

厚生労働科学研究費補助金（健康安全・危機管理対策総合研究事業）
総括研究報告書

大規模災害および気候変動に伴う利水障害に対応した
環境調和型水道システムの構築に関する研究

研究代表者 秋葉 道宏 国立保健医療科学院 統括研究官

研究要旨

本研究では「大規模災害や気候変動に伴う利水障害に対応した環境調和型水道システム」の提案を目指し、流域システムの水管理対策等に関する研究を実施した。

水道水源流域の水収支ならびに水質に与える気候変動の影響評価を行うことを目標とし、(1)全国規模での表流水利用浄水場の流域における、2つの温暖化シナリオ(RCP2.6及び8.5)下での気候変動モデル(MIROCならびにMRI)計算結果に基づく月平均気温の変化の推算、及び(2)相模川流域中の相模ダム流域の日流出量を計算する水文モデルの構築、を行った。(1)については、全国の上水道及び簡易水道の総給水量の約10%に相当する浄水場の流域における気候変動による月平均気温変化(1981~2000年と2081~2100年の平均値の差)の分布を可視化することができた。また全国的にみると、気温上昇はRCP2.6では1~3、同8.5では3~5程度と予想された。(2)については、相模湖流域の流出モデリングを行った。モデリングにはSWAT(USDA他)を用い、SWAT-CUPによるパラメータ補正を行った。計算対象としては、2004年を初期化期間、2005年~2007年を補正期間、2008年~2009年を検証期間とした。その結果、補正~検証期間に対して良好なパラメータセットを得た。また高濁等を引き起こす洪水時、あるいは渇水時の流量予測を行ううえで重要となるピークや基底流量に対しても十分な予測性がみられた。

水道水生ぐさ臭の臭気原因物質を同定することにより、現在の官能試験による水質管理に代えて、機器分析による水質管理に道を開くことを目的とし、各種検討を実施した。臭気原因物質は、予想される物理化学的性質からGC/MSによる分析が適していると考えられるが、未知物質の構造推定には、ソフトなイオン化であるelectrospray ionization、および、構造推定に有効なlinear ion trapを備えた高分解能・高質量精度LC/MSが適しているため、LC/MSで被検物質を測定できるようにするための誘導体化処理方法を検討し、これを確立した。確立に際し、臭気物質の一般的な構造に鑑み、臭気原因物質を、アミン類、アルコール類、チオール類およびカルボニル化合物と仮定した。確立した方法を用いて、生ぐさ臭の原因生物である黄色鞭毛藻綱*Uroglena americana*が発生した際に採取した表流水および水道原水の誘導体化処理を行い、高分解能・高質量精度LC/MSを用いて生ぐさ臭原因物質を探索した。探索の結果、原因物質の候補物質として6個を発見した。

次世代シーケンサーを用いて浄水場の各処理工程水についてろ過漏出障害を引き起こすピコ植物プランクトンの生物相解析を行った。その結果、川崎市上下水道局長沢浄水場のろ過水においてAlphaproteobacteria綱、Betaproteobacteria綱、Gammaproteobacteria綱が主に検出され、主要な綱は時期によって異なった。また沈澱処理水とろ過水の微生物相を比較したところ、多くの月で主要となる綱は大きく異なった。リード数が多く検出頻度の高い微生物は、5門17属に分類された。これらの中には原水、沈澱処理水におけるリード数は少なく、ろ過水において5%以上に高まるものもあった。千葉県水道局栗山浄水場のろ過水においても長沢浄水場と同様に

Proteobacteria 門の割合が大きく、Proteobacteria 門に占める Alphaproteobacteria 綱、Gammaproteobacteria 綱の割合はそれぞれ、60%、34%であった。従属栄養細菌による濁度への影響が大きいことが示唆されたため、水道水源である草木湖において群集構造解析を行った。その結果、表層、中層、底層ともに Proteobacteria 門、Actinobacteria 門、Bacteroidetes 門で微生物群集が構成され、その構造は水深、時期により異なることが明らかとなった。

