördelningen tas hänsyn till det faktum att flertalet av råvattenproven vid alla provpunkter faktiskt var negativa för *Cryptosporidium* och *Giardia*. I princip räcker det med ett enda positivt prov för att räkna ut värdet på den parameter ( $\mu$ ) som definierar Poisson-fördelningen. Å andra sidan kommer man inte ifrån att mycket få positiva prov medför en stor osäkerhet, oavsett vilken fördelning som används. Storleken på denna osäkerhet exemplifierades för *Campylobacter*, *Cryptosporidium* och *Giardia* vid två provpunkter. För presumtiva *Cryptosporidium* på punkt A exempelvis, är det övre 95-percentilsvärdet för variationen (0,118 oocystor per liter, Tabell 3.2) betydligt lägre än det övre 95-percentilsvärdet hämtat från övre 95 % konfidensintervall (0,396 oocystor per liter, Tabell 3.8). För att få en uppfattning om maximal patogenhalt baserat på ett provtagningsprogram, är det alltså viktigt att inte bara ta hänsyn till variationen utan även till osäkerheten. Osäkerheten kring patogenhalten i råvatten är något som beror på antalet prov och positiva fynd och som kan minskas genom fler provtagningar, medan variationen beskriver hur halterna naturligt varierar i råvattnet.

Osäkerhetsberäkningen som exemplifieras i denna rapport bygger på en avancerad matematisk algoritm. Genom detta projekt finns dock nu ett kunskapsunderlag i Sverige för att genomföra sådana beräkningar för vattenverk som önskar använda sina egna resultat från patogenprovtagning i en QMRA. Tas osäkerheten i beaktande, kan det visa sig att den maximala patogenhalten teoretiskt sett ligger högre än den högsta uppmätta halten från ett provtagningsprogram. Det är ju inte alls säkert att den högsta uppmätta halten avspeglar den verkligt högsta halten, se illustrationen i Figur 3.1. Om önskemålet är att använda QMRA-verktyget för att beräkna den momentana risken (daglig infektionsrisk), kan det vara lämpligare att använda ett högt percentilvärde från osäkerhetsanalysen, istället för det högsta uppmätta halten. Detta ger en marginal i beräkningen, som tar hänsyn just till att topphalter kan ha missats i provtagningen.

Med de patogenhalter som nu finns att tillgå, och som redovisats i denna rapport, avråds från att använda de patogenhalter som föreslås i användarmanualen till den första versionen av QMRA-verktyget (Abrahamsson et al. 2009) och som i olika sammanhang hittills har betraktats som "standardvärden". I Bilaga 3 finns ett beslutsträd som ger vägledning vid valet av patogenhalter i QMRA-verktyget, och hur olika resultattabeller i denna rapport kan användas. Börja längst upp till vänster vid tanke-molnet och i ruta A. I detta beslutsträd är den första frågan: Har patogenanalyser gjorts av ditt råvatten, inklusive värsta förhållanden? Även om det nu finns betydligt bättre dataunderlag för olika typer av råvattentäkter i Sverige, är det fortfarande det bästa om egna patogenprovtagningar görs. För de vattenproducenter som kan svara ja på denna fråga, är det i första hand dessa egna data som bör användas. I beslutsträdet anges att resultaten från kvotmodellen kan användas för att med QMRA-verktyget beräkna enbart den dagliga

infektionsrisken, vilket görs med tanke på att topphalter för *E. coli* har kort varaktighet. För beräkning av årlig infektionsrisk fordras patogendata som är representativa för helåret. Beräknad daglig infektionsrisk kan jämföras mot det internationella gränsvärdet  $10^{-6}$  infektioner per invånare och år, medan beräknad årlig infektionsrisk kan jämföras mot gränsvärdet  $10^{-4}$  (Signor & Ashbolt 2009)

Uppmätta patogenhalter i råvatten avspeglar sannolikt i de flesta fall en påverkan från flera olika fekala källor uppströms. Under senare år har hydrologisk och hydrodynamisk modellering börjat användas för att bedöma det relativa bidraget från olika fekala källor och från olika delavrinningsområden, där såväl punktkällor som diffusa källor kan påverka (Sokolova et al. 2012; Bergion et al. 2017; Sokolova et al. 2013; Sokolova et al. 2015). Att sätta upp en hydrologisk eller en hydrodynamisk modell är emellertid ganska tidskrävande och kräver kompetens och programvara som sällan finns att tillgå inom den kommunala VA-enheten utan som torde kräva konsultstöd. Dessutom behöver en rad hydrologiska och hydrodynamiska parametrar definieras vid sådan modellering. Metoden för att med kvotmodellen uppskatta patogener i ytvatten från indikatorhalter har många fördelar, även om vissa antaganden behöver göras även i denna modell när det gäller andelen infekterade djur och människor och transport på land och i vatten.

Det finns flera goda skäl till att använda kvotmodellen som ett sätt att få fram patogendata när en QMRA ska sättas upp för ett ytvattenverk, eller för den delen ett grundvattenverk som försörjs genom bassänginfiltration av ytvatten. För det första tar metoden fasta på de indikatorhalter som faktiskt uppmäts i råvattnet, vilket är viktig vetenskaplig information som hittills inte kunnat användas i QMRA-verktyget. För det andra innebär metoden en tolkning av den hälsomässiga betydelsen av de fekala indikatorerna i ljuset av de fekala källor som faktiskt förekommer i avrinningsområdet uppströms ett råvattenintag. I kvotmodellen tas hänsyn till de fekala källorna såväl som transportvägarna ovan mark och via ytvatten. För det tredje, genom att använda kvotförhållandet mellan patogen- och indikatorhalter slipper man en rad variabler i modelleringen, vilket både gör att antagandena minskar och att beräkningarna blir lättare att genomföra.

Om dessutom indikatorn som använts kan antas ge en korrekt bild av hur patogenen transporteras och inaktiveras i miljön, kan indikatorn användas som en surrogatorganism för patogenen och modellen därmed förenklas ytterligare. Om patogenöverlevnaden i miljön antas likna *E. coli*, kan nämligen de parametrar som representerar inaktiveringshastighet och transporttid förkortas bort i ekvationerna, och därmed göra det ännu enklare att beräkna patogenhalt till följd av en specifik föroreningskälla i form av avloppsutsläpp, avspolning eller avrinning från gödsblad eller nötkreatursbetad mark nära vattendrag. Men om inte detta är fallet, så kan istället litteraturvärden användas eller väljas som på ett rimligt sätt tar hänsyn till inaktiveringen av patogener respektive inaktiveringen av *E. coli* under transporten på mark och i vatten, för beräkning av patogennivån i råvattnet.

Det kan antas att de flesta råvattenintag utsätts för en mikrobiell påverkan från flera olika källor samtidigt, troligen även varierande över tid. Av denna anledning är det inte möjligt att validera kvotmodellen, som ju bygger på ett

hypotetiskt antagande om den dominerande fekala källan. I detta projekt utvärderades istället användbarheten av kvotmodellen i ljuset av uppmätta patogendata vid de två fallstudieplatserna A och B. Baserat på *E. coli*-halter från hela provtagningsprogrammet visade det sig att de patogenhalter som beräknades med kvotmodellen var i samma storleksordning som de som uppmäts i råvattnet. Men det var främst för utsläppspunkter med kort transporttid till råvattenintaget som kvotmodellen gav rimliga patogennivåer, och särskilt för avloppsutsläpp. Antogs det istället att *E. coli*-halterna härrörde från gödselspridning eller betesdjur, gav kvotmodellen patogenivåer som var orimligt höga jämfört med mätresultaten. Denna iakttagelse visar att kvotmodellen kan vara värdefull för att förstå tillskottet av närliggande sannolika källor och att den kan användas för att utesluta vissa potentiella fekala källor i avrinningsområdet som ursprung till *E. coli*. Resultaten från kvotmodellen bör motivera till att kartlägga hur stor andel av djur och människor som är infekterade (prevalens), kopplat till olika fekala källor uppströms. Resultaten kan även motivera till råvattenprovtagning, där inte bara patogenanalyser utan även metoder för mikrobiell källspårning bör övervägas; se förslaget till arbetsgång av Livsmedelsverket (2016).

