

環境水における病原微生物数の確率分布を考慮した リスク評価モデル

土田武志¹・福士謙介²・田中宏明³・大村達夫⁴

¹学生会員 東北大学学部4年次学生 工学部土木工学科 (現在・山形県土木部河川課/〒990-8570 山形市松波2-8-1)

²正会員 Ph.D. 東北大学講師 大学院工学研究科土木工学専攻 (〒980-8579 仙台市青葉区荒巻字青葉)

³正会員 工修・MS 室長 建設省土木研究所下水道部水質研究室 (〒305-0804 つくば市大字旭1)

⁴正会員 工博 東北大学教授 大学院工学研究科土木工学専攻 (〒980-8579 仙台市青葉区荒巻字青葉)

近年、水起因の感染症が問題になって来ているが、その原因となる病原微生物の種類が多様化しているため、それらの病原微生物に対するリスク評価も検討する必要がある。用量反応モデルなどで表されるリスク評価モデルは水環境中における病原微生物数の統計的確率分布を考慮していないのが現状である。そこで本研究ではその点を考慮したモデルを提案し従来のリスク評価モデルとの比較を行い、そのモデルの特性を明らかにした。

Key Words : *pathogenic microorganisms, infectious probability, dose-response models, distribution of probability, risk evaluation*

1. はじめに

近年、水需要の増加に伴い種々な水源の活用がなされてきている。それに伴って水の安全性が懸念されてきており特に公衆衛生的な立場から、水環境中で暴露される病原微生物の違いにより人体にどのような影響があるのかを予測するのは重要である。最近話題に上った腸管出血性大腸菌 O-157 やクリプトスポリジウム等の病原微生物は、その感染力の高さから爆発的に感染者が広がり多くの人々の驚異的になった。また、その感染経路等に未解明の部分が多くあることが指摘され、市民にとってますます不安を募らせる結果になっている。そのため、水系の感染ルートによる病原微生物の感染リスク評価についてその基礎体系を作ることが切望される事柄になってきている。

現在、ヒトの健康に係わるリスクアセスメントと呼ばれる影響評価手法を用いて、飲料水や大気中等に含まれる化学物質や病原微生物がヒトの健康にどれだけ影響を与える可能性があるかを定量的に評価し、規制体系を作ることが米国において行われてきている¹⁾。ここでヒトの健康に係わる環境物質のリスクアセスメントにおけるリスクとは、ヒトの健康にある悪影響が起る確率として定義される。

リスクアセスメントが行われる一般的な手順は、まず、リスクを評価すべき原因の物質を明確化し、次にそのリスクの原因物質にヒトが暴露された場合に人体が受ける影響を定量的に記述する。そのためのモデルは観測データを基に数学モデルとして作成される。その次に、リスク原因物質が環境中に放出される場合において、それがどのような経路でどのくらい人体に到達するのかを定量化する。これは環境媒体を通じてのリスク原因物質の用量を計算するもので、環境媒体中のリスク原因物質の濃度が既知の時は、環境媒体の摂取量の汎用値から求められ、発生源あるいは排出源からの直接流出濃度、または原水の濃度しか分からないとすれば、モデル等によって媒体中を伝播、減衰する過程や浄水や下水処理で除去される過程を予測し、人体への暴露量(用量)を推定すればよい。最後に、その用量を基に用量反応モデルを用いてリスクの大きさを定量的に記述する²⁾。このようにして環境水中の病原微生物のリスク評価が行われることになる。

しかし、その一方で水環境中における病原微生物数の統計的分布特性についてはあまり研究されていない。リスクアセスメントによる水質基準の設定にあたっては環境中の分布を考慮したものはこれまでに Oliveriら³⁾、Tanakaら³⁾、Haasら⁴⁾によって報告がなされている

が、その研究は未だ緒についたばかりでありより深い検討がなされるべきである。本研究では、既存の用量反応モデルに環境中での病原微生物数の確率分布を解析的に考慮した感染リスクモデルを提案し、モデルの特性を明らかにすると同時に、そのモデルを使用して環境水中の病原微生物の感染リスク評価方法を提案することを目的とする。