ピコ植物プランクトン *Synechococcus* sp.と藍藻 *Microcystis aeruginosa* を用いて凝集に関わる基本的特性としての pH とゼータ電位の関係、荷電中和に必要な凝集剤注入量、および荷電中和時の残留濁度を比較検討した。両藻類とも pH の上昇とともに荷電中和が起こり、*Synechococcus* では pH が 5 と 6 の間で、*Microcystis* では 6 と 7 の間で正電荷から負電荷に変化した。PAC を用いて pH6.5 と 7 における荷電中和に必要な凝集剤注入量を求めたところ、*Microcystis* は pH6.5 および 7 の両条件において凝集剤注入量は 5 から 10mg/L 必要であり pH 変化の影響は認められなかったが、*Synechococcus* では pH6.5 において 50 から 60mg/L、pH7 において 100 から 200mg/L と多量の凝集剤注入量が必要であり、pH のわずかな変化に大きな影響を受けることが明らかになった。また、最適凝集剤注入量における残留濁度は *Microcystis* と比較して *Synechococcus* で著しく高く、荷電中和のために多量の凝集剤注入量を必要とする条件下で再分散が生じている可能性が考えられた。

カビ臭物質産生微生物群の定量とカビ臭物質産生活性の定量手法の開発のためにカビ臭物質合成酵素遺伝子の保存性を解析した。その結果、ジェオスミン合成酵素遺伝子ホモログは、放線菌内において高度に保存されていることが、単離菌の解析により明らかとなった。藍藻類においては、遺伝子塩基配列の相同性を利用することにより「属」毎に分けられることがわかった。従って、ジェオスミン産生微生物個体群数の定量およびジェオスミン合成活性分析において、放線菌と藍藻類を別にして解析できることがわかった。

研究分担者

西村 修	東北大学東北大学大学院 工学研究科 教授
藤本尚志	東京農業大学応用生物科学部 醸造科学科 教授
高梨啓和	鹿児島大学大学院 理工学研究科 准教授
下ヶ橋雅樹	国立保健医療科学院 国際協力研究部 上席主任研究官
岸田直裕	国立保健医療科学院 生活環境研究部 主任研究官
清水和哉	東洋大学生命科学部 応用生物科学科 講師

らびに水道サービスの持続性が必要とされており、大規模地震等の広域災害、気候変動による大雨降水量に伴う原水高濁度化や無降水日の増加による渇水、また水温上昇に伴う生物障害への対策は、今後の持続可能な水道システム構築の要諦である。一方で、水道システムにおいても気候変動の緩和がより一層求められる状況から、本研究では「大規模災害や気候変動に伴う利水障害に対応した環境調和型水道システム」の提案を目指し、流域システムの水管理対策に関する研究や気候変動に伴う生物障害対策に関する研究等を実施した。

B . 研究方法

1) 流域システムの水管理対策に関する研究

A . 研究目的

持続可能な水道システム構築において、危機管理への対応、安全な水の供給、な

全国の気候変動影響把握

全国の浄水場のうち、表流水のみを水源とする浄水場のうちの57ヶ所を対象とした。気候変動に関しては、RCPシナリオに基づく気候変動モデル計算結果を用いた。モデルは、東京大学、国立環境研究所、及び海洋研究開発機構によるMIROC5.0(以下、MIROC)及び気象庁によるMRI-CGCM3.0(以下、MRI)による2081~2100年の3次メッシュ月平均気温を、対照としては農業環境技術研究所(農環研)の3次メッシュデータに基づく1981~2000年の同値を用いた。気象データから流域の気象を確定する際にはArcGIS Desktop Basic (ESRI Japan、東京)ならびにMicrosoft Office 2010 Access (日本マイクロソフト、東京)を用いた。また、人口あたりの影響度をいくつかのクラスにわけて把握するため、給水量による重みづけを行って評価した。

相模川流域水文モデル

降雨、蒸発、浸透、流出などを物理的な過程をもとに、小流域、土地利用や植生、土壌種別ごとに計算する準分布型物理モデリングツールであるSoil and Water Assessment Tool (SWAT)を用いてモデルを構築した。相模ダム流域を対象流域とした。気象や河川流量などの時系列データについては、2004~2009年の日々のデータを使用した。また、流出解析に関するパラメータを補正し、再現性の高いモデルを構築するため、実測値(相模ダム流入量)に対する予測におけるNash Sutcliffe efficiency coefficient (NSE)、またはPercent bias (PBIAS)を最適化指標として、SWAT-CUPに具備されるSUFI2によるパラメータ補正を行った。