I den version av kvotmodellen som framtagits i detta projekt, är *E. coli* den enda indikatororganismen som kan väljas. Det är ett välkänt faktum att *E. coli* inaktiveras betydligt snabbare i miljön jämfört med högöverlevande patogener, såsom *Cryptosporidium* och *Giardia*. En eventuell utvidgning i verktyget skulle därför kunna vara att inkludera en mer överlevnadståligh indikator i tillägg till *E. coli*, såsom *Clostridium perfringens* som rapporterats vara en mer lämplig indikator för intermittent och avlägsen fekal förorening (WHO 2011). Av de åtta referenspatogener som finns i QMRA-verktyget skulle man kunna tänka sig att inte bara *Cryptosporidium* och *Giardia* utan även exempelvis norovirus har en stabilitet och transportegenskaper som mer liknar *Clostridium perfringens* än *E. coli*. Det som talar emot att inkludera denna organismgrupp är att Clostridier är vanligt förekommande i miljön varför den rapporterade halten även avspeglar bakterier av icke-fekalt ursprung. Intestinala enterokocker och somatiska kolifager skulle också kunna övervägas, då även dessa har en högre överlevnad än *E. coli* (Åström et al. 2011). Principiellt gäller dock att ju bättre en indikatororganism representerar patogener i kvotmodellen vad gäller avskiljning under transport ovan mark, genom avloppsreningsverk och i vattentäkt, desto rimligare blir det att använda de ekvationer där man bortser från eventuella skillnader mellan indikatorn och patogenen. Likaså gäller, att ju sämre indikatorn representerar patogenen i fråga, desto viktigare att definiera skillnaderna i modellen (jämför Tabell 2.3).

Mikrobiell källspårning erbjuder flera lovande analystekniker som har både utvecklats och börjat användas under det senaste decenniet. Flera av de vattenprover som i detta projekt analyserats för patogener och *E. coli* genomgick analys med en rad olika källspårningstekniker. Det har dock legat utanför ambitionsnivån i projektet att göra en närmare jämförelse med källspårningen. Mikrobiell källspårning omfattar en rad olika tekniker som kan ge information om dominerande fekal källa i olika händelseprover på råvatten, och som kan visa om en viss kategori av fekal källa dominerar

påverkan över tid. På så vis kan resultat från mikrobiell källspårning hjälpa användaren av kvotmodellen att välja ”rätt” scenario vad gäller dominerande fekala källan, och även välja bort vissa andra scenarier. Däremot går det inte med mikrobiell källspårning att särskilja flera olika källor av samma ursprung, exempelvis påverkan från ett avloppsreningsverk och från en bräddpunkt. Informationsvärdet av resultat från olika metoder för mikrobiell källspårning och nyttan i relation till QMRA diskuteras av WHO (2016b). Denna kombination av två relativt nya metoder behöver dock utforskas vidare, och här finns redan ett befintligt material från nu aktuella provtagningar att gå vidare med. En fråga att belysa i detta sammanhang är nyttan av mikrobiell källspårning i relation till en mer ingenjörsmässig uppskattning av patogenbelastning från olika fekala källor och till kvotmodellen. Kanhända det är både billigare och enklare att beräkna potentiella patogenhalter i råvattnet med stöd av kvotmodellen, än att försöka tolka resultat från mikrobiell källspårning.

Analysen av *Cryptosporidium* och *Giardia* i orenat och behandlat avloppsvatten, med halter passade till Gamma-modellen, visade att nivåerna i orenat avloppsvatten varierar över en tiopotens mellan de olika reningsverken (Tabell 3.5). En jämförelse gjordes mellan förväntad medelhalt och övre 95-percentilsvärde mot typ av avloppssystem (Tabell 2.2). Jämförelsen visar en tendens till ökande halter av *Giardia* med ökande andel dagvatten i avloppssystemet. Detta var emellertid inte tendensen för *Cryptosporidium*, och man kan här spekulera i om *Giardia* i högre grad än *Cryptosporidium* skulle kunna härstamma från dagvatten med tillhörande fekala tillskott från djur och fåglar. Däremot observerades ingen trend när man jämför halter av *Cryptosporidium* och *Giardia* med rapporterad årlig incidens på länsnivå från det år som provtagningarna gjordes (Tabell 2.2). På samma sätt som för råvattenprovpunkterna kan parametervärdena som representerar sannolikhetsfördelningarna för *Cryptosporidium* och *Giardia* användas i en QMRA. Då krävs dock information om utspädningsfaktorn, alltså hur många gånger avloppsvattnet späds ut innan det når råvattenintaget, något som exempelvis kan beräknas genom hydrodynamisk modellering.

Logreduktionen av dessa parasitära protozoer beräknades för de två reningsverk där prover togs både på orenat och på behandlat avloppsvatten (2 och 7). För reningsverk 2, med traditionell sekundär avloppsrening (mekanisk, kemisk och biologisk), var reduktionen överensstämmande med vad som tidigare rapporterats vad det gäller *Cryptosporidium* vid motsvarande grad av rening i Sverige, däremot lägre än vad som tidigare rapporterats för *Giardia* (Ottoson et al. 2006). I en studie på reningsverk längs Göta älv, där kvantifieringen av parasitära protozoer gjordes med molekylärbiologisk metodik, rapporterades en logreduktion för *Giardia intestinalis* i intervallet 0,6 till 2,5 (Berglund et al. 2017), vilket är en något lägre reduktion än vad som beräknats för *Giardia* spp. i denna rapport (Tabell 3.6).

## 5 Slutsatser

Resultatet av detta SVU-projekt kan formuleras i följande slutsatser:

1. Patogenhalter i råvatten är information som kan vara av avgörande betydelse för resultaten av en mikrobiologisk riskbedömning för ett ytvattenverk. Det är viktigt att de som ska använda det så kallade QMRA-verktyget inser, att patogenhalten är specifik för varje råvatten och alltid förknippad med en variation.
2. Det dataunderlag för råvatten som insamlades i Livsmedelsverkets regi under åren 2013–2015 är hittills unikt i sin omfattning, och bör ersätta de ”standardvärden” som tidigare föreslagits som innehöll stora luckor och som inte var representativa för flertalet ytvattentäkter i Sverige.
3. För den som ska ange patogenhalter i råvatten i en QMRA är det av största värde om lokala patogendata finns att tillgå och som inkluderar prover från sådana förhållanden som vattenproducenterna förmodar vara värsta fall ifråga om patogenhalter. Med detta projekt finns i Sverige ett kunnande för hur lokala patogendata kan passas till lämplig sannolikhetsfördelning som tar hänsyn till variationen i lokal patogenhalt.
4. I det fall lokala patogendata för råvattnet ännu saknas, eller har stora brister, finns flera alternativ: antingen använda den kvotmodell som utvecklats i detta projekt för att beräkna halter utifrån toppar av *E. coli*, använda patogenhalter från en vald typvattentäkt eller avgränsa analysen till spridning av parasitära protozoer från orenat eller behandlat avloppsvatten. Se föreslagen arbetsgång enligt beslutsträdet i Bilaga 3.
5. För att få en uppfattning om maximal patogenhalt baserat på ett provtagningsprogram, är det viktigt att inte bara ta hänsyn till variationen utan även till osäkerheten. Variationen avspeglar hur halterna naturligt varierar i råvattnet över tid och till följd av olika ”händelser”, osäkerheten avspeglar antalet prov och positiva fynd.
6. Den maximala patogenhalten i råvattnet kan ligga högre än den högsta uppmätta halten från ett provtagningsprogram. Om önskemålet är att använda QMRA-verktyget för att beräkna den momentana risken (daglig infektionsrisk), kan det därför vara lämpligare att använda ett högt percentilvärde från osäkerhetsanalysen, istället för den högsta uppmätta halten.
7. I projektet har ett beräkningsverktyg upprättats (kvotmodellen, tillgänglig via webblänk), som gör det möjligt för vilken nyfiken dricksvattenproducent som helst att utreda vad enstaka topphalter av *E. coli* i råvattnet skulle kunna motsvara i patogenhalt.

## 6 Referenser

- Abrahamsson, J. L., Ansker, J. & Heinicke, G. (2009) *MRA – ett modellverktyg för svenska vattenverk*. Svenskt Vatten Utveckling rapport nr. 2009-05. Stockholm. Svenskt Vatten.  
Tillgänglig: <<http://vav.griffel.net/vav.htm>> (2016-08-30): 78.
- Ansker, J., Athley, E., Ericsson, P., Häggström, P., Lindgren, P.-E., Nyström, F. & Pott, B.-M. (2013) *NORVID – Riskanalys med MRA och GDP baserad på långtidsundersökning av norovirusförekomst i svenska ytvattentäkter*. Svenskt Vatten Utveckling rapport nr. 2013-20. Stockholm. Svenskt Vatten.  
Tillgänglig: <<http://vav.griffel.net/vav.htm>> (2016-02-25): 78.
- Bergion, V., Sokolova, E., Åström, J., Lindhe, A., Sörén, K. & Rosén, L. (2017) Hydrological modelling in a drinking water catchment area as a means of evaluating pathogen risk reduction. *Journal of Hydrology*, vol. 544: 2017, ss. 74–85.
- Berglund, B., Dienus, O., Sokolova, E., Berglind, E., Matussek, A., Pettersson, T. J. R. & Lindgren, P. E. (2017) Occurrence and removal efficiency of parasitic protozoa in Swedish wastewater treatment plants. *Science of the Total Environment*, vol. 598: 821–827.
- Dienus, O., Sokolova, E., Nyström, F., Matussek, A., Löfgren, S., Blom, L., Thomas, J. R. P. & Lindgren, P.-E. (2016) Norovirus Dynamics in Wastewater Discharges and in the Recipient Drinking Water Source: Long-Term Monitoring and Hydrodynamic Modeling. *Environmental Science and Technology*, vol. 50: 20, ss. 10851–10858.
- Dufour, A., Bartram, J., Bos, R. & Gannon, V. (2012) *Animal waste, water quality and human health*, London, IWA Publishing.
- Gelman, A., Carlin, J. B., Stern, H. A. & Rubin, D. B. (2014) *Bayesian Data Analysis*, London, Chapman and Hall.
- Gilks, W. R., Richardson, S. & Spiegelhalter, D. J. (1996) *Markov Chain Monte Carlo in Practice*, London, Chapman and Hall.
- Hansen, A. & Stenström, T. A. (1998) *Kartläggning av Giardia och Cryptosporidium i svenska ytvattentäkter*. SMI-tryck 118. Solna. Smittskyddsinstitutet och Livsmedelsverket: 44.
- Hansen, A. (2011) *Giardia och Cryptosporidium i svenska ytvattentäkter* Svenskt Vatten Utveckling rapport nr. 2011-02 (2:a revidering). Stockholm. Svenskt Vatten.  
Tillgänglig: <<http://vav.griffel.net/vav.htm>> (2015-03-05): 24.
- ISO (2005) ISO 8199:2005, *Water quality – General guidance on the enumeration of micro-organism by culture*. Geneva. International Organization for Standardization: 38.

