

● 試験・分析法・生物学的分析(1) (3-J-09-1 ~ 3-J-10-1)

本セッションでは、微生物の群集構造や存在量の定量などに関する発表が中心に行われた。

3-J-09-1 では、水環境で扱われる複合微生物系において、特定の種の存在量を定量するための新規な手法について発表された。微生物の定量方法には様々なものがあるが、本手法は簡便であること、バイアスが少ないことが特徴であり、実用化に向けての今後の展開が楽しみである。

3-J-09-2 では流水式紫外線照射装置の線量測定に、大腸菌ファージの紫外線による分解を定量 PCR 法で評価する手法について紹介があった。実規模装置での定量性に課題がのこったものの、装置の改善もしくはデータ解釈の方法により今後の改善が期待できる結果であった。

3-J-09-3 は、現在微生物の系統解析として主として用いられている 16S rRNA 遺伝子塩基配列の代わりに、23S rRNA 遺伝子塩基配列を用いるための解析法の開発であった。分子生物学的手法の急速な進歩から考えれば、より多くの情報を活用できる本手法が近い将来とってかわる可能性を感じさせる。

3-J-09-4 では、環境水中からのウイルスの濃縮・回収手法をベースに、細菌や原虫も同時に捕捉できる手法として改良を加えた報告であった。検出感度を高めるためには採取できる試料の全量を解析に回すことが望ましく、そのためにもこうした同時定量が可能となる手法は期待されている。

3-J-10-1 は、すでに現世代のものになりつつある次世代シーケンサーによる微生物群集の解析において、定量的に、取りこぼしなく、バイアスなく行うための技術的な解決法について報告された。水環境における微生物の持つ機能を把握するためには、正しく群集を把握する努力は必要不可欠であり、本手法を用いる研究者にとっては必須の情報であろう。

(東大・工 栗栖 太)