2. 用量反応モデル

(1) 既往の用量反応モデル

ヒトに暴露された病原微生物量と、そのヒトが感染あるいは発病するリスクがどの程度であるかを微生物の暴露量、つまり用量から決定するモデルが複数提案されている⁵⁾。病原微生物のリスク評価のモデルは、安全な暴露レベルがない、つまり感染や症状が現れない用量レベル、つまり閾値（臨界値）を想定しない用量・反応の関係に基づいている。モデルは最終的には、実験結果にもっとも良くフィットするものが選ばれるが、次に述べる指数モデルとβモデルは、病原微生物とヒトとのインターアクションを理論的に考察した結果から導かれている⁶⁾。

それらのモデルを示す前に、まず次のような仮定を立て、それらを本論文で全般に渡って適用する。

- ・環境水中の病原微生物の中で、ある種類の病原微生物について着目し、その感染確率を考える。
- ・考える病原微生物の各々の個体は、各々等しい感染能力を持つ。
- ・病原微生物の濃度が希薄な環境水を仮定する。
- ・時空間的な濃度変化はないものとする。

以下に述べる各モデル及び本研究のモデルは、すべてこの仮定の下に成り立つものである。

a) 指数モデル

シングルヒットモデルとも呼ばれ、用量反応を求めたための実験では、一般的には用量として病原微生物数がポアソン分布に近似される条件で実施される。ある病原微生物がヒトに感染を引き起こす割合が不変である場合、つまりヒトと病原微生物の相互作用が一定の場合は、平均的な微生物数を含む水から一回暴露されるときに感染確率は次の指数モデルで与えられる⁶⁾。

$$P(D) = 1 - \exp(-\gamma D)$$

ここで P：一回の暴露で感染する確率

D：平均暴露量つまり用量(Dose)

γ：パラメータ

である。

パラメータγは、病原微生物がヒトに感染する割合

で、大きくなるほど感染能力が高いことを示している。

b) βモデル

人体に取り込まれた個々の病原微生物がヒトに感染する能力γは取り込まれた量によらず一定であると仮定する代わりに、ヒトの細胞ごとの微生物に対する抵抗力によって感染確率が異なるとしたモデルである。この時のヒトの細胞の抵抗力の分布がβ分布で表される確率モデルであると考えられるときには、次のように感染確率が推定できる⁶⁾。

$$P(D) = 1 - \{1 + (D/\beta)\}^{-\alpha}$$

ここで α, βはパラメータである。

c) ロジスチックモデル

ロジスチックモデルは、Hald によって提案され、D 個の暴露量の時の感染確率 P は次のように表現される⁷⁾。

$$P(D) = [1 + \exp(M + N \log D)]^{-1}$$

ここで M, N はパラメータである。

それぞれの病原微生物ごとに、これらのモデルの選択と最適なパラメータは、疫学的にあるいはボランティアに対する実験データ、即ち病原微生物の暴露量と暴露された全員の人数に対しそのときに実際に感染した人の比率の値というデータに最も合うように決定される。

Regli らは、毎日 2 l の飲料水を飲むときの年間許容感染リスクを 1 万分の 1 に設定している⁸⁾。そして、この確率は実際のリクレーションなどの暴露で起こっている感染確率や水泳によって生じる感染リスクのオーダーに比べて低いのでこの感染確率を許容感染確率を与えることは不合理ではないと報告している⁸⁾。このようにして設定される 1 万分の 1 の許容感染確率を用量反応モデルに用いれば、その感染確率になる用量はいくらなのかを知ることができるので、対象とする汚染水の既知の病原微生物数を、許容感染確率を満たす病原微生物数まで減じる手段を論ずることができる。

(2) パラメータフィッティング

Haas は病原微生物のヒトに対する感染確率の実験結果を用いて、βモデル及び指数モデルのパラメータを推定している⁹⁾。本研究では先に述べた 3 つのモデルへのパラメータフィッティングとして、5%の有意水準でχ²検定を行い、Haas の推定した二つのモデルのパラメータに加えてロジスチックモデルのパラメータも新たに推定した。その結果を表-1 に示す。表中で病原微生物に対する最適なモデルというのは、χ²検定で最もχ²値が小さかったものであることを表す。また、モデルがどのように実験結果にフィットしているのかを、*Salmonella typhosa* の場合を例にとり図-1 に示した。