ISO (2006) ISO 15553, *Water quality – Isolation and identification of Cryptosporidium oocysts and Giardia cysts from water*. Geneva. International Organization for Standardization.

Livsmedelsverket, Smittskyddsinstitutet & Svenskt Vatten (2011) *Cryptosporidium och Giardia – rekommendationer om åtgärder för att minska risken för vattenburen smitta*. Livsmedelsverket, Smittskyddsinstitutet och Svenskt Vatten. Smittskyddsinstitutet: 9.

Livsmedelsverket (2016) *Handbok Dricksvattenrisker. Mikrobiologiska risker i ytvatten*. Livsmedelsverket: 48.

Ottoson, J., Hansen, A., Westrell, T., Johansen, K., Norder, H. & Stenström, T. A. (2006) Removal of noro- and enteroviruses, Giardia cysts, Cryptosporidium oocysts, and fecal indicators at four secondary wastewater treatment plants in Sweden. *Water Environment Research*, vol. 78: 8, ss. 828–834.

Petterson, S., Roser, D. & Deere, D. (2015) Characterizing the concentration of Cryptosporidium in Australian surface waters for setting health-based targets for drinking water treatment. *Journal of Water and Health*, vol. 13: 3, ss. 879–896.

Petterson, S. R., Signor, R. S. & Ashbolt, N. J. (2007) Incorporating method recovery uncertainties in stochastic estimates of raw water protozoan concentrations for QMRA. *Journal of Water and Health*, vol. 5 Suppl 1: 51–65.

Petterson, S. R. & Ashbolt, N. J. (2016) QMRA and water safety management: review of application in drinking water systems. *Journal of Water and Health*, vol. 14: 4, ss. 571–589.

Petterson, S. R., Stenström, T. A. & Ottoson, J. (2016) A theoretical approach to using faecal indicator data to model norovirus concentration in surface water for QMRA: Glomma River, Norway. *Water Research*, vol. 91: 31–37.

Pettersson, T., Forss, M., Åström, J., Pott, B.-M. & Almqvist, H. (2017) *Vidareutveckling av QMRA-verktyget – fas 1. SVU-projekt genom DRICKS-programmet vid Chalmers*. Svenskt Vatten Utveckling rapport nr. 2017-09. Stockholm. Svenskt Vatten.

Tillgänglig: <<http://vav.griffel.net/vav.htm>> (2017-08-01): 66.

Rehn, M., Wallensten, A., Widerström, M., Lilja, M., Grunewald, M., Stenmark, S., Kark, M. & Lindh, J. (2015) Post-infection symptoms following two large waterborne outbreaks of Cryptosporidium hominis in Northern Sweden, 2010-2011. *BMC public health*, vol. 15: 1, ss. 529.

Schoen, M. E. & Ashbolt, N. J. (2010) Assessing pathogen risk to swimmers at non-sewage impacted recreational beaches. *Environmental Science and Technology*, vol. 44: 7, ss. 2286–2291.

Signor, R. S. & Ashbolt, N. J. (2009) Comparing probabilistic microbial risk assessments for drinking water against daily rather than annualised infection probability targets. *Journal of Water Health*, vol. 7: 4, ss. 535–543.

- Smith, C. M. & Hill, V. R. (2009) Dead-End Hollow-Fiber Ultrafiltration for Recovery of Diverse Microbes from Water. *Applied and Environmental Microbiology*, vol. 75: 16, ss. 5284.
- Sokolova, E., Åström, J., Pettersson, T. J., Bergstedt, O. & Hermansson, M. (2012) Decay of Bacteroidales genetic markers in relation to traditional fecal indicators for water quality modeling of drinking water sources. *Environmental Science and Technology*, vol. 46: 2, ss. 892–900.
- Sokolova, E., Pettersson, T. J. R., Bergstedt, O. & Hermansson, M. (2013) Hydrodynamic modelling of the microbial water quality in a drinking water source as input for risk reduction management. *Journal of Hydrology*, vol. 497: 15–23.
- Sokolova, E., Pettersson, S., Dienus, O., Nyström, F., Lindgren, P. E. & Pettersson, T. (2015) Microbial risk assessment of drinking water based on hydrodynamic modelling of pathogen concentrations in source water. *Science of the Total Environment*, vol. 526: 177–186.
- Svenskt Vatten (2015) *Introduktion till Mikrobiologisk Barriär Analys, MBA*. Publikation P112. Stockholm. Svenskt Vatten: 64.
- Teunis, P., Evers, E. G. & Slob, W. (1999) Analysis of variable fractions resulting from microbial counts. *Quantitative Microbiology*, vol. 1: 1999, ss. 63–88.
- Teunis, P. F. M., Medema, G. J., Kruidenier, L. & Havelaar, A. H. (1997) Assessment of the risk of infection by *Cryptosporidium* or *Giardia* in drinking water from a surface water source. *Water Research*, vol. 31: 6, ss. 1333–1346.
- Westrell, T., Bergstedt, O., Stenström, T. A. & Ashbolt, N. J. (2003) A theoretical approach to assess microbial risks due to failures in drinking water systems. *International Journal of Environmental Health Research*, vol. 13: 2, ss. 181–97.
- WHO (2011) *Guidelines for Drinking-water Quality, Fourth edition*, Geneva, World Health Organization. Tillgänglig: <[http://whqlibdoc.who.int/publications/2011/9789241548151\\_eng.pdf?ua=1](http://whqlibdoc.who.int/publications/2011/9789241548151_eng.pdf?ua=1)> (2017-09-15).
- WHO (2016a) *Quantitative Microbial Risk Assessment: Application for Water Safety Management*, Geneva, World Health Organization.
- WHO (2016b) *Annex C. Microbiological data and statistical inference. I* Petterson, S. (Ed.) *Quantitative Microbial Risk Assessment: Application for Water Safety Management*. Geneva, World Health Organization.
- Widerström, M., Schönning, C., Lilja, M., Lebbad, M., Ljung, T., Allestam, G., Ferm, M., Björkholm, B., Hansen, A., Hiltula, J., Långmark, J., Löfdahl, M., Omberg, M., Reuterwall, C., Samuelsson, E., Widgren, K., Wallensten, A. & Lindh, J. (2014) Large outbreak of *Cryptosporidium hominis* infection transmitted through the public water supply, Sweden. *Emerging infectious diseases*, vol. 20: 4, ss. 581–589.

Åström, J., Petterson, S., Bergstedt, O., Pettersson, T. J. R. & Stenström, T. A. (2007) Evaluation of the microbial risk reduction due to selective closure of the raw water intake before drinking water treatment. *Journal of Water and Health*, vol. 5 Suppl 1: 81–97.

Åström, J., Bergstedt, O., Sokolova, E., Kjellberg, I., Pettersson, T., Borell-Lövstedt, C., Karlsson, A. & Wennberg, C. (2011) *Värdering av risker för en relativt opåverkad ytvattentäkt. Modellering av Rådasjön med stöd av inaktiveringsstudier och mikrobiell källspårning*. Svenskt Vatten Utveckling rapport nr. 2011-18. Stockholm. Svenskt Vatten.

Tillgänglig: <<http://vav.griffel.net/vav.htm>> (2015-03-05): 108.

