

## 水道水中の微生物の統合的理解：水源から家庭まで

メタデータ	言語: ja 出版者: 公開日: 2023-01-25 キーワード (Ja): キーワード (En): 作成者: 一條, 知昭 メールアドレス: 所属:
URL	<a href="https://osaka-shoin.repo.nii.ac.jp/records/4898">https://osaka-shoin.repo.nii.ac.jp/records/4898</a>

# 水道水中の微生物の統合的理解 —水源から家庭まで—

健康栄養学部 健康栄養学科 一條 知昭

## 【概要】

水道は安価に安全な水を供給できるシステムとして社会に定着している。我が国においてはその水質は、都市部においても、高度浄水処理の普及などにより、世界的にも非常に高いものとなっている。その利用形態も多様化し、例えばわが国では、近年、国内での水道水の利用形態の一つとして夏季には周囲の温度を低下させる目的でミストとして散布されることもある。すなわち、水道の微生物制御にあたっては、これまで以上の配慮が必要となっている。このような背景のもと、水道にかかわる微生物の全体像の理解が必要となっている。そこで、本研究では水道水源の水源とないうる地下水、そして家庭の水道水中の細菌群集を網羅的に解析し、その変遷を遺伝子生態学的アプローチにより明らかとしたので報告する。

## 【方法】

### 1. サンプリング

**地下水：**京都府（1地点）および岐阜県（2地点）において一般に開放され、採水が容易な自噴地下水を対象とした。京都府の地下水は地下約40メートル、岐阜県の地下水は地下約100メートルから自噴している。サンプリングは2021年度8月より約2ヶ月おきに実施した。現地では気温、水温、pH、溶存酸素濃度、電気伝導度、総溶解固形分（TDS）を測定した。

**水道水：**一戸建ての家庭（2軒）において採水を行った。滅菌したガラス瓶に2Lの水道水を採取した。各家庭では地下水と同じ項目を測定した。

### 2. 細菌学的解析

**細菌数の測定：**細菌数の測定にあたっては、培養法として標準寒天培地、R2A 寒天培地を用いた混釈法、および非培養法として核酸染色剤 SYBR Green I を使用した直接計数法を用いた。

**細菌群集構造解析：**各地点から採水した試料中に存在する細菌からの DNA、RNA の同時抽出には、Zymo BIOMICS DNA/RNA Miniprep Kit（Zymo Research）を用いた。細菌およびアーキアの 16S rRNA 遺伝子（V3~V4 領域）を標的とした MiSeq（Illumina）によるアンプリコンシーケンスにより、試料中の細菌叢の網羅解析を行った。なお、配列解析は生物技研に外注した。細菌群集構造の変遷については、ヒートマップ解析、多次元尺度法により統計学的に解析した。

### 【結果および考察】

図1に各試料中の細菌群集構造をヒートマップとして示した。色が黒いほど、各属種の細菌の存在割合は少なく、白に近づくほどその存在割合が多くなることを示している。地下水においては、共通の種も存在する一方、京都もしくは岐阜のいずれか一方でしか検出されなかった種の細菌もあり、地下水の細菌群集構造には地域差が見られることが明らかとなった。一方、今回の解析において地下水や水道水中から *Mycobacteria* や *Legionella* が検出された。自然環境に広く存在する細菌グループではあるが、これらはヒトと細菌との関係において考慮すべき点もあることから、引き続き環境内での動態を詳細に検討を続ける予定である。

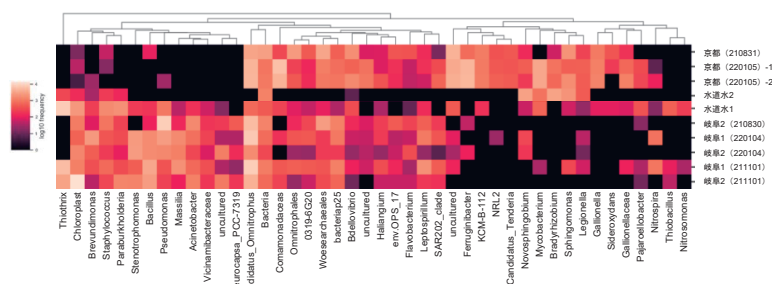


図 1. 各試料の細菌群集および細菌群集の変遷