

遺伝子工学的手法 (3-E-13-2~3-E-14-3)

本セッションでは、3-E-13-2から3-E-14-3までの合計6つの論文発表がなされた。3-E-13-2では、マイクロウェルおよびマイクロセンサーを用いた有害藍藻類同定技術の開発に関する報告であった。3-E-13-3は、特定の機能遺伝子を有する環境微生物の系統分類(16s rRNA 遺伝子)と機能(特定の機能遺伝子)をリンクさせるための、新規DNA回収技術に関する研究報告であった。これら2つの技術には、まだ多くの問題が残されているが今後の技術改良が期待されるものであった。3-E-13-4は、組換え微生物が野外に放出された場合、微生物生態系に及ぼす影響を迅速に評価することが必要となる。本報告では、組換え微生物接種が土着微生物群集に及ぼす影響を定量的に評価したものであった。現在、我が国では組換え微生物の野外利用は禁止されているが、今後の重要な研究課題でありこれらのデータの蓄積が期待される。3-E-14-1は、PCRによる核酸増幅を伴わず、簡便かつ迅速に特定微生物群の存在比を定量することが可能な配列特異的SSU rRNA切断法に用いるオリゴヌクレオチドプローブセットの開発に関するものであった。本報告では、UASBグラニュール汚泥を対象とし、メタン生成古細菌および共生細菌群を各系統レベルで網羅的かつ階層的に検出できる55種類のオリゴヌクレオチドプローブが設計され、その特異性が検討された。このような地道な研究開発によって、多様な未培養微生物が存在するUASBグラニュール汚泥内の微生物群集構造が次第に解明されている。3-E-14-2は、Fluorescence in situ hybridization (FISH)法を用いて、原核生物のシングルコピー遺伝子を検出・視覚化するための技術開発に関する報告であった。著者らは、プローブをハイブリダイゼーションさせた後、酵素触媒反応を2回行うことにより蛍光強度を増幅させ可視化することを提案している。3-E-14-3は、3-E-14-2と同様にFISH法に関する研究報告であった。FISH法の問題点の1つであるプローブとrRNAの交雑効率の低さを改善するために、プローブの塩基長を変えず、locked nucleic acid (LNA)をプローブに導入することにより、プローブの親和性が向上し、交雑効率が飛躍的に向上したと報告している。FISH法は水環境学会において既に定着した解析技術であるが、更なる感度や特異性の向上が図られている。どの研究発表も内容はもちろんのこと、スライドの準備、発表の仕方、質疑応答とも、聴衆を引き付けるのに十分なレベルであった。

(北海道大学大学院・工 岡部 聡)