表-1 パラメータフィッティングの結果

種類	病原性微生物名	βモデル		指数モデル	ロジスティックモデル		病原性微生物に対する最適なモデル
		α	β	$\gamma (\times 10^{-6})$	M	N	
細菌類	<i>Salmonella typhosa</i>	0.1591	21400	3.176	6.151	-0.9391	βモデル
	<i>Shigella dysenteriae</i> 1	0.2828	21.34	4431	3.341	-1.342	βモデル
	<i>Shigella flexneli</i> 2A#	0.1844	65.27	-	2.975	-0.8425	βモデル
	<i>Shigella flexneli</i> 2A##	0.3306	5563	23.18	8.161	-1.787	βモデル
ウイルス類	Poliovirus1 (Minor's data)	5962	743000	8024	19.95	-10.93	ロジスティックモデル
	Poliovirus1 (Lepow's data)	0.1142	163.6	-	2.973	-0.6050	βモデル
	Poliovirus3	0.4178	0.8137	272900	0.9025	-1.572	ロジスティックモデル
	Echovirus12	0.9184	50.37	13030	3.755	-2.115	ロジスティックモデル
原虫	<i>Entamoeba coli</i>	0.1305	0.5907	-	1.889	-0.9671	βモデル

"-" は5%の有意水準で、 χ^2 検定の結果棄却されたものである。

表-1 をみると、本研究でパラメータを求めた9種類の病原微生物に関していえば、最も良く実験結果に一致したモデルの数ではβモデルが6種類、ロジスティックモデルが3種類であり指数モデルが最も良く一致する病原微生物はなかった。そのモデルが最適な病原微生物の種類の多さでいえばβモデルが最も優れたモデルのように見えるが、ウイルスなどについてモデル化するときにはロジスティックモデルが最適である場合が多いし(図-1参照)、指数モデルの式自体の簡潔さもリスクを重要視しなくても良いような病原微生物についてモデル化するときには役に立つ。従って、用量反応モデルは対象とする病原微生物ごとに使い分けが必要である。

さらに表-1 について言うこととして次のことが挙げられる。表中の細菌類や原虫類はすべてβモデルが最適であるのに対して、ウイルス類に関していえば4種類中3種類においてロジスティックモデルが最適なモデルであるということである。これだけの少数の病原微生物におけるパラメータフィッティングの結果から全体を結論づけることは難しいが、他の病原微生物についても調査する必要性はあると思われる。

図-1 に関して言うことは、一つ目は各種病原微生物の種類ごとでモデルのフィッティングの様子が異なるだけでなく、同じ病原微生物でもモデルごとに用量が増えるときの感染確率の増え方が異なること、もう一つ目はパラメータを求めるため一致させた実験値の総数が少なく、比較的用量の高いデータしかないことである。前者は先に述べた様に各モデルの特性が違うためであるが、後者は用量・反応の関係を調べる対象がヒトであるため感染実験が非常に困難であるという理由からくるものである。この点についてもリスク評価について広く研究されることの必要性が指摘される。

