

受領No.1537

## DNA メタバーコーディングによる病原細菌の高精度な 一斉検出手法の確立と小規模水道地域への適用

代表研究者 中西 智宏 京都大学大学院 工学研究科 助教

### Simultaneous detection of pathogenic bacterial species in small-scale water supply systems by high-accuracy long-read DNA metabarcoding

Representative Tomohiro Nakanishi, Graduate School of Engineering, Kyoto University, Assistant Professor



#### 研究概要

人口減少が進むわが国では、飲料水質の確保が困難な小規模水供給システムが数多く存在する。これらの地域では、原水水質を的確に評価し、必要十分な浄水処理と消毒処理を導入することが必須である。本研究は新規の遺伝子解析手法によって原水中の病原細菌を網羅的に検出した上で、小規模水供給システムにおける適切な微生物リスク管理手法を提示することを目的とする。具体的には、ナノポア型次世代シーケンサーによって完全長 16S rDNA 配列を網羅的に取得し、種レベルまでの分類階級を高精度に同定する手法を確立する。これにより、16S rDNA の一部配列を標的とする従来のメタバーコーディング手法よりも高精度に原水中の病原細菌を検出可能とする。次に、京都府内に存在する実際の小規模水供給施設（渓流水を原水とし、浄水処理や消毒が一切行われていない地域）にこの手法を適用し、病原細菌群の存在実態調査を行う。さらに、定量的微生物リスク評価（QMRA）手法によって供給水の利用に伴う感染リスクを推算するとともに、許容リスクレベルを達成するために必要な消毒レベルの推定と適切な消毒処理（の組み合わせ）の提案を行う。