# Bilaga 1

## Konceptuella modeller för patogennivåberäkning utifrån indikatorhalt

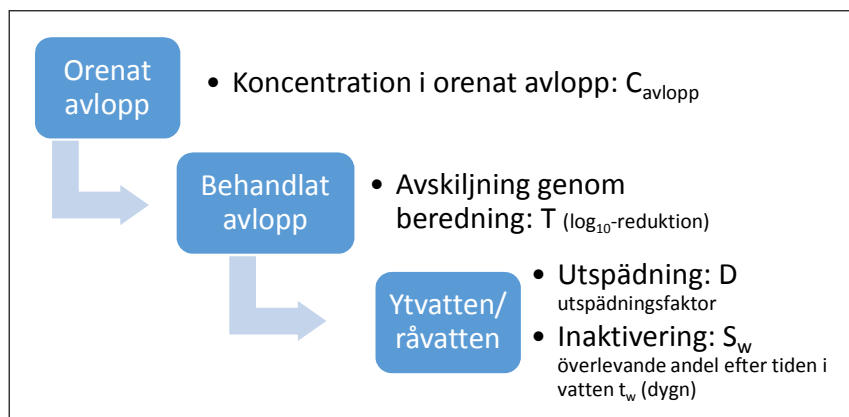
### Konceptuell modell 1: Avloppsutsläpp

Den konceptuella modell som beskriver påverkan av avloppsutsläpp på patogenhalten i ytvatten illustreras i Figur B1.1. Halten av patogener och indikatorer (*E. coli* i detta fall) i orenat avloppsvatten ( $C_{avlopp}$ ) kommer att bero på incidensen av infektion i den anslutna befolkningen och på hur mycket avloppsvatten som produceras varje dag. Vanligtvis sker en rening av avloppsvattnet innan utsläpp, vilket innebär en reduktion av patogener och indikatorer ( $T$ ). Patogen- och indikatorkoncentrationen i behandlat avloppsvatten kommer att bero på vilka beredningssteg som finns på reningsverket och hur effektivt dessa avskiljer olika kategorier av mikroorganismer. Under vissa omständigheter såsom vid bräddning och nödavledning, kommer orenat avloppsvatten att släppas ut direkt till ytvattnet. Visserligen utspädd, men utan någon avskiljning av mikroorganismer.

Efter ett avloppsutsläpp kommer avloppet, vare sig det nu är behandlat eller orenat, att spädas ut i ytvattnet ( $D$ ), och såväl patogener som indikatorer kommer att genomgå en inaktivering. Inaktivering antas traditionellt följa en första ordningens kinetik, enligt vilket den överlevande andelen mikroorganismer ( $S_w$ ) beror på inaktiveringshastigheten och transporttiden från utsläppspunkten till råvattenintaget. Koncentrationen av mikroorganismer ( $C$ ) i råvatten som är påverkat av ett givet avloppsutsläpp kan därmed beräknas som:

$$C_{råvatten} = \frac{C_{avlopp} \cdot 10^{-T} \cdot S_w}{D}$$

Ekvationer och variabler för konceptuell modell 1, vattenkvalitetspåverkan i ytvatten från ett avloppsutsläpp, redovisas med härledning i Tabell B1.1.



Figur B1.1 Konceptuell modell 1, avseende transport av mikroorganismer i ytvatten från ett avloppsutsläpp.

Tabell B1.1 Ekvationer och variabler för konceptuell modell 1, vattenkvalitetspåverkan i ytvatten från ett avloppsutsläpp.

| Variabel (enhet)                                                                                                                                                                                                                                                    | Generell beteckning | Patogen                                                                                                  | Indikator                                                                                                             |
|---------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|---------------------|----------------------------------------------------------------------------------------------------------|-----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| Prevalens<br>$p_h = \frac{I \cdot d}{365}$<br>$p_h$ : punktprevalens hos människor<br>$I$ : incidens (infektioner per person och år)<br>$d$ : utsöndringstid vid infektion (dygn)                                                                                   | $I_p$ :<br>$d_p$ :  | Incidens av patogen-infektion i populationen<br>Utsöndringstid av patogen vid humaninfektion             | $I_i$ :<br>$d_i$ :<br>Incidens av indikatorinfektion i populationen<br>Utsöndringstid av indikator vid humaninfektion |
| Antalet infekterade individer<br>$n_i = p_h \cdot n_t$<br>$n_i$ : antalet infekterade individer<br>$n_t$ : totalantalet individer<br>$p$ : punktprevalens hos människor                                                                                             | $n_i$               | $p_{hp}$ : Punktprevalens av patogen i populationen                                                      | $p_{hi}$ : Punktprevalens av indikator i populationen                                                                 |
| Koncentrationen i orenat avloppsvatten<br>$C_{avlopp} = \frac{n_i \cdot m \cdot d_h}{F}$<br>$m$ : massa, avföring (g/person/dygn)<br>$d_h$ : organismer per gram (antal/g)<br>$F$ : avloppsflöde (liter/dygn)                                                       | $m$                 | $d_{hp}$ : Utsöndringshalt av patogen vid humaninfektion (antal/g)                                       | $d_{hi}$ : Utsöndringshalt av indikator vid humaninfektion (antal/g)                                                  |
| Reduktion vid avloppsrening<br>$T$ : Reduktion över hela reningsverket ( $\log_{10}$ )                                                                                                                                                                              | T                   | $T_p$ : Reduktion av patogen vid avloppsrening                                                           | $T_i$ : Reduktion av indikator vid avloppsrening                                                                      |
| Utspädning<br>$D$ : utspädningsfaktor i ytvattnet (-)                                                                                                                                                                                                               | D                   |                                                                                                          |                                                                                                                       |
| Inaktivering i ytvattnet ( $S_w$ )<br>$S_w = e^{-k_w t_w}$<br>$S_w$ : Överlevande andel organismer som når råvattenintaget<br>$k_w$ : Inaktiveringshastighet i vatten (/dygn)<br>$t_w$ : Transporttid i vatten för organismer från avloppsutsläpp (dygn)            | $t_w$               | $k_{wp}$ : Inaktiveringshastighet av patogen i vatten                                                    | $k_{wi}$ : Inaktiveringshastighet av indikator i vatten                                                               |
| Koncentrationen i råvattnet (C) (organismer/liter)                                                                                                                                                                                                                  |                     | $\frac{e^{-k_{wp} \cdot t_w} d_{hp} \cdot m \cdot n_p \cdot 10^{-T_p}}{D \cdot F}$                       | $\frac{e^{-k_{wi} \cdot t_w} d_{hi} \cdot m \cdot n_i \cdot 10^{-T_i}}{D \cdot F}$                                    |
| RS1: Kvoten av patogen och indikatorbakterie i råvattnet                                                                                                                                                                                                            |                     | $\frac{10^{-T_p+T_i} e^{-k_{wp} \cdot t_w + k_{wi} \cdot t_w} d_{hp} \cdot p_{hp}}{d_{hi} \cdot p_{hi}}$ |                                                                                                                       |
| RS2: Kvoten av patogen och indikatorbakterie i råvattnet, antaget samma överlevnad av indikatorbakterie och patogen (indikatorn används som surrogatorganism för patogenens överlevnad)                                                                             |                     | $\frac{10^{-T_p+T_i} \cdot d_{hp} \cdot p_{hp}}{d_{hi} \cdot p_{hi}}$                                    |                                                                                                                       |
| RS3: Kvoten av patogen och indikatorbakterie i råvattnet, antaget samma överlevnad av indikatorbakterie och patogen OCH samma reningsavskiljning av indikatorbakterie och patogen (indikatorn används som surrogatorganism för patogenens överlevnad och reduktion) |                     | $\frac{d_{hp} \cdot p_{hp}}{d_{hi} \cdot p_{hi}}$                                                        |                                                                                                                       |

## Konceptuell modell 2: Gödsling nära vattendrag

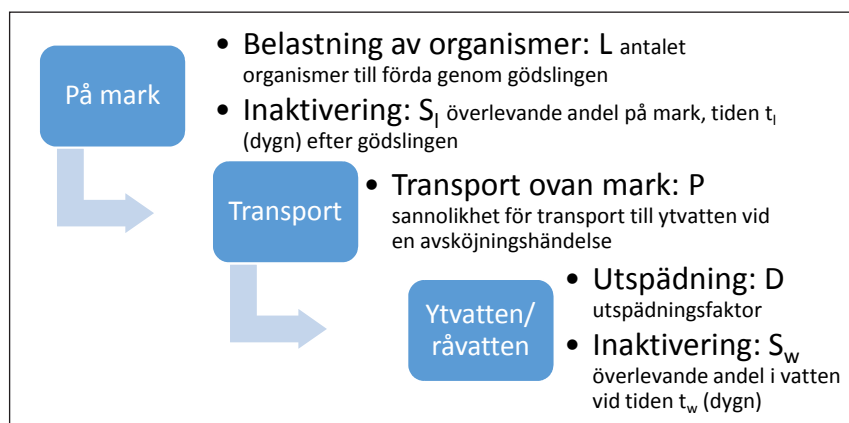
Den konceptuella modellen för att beskriva hur gödsling i närheten av vattendrag kan påverka halten av mikroorganismer i råvattnet illustreras i Figur B1.2. Den totala belastningen ( $L$ ) av patogener och indikatorer kvantifieras som halten i gödsel multiplicerat med massan. Gödsel blandas med jorden, och inaktiveringen i jordlagret antas följa en första ordningens kinetik, där den överlevande fraktionen ( $S_l$ ) beror på inaktiveringshastighet och på tiden mellan gödslingstillfället och sådana regnhändelser som kan spola ner mikroorganismer i vattnet.

