

【課題番号】 5RB-2401

【研究課題名】水の微生物汚染源の網羅的な特定手法としてのメタバーコーディングの活用

【研究期間】 2024 年度（令和 6 年度）～西暦 2026 年度（令和 8 年度）

【研究代表者（所属機関）】端 昭彦（富山県立大学）

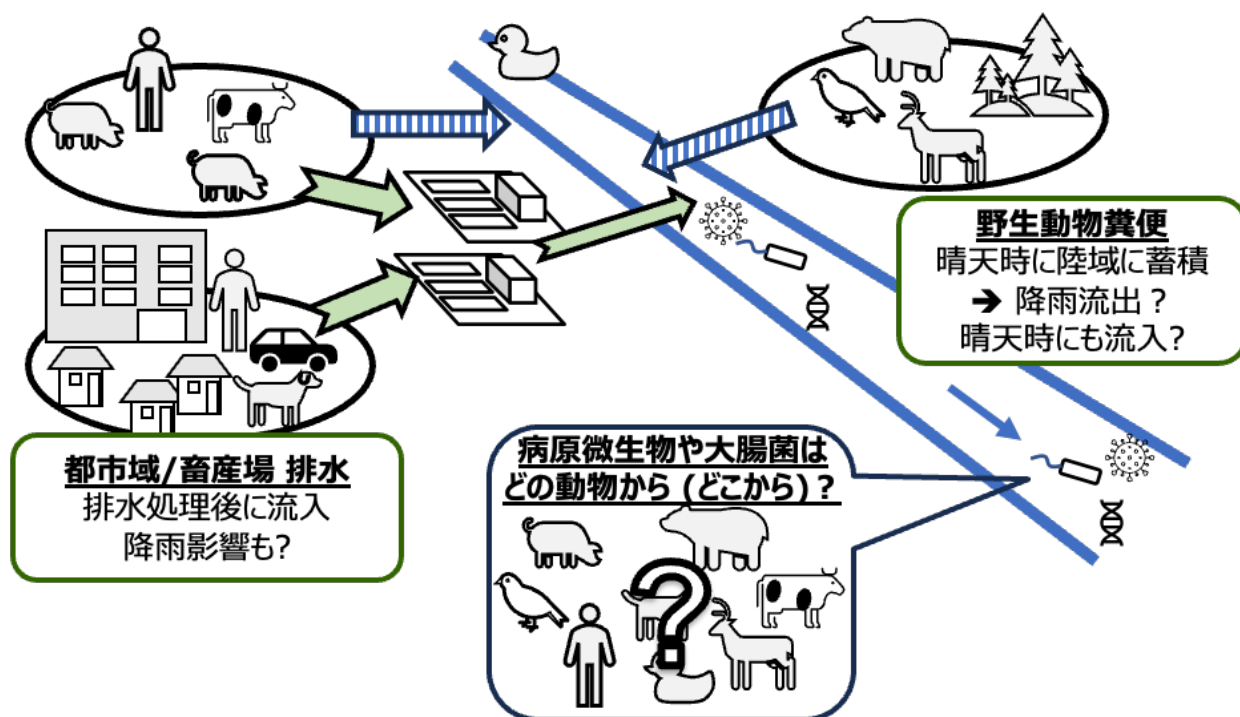
研究の全体概要

ヒトを含む動物糞便由来の病原微生物汚染に関する指標として、水質環境基準では大腸菌が用いられている。大腸菌は幅広い動物由来の汚染判定に有効な一方で、少なくとも現行の測定手法では汚染の起源となる動物種を特定できない。特に不特定多種の動物による汚染が想定される地点では、このことが水質改善を試みる上での障害となり得る。

一部の腸内細菌・ウイルスや動物 DNA は宿主特異的に排出されるため、汚染の起源推定に活用されている。現在はこれら宿主特異的マーカーを個別に定量検出する手法が用いられてきているが、このような手法には、未想定、あるいはマーカー未確立の動物種への対応、マーカーの特異性、作業負荷・コストの観点から限界がある。これを踏まえると、汚染に関与する動物種を網羅的に発見できる手法の確立が必要と言える。メタバーコーディング法は多種の細菌や動物 DNA を一斉に増幅したのち配列解析により分類する手法である。

本研究では人畜共通感染症をはじめとする水系感染症リスクの管理を念頭に、既往の大腸菌測定や汚染源追跡手法の欠点を補う新たな水質評価手法の確立を目的とする。すなわち、不特定多種の動物による汚染が混在する水環境地点において、汚染に寄与する動物種を網羅的に特定可能な手法として、腸内細菌および動物 DNA を対象としたメタバーコーディング法の利用可能性を検証する。採水地点や採水時期に多様性を持たせた検証を行い、新規手法がどんなケースにおいて、どんな点において、どの程度有効かを明らかにする。汚染源の特定により、効率的な水質改善方策の実施や、より安全かつ効率的な水利用の実現に貢献できる。

水の微生物汚染源の網羅的な特定手法としての メタバーコーディングの活用



腸内細菌 (バクテロイデス属菌)、動物DNAの配列に基づく汚染源追跡

従来アプローチ: 個別検出

- 定量PCRによる。
- 網羅性: ×
- 特異性: △
- 手間: ×
- 想定外 and/or 多様な動物汚染下での適用性に難あり。想定されてきたのは主にヒトと家畜。

提案アプローチ: 一斉検出 → 種判別

- メタバーコーディングによる。
- 網羅性: ○?
- 特異性: ○?
- 手間: ○?
- 糞便以外の影響?

サブテーマ: 多様な環境条件下でのメタバーコーディング法の適用可能性評価

(富山県立大学: 端 昭彦)

提案手法はいつ・どこで有効か?

- 降雨時・晴天時、季節
- 都市下水・家畜排水の影響有無
- 従来手法が有効でない地点
- 汚染が比較的軽微な地点