

本セッションでは、環境微生物の機能遺伝子を標的とした検出・定量技術の開発に関する研究4編を中心に、ウイルスの定量技術に関するもの、ならびに生物膜形成の数理モデル化に関する発表があった。

分子生物学的な手法を用いて環境微生物を検出・定量する技術に関しては、分類学上重要となる遺伝子であるリボゾーム RNA およびその遺伝子配列を用いたものから開発が始まった。環境工学においては、微生物の機能を応用した技術であったり、環境中において、微生物の持つ機能による物質転換を評価することが対象となっている。したがって、本セッションにおいて発表のあった、機能遺伝子を標的とした検出・定量技術は、すでに確立されつつある系統分類に基づく技術に比べて、より環境工学において重要な技術といえる。しかしながら、細胞内に標的遺伝子の数が非常に少ないこと、機能遺伝子の配列が多様でありまだまだデータベースが不十分であること、が検出・定量技術の開発に障害となる。今回の発表でも、こうした障害をいかに克服するかに関する実験的検討が発表された。

蛍光遺伝子プローブを用いた単一細胞レベルでの検出技術については、いずれも蛍光増強技術の導入により、非常に少ない数の標的であっても検出可能な蛍光を得ることに成功している。機能遺伝子自体を検出する技術においては、細胞内に1つしかないものを検出する技術であるため、その1つを捕らえられるかどうかの確率がそのまま細胞の検出確率になる点が技術的に最も難しいということであった。また、メッセンジャーRNA の検出技術においては、標的遺伝子を大腸菌内で発現させたモデル系においては検出を確認しており、実際の標的微生物の検出までもう1段階というところまで来ているようであった。また、脱窒遺伝子を標的とした解析においては、常に縮重の多いプライマーが原因で、検出・定量手法における問題が起こる。定量 PCR 法による定量性の向上をめざした研究も非常に重要であるといえる。

環境中における病原ウイルスの定量法の定量性は、濃縮効率と回収率に依存している。非常に微小な有機物粒子であるウイルスを、吸脱着により濃縮し回収する技術がこれまでに研究され、主流となっている。本セッションでは、以前モデルウイルスとしてポリオウイルスを用いて検討されていた濃縮率と回収率について、実際に問題となるウイルスとしてノロウイルスを用いてデータを示し、より直接的に濃縮回収技術の有効性を示したものであった。

生物学的廃水処理プロセスにおいてもこれまで ASM モデルなどが提案され、活用されているように、プロセスをモデル化することは、そのプロセスを表現する為だけでなく、理解するためにも重要な手段である。本セッションでも、硝化グラニュール生物膜の形成過程についてモデル化を行い、また硝化生物膜および硝化に関与する微生物に関する既知の情報を組み込んでモデルの説明力を評価した研究の発表も行われた。

(東京大学大学院・工 栗栖 太)