Patogener och indikatorer kan lösas och spolas ner i ytvattnet till följd av kraftigt regn eller eventuellt snösmältning. Transporten kan beskrivas som en sannolikhet att en enskild mikroorganism i gödsel kan nå ytvattnet ( $P$ ). Denna sannolikhet beror på karakteristiken av avspolningshändelsen, på placeringen av gödsel i förhållande till ytvattnet, och på egenskaper hos respektive typ av mikroorganism.

När väl en mikroorganism från gödsel nått ytvattnet, genomgår denna en omblandning i ytvattnet som beror på utspädningsgraden fram till ett råvattenintag ( $D$ ), och såväl patogener som indikatorer kommer att inaktiveras. Inaktiveringen i vattnet antas följa en första ordningens kinetik, där den överlevande fraktionen ( $S_w$ ) beror på inaktiveringshastighet och på transporttiden från det att organismen från gödsel nått vattendraget till dess organismen nått råvattenintaget. Koncentrationen av mikroorganismer ( $C$ ) i råvatten som är påverkat av en given gödselyta kan därmed beräknas som:

$$C = \frac{L \cdot S_l \cdot P \cdot S_w}{D}$$

Ekvationer och variabler för konceptuell modell 2, vattenkvalitetspåverkan i ytvatten till följd av gödsling, redovisas med härledning i Tabell B1.2.



Figur B1.2 Konceptuell modell 2, vattenkvalitetspåverkan till följd av gödsling nära vattendrag.

Tabell B1.2 Ekvationer och variabler för konceptuell modell 2, vattenkvalitetspåverkan i ytvatten till följd av gödsling.

| Variabel                                                                                                                                                                                                                                                                       | Generell beteckning | Patogen                                                                                                                                      | Indikator                                                                              |
|--------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|---------------------|----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|----------------------------------------------------------------------------------------|
| Belastning av organismer per dygn<br>$L = c_m \cdot m$<br>$m$ : massa, tillförd gödsel (g)<br>$c_m$ : organismer per gram gödsel (org/g)                                                                                                                                       | $m$                 | $c_{mp}$ : Koncentration av patogen i gödsel (antal/g)                                                                                       | $c_{mi}$ : Koncentration av indikator i gödsel (antal/g)                               |
| Inaktivering ovan mark<br>$S_l = e^{-k_m \cdot t_{ml}}$<br>$S_l$ : överlevande andel organismer vid avspolningstillfället<br>$k_m$ : inaktiveringshastighet på gödslad mark (/dygn)<br>$t_{ml}$ : transporttid på marken för organismer i gödsel (dygn)                        | $t_{ml}$            | $k_{mp}$ : Inaktiveringshastighet för patogen på gödslad mark                                                                                | $k_{mi}$ : Inaktiveringshastighet för indikator på gödslad mark                        |
| Nedspolning vid regnhändelse<br>$P_m$ : sannolikhet för en organism i gödsel att vid ett avspolningstillfälle nå ytvatten                                                                                                                                                      |                     | $P_{mp}$ : Sannolikhet för patogen i gödsel att nå vattendrag                                                                                | $P_{mi}$ : Sannolikhet för indikator i gödsel att lyckas nå vattendrag                 |
| Utspädning<br>$D$ : utspädningsfaktor i ytvattnet (-)                                                                                                                                                                                                                          | $D$                 |                                                                                                                                              |                                                                                        |
| Inaktivering i vattnet<br>$S_w = e^{-k_w \cdot t_{mw}}$<br>$S_w$ : överlevande andel organismer som når råvattenintaget<br>$k_w$ : inaktiveringshastighet i vatten (/dygn)<br>$t_{w}$ : transporttid i vatten för gödsel (dygn)                                                | $t_{mw}$            | $k_{wp}$ : Inaktiveringshastighet av patogen i vatten                                                                                        | $k_{wi}$ : Inaktiveringshastighet av indikator i vatten                                |
| Koncentrationen i råvattnet ( $C$ ) (organismer/liter)                                                                                                                                                                                                                         |                     | $\frac{e^{-k_{mp} \cdot t_{ml} - k_{wp} \cdot t_{mw}} c_{mp} \cdot m \cdot P_{mp}}{D}$                                                       | $\frac{e^{-k_{mi} \cdot t_{ml} - k_{wi} \cdot t_{mw}} c_{mi} \cdot m \cdot P_{mi}}{D}$ |
| RM1: Kvoten av patogen och indikatorbakterie i råvattnet                                                                                                                                                                                                                       |                     | $\frac{e^{-k_{mp} \cdot t_{ml} - k_{wp} \cdot t_{mw} + k_{mi} \cdot t_{ml} + k_{wi} \cdot t_{mw}} c_{mp} \cdot P_{mp}}{c_{mi} \cdot P_{mi}}$ |                                                                                        |
| RM2: Kvoten av patogen och indikatorbakterie i råvattnet, antaget samma överlevnad av indikatorbakterie och patogen (indikatorn används som surrogatorganism för patogenens överlevnad)                                                                                        |                     | $\frac{c_{mp} \cdot P_{mp}}{c_{mi} \cdot P_{mi}}$                                                                                            |                                                                                        |
| RM3: Kvoten av patogen och indikatorbakterie i råvattnet, antaget samma överlevnad av indikatorbakterie och patogen OCH samma avskiljning vid marktransport av indikatorbakterie och patogen (indikatorn används som surrogatorganism för patogenens överlevnad och transport) |                     | $\frac{c_{mp}}{c_{mi}}$                                                                                                                      |                                                                                        |

### Konceptuell modell 3: Nötkreatursbete nära vattendrag

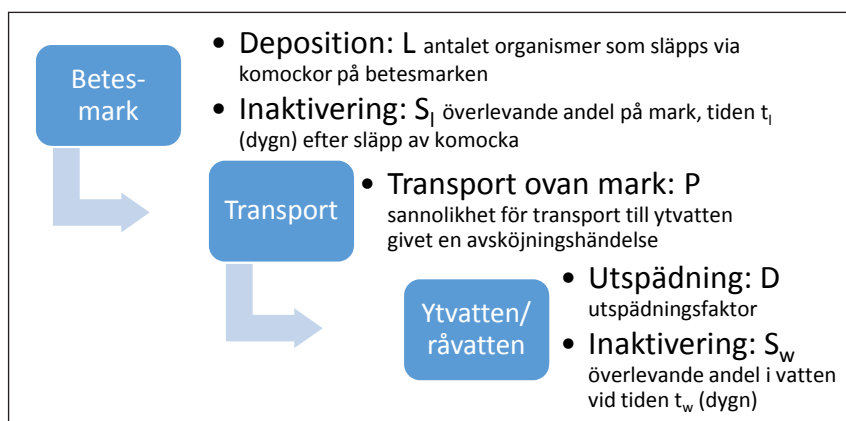
Den konceptuella modellen för att beskriva hur nötkreatur som släpper avföring nära vattendrag kan påverka halten av mikroorganismer i råvattnet illustreras i Figur B1.3. Den totala belastningen ( $L$ ) av patogener och indikatorer kvantifieras som totalantalet infekterade (koloniserade) betesdjur, multiplicerad med koncentrationen i avföringen och multiplicerad med den totala massan avföring per djur och dygn. Inaktiveringen ovan mark antas följa en första ordningens kinetik, där den överlevande fraktionen ( $S_l$ ) beror på inaktiveringshastighet och på tiden mellan avföringshändelsen och sådana regnhändelser som kan spola ner mikroorganismer i vattnet.

Patogener och indikatorer kan lösgöras och spolas ner i ytvattnet till följd av kraftigt regn eller eventuellt snösmältning. Transporten kan beskrivas som en sannolikhet att en enskild mikroorganism i komockan kan nå ytvattnet ( $P$ ). Denna sannolikhet beror på karakteristiken av avspolningshändelsen, på placeringen av komockan relativt ytvattnet, och på egenskaper hos respektive typ av mikroorganism.