2) 高分解能質量分析計を用いた水道水生ぐさ臭臭気原因物質の探索

近年の質量分析の進歩を活用し、高分解能・高質量精度のLC/MSを用いて原因物質の構造を推定することとした。推定された構造の物質を合成できれば、原因物質の同定が可能である。臭気原因物質は、予想される物理化学的性質から、

GC/MSによる分析が適していると考えられる。しかし、未知物質の構造推定には分子量関連イオンの検出確率が高いソフトなイオン化であるElectrospray Ionization (ESI)を備え、構造推定に有効なlinear ion trapを備えた高分解能・高質量精度LC/MSが適している。このため、LC/MSで被検物質を測定するに必要な誘導体化処理方法を検討し、これを確立した。確立した方法を用いて、生ぐさ臭の原因生物である黄色鞭毛藻綱*Uroglena americana*(ウログレナ)が発生した際に採取した表流水および水道原水の誘導体化処理を行い、高分解能・高質量精度LC/MSを用いて原因物質を探索した。

3) ろ過漏出障害原因微生物の同定技術の開発と存在実態調査

次世代シーケンサーを用いて、川崎市上下水道局長沢浄水場および千葉県水道局栗山浄水場の各処理工程水や、草木湖表層水、中層水、底層水について、ろ過漏出障害を引き起こすピコ植物プランクトンの生物相解析を行った。また、草木湖を水源とする浄水場においてろ過漏出障害を引き起こす真核ピコ植物プランクトンの生物相を明らかにすることを目的として緑藻綱の18S rRNA遺伝子を増幅するプライマーを用いて草木湖の生物相を解析した。

4) ろ過漏出障害を回避するための浄水処理プロセスの開発

高塩基性塩化アルミニウム(高塩基度PAC)に関する既往研究について整理し、植物ピコプランクトンの凝集に応用する場合の研究課題をまとめた。さらに、ピコ植物プランクトンの凝集におけるpHの影響を明らかにすることを目的として、*Synechococcus* sp.と藍藻*Microcystis aeruginosa*を用いて凝集実験を行った。

5) カビ臭発生予測手法の構築

カビ臭物質産生微生物群の定量とカビ臭物質産生活性の定量手法の開発のために、上水源や水域からISP medium No.4 (ISPM4)を用いて放線菌を単離した。単離菌から全DNAをビーズビーディング

法により抽出した。また、グリセロールストックも合わせて作成した。全 DNA を用いて、16S rRNA 遺伝子および *geoA* 遺伝子ホモログを対象とした PCR クローニングを実施し、アガロースゲル電気泳動法を用いた PCR 産物の精製後、塩基配列解読に供した。得られた塩基配列を用いて blastn 解析を行い、16S rRNA 遺伝子配列に基づいた単離菌の同定および *geoA* 遺伝子ホモログの塩基配列を同定した。また、*geoA* 遺伝子ホモログを保存している細菌を blastn 検索により調査した。塩基配列データベースを用いてジェオスミン合成酵素遺伝子 (*geoA* 遺伝子ホモログ) および 2-MIB 合成に關与する重要な遺伝子であるグラニルニリン酸メチルトランスフェラーゼ遺伝子および 2-MIB 合成酵素遺伝子であるモノテルペンシクラーゼ遺伝子をデータベースから探索し、保存性の解析を行った。

C. 研究結果および D. 考察

1) 流域システムの水管理対策に関する研究

全国の気候変動影響把握

全国の浄水場流域における気候変動に伴う月平均気温の変化 (1981~2000 年と 2081~2100 年の平均値の差) の分布を可視化することができた。全国的には、RCP2.6 シナリオのもとでは、MIROC では計算対象とした浄水場流域のすべてにおいて 1~3 の上昇が、MRI ではその 8 割程度で 1~2 の変化となるものと推算された。RCP8.5 シナリオのもとでは、MIROC では計算対象とした浄水場流域すべてが 4 以上、MRI では 3~5 の変化となることが推算された。