本研究においてのパラメータフィッティングにはHaas⁹⁾の発表したデータを使用した。

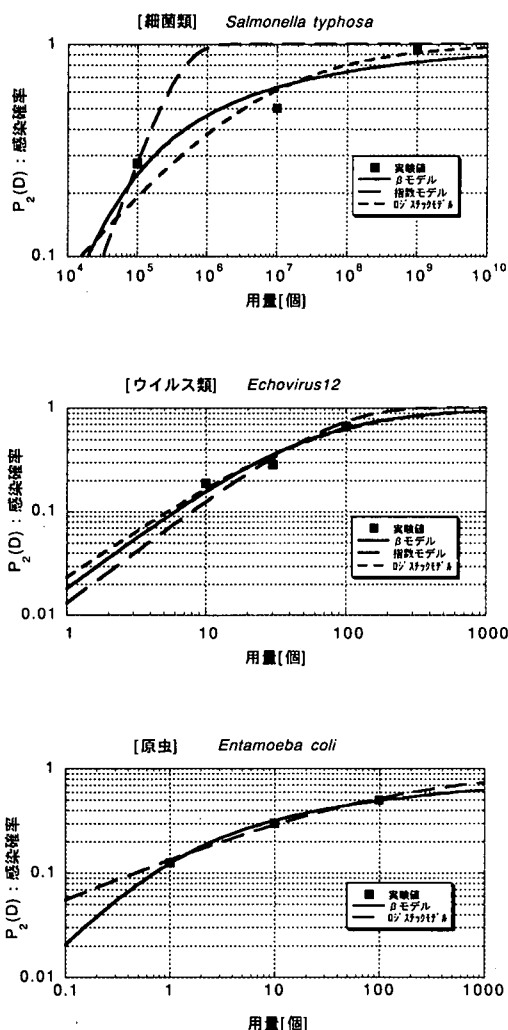


図-1 病原微生物の種類ごとの用量反応モデルと実験値のフィッティングの様子

3. 病原微生物の環境中での分布

Haas & Rose は、環境水のある採水量 $V[1]$ だけ採水したとき、その中にいる病原微生物の数はある確率分布に従っていることを明らかにした⁷⁾。確率分布はポアソン分布、正規分布、指数分布などいろいろな分布が考えられるが、ポアソン分布の場合には次に述べるように理論的に導くことが可能である。

- ・ μ : 1 l (または m³) 採水する時に病原微生物が 1 個いる確率
 - ・ V : 採水する水の量 (l または m³)
 - ・ $a (= \mu V)$: V 中にいる病原微生物の平均の数 (個)
- とおくと採水量 V の中に D 個の病原微生物がいる確率 $P_V(D)$ は、確率 μ の試行を V 回試す時に D 回成功することと等しいので、次のように二項分布で定義し、展開することができる。

$$P_V(D) = {}_V C_D \cdot \mu^D \cdot (1 - \mu)^{V-D}$$

$$= \frac{V(V-1)\cdots(V-D+1)}{D!} \cdot \mu^D \cdot (1 - \mu)^{V-D}$$

$$= \frac{1}{D!} (\mu V)^D \cdot (1 - \frac{1}{V}) \cdots (1 - \frac{D-1}{V}) \cdot (1 - \frac{\mu V}{V})^{V-D}$$

ここで、 $P_V(D)$ は V が大きい時は次のように近似できる。

$$P_V(D) = \frac{1}{D!} (\mu V)^D \cdot e^{-\mu V}$$

$$= \frac{a^D e^{-a}}{D!}$$

従って、環境中における病原微生物の存在確率分布は、ポアソン分布で表現できることがわかる。なお、他の分布は経験的に用いられるものである。

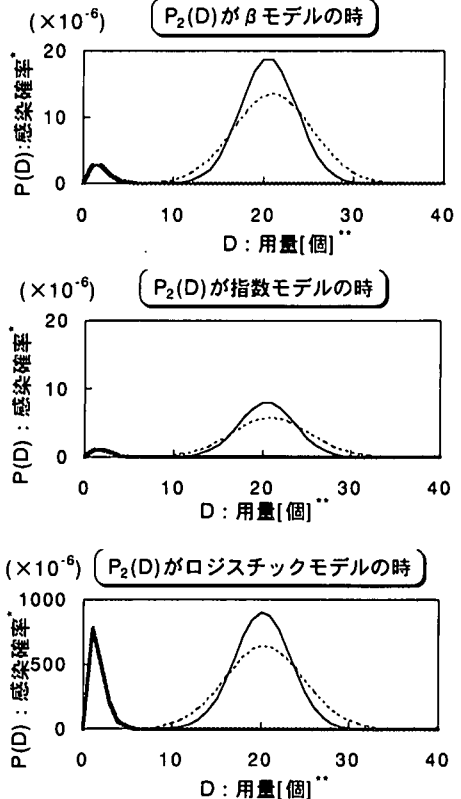
4. 分布を考慮した感染確率

環境中から $V[1]$ 採水した時、 D [個] の病原微生物数がある確率分布 $P_1(D)$ を持って存在していると仮定する。その水を $V[1]$ だけ飲んだとき、用量 D [個] で感染確率の期待値 $P(D)$ は、条件付き確率として次のように表すことができる。

$$P(D) = P_1(D) \times P_2(D)$$

ここで、 $P_2(D)$ はパラメータフィットさせた用量反応モデルにおける感染確率である。*Salmonella typhosa* の場合を例にとり、 $P_1(D)$ を数種類仮定して $P(D)$ を図示したものが図-2 である。図-2 の持つ重要性は、病原微生物数が環境水中に確率分布するため大きな用量でもその用量に暴露されるという確率自体が少ないので、結果としてその用量で感染確率の期待値は大きくならない

