

●試験・分析法 (4) (3-J-10-4~3-J-12-1)

本セッションでは、分子生物学的手法を用いた微生物解析に関する報告 3 件、バイオマーカーであるキノンプロファイルに関する報告 2 件が発表された (3-J-12-1 は発表取りやめ)。

3-J-10-4 は、Ethidium monoazide と PCR を組み合わせることにより、感染力を維持したウイルスと感染力を失ったウイルスを識別する試みについての報告であった。このような方法が適用可能となれば、より正確なリスク評価を行う上で有用な手法といえよう。

3-J-11-1 と 3-J-11-4 は、共にキノンプロファイルを用いて活性汚泥の細菌群集解析を試みた報告であった。3-J-11-1 では、PCR-DGGE と比較することで、キノンプロファイルによる群集構造解析の妥当性を検証した点が興味深い。また、3-J-11-4 では、抽出に超臨界二酸化炭素を用い、分析に Ultra Performance LC を用いることで、コスト・時間を大幅に節約できることが報告された。リアルタイムに近い形で細菌群集の動態をモニタリングできる可能性が示唆されたことは注目に値する。

3-J-11-2 及び 3-J-11-3 は、TSA-FISH 法の改良に関する先駆的な研究報告であった。3-J-11-2 では、TSA 反応の障害となる細胞壁処理に着目し、従来の HRP (horseradish peroxidase) に換え、より小さな分子量のアプタマー-ヘミン錯体や MP-11 を用いることで、細胞壁処理を行わずに TSA-FISH を行う試みについて紹介された。依然として解決しなければならない課題は多いが、TSA-FISH の適用対象を拡大する上では重要な検討である。3-J-11-3 では、機能遺伝子を標的とした TSA-FISH に関する報告があった。機能ベースで微生物の存在状況を把握することが可能になれば、微生物生態に関する新たな知見の集積につながるものが想定される。今後の展開に大いに期待したい。

(東京大学 大学院工学系研究科 春日 郁朗)