相模川流域水文モデル

パラメータ補正をしない場合、流出結果では降雨が少ない時期の基底流量は確保されず、降雨が多い時期の流量は過大となる結果であった。これに対し、PBIAS の絶対値を最適化したパラメータセットでは、降雨が少ない時期の基底流量の精度が向上したが、降雨が多い時期の流量

でピーク後のテーリングが観測と合わない様子が見られた。さらに NSE を用いて最適化したことにより、基底流量や、テーリングの再現性が進み、全体としてさらに再現性の高いモデルとなった。

2005~2009 年にピーク流量 (50 m³/日以上) が現れた 15 回と、一週間無降雨日が続いた 150 回について、観測流量と計算流量を比較した結果、ピーク流量時の再現性では、流量が多いときほど再現性がやや悪くなるのに対し、基底流量時の再現性は良いことから、渇水の予測により適したモデルとなったと言える。

2) 高分解能質量分析計を用いた水道水生きさ臭臭気原因物質の探索

誘導体化処理方法の確立

モデル化合物として hexyl alcohol、1-butanethiol、(2E,4E)-heptadienal、4-methyl-2-pentanone および propionic acid に着目し、DNS-Cl または DNPH を用いて誘導体化した。誘導体化合物が得られたか否かの確認は、MS を用いて行った。

また、誘導体化の際に用いた酸、不揮発性の塩、誘導体化試薬がサンプル中に残存していると、LC/MS で測定した際に LC/MS の腐食や検出器の過剰なエッチングが起こる。このため、固相抽出脱離、液液抽出、結晶化によりこれらの不要成分を除去する方法を検討した。その結果、ESI キャピラリーチューブやイオントランスファータッチアップ付近における不揮発性物質と思われる物質の堆積、金属の腐食は認められなかった。また、誘導体化試薬やその加水分解物のピークが認められたが、検出器の過度なエッチングが起きる信号強度ではなかった。これらのことから、不要成分の除去に成功したと判断した。

次に、モデル物質誘導体化合物の精密質量を測定した結果、いずれのモデル物質についても、想定される誘導体化合物の分子式の精密質量および天然同位体パターンのシミュレーション結果と実測結果が一致した。

以上より、検討したすべてのモデル物

質の誘導体化およびLC/MSを用いた検出に成功したと判断した。

高分解能・高質量精度 LC/MS を用いた生ぐさ臭臭気原因物質の測定

実サンプルの誘導体化処理を実施し、得られた誘導体化サンプルを LC/MS で分析した。さらに、純水を用いて一連の濃縮・誘導体化処理を実施したサンプル(ブランクサンプル)を調製し、LC/MS を用いて同様に測定した。サンプル固有なピークを目視で探索することは困難であったが、サンプルのピークボリュームがブランクサンプルのピークボリュームの 2 倍以上であったピークをサンプル固有のピークとして差異解析を実施したところ、positive ion mode における測定で 210 個、negative ion mode における測定で 298 個のサンプル固有なピークを発見した。さらに、ピークボリュームの比が 10 倍以上となるピークを探索したところ、両イオン化モードでそれぞれ 3 個(合計 6 個)のサンプル固有なピークを発見した。

3) ろ過漏出障害原因微生物の同定技術の開発と存在実態調査

浄水場処理工程水の生物相評価

長沢浄水場の原水において Actinobacteria 綱、Betaproteobacteria 綱が多く検出された。沈澱処理水においては Betaproteobacteria 綱が主要となるが多かったが、Gammaproteobacteria 綱が多く検出される月もあった。ろ過水においては Alphaproteobacteria 綱、Betaproteobacteria 綱、Gammaproteobacteria 綱が主に検出され、主要な綱は時期によって異なった。総リード数の 5% 以上を占めた OTU (Operational Taxonomic Unit) を主要な微生物としたところ、5 門 17 属に分類された。これらのうち *Pseudarcicella* 属、*Sphingomonas* 属、*Moraxella* 属は、検出された回数が 6~8 回と多かった。

栗山浄水場の原水、沈澱処理水、ろ過水において Proteobacteria 門の割合が最も大きく、特にろ過水では 70% 以上を占めた。このことから Proteobacteria 門に着目し、綱レベルでの評価を行った。原水に