以下の図で仮定した
 — 平均1のポアソン分布
 — 平均20、分散10の正規分布
 確率分布 $P_1(D)$
 - - - 平均20、分散20の正規分布



* 病原性微生物の存在確率 $P_1(D)$ の環境水を $V[1]$ 飲んだ時の感染確率
 ** 環境水中での病原性微生物の存在確率 $P_1(D)$ を飲んだ時の用量

図-2 *Salmonella typhosa* の場合の環境中の確率分布を考慮した感染確率

ということを明確に示していることである。

ここで $P(D)$ の値を D が 0 の時から ∞ まで積分すれば、それはある確率分布を持った水を $V[1]$ 飲んだときに感染する確率の期待値 P_V を表すことになる。即ち、

$$P_V = \int P(D) dD$$

である。

このモデルにより感染確率を求めるここまでの流れを概念的に図示したものが図-3 である。図-3 により本モデルを詳しく説明すると点線が病原微生物数の存在確率の分布を表している。また一点鎖線が用量反応モデルから求められる感染確率を示しており図-3 に関していえば β モデルによる感染確率である。この点線と一点鎖線の各用量ごとの積をとったものが実線になる。実線はある用量における感染確率を表し、その下部分の面積を求めることで病原微生物数の確率分布を考慮した感染確率を求めることが可能になる。

図-3 のように本研究で提案するモデルを使用して各

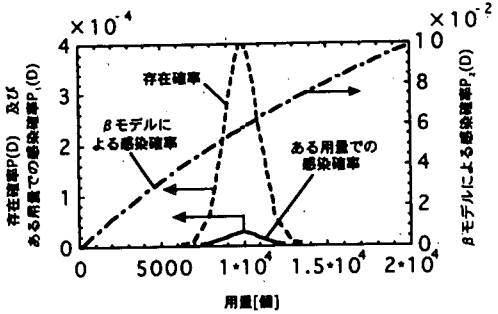


図-3 *Salmonella typhosa* の場合における感染確率評価モデルの概念図

表-2 *Salmonella typhosa* の場合の分布を考慮した感染確率の期待値

		用量反応モデル: $P_2(D)$			
		(a) または (μ, σ)	β モデル	指数モデル	ロジスティックモデル
確率分布 $P_1(D)$	(0.1)	0.007	0.003	2.06	
	(0.5)	0.037	0.016	9.07	
	(1.0)	0.074	0.032	15.8	
	(20, 10)	1.49	0.64	71.5	
	(20, 20)	1.49	0.64	71.3	
	$(10^2, 10)$	7.41	3.18	137	
	$(10^2, 10^2)$	7.41	3.18	137	
	$(10^3, 10^2)$	72.4	31.7	344	
	$(10^3, 10^3)$	72.4	31.7	344	
	$(10^4, 10^3)$	592	313	835	
$(10^4, 10^4)$	592	313	835		

単位 [$\times 10^{-4}$]

確率分布のうち(a)は β 分布の平均、 (μ, σ) は正規分布の(平均, 分散)を意味する。

種病原微生物についての感染確率を求めることになる。ここで例として、モデルを表-1中の病原微生物の一種である *Salmonella typhosa* の場合に適用し、確率分布の平均値と分散を変化させて感染確率の期待値 P_V を求めたものを表-2に示す。

表-2からは次のことが読みとれる。まず第一に病原微生物数の確率分布 $P_1(D)$ の平均値が小さいところを見ると、総じてロジスティックモデルを $P_2(D)$ に用いたときの方が残りの二つのモデルを用いた時の P_V の値よりも大きい。これはロジスティックモデルの式の性質上、用量がゼロ付近で $P_2(D)$ の値が大きくなるためである。ロジスティックモデルを用いる際には用量が小さいところで実際より大きな感染確率の値をとるという認識が必要である。

