

【課題番号】 5-2006

【研究課題名】 水環境における新興・再興微生物リスク管理に向けた微生物起源解析の活用に関する研究

【研究期間】 令和2年度（2020年度）～令和4年度（2022年度）

【研究代表者（所属機関）】 片山浩之（東京大学）

研究の全体概要

本研究では以下の2点を目的とする。

- 1) 環境基準に適用可能な大腸菌の汚染起源解析手法の開発
- 2) 病原ウイルスの新たなリスク管理手法の提案

目的2)「病原ウイルスの新たなリスク管理手法の提案」に対してサブテーマ①、目的1)「環境基準に適用可能な大腸菌の汚染起源解析手法の開発」に対してサブテーマ②および③を実施する。

サブテーマ① 大腸菌および腸管系ウイルスの濃度変動を考慮したリスク管理手法の提案

病原ウイルスのリスク管理手法を提案するための前提となる、水域における腸管系ウイルスの消長を実測する。東京湾において晴天時だけでなく雨天時の下水越流水発生後に大腸菌およびファージ等の指標微生物と腸管系ウイルスの消長を実測する。また、水環境中の微生物は不検出となることが多いが、そのようなデータを統計的にどう取り扱うべきか検討を行う。

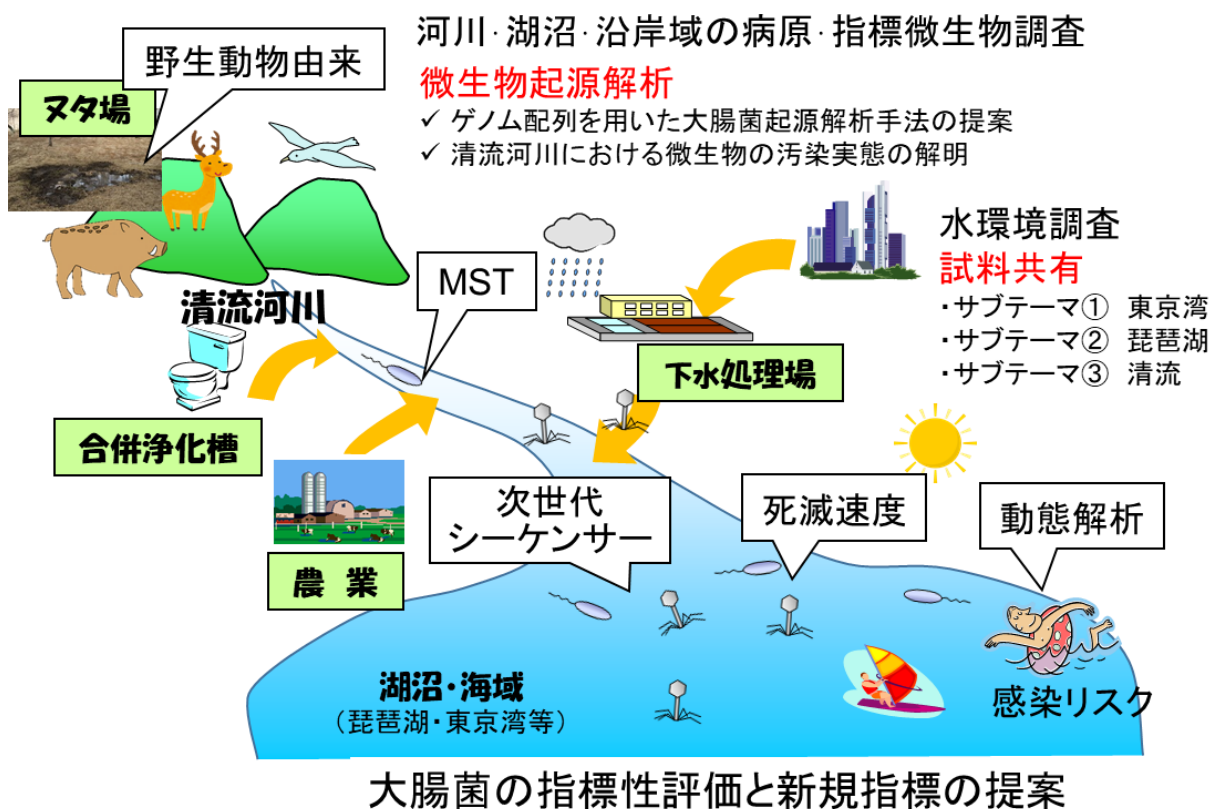
サブテーマ② 新たな大腸菌の起源解析方法の提案

現在、公共のデータベースには世界各地から膨大な数の由来が既知の大腸菌の全ゲノム配列データが登録されている。これらの配列を取得し、スーパーコンピュータを使い、ヒト、トリ、ウシ、ブタおよびそれ以外の動物を宿主とする大腸菌の遺伝子マーカーを提案する。琵琶湖で実態調査を行い、大腸菌の全ゲノム配列を次世代シーケンサーで解読し、提案する遺伝子マーカーの検証を行う。さらに、同じ水試料に対して、環境DNAの分析による生物種の同定も行うことで、大腸菌の宿主と疑われた動物の糞便が本当にその水を汚染していたのかを検証する。

サブテーマ③ 清流河川における微生物の汚染実態とその起源解析

人為汚染源のない清流河川における大腸菌等の微生物の汚染実態について、野生動物が集うヌタ場が供給源となっている可能性に着目して調査を行う。大腸菌やバクテロイデス、大腸菌ファージ等の宿主特異的な微生物遺伝子マーカー検出系を適用することで、清流河川における糞便汚染源を明らかにする。また、自治体レベルで適用可能な手法として、大腸菌を培養して遺伝子マーカーを測定することによる糞便汚染源判別法を開発する。

研究の全体概要図



日本水環境学会

水中の健康関連微生物 研究委員会

◎ 委員長 ○ 顧問
● 幹事 * 委員

サブテーマ① 東京大学・東北大学・群馬大学グループ
大腸菌および腸管系ウイルスの濃度変動を考慮した
リスク管理手法の提案

◎片山浩之, *小熊久美子, 春日郁朗, 橋本崇史

●佐野大輔, 加藤毅

* 東京湾の大腸菌、腸管系ウイルス等の時間変動モニタリング

* リスク管理に向けた不検出データの活用法の提案



サブテーマ② 京都大学グループ 新たな大腸菌の起源解析方法の提案

*井原賢, *五味良太, ○田中宏明

* ゲノム配列を用いた大腸菌起源解析法の提案

* 琵琶湖水系における大腸菌の起源解析



サブテーマ③ 山梨大学・東京農業大学グループ 清流河川における微生物の汚染実態と その起源解析

●原本英司, 八重樫咲子, 瀬川高弘, 松林尚志

* 清流河川とヌタ場における微生物の汚染実態調査

* 迅速・高感度な糞便汚染源判定手法の開発



水環境における新興・再興微生物リスク管理に向けた微 生物起源解析の活用に関する研究

研究代表者：片山浩之