När väl en mikroorganism från en komocka nått ytvattnet, sker en utspädning ( $D$ ) och en inaktivering fram till råvattenintaget. Inaktiveringen i vattnet antas följa en första ordningens kinetik, där den överlevande fraktionen ( $S_w$ ) beror på inaktiveringshastighet och på transporttiden från det att mikroorganismen nått vattendraget till den nått råvattenintaget. Koncentrationen av mikroorganismer ( $C$ ) i råvatten som är påverkat av komockor från ett nötkreatursbete kan därmed beräknas som:

$$C = \frac{L \cdot S_l \cdot P \cdot S_w}{D}$$

Ekvationer och variabler för konceptuell modell 3, vattenkvalitetspåverkan i ytvatten till följd av nötkreatursbete, redovisas med härledning i Tabell B1.3.



Figur B1.3 Konceptuell modell 3, vattenkvalitetspåverkan från nötkreatursbete nära vattendrag

Tabell B1.3 Ekvationer och variabler för konceptuell modell 3, vattenkvalitetspåverkan i ytvatten till följd av nötkreatursbete.

| Variabel                                                                                                                                                                                                                                                                       | Generell beteckning | Patogen                                                                                                                                                                  | Indikator                                                                                                         |
|--------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|---------------------|--------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|-------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| Antalet infekterade nötkreatur<br>$n_i = p_a \cdot n_t$<br>$n_t$ : totalantalet nötkreatur<br>$n_i$ : antal infekterade nötkreatur<br>$p_a$ : punktprevalens hos nötkreatur                                                                                                    | $n_{it}$            | $p_{ap}$ : Punktprevalens av patogen hos nötkreatur                                                                                                                      | $p_{ai}$ : Punktprevalens av indikator hos nötkreatur                                                             |
| Belastning av organismer per dygn<br>$L = n_i \cdot m \cdot d_a$<br>$m$ : massa, tillförd träck (g)<br>$d_a$ : organismer per gram träck (org/g)                                                                                                                               | $m$                 | $d_{ap}$ : Koncentration av patogen i träck (antal/g)                                                                                                                    | $d_{ai}$ : Koncentration av indikator i träck (antal/g)                                                           |
| Inaktivering ovan mark<br>$S_l = e^{-k_f \cdot t_{al}}$<br>$S_l$ : överlevande andel organismer vid avspolningstillfället<br>$k_f$ : inaktiveringshastighet i träck<br>$t_{al}$ : tid på marken, organism i träck                                                              | $t_{al}$            | $k_{fp}$ : Inaktiveringshastighet av patogen i träck                                                                                                                     | $k_{fi}$ : Inaktiveringshastighet av indikator i träck                                                            |
| Nedspolning vid regnhändelse<br>$P_a$ : sannolikhet för en organism att vid ett avspolningstillfälle nå ytvatten                                                                                                                                                               |                     | $P_{apr}$ : Sannolikhet för patogen i träck att nå vattendrag                                                                                                            | $P_{air}$ : Sannolikhet för indikator i träck att nå vattendrag                                                   |
| Utspädning<br>$D$ : utspädningsfaktor i ytvattnet                                                                                                                                                                                                                              | $D$                 |                                                                                                                                                                          |                                                                                                                   |
| Inaktivering i vattnet<br>$S_w = e^{-k_{wp} \cdot t_{aw}}$<br>$S_w$ : överlevande andel organismer som når råvattenintaget<br>$k_w$ : inaktiveringshastighet i vatten<br>$t_{aw}$ : transporttid i vatten för organismer från komockor                                         | $t_{aw}$            | $k_{wp}$ : Inaktiveringshastighet av patogen i vatten                                                                                                                    | $k_{wi}$ : Inaktiveringshastighet av indikator i vatten                                                           |
| Koncentrationen i råvattnet (C) (organismer/liter)                                                                                                                                                                                                                             |                     | $\frac{e^{-k_{fp} \cdot t_{al} - k_{wp} \cdot t_{aw}} d_{ap} \cdot m \cdot n_{ap} \cdot p_{ap} \cdot P_{apr}}{D}$                                                        | $\frac{e^{-k_{fi} \cdot t_{al} - k_{wi} \cdot t_{aw}} d_{ai} \cdot m \cdot n_{ai} \cdot p_{ai} \cdot P_{air}}{D}$ |
| RA1: Kvoten av patogen och indikatorbakterie i råvattnet                                                                                                                                                                                                                       |                     | $\frac{e^{-k_{fp} \cdot t_{al} - k_{wp} \cdot t_{aw} + k_{fi} \cdot t_{al} + k_{wi} \cdot t_{aw}} d_{ap} \cdot p_{ap} \cdot P_{apr}}{d_{ai} \cdot p_{ai} \cdot P_{air}}$ |                                                                                                                   |
| RA2: Kvoten av patogen och indikatorbakterie i råvattnet, antaget samma överlevnad av indikatorbakterie och patogen (indikatorn används som surrogatorganism för patogenens överlevnad)                                                                                        |                     | $\frac{d_{ap} \cdot p_{ap} \cdot P_{apr}}{d_{ai} \cdot p_{ai} \cdot P_{air}}$                                                                                            |                                                                                                                   |
| RA3: Kvoten av patogen och indikatorbakterie i råvattnet, antaget samma överlevnad av indikatorbakterie och patogen OCH samma avskiljning vid marktransport av indikatorbakterie och patogen (indikatorn används som surrogatorganism för patogenens överlevnad och transport) |                     | $\frac{d_{ap} \cdot p_{ap}}{d_{ai} \cdot p_{ai}}$                                                                                                                        |                                                                                                                   |

## Bilaga 2

### Antaganden i kvotmodellen vid utvärdering i fallstudier

Tabell B2.1 Antaganden i kvotmodellen för tillämpning och utvärdering på fallstudie-platserna A och B.

| Modell-parameter                                                                                                     | Enhet                        | Fördelning eller punktskattning                                     | Motivering                                                                                                                                           | Referens                    |
|----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|------------------------------|---------------------------------------------------------------------|------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|-----------------------------|
| <i>E. coli</i> -halter                                                                                               |                              |                                                                     |                                                                                                                                                      |                             |
| Plats A                                                                                                              | MPN/100 ml                   | 6                                                                   | Maxhalt, uppmätt 2014-06-26                                                                                                                          | Denna studie                |
|                                                                                                                      | MPN/100 ml                   | Gamma (1,689 8,663)                                                 | Modellerat från alla mätningar (N = 41)                                                                                                              | Denna studie                |
| Plats B                                                                                                              | MPN/100 ml                   | 727                                                                 | Maxhalt, uppmätt 2014-10-16                                                                                                                          | Denna studie                |
|                                                                                                                      | MPN/100 ml                   | Gamma (0,477 1151)                                                  | Modellerat från alla mätningar (N = 43)                                                                                                              | Denna studie                |
| <b>A. Antag att utsläpp av avloppsvatten (orenat eller behandlat) är orsaken till uppmätta <i>E. coli</i>-halten</b> |                              |                                                                     |                                                                                                                                                      |                             |
| Reduktion på reningsverk                                                                                             |                              |                                                                     |                                                                                                                                                      |                             |
| <i>E. coli</i> ,<br><i>Campylobacter</i>                                                                             | log10-enheter                | Triangel(1,23 2,37 3,52)                                            | Reduktion av <i>E. coli</i> vid reningsverk med sekundär rening. Antagit samma avskiljning av <i>E. coli</i> och <i>Campylobacter</i> .              | (Ottoson et al. 2006)       |
| <i>Cryptosporidium</i>                                                                                               | log10-enheter                | Triangel (0,70 1,76 2,54)                                           | Avskiljning Vänersborg ARV                                                                                                                           | Denna studie                |
| <i>Giardia</i>                                                                                                       | log10-enheter                | Triangel (0,77 2,41 3,41)                                           | Avskiljning Vänersborg ARV                                                                                                                           | Denna studie                |
| Utsöndringshalter hos människor                                                                                      |                              |                                                                     |                                                                                                                                                      |                             |
| <i>E. coli</i>                                                                                                       | org./g                       | Triangel (10 <sup>4</sup> ,3 10 <sup>6</sup> ,4 10 <sup>8</sup> ,9) | Studie i Österrike, haltintervall i fekala prover från människor                                                                                     | (Farnleitner et al. 2010)   |
| <i>Campylobacter</i>                                                                                                 | org./g                       | Triangel(10 <sup>6</sup> 10 <sup>7</sup> ,5 10 <sup>9</sup> )       | Fördelning baserad på angivet intervall i översiktsartikel                                                                                           | (Feachem et al. 1983)       |
| <i>Cryptosporidium</i>                                                                                               | org./g                       | Triangel(10 <sup>6</sup> 10 <sup>7</sup> 10 <sup>9</sup> )          | Fördelning baserad på angivet intervall i översiktsartikel                                                                                           | (Gerba 2000)                |
| <i>Giardia</i>                                                                                                       | org./g                       | Triangel(10 <sup>5</sup> 10 <sup>6</sup> 10 <sup>7</sup> )          | Fördelning baserad på angivet intervall i översiktsartikel                                                                                           | (Gerba 2000)                |
| Prevalens/incidens hos människor                                                                                     |                              |                                                                     |                                                                                                                                                      |                             |
| <i>E. coli</i> prevalens                                                                                             | -                            | 1                                                                   | Studie i Österrike, prevalens i fekala prover från människor                                                                                         | (Farnleitner et al. 2010)   |
| <i>Campylobacter</i> incidens                                                                                        | fall/100 000 personer och år | Triangel(8,41E-4 8,5E-4 9,32E-4)                                    | Rapporterad incidens i Sverige, 2013-2015                                                                                                            | (Folkhälsomyndigheten 2017) |
| <i>Cryptosporidium</i> incidens                                                                                      | fall/100 000 personer och år | Triangel(2,32E-5 4,14E-5 5,35E-5)                                   | Rapporterad incidens i Sverige, 2013-2015                                                                                                            | (Folkhälsomyndigheten 2017) |
| <i>Giardia</i> incidens                                                                                              | fall/100 000 personer och år | Triangel(1,29E-4 1,3E-4 1,5E-4)                                     | Rapporterad incidens i Sverige, 2013-2015                                                                                                            | (Folkhälsomyndigheten 2017) |
| <b>B. Antag att en gödselmark är orsaken till uppmätta <i>E. coli</i>-halten</b>                                     |                              |                                                                     |                                                                                                                                                      |                             |
| Halter i gödsel                                                                                                      |                              |                                                                     |                                                                                                                                                      |                             |
| <i>E. coli</i>                                                                                                       | org./g                       | Uniform(5E1 4E7)                                                    | Medelhalt i avföring från friska individer                                                                                                           | (Smith & Crabb 1961)        |
| <i>Campylobacter</i>                                                                                                 | org./g                       | Uniform(4E4 2E5)                                                    | Studie i Scotland, liknande halt hos nötkreatur, får och gris                                                                                        | (Ogden et al. 2009)         |
| <i>Cryptosporidium</i>                                                                                               | org./g                       | Uniform(50 1E7)                                                     | Intervall av halter i studier på nötkreatur och mjölkdjur i Sverige                                                                                  | (Åström 2013)               |
| <i>Giardia</i>                                                                                                       | org./g                       | Uniform(1 6E6)                                                      | Intervall av halter i studier på mjölkdjur i Danmark                                                                                                 | (Åström 2013)               |
| Sannolikhet för transport ovan mark till vatten                                                                      |                              |                                                                     |                                                                                                                                                      |                             |
| <i>E. coli</i> ,<br><i>Campylobacter</i>                                                                             | -                            | Uniform(0,0004 0,014)                                               | Intervall för lösgörande och transport 10 m av nytillkomna och gamla mockor. Här antaget samma värde för <i>Campylobacter</i> som för <i>E. coli</i> | (Ferguson et al. 2007)      |