また、仮定した確率分布 $P_1(D)$ の平均が同じで分散が異なるもの同士を、 $P_2(D)$ に用いたそれぞれの用量反応モデルごとに比較してみると、平均が大きいところで

表-3 *Salmonella typhosa* の場合の用量反応モデルによる感染確率の期待値

用量[個]	用量反応モデル		
	β モデル	指数モデル	ロジスティックモデル
0.1	0.007	0.003	8.32
0.5	0.037	0.016	16
1	0.074	0.032	21.3
20	1.49	0.64	71.8
100	7.41	3.18	137
1000	72.4	31.7	344
10000	592	313	835

単位 [$\times 10^{-4}$]

は分散が異なっただけでは感染確率の差は1%よりも大きな違いはみられない。これは環境水中における病原微生物の濃度が大きい場合、病原微生物数の確率分布における分散の違いは P_V の値にほとんど影響せず、平均の違いが影響力を持つということ、高濃度病原微生物数の分布を調べる時はその平均の値が分散の値よりも重要であることを示している。

5. 環境中の病原微生物数の確率分布を考慮した感染確率と用量反応モデルによる感染確率の比較

ここでさらに、環境水中の病原微生物数の分布を考慮した感染確率 P_V と用量反応モデルから求められる感染確率とを比較するために、表-1のパラメータによる *Salmonella typhosa* の場合の用量反応モデルを使用して感染確率 $P_2(D)$ を求め表-3に示した。表-2に示される環境中の病原微生物数の分布を考慮した感染確率と、表-3に示した用量反応モデルによる感染確率とを比較すると β モデルと指数モデルを用いたもの同士では、両者の感染確率はほぼ同じであるが、ロジスティックモデルを用いたもの同士には用量 0.1 個の時で約 4 倍の開きがみられる。このようにロジスティックモデルの場合は少量の部分で感染確率が大きくなる傾向は他の病原微生物にも見られた。

そのためロジスティックモデルを用いたときに限って言えば環境水中の病原微生物数の確率分布を考慮したモデルは、総じて用量反応モデルからの感染確率よりも小さい感染確率で算出されるため、感染確率を過剰に評価しないところが特色となる。また β モデルと指数モデルを用いる場合には環境水中の病原微生物数の確率分布に関わらず感染確率は用量反応モデルから求

まる感染確率とほぼ同じ値にできるため、詳しい病原微生物数の確率分布のデータが無い場合は、 β モデルか指数モデルを使用する限り用量反応モデルから感染確率を求めただけでも、環境水中の病原微生物の確率分布を考慮したものと近似的に同じとして扱ってもよいという事は両モデルの前提から導かれる事がわかる。

さらにこの結果と表-1 のパラメータフィッティングの結果とを合わせて判断すると、細菌類及び原虫についてリスク評価するときは従来のモデルでも本モデルでもほぼ同じ感染確率で評価することが可能であるが、ウイルスに関していえば本モデルを使用した方が従来よりも低く感染リスクを評価することができるということが推測される。

近年病原微生物の感染許容確率についての様々な論議がなされ、実際に人間が環境水を原因として死亡する場合を考えた場合、罹患率や発病率など様々なパラメータを考慮する必要がある、現在一般に提唱されている化学的有害物質の危険率を基盤として決定された許容感染確率は高すぎると思われる。

ここで、用量-感染モデルに病原微生物の存在確率関数を組み合わせることによって感染確率の期待値を低く評価できるという結果を得、実際のケースを考慮したモデルは感染リスクを低く評価することがわかった。

