

1. 研究課題名

複合微生物解析による環境質評価のための迅速・網羅的微生物検出・定量技術の開発

2. 研究代表者氏名及び所属

関口 勇地（独立行政法人産業技術総合研究所）



3. 研究実施期間

平成17年度～平成18年度

4. 研究の趣旨・概要

地球上の原核生物を主体とした微生物の総細胞数は 10^{30} 個と言われており、この総量は炭素ベースで地球上の植物の総量に匹敵すると言われている。それら微生物が地球環境中での物質循環において果たす役割は極めて大きいのは言うまでもなく、それらの微生物を正しく評価（定性・定量）するための技術と、その制御技術を含めた微生物利用技術の創成は環境保全において欠くことの出来ない技術の両輪である。本研究では、特定の標的微生物群と複合微生物群全体を迅速かつ網羅的に定性・定量を行う手法を確立し、その技術を環境質評価（遺伝子組み換え微生物導入後の環境試料、汚染水など）に活用することを目的とする。具体的には、(1)迅速・網羅的微生物検出のための基盤技術の開発に関する研究と、(2)環境質評価のための微生物種検出DNAプローブの設計・評価と計測標準物質の整備、検出技術の環境への適用の二つのサブテーマを実施する。

これにより、遺伝子組み換え微生物の第一種使用時において、カルタヘナ法に基づくバイオレメディエーション利用指針に関わる様々な微生物評価において有用な技術を提供し、その指針の具体化を進める上での支援技術となることが期待される。

5. 研究項目及び実施体制

迅速・網羅的微生物検出のための基盤技術の開発に関する研究（産業技術総合研究所）
環境質評価のための微生物種検出DNAプローブの設計・評価と計測標準物質の整備、検出技術の環境への適用（産業技術総合研究所）

6. 研究のイメージ

研究課題：複合微生物解析による環境質評価のための迅速・網羅的微生物検出・定量技術の開発
(FY2007-FY2008) RF-076

(1) 迅速・網羅的微生物検出のための基盤技術の開発に関する研究

- ・日本発の RNA を指標とした微生物定量技術 (RNase H 法) を発展 (高感度化)
- ・RNase H 法と DNA マイクロアレイ法を組み合わせた網羅的複合微生物解析手法の開発

(2) 環境質評価のための微生物種検出 DNA プローブの設計・評価と検出技術の環境への適用

- ・バクテリア・アーキアの主要な門、網レベル DNA プローブ (16S rRNA 標的) の整備
- ・主要な原核生物 (大腸菌群、各種病原性微生物、物質循環に関連した主要バクテリアおよびアーキア) に対する DNA プローブ (16S rRNA 標的) の整備
- ・複合微生物評価のための標準バイオマーカー (rRNA 分子) の整備
- ・実環境への開発技術の適用、環境質評価

研究アウトカムイメージ

- ・微生物資材評価、環境質評価のための基盤技術の整備とガイドライン化への技術支援
- ・遺伝子組換え微生物の環境影響評価 (複合微生物相への影響評価) のための技術の提供
- ・バイオテロ・水環境質の迅速診断技術の確立
- ・腸内微生物菌叢などの迅速評価による健康評価

研究アウトカム

RNase H 法定量デバイス



微生物定量 DNA チップ



水環境質 (微生物) の評価



廃水の微生物評価



バイオプロセス (廃水処理など) の微生物評価

→ 環境質評価・環境浄化プロセス診断の高度化