おいては Betaproteobacteria 綱が Proteobacteria 門に対し 80% を占め、沈澱水においては Alphaproteobacteria 綱が 37%、Betaproteobacteria 綱が 43% を占めた。ろ過水においては Alphaproteobacteria 綱が 60% を占めた。ろ過水に占める *Synechococcus* 属のリード数は総リード数の 1% 程度であり、栗山浄水場におけるろ過漏出障害の原因生物として、従来ピコシアノバクテリアが考えられてきたが、従属栄養細菌による影響も大きいことが示唆された。

草木湖の微生物群集構造解析

7 月、8 月、9 月の表層において Cyanobacteria 門が多く検出された。化学合成生物では Proteobacteria 門および Actinobacteria 門が多く検出された。綱レベルで見ると、Proteobacteria 門では Betaproteobacteria 綱、Actinobacteria 門では Actinobacteria 綱が主要であった。中層、底層では Cyanobacteria 門の割合が低下し、化学合成生物で微生物群集が構成されていた。中層は全ての層の中で最も多様性に富んでおり、Proteobacteria 門と Actinobacteria 門で総リード数の 55~68% を占めた。綱レベルでは、Proteobacteria 門では Betaproteobacteria 綱が、Actinobacteria 門では Actinobacteria 綱が主要であった。底層は、4~8 月は中層と同様に Proteobacteria 門と Actinobacteria 門の割合が大きかったが、9 月において Bacteroidetes 門の割合が高まった。綱レベルにおいては、中層と同様に Proteobacteria 門では Betaproteobacteria 綱が、Actinobacteria 門では Actinobacteria 綱が主要であった。9 月の Bacteroidetes 門の中では Flavobacteriia 綱が主要であった。また UniFrac 解析により、草木湖の微生物群集構造が水深、時期によって異なることが明らかとなった。

真核ピコ植物プランクトンの検出技術

1~12 月の試料から得られたクローンについて、塩基配列間の相同性が 97% 以上を同一の OTU としたところ 5 OTUs に分かれた。相同性検索を行ったところ

Mychonastes 属および *Chlamydomonas* 属に近縁であった(表 3)。過去 2 年間に検出された緑藻綱は、*Mychonastes homosphaera*、*Chlamydomonas noctigama* のみであったが、今年度はこれまで検出されなかった種も検出された。以上より緑藻綱の生物相を評価する上で、本年度用いたプライマーの有用性が明らかになった。また、*Mychonastes* 属に近縁な OTU の検出頻度、検出割合が高く、今回検出された緑藻綱の中で 2 μ m 程度の細胞サイズのものは *Mychonastes* 属のみであった。以上の結果から草木湖における主要な緑藻綱の真核ピコ植物プランクトンは *Mychonastes* 属であることが明らかになった。

4) ろ過漏出障害を回避するための浄水処理プロセスの開発

文献調査結果および考察

高塩基度 PAC を用いた凝集に関する研究は限られているが、高塩基度 PAC の特徴は以下の通りまとめられる。

- ・弱アルカリ域でも使用でき、pH 制御を行う必要が少なく、残留アルミニウム濃度が低減できる。
- ・従来型 PAC と同程度、同等以上の濁度除去能力を示すが、クリプトスポリジウムの除去性は濁度より優れない可能性がある。
- ・薬品注入量については、凝集剤のみならず pH 調整剤も含めた薬品使用量の低減効果がある。
- ・冬季においてもフロック形成が良く、除濁性、沈降性も従来型 PAC よりも向上し、汚泥処理においても負荷の低減効果が期待できる。
- ・ウイルスの処理性に関して、高塩基度 PAC は従来型 PAC に比べて高い除去率が得られる。
- ・植物プランクトンおよびピコ植物プランクトンの凝集処理に高塩基度 PAC を用いた研究は無いことから、今後研究をすすめて凝集特性を明らかにする必要がある。