6. モデルの適用

(1)全体の流れ

モデルを実際の病原微生物のリスク評価において使用するためにはリスクアセスメントが必要になる。そこで本研究で提案したモデルを使用して、対象とする病原微生物を決めてから、その病原微生物に汚染された環境水があるシナリオの下で設定される許容感染確率を満たすために必要な除去率を求めるまでの全体の流れを図-4 に示す。図-4 で述べてある様に、環境水中の病原微生物数の確率分布を調べるためにはある採水量 $V[1]$ だけ採水しなければならないが、病原微生物は環境中に高濃度で存在することはあまりない⁴⁾。従って採水量 $V[1]$ も 100 l や 1000 l といった比較的大きな量になることが考えられる。ところがこの様な大量の水をヒトが一度に飲むことは通常考えられない。そこで環境水中の病原微生物数の確率分布を調べることに他に、ヒトがその環境水をどれだけ飲むかというシナリオが必要になる。よって次にそのシナリオを仮定することにする。

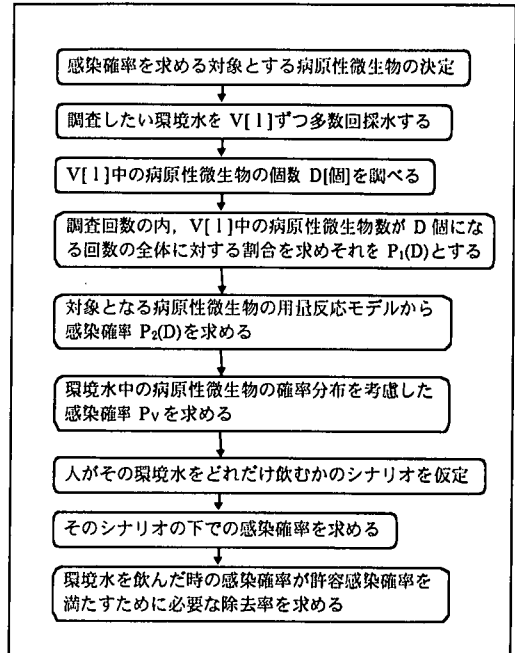


図-4 環境水中の病原微生物の確率分布を考慮した感染確率モデルを実際利用してその環境水に必要な除去率を求めるまでのフローチャート

(2)シナリオの下での感染確率

$V[1]$ 採水した時の病原微生物数の確率分布が既知である川や海などでの遊泳時に、病原微生物に汚染された水を一回の量 100 ml だけ飲む。

このシナリオの下では 100 ml 飲んだときの感染確率 $P_{100ml}(V)$ を次のように定義できる。

$$P_{100ml}(V) = (0.1 / V) \times P_V$$

ここでこのシナリオは、Haas の報告における設定¹⁰⁾に基づいて 1 回 100ml の飲料量に設定した。

通常、発ガン性を持つ有害物質の制御に要する許容確率は 100 万人に 1 人に設定されることが多かった¹¹⁾ が病原微生物のリスク評価の分野では年間リスクで 1 万人に 1 人の許容感染確率を用いることが多い⁸⁾ ため、本研究の場合においてもこれを適用する。例えば表-2 において、用量反応モデルがロジスティックモデルで病原微生物数の確率分布が平均 20 分散 10 の正規分布の時を考える。例えば確率分布を調べた時の採水量が 1 l ならば、その水を 100ml 飲んだ時の感染確率が許容感染確率を満たすために必要な除去率を目安としておよそ 7.2 倍にすればよいことになる。(人口 1 万人に対して感染人数が約 7.2 人だから) 同様に、他の確率分布や用量反応モデルの場合についても必要な除去率を求めることが可能である。

7. おわりに

本研究では水環境における病原微生物のリスク評価手法として、用量反応モデルに代わり環境水中の病原微生物数の確率分布を考慮したモデルを提案し、そのモデルを使用したリスク評価手法を提案した。このモデルでは、次のような特性がみられた。

- ① 本研究におけるパラメータフィッティングの結果からは、細菌類や原虫類はすべて β モデルで最もよく表現され、ウイルス類に関しては4種類中3種類においてロジスチックモデルが最も適当であるなモデルであった。
- ② 用量反応モデルがロジスチックモデルの時は用量の小さいところでの感染確率が他の二つの用量反応モデルよりも大きく評価される。
- ③ 最低感染用量(1%)よりも用量の大きいところにおいて、ポアソン分布ないしは正規分布する環境水中の病原微生物数の確率分布の分散が異なっても分布の平均が一定ならば環境水のある量飲んだときの感染確率に大きくは影響しない。
- ④ 平均的な用量を元にした従来の用量反応モデルから求まる感染確率と本モデルとの違いが明確に表れるのは、本モデル中の用量反応モデルにロジスチックモデルを用いたときであり、従来の用量反応モデルよりも感染確率を小さな値で評価される。
- ⑤ ①と④から判断すると、細菌及び原虫についてリスク評価するときは従来のモデルでも本モデルでもほぼ同じ感染確率であるが、低い用量でのウイルスに関していえば本モデルの方が従来よりも低く感染リスクを評価する事がわかった。