| Modell-parameter                                                                           | Enhet    | Fördelning eller punktskattning                                    | Motivering                                                                                                                                             | Referens                  |
|--------------------------------------------------------------------------------------------|----------|--------------------------------------------------------------------|--------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|---------------------------|
| <i>Cryptosporidium</i> ,<br><i>Giardia</i>                                                 | -        | Uniform(0,0001 0,009)                                              | Intervall för lösgörande och transport 10 m av nytillkomna och gamla mockor. Här antaget samma värde för <i>Giardia</i> som för <i>Cryptosporidium</i> | (Ferguson et al. 2007)    |
| Inaktiveringshastighet i vatten                                                            |          |                                                                    |                                                                                                                                                        |                           |
| <i>E. coli</i>                                                                             | per dygn | 0,5                                                                | <i>E. coli</i> inaktivering i ytvatten i mikrokosmstudie i mars, Sverige                                                                               |                           |
| <i>Campylobacter</i>                                                                       | per dygn | 0,7                                                                | Naturliga populationer vid 10 and 4° C i flodvatten, England. Uppskattat från kurva.                                                                   | (Obiri-Danso et al. 2001) |
| <i>Cryptosporidium</i>                                                                     | per dygn | 0,02                                                               | <i>Cryptosporidium</i> i ytvatten vid +5° C, Nederländerna. Omräknat från enheten "log10/dygn" till "ln/dygn".                                         | (Medema et al. 1997)      |
| <i>Giardia</i>                                                                             | per dygn | 0,02                                                               | Antaget samma inaktivering som för <i>Cryptosporidium</i> .                                                                                            | (Medema et al. 1997)      |
| <b>C. Antag att en flock med nötkreatur är orsaken till uppmätta <i>E. coli</i>-halten</b> |          |                                                                    |                                                                                                                                                        |                           |
| Prevalens hos nötkreatur                                                                   |          |                                                                    |                                                                                                                                                        |                           |
| <i>E. coli</i> prevalens                                                                   | -        | 1                                                                  | Studie i Österrike, prevalens i avföringsprov från nötkreatur                                                                                          | (Farnleitner et al. 2010) |
| <i>Campylobacter</i> prevalens                                                             | -        | Triangel(0,182 0,219 0,257)                                        | Studie i Skottland, prevalens i avföring från nötkreatur                                                                                               | (Ogden et al. 2009)       |
| <i>Cryptosporidium</i> prevalens                                                           | -        | Uniform(0,031 0,52)                                                | Prevalens i studier på nötkreatur och mjölkdjur in Sverige                                                                                             | (Åström 2013)             |
| <i>Giardia</i> prevalens                                                                   | -        | Uniform(0,24 0,43)                                                 | Prevalens hos mjölkdjur i Danmark                                                                                                                      | (Langkjær et al. 2007)    |
| Utsöndringshalter hos nötkreatur                                                           |          |                                                                    |                                                                                                                                                        |                           |
| <i>E. coli</i>                                                                             | org./g   | Triangel(10 <sup>4</sup> ,1 10 <sup>6</sup> ,4 10 <sup>7</sup> ,8) | Studie i Österrike, halter i avföringsprov från nötkreatur                                                                                             | (Farnleitner et al. 2010) |
| <i>Campylobacter</i>                                                                       | org./g   | Triangel(2E2 4E2 8E4)                                              | Studie i Skottland, halt i avföring från nötkreatur                                                                                                    | (Ogden et al. 2009)       |
| <i>Cryptosporidium</i>                                                                     | org./g   | Uniform(50 1E7)                                                    | Utsöndringshalt i studier på nötkreatur och mjölkdjur in Sverige                                                                                       | (Åström 2013)             |
| <i>Giardia</i>                                                                             | org./g   | Uniform(200 1E7)                                                   | Utsöndringshalt i studier på mjölkdjur i Danmark                                                                                                       | (Langkjær et al. 2007)    |
| Sannolikhet för transport ovan mark till vatten                                            |          |                                                                    |                                                                                                                                                        |                           |
| <i>E. coli</i> ,<br><i>Campylobacter</i>                                                   | -        | Uniform(0,0004 0,014)                                              | Intervall för lösgörande och transport 10 m av nytillkomna och gamla mockor. Här antaget samma värde för <i>Campylobacter</i> som för <i>E. coli</i>   | (Ferguson et al. 2007)    |
| <i>Cryptosporidium</i> ,<br><i>Giardia</i>                                                 | -        | Uniform(0,0001 0,009)                                              | Intervall för lösgörande och transport 10 m av nytillkomna och gamla mockor. Här antaget samma värde för <i>Giardia</i> som för <i>Cryptosporidium</i> | (Ferguson et al. 2007)    |
| Inaktiveringshastighet i gödsel och i komockor                                             |          |                                                                    |                                                                                                                                                        |                           |
| <i>E. coli</i>                                                                             | per dygn | 1                                                                  | Antaget dubbelt så snabb inaktivering som i vatten, med tanke på konkurrerande mikrobiell flora.                                                       |                           |
| <i>Campylobacter</i>                                                                       | per dygn | 1,4                                                                | Antaget dubbelt så snabb inaktivering som i vatten, med tanke på konkurrerande mikrobiell flora.                                                       |                           |
| <i>Cryptosporidium</i>                                                                     | per dygn | 0,04                                                               | Antaget dubbelt så snabb inaktivering som i vatten, med tanke på konkurrerande mikrobiell flora.                                                       |                           |
| <i>Giardia</i>                                                                             | per dygn | 0,04                                                               | Antaget dubbelt så snabb inaktivering som i vatten, med tanke på konkurrerande mikrobiell flora.                                                       |                           |

## Referenser

Farnleitner, A. H., Ryzinska-Paier, G., Reischer, G. H., Burtscher, M. M., Knetsch, S., Kirschner, A. K. T., Dirnböck, T., Kuschnig, G., Mach, R. L. & Sommer, R. (2010) *Escherichia coli* and enterococci are sensitive and reliable indicators for human, livestock and wildlife faecal pollution in alpine mountainous water resources. *Journal of Applied Microbiology*, vol. 109: 5, ss. 1599.

Feachem, R. G., Bradley, D. J., Garelick, H. & Mara, D. D. (1983) *Sanitation and Disease – Health Aspects of Excreta and Wastewater Management*, John Wiley & Sons, The Pitman Press, Bath, Great Britain.