ピコ植物プランクトンの凝集に及ぼす

pH の影響

Synechococcus は pH2 から 4 の強い酸性領域で約 10 から 20mV の正電荷を有していたが、*Microcystis* はさらに大きな正電荷(約 30 から 40mV)を呈していた。しかし、pH の上昇とともに荷電中和が起こり、*Synechococcus* では pH が 5 と 6 の間で、*Microcystis* では 6 と 7 の間で正電荷から負電荷に変化した。結果として両者とも負電荷であるものの、*Synechococcus* は pH7 で約 -10mV、*Microcystis* は -20mV 以下であり、pH7 付近でのわずかな pH 変化が凝集に大きな影響を及ぼすことが予想された。

このようなピコ植物プランクトンおよび藍藻の特徴をふまえ、通常のパックを用いて pH6.5 と 7 に調整して荷電中和に必要な凝集剤注入量を求めるための実験を行った。その結果、*Microcystis* は pH6.5 および 7 の両条件において凝集剤注入量は 5 mg/L 必要であり、pH 変化の影響は認められなかったが、*Synechococcus* では pH6.5 において 50 から 60mg/L、pH7 において 100 から 200mg/L と多量の凝集剤注入量を必要とし、pH のわずかな変化に大きな影響を受けることが明らかになった。

凝集性の悪いことで知られている *Microcystis* と比較しても *Synechococcus* の凝集沈殿処理性は悪く、荷電中和領域と言えるゼータ電位の範囲(-5~+5mV)でも高い残留濁度を示した。この理由としては、荷電中和のために 50~100mg/L と多量の凝集剤注入量を必要とする条件下で、再分散が生じている可能性が考えられた。このことについてさらに検討を要するが、高塩基度 PAC は荷電中和のみならず架橋作用も期待できるため、ピコ植物プランクトンに適用した場合に凝集効果は少なからず期待できるものと考えられる。

5) カビ臭発生予測手法の構築

採取したサンプルから 39 株を単離した。現在までに 16S rRNA 遺伝子の塩基配列解読を終えた 23 株を blastn 解析に供した

結果、15 株が、かび臭物質産生の報告例が多い *Streptomyces* 属であった。これら *Streptomyces* 属と同定された 15 株から *geoA* 遺伝子ホモログを PCR クローニング後の塩基配列解読により同定した。遺伝子データベース上の *geoA* 遺伝子ホモログを保持している主な放線菌は、*Streptomyces* 属であった。その他の放線菌でデータベース上に登録されていたのは、*Kitasatospora* 属、*Frankia* 属、*Kribbella* 属等があった。以上から、*Streptomyces* 属以外にも多くの放線菌に保存されていることがわかった。ジェオスミン産生藍藻類に関しては、異なる「属」間においては、*geoA* 遺伝子ホモログのアミノ酸配列の相性は高いものの遺伝子塩基配列の相性が、低い領域があることがわかった。そのため藍藻類においては、遺伝子塩基配列の相性を利用することにより「属」毎に分けられることがわかった。

一方、2-MIB 合成に關与する酵素に關して、アミノ酸配列の相性は、放線菌および藍藻類のどちらも高いことが報告されていた。また、遺伝子データベース解析から、放線菌の *geoA* 遺伝子ホモログよりも、藍藻類における遺伝子塩基配列の相性が高いことが確認された。しかしながら、藍藻類の遺伝子登録数は極めて少ないため、*geoA* 遺伝子ホモログと同様に高度に保存されているのかは、決定的ではない。これまでに、2-MIB 産生藍藻類 *Pseudanabaena limnetica* (Castaic Lake) の全ゲノム解析が一例のみ報告されている。しかし、ゲノム情報は、未だ遺伝子データベースに登録されていない。そのため、どの様な分子生物学的な経路によってカビ臭物質産生の引き金が稼働するのか、反対に、カビ臭物質産生抑制の引き金が稼働するのか、の詳細な解析が実施できない状況にある。

水道水質基準値を超えるカビ臭発生を予測するとともに、基準値を超えるカビ臭の発生後、基準値を下回るのがいつになるのかといったカビ臭消失の予測、発生予測・消失予測のどちらも可能な早期