本モデル中にも使用する用量反応モデルは病原微生物に応じて実験結果に最も一致するものを選択する必要があるが、パラメータの設定にはなるべく多くのデータが必要であるが、病原微生物とヒトとの反応の関係を示すデータの少ない現状では明確な感染リスクを求めることは極めて難しい。これは感染リスク評価全体における欠点でもある。しかしながら本モデルは既存の用量反応モデルに比べ環境中の病原微生物数の確率分布を考慮してあるという点において、実際の病原微生物のリスク評価の分野では実用的なモデルになると考えている。

謝辞：本研究は(財)科学技術振興事業団からの助成を受けたことを報告いたします。

参考文献

- 1) NRC, National Research Council: Risk assessment in the federal government managing the process, National Academy Press, 1983.
- 2) Oliveri, A. W., Cooper, R. C., and Danielson, R.: Risk of waterborne infectious illness associated with diving in the Point Loma Kelp Bed, San Diego, CA. In Proc. Of the Environmental Engineering Specialty Conference, Marina, J. F., et al. (Eds.) ASCE, New York, NY. 1989.
- 3) Tanaka, H., Asano, T., Schroeder, E. D., and Tchobanoglous, G.: Estimating the reliability of wastewater reclamation and reuse using enteric virus monitoring data, Proc. of Annual Conference and Exposition, Oct. 3-7, pp. 105-117, 1993.
- 4) 伊藤禎彦, 大垣真一郎, 田中宏明, 佐藤和明, 諏訪守: 感染リスク評価手法, 水中の健康関連微生物シンポジウム講演集, pp.14-47, 1995.
- 5) Furumoto, W. A. and Mickey, R.: A mathematical model for infectivity-dilution curve of tobacco mosaic virus, Virology, Vol.32, pp.216-223, 1967.
- 6) Hald, A.: Statistical theory with engineering applications, John Wiley and Sons, 1952.
- 7) Regli, S., Rose, J. B., Haas, C. N., and Gerba, C. P.: Modeling the risk from Giardia and viruses in drinking water, Journal of American Water Works Association Vol.83, No.11, pp.76-84, 1991.
- 8) Haas, C. N.: Estimation of risk due to low doses of microorganisms: A comparison of alternative methodologies, Amer. Jour. of Epidemiology Vol.118, No.4, pp.573-582, 1983.
- 9) Haas, C. N. and Rose, J. B.: Distribution of *Cryptosporidium* oocysts in a water supply, Water Research 30/10-B, pp.2251-2253, 1996.
- 10) Haas, C. N.: Effect of effluent disinfection on risks of viral disease transmission via recreational water exposure, Journal of Water Pollution Control Federation, Vol. 55, No. 8, pp.1111-1116, 1983.
- 11) 松原純子: リスク科学入門, 東京図書, 1989

(1998. 6. 4 受付)

DEVELOPMENT AND EVALUATION OF A RISK MODEL WITH PROBABILITY DISTRIBUTION OF PATHOGENIC MICROORGANISMS IN WATERS

Takeshi TSUCHIDA, Kensuke FUKUSHI, Hiroaki TANAKA and Tatsuo OMURA

Conventional dose-response models have been applied to calculate infection. However, conventional dose-response models are not suitable to evaluate an infection risk by pathogens in natural water environment since they do not include an existence probability of pathogens. This study presents a novel model that estimates a "risk" of infection by pathogenic microorganisms in water environment. This model was developed by combining the conventional dose-response model and the existence probability of pathogenic microorganisms in water environment. The modified beta-model was suitable to describe the risk by pathogenic bacteria and parasites, while the modified logistic model well described the infection risk by viruses.