Ferguson, C. M., Davies, C. M., Kaucner, C., Ashbolt, N., Krogh, M., Rodehutsors, J. & Deere, D. (2007) Field scale quantification of microbial transport from bovine faeces under simulated rainfall events. *Journal of Water and Health*, vol. 5: 1, ss. 83–95.

Folkhälsomyndigheten (2017) *Sjukdomsstatistik*. Tillgänglig: <<https://www.folkhalsomyndigheten.se/folkhalsorapportering-statistik/statistikdatabaser-och-visualisering/sjukdomsstatistik/>> (2017-11-23). Folkhälsomyndigheten, Solna.

Gerba, C. (2000) Assessment of enteric pathogen shedding by bathers during recreational activity and its impact on water quality *Quantitative Microbiology* vol. 2: 1, ss. 55–68.

Langkjær, R. B., Vigre, H., Enemark, H. L. & Maddox-Hyttel, C. (2007) Molecular and phylogenetic characterization of *Cryptosporidium* and *Giardia* from pigs and cattle in Denmark. *Parasitology*, vol. 134: 3, ss. 339–350.

Medema, G. J., Bahar, M. & Schets, F. M. (1997) Survival of *Cryptosporidium parvum*, *Escherichia coli*, faecal enterococci and *Clostridium perfringens* in river water: Influence of temperature and autochthonous microorganisms. *Water Science and Technology*, vol. 35: 11–12, ss. 249–52.

Obiri-Danso, K., Paul, N. & Jones, K. (2001) The effects of UVB and temperature on the survival of natural populations and pure cultures of *Campylobacter jejuni*, *Camp. coli*, *Camp. lari* and urease-positive thermophilic campylobacters (UPTC) in surface waters. *Journal of Applied Microbiology*, vol. 90: 2, ss. 256–67.

Ogden, I. D., Dallas, J. F., MacRae, M., Rotariu, O., Reay, K. W., Leitch, M., Thomson, A. P., Sheppard, S. K., Maiden, M., Forbes, K. J. & Strachan, N. J. C. (2009) *Campylobacter* excreted into the environment by animal sources: prevalence, concentration shed, and host association. *Foodborne pathogens and disease*, vol. 6: 10, ss. 1161.

Ottoson, J., Hansen, A., Westrell, T., Johansen, K., Norder, H. & Stenström, T. A. (2006) Removal of noro- and enteroviruses, *Giardia* cysts, *Cryptosporidium* oocysts, and fecal indicators at four secondary wastewater treatment plants in Sweden. *Water Environment Research*, vol. 78: 8, ss. 828–834.

Smith, H. W. & Crabb, W. E. (1961) The faecal bacterial flora of animals and man: its development in the young. *The Journal of Pathology and Bacteriology*, vol. 82: 53–66.

Sokolova, E., Åström, J., Pettersson, T. J., Bergstedt, O. & Hermansson, M. (2012) Decay of Bacteroidales genetic markers in relation to traditional fecal indicators for water quality modeling of drinking water sources. *Environmental Science and Technology*, vol. 46: 2, ss. 892–900.

Åström, J. (2013) *Geografiska informationssystem för analys av parasitkällor i ytvattentäkter*. Svenskt Vatten Utveckling rapport nr. 2013-16. Stockholm. Svenskt Vatten.

Tillgänglig: <<http://vav.griffel.net/vav.htm>> (2017-12-12): 60.

## Bilaga 3

### ***Beslutsträd för att med stöd av denna rapport definiera patogenhalter i QMRA-verktyget***

Nedanstående beslutsträd beskriver de metoder som utvecklats inom SVU-projektet och som beskrivs i rapporten. Det syftar till att ge ett stöd vid valet av patogenhalt när en QMRA ska upprättas för ytvattenverk (eller för grundvattenverk med bassänginfiltration av ytvatten). Den fråga som ställs i ruta E – finns det utsläppspunkter för orenat eller behandlat avloppsvatten – motiveras av att *Cryptosporidium* och *Giardia* är de patogener som kanske är mest överlevnadståligen, och där alltså även avlägsna utsläppspunkter kan leda till vattenburna utbrott. När man kommer till den streckade linjen längst ner, kan arbetet betraktas som avslutat för denna gång. Riskbedömningar bör dock återupprepas med jämna mellanrum, vilket pilen tillbaka till ruta A vill visa.

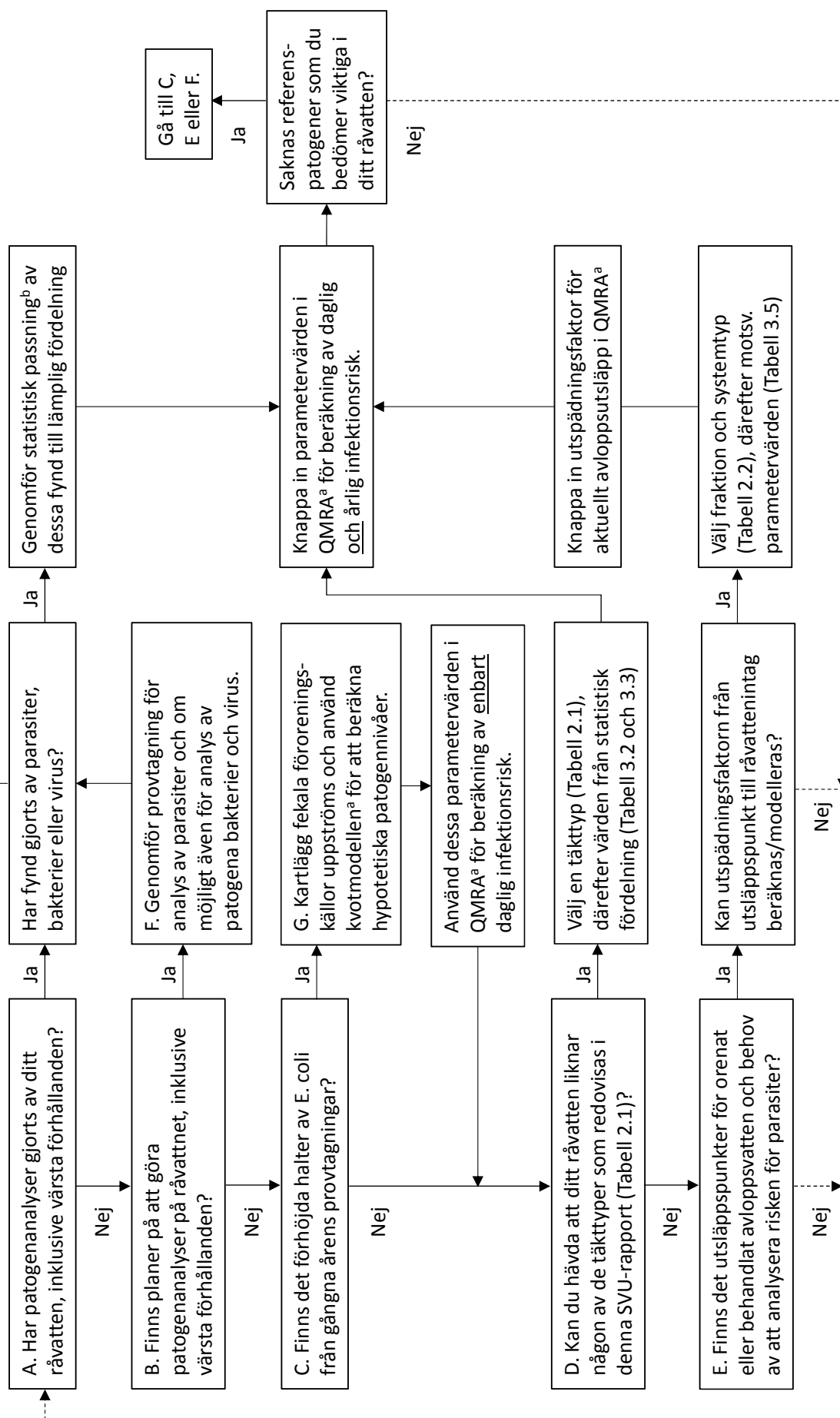
För en fördjupad läsning om potentiella patogenkällor i en vattentäkt, och metoder att kartlägga dessa, hänvisas till "Handbok Dricksvattenrisker. Mikrobiologiska risker i ytvatten" (Livsmedelsverket 2016).



Noter:

<sup>a</sup> Se <http://www.chalmers.se/sv/centrum/dricks/gmra>

<sup>b</sup> Kontakta gärna författaren till denna SVU-rapport för tips









Box 14057 • 167 14 Bromma  
Tfn 08 506 002 00  
Fax 08 506 002 10  
[svensktvatten@svensktvatten.se](mailto:svensktvatten@svensktvatten.se)  
[www.svensktvatten.se](http://www.svensktvatten.se)