検出技術開発およびカビ臭発生抑制技術の構築のために、ジェオスミン産生藍藻類および 2-MIB 産生藍藻類のゲノム解析を実施することが必要である。

E . 結論

- 1) 全国の上水道と簡易水道の総給水量の約 10%に相当する、表流水水源浄水場の集水域での RCP2.6 及び 8.5 を想定した気候変動モデル計算結果に基づく月平均気温の変化 (1981~2000 年と 2081~2100 年の平均値の差) を推算し、その分布を可視化することができた。また全国的には、RCP2.6 では 1~3 、同 8.5 では 3~5 程度の気温上昇となるものと推算された。
- 2) 相模川流域中の相模湖集水域の流出に対して準分布型水文モデル SWAT を用いてモデリングを行ったところ、流出パターンや、ピーク・基底流量に対して良好な予測性を有するモデルが得られた。
- 3) 水道水生ぐさ臭臭気原因物質の探索を実施した。臭気物質の一般的な構造に鑑み、生ぐさ臭臭気原因物質をアミン類、アルコール類、チオール類およびカルボニル化合物と仮定し、LC/MS で検出するための誘導体化処理方法を確立した。確立した方法を用いて、黄色鞭毛藻綱 *Uroglena americana* が発生した際に採取した湖沼水および水道原水から回収された物質の誘導体化処理を実施し、LC/MS で生ぐさ臭臭気原因物質を探索した結果、検出されたピークボリュームが大きい物質として 6 物質を発見した。
- 4) 次世代シーケンサーにより、浄水場処理工程水の微生物相および主要な細菌を評価した。工程水間、とくに沈澱処理水とろ過水間で微生物相が異なることが明らかとなった。また、草木湖の微生物群集構造の解析を行い、水深、時期によって群集構造が異なることが明らかとなった。さらに、緑藻綱の 18S rRNA 遺伝子を特異的に増幅させるプライマーにより緑藻綱の生物相を評価することができた。
- 5) ピコ植物プランクトン *Synechococcus* の凝集に関する基本的特性に關して、

Microcystis と比較しながら検討し、PAC より凝集しにくい特性を有すること、このためより多量の凝集剤注入量を必要とすること、その結果再分散が生じている可能性が高いことを明らかにした。また、文献調査から高塩基度 PAC によって凝集効果を高めることが可能と考えることを考察した。

6) カビ臭物質合成酵素遺伝子群が、放線菌および藍藻類のそれぞれに保存されていることを明らかにした。分子生物学的手法を用いてカビ臭物質産生微生物群個体数を推量することにより、カビ臭物質産生予測手法・消失予測手法を構築できることが期待される。

F．健康危険情報
なし

G．研究発表

1. 論文発表

- 1) Kishida N, Sagehashi M, Takanashi H, Fujimoto N, Akiba M. Nationwide survey of organism-related off-flavor problems in Japanese drinking water treatment plants (2010–2012). *J Water Supply Res T* 2015;64(7):832-8.
- 2) Fujimoto N, Mizuno K, Yokoyama T, Ohnishi A, Suzuki M, Watanabe S, Komatsu K, Sakata Y, Kishida N, Akiba M, Matsukura S. Community analysis of picocyanobacteria in an oligotrophic lake by cloning 16S rRNA gene and 16S rRNA gene amplicon sequencing. *J Gen Appl Microbiol* 2015;61(5):171-6.

2. 学会発表

- 1) 渡邊英梨香, 藤本尚志, 大西章博, 鈴木昌治, 藤瀬大輝, 岸田直裕, 秋葉道宏. 16S rRNA 遺伝子アンプリコンシーケンシングによる浄水処理工程水の細菌相の評価. 平成 27 年度全国会議(水道研究発表会); 2015 年 10 月, さいたま市. 同講演集 pp. 630-631.
- 2) 初山将, 下ヶ橋雅樹, 秋葉道宏. 気候変動の水道システム影響評価のため

の相模川流域水文モデルの作成. 日本水環境学会第 50 回年会; 2016 年 3 月; 徳島. 同講演要旨集(印刷中).

- 3) 加村瑞希, 遠藤雅也, 篠原健吾, 内海真生, 岸田直裕, 秋葉道宏, 清水和哉. カビ臭物質産生微生物によるカビ臭物質産生特性. 日本水環境学会第 50 回年会; 2016 年 3 月; 徳島. 同講演要旨集(印刷中).

H．知的財産権の出願・登録状況(予定を含む)

1. 特許取得
なし
2. 実用新案登録
なし
3. その他
なし