第 454 回雑誌会
（Jul. 10, 2026）

(1) Study of the cause of the generation of odor compounds (geosmin and 2 methylisoborneol) in the Han River system, the drinking water source, Republic of Korea

Byun, J. H., Hun, N. K., Tae, G. K., Baik, B. H. and Myeong, S. B.

Water Supply, 23, 1081-1093, 2023.

Reviewed by T. Fukuda

異臭味の原因物質であるジオスミンや 2-メチルイソボルネオール（2-MIB）は，放線菌や藍藻類によって産生されることが知られている。韓国ソウル市の主要な取水源である八堂湖では，藍藻類の発生が確認されていない時期においても，断続的に臭気物質が検出されており，その原因は不明である。そこで本研究は，八堂湖の上流水系に着目し，臭気物質や放線菌，藍藻類の長期モニタリングを実施し，八堂湖における臭気物質の発生源を検討した。水試料は 2017 年 4 月～2018 年 11 月の期間にわたり，計 6 地点(北漢江：UA，CP，SB，南漢江：IP，BY，八堂湖：PD)から採取した。臭気物質濃度は，HS-SPME GC/MS を用いて測定した。UA，CP，SB，および PD の試料の細菌群集を次世代シーケンサーで解析し，藍藻類を顕微鏡観察によって同定した。その後，臭気物質と関連微生物の関係性をスピアマンの順位相関分析および正準相関分析で評価した。

全ての調査地点において，臭気物質は 0～0.280 µg/L 検出された。北漢江におけるジオスミンと 2-MIB の濃度は，最大でそれぞれ 0.246 µg/L と 0.280 µg/L であった。また，7 月～11 月にかけて飲料水質基準値である 0.01 µg/L を超過した。一方の南漢江では，臭気物質濃度が飲料水質基準値を超過することは稀であり，八堂湖の臭気物質は，北漢江の影響を強く受けていることが示唆された。細菌群集では，放線菌が属する *Actinobacteria* 門に加えて，*Alphaproteobacteria* 綱や *Betaproteobacteria* 綱が優占し，藍藻類は *Dolichospermum* 属と *Pseudanabaena* 属が優占した。また，放線菌や藍藻類の増減時期は，ジオスミンと 2-MIB の増減時期と類似しており，放線菌と藍藻類が臭気物質の発生に関与している可能性が示唆された。さらに，CP，SB，PD 地点における臭気物質の増減時期は，上流の UA 地点と同時期であったことから，UA 地点で発生した臭気物質が下流へ輸送されている可能性が示唆された。スピアマンの順位相関分析の結果，ジオスミンは *Actinobacteria* 門と *Dolichospermum* 属，2-MIB は *Actinobacteria* 門と *Pseudanabaena* 属との間に有意な正の相関を示した（$p<0.01$）。しかし，正準相関分析ではジオスミンと 2-MIB，*Actinobacteria* 門との間に有意な相関が確認されなかったことから，臭気物質の発生には藍藻類が強く影響していること可能性が示唆された。以上のことから，八堂湖の臭気物質は，主に北漢江由来の *Dolichospermum* 属や *Pseudanabaena* 属の藍藻類の増殖に起因している可能性が示唆された。

(2) Wastewater metaproteomics: tracking microbial and human protein biomarkers

Tugui, C. G., Cordesius, F., van Holthe, W., van Loosdrecht, M. C. M. and Pabst, M.
ISME Communications, **6**, ycaf243, 2026.

Reviewed by R. Tachibana

下水疫学は匿名性が高いことに加え，比較的安価であるため，大規模集団の健康動態を包括的に把握する有効な手法である。しかし，低分子化合物や RNA・DNA の監視が一般化している一方で，タンパク質のような高分子を監視する効率的な手法は，未だ確立されていない。そこで本研究では，下水タンパク質を網羅的に解析するためのメタプロテオミクスを構築し，そのプロファイルを明らかにすることを目的とした。試料は，2023 年 11 月から 2024 年 2 月までの約 3 か月間にわたり，オランダの 2 つの下水処理場（Harnaschpolder（HP），Utrecht（UT））から流入下水を採取した。流入下水 500 µL に Bacterial Protein Extraction Reagent (B-PER)と triethylammonium bicarbonate (TEAB)緩衝液をそれぞれ 175 µL 添加後，振とう・ボルテックス・超音波処理・凍結融解を行い，タンパク質を抽出した。続いて，trichloroacetic acid (TCA）を抽出した試料に対して 1:4（v/v）になるように添加し，タンパク質を濃縮後，6M 尿素での溶解，DTT（dithiothreitol）による還元，および IAA（iodoacetamide）によるアルキル化を実施した。その後， FASP（Filter-Aided Sample Preparation）法によってトリプシン消化と限外ろ過（Microcon 10 kDa）を行い，得られたペプチド溶液の濃度を分光光度計で定量した。試料を 0.5 µg/µL 以下に希釈後，nano LC-MS/MS に供し，PEAKS Studio X を使用した de novo シーケンスで，タンパク質プロファイルを特定した。

質量分析の結果，計 3,009 種類のタンパク質が同定され，そのうち 198 種類がヒト由来であった。ヒト由来のタンパク質の種数は全体の 10~15 %であったが，存在量は約 50 %であり，下水中のタンパク質の半数がヒト由来であることが明らかとなった。PCoA 解析の結果，地点間で明確なクラスターが確認され，種の豊富さと存在量の均一性を評価するシャノン指数は，両地点ともに高い値（HP：3.75，UT：3.55）を示した。下水中の細菌由来タンパク質は，*Streptococcaceae* 科や *Enterobacteriaceae* 科をはじめとする糞便汚染指標菌に起因するものが優占していた。下水中のヒト由来タンパク質はキモトリプシン様エラスターゼ 3A が全体の 15%で最多であり，ケラチン（皮膚・毛髪），キモトリプシン C（消化器系），ウロモジュリン（尿），アルブミン（血液）などのタンパク質も豊富に検出された。さらに，臨床的に重要なタンパク質であるアルギナーゼ 1（肝臓がん），好中球ディフェンシン（膠芽腫），カルモジュリン様タンパク質（子宮頸がん，メラノーマ）などのがんバイオマーカーも検出された。以上の結果から，下水メタプロテオミクスは，地域住民の健康動態や生活習慣を包括的に把握する新たな手法として有用である可能性が示唆された。