

秋田県立大学「人類の持続可能な発展に資する科学技術」
「苗」研究のエントリーシート

研究テーマ	土壌や水環境中に生息する微生物の網羅的解析法の開発		
研究代表者	福島 淳	役職	准教授
フリガナ	フクシマ ジュン	学位	農学博士
学科等	応用生物科学科	Eメール	jun_fukushima@akita-pu.ac.jp
主な共同研究者(学内)	稲元民夫、志村洋一郎、浅野亮樹、岡野桂樹、村口元、原光二郎、鈴木英治、藤晋一、宮田直幸、岡野邦宏、小西智一		
主な共同研究者(学外)	無し		
研究の内容			
<p>土壌や水環境には多数の微生物が生息していると考えられているが、その90%以上は培養する事ができないために、今までの微生物学の手法では検出する事ができなかった。例えば土の中には一体どのくらいの種類の微生物が生息しているかも諸説あり、数千種から数百万種類とも言われ、定説がない状態である。さらに、土壌の種類でも違う事が想像できるが、微生物群集が実際にどのように異なっているかに関する結果はほとんど報告されていない。しかし、DNAに関する技術が1980年代より発達し、さらに2005年以降に開発された次世代 DNA 配列解析装置（シーケンサ）を使う事により環境の微生物が詳細に解析できる可能性が出てきた。しかし本技術は誕生して間もなく、現在でも環境微生物解析方法として確立されたとは言いがたい。そこで、本研究は環境に棲息している微生物を全て遺伝子DNAの解析から検出を試みるものである。本研究の最終目標は土壌を含む環境中の微生物群集を構成する微生物の種類と数を正確に把握する技術を開発し、その動態を明らかにすることである。また、この方法では微生物を分離しないで、環境から直接有用遺伝子を抽出することが可能になる。</p> <p>具体的には、まず八郎湖のアオコ発生に関与する微生物とそのウイルスを同定し、アオコの発生メカニズムを詳細に解析するとともに、制御方法の開発を目指す。さらに、水田を含む農耕地の土壌微生物を網羅的に解析し、農耕に最適な微生物群集を確定する。この情報をもとに最適微生物群集を得るためにはどのような肥料などが必要かを検討する。</p>			

研究の独自性・アピール点

この研究は、今まで正確に把握されてこなかった環境微生物群集を網羅的にかつ、正確にその種類や数を把握する事を目指すものである。この技術はまだ開発途上であるが、土壌のような膨大な種類の微生物の解析は近い将来可能になると考えられている。県立大学ではこの際に使用する次世代DNA配列解析装置を多くの他の施設に先駆けて導入し、実際に使用できる環境にあるという非常に大きなメリットがある。

期待される成果・波及効果

以上のように本方法が確立されれば、環境微生物を比較的容易に詳細に解析する事ができるようになる。全ての生物は微生物と共生又は寄生関係にあるため、その微生物の機能を理解することで、植物を含む生物の機能全体が理解される事が期待される。また、農作においても微生物の重要性は論を待たないが、本研究により、正確に微生物群集が理解され、科学的及び持続可能な農業へ大きく貢献できると考えている。本研究は国内の農業だけでなく、世界的に農業生産の改良につながり、世界全体の食料問題にも大きく貢献できると考えている。

関連する主な業績

1. Shi-Quan Niu, J.Fukushima, et al. (2006) Analysis of bacterial community structure in the natural circulation system wastewater bioreactor by using an 16s rrna gene clone library. *Microbiology and Immunology*, 50, 937-950.
2. Tanikawa, T., Shoji, N., Sonohara, N., Saito, S., Shimura, Y., Fukushima, J. and Inamoto, T. (2011) Aging transition of the bacterial community structure in the chick ceca. *Poultry Science*, 90, 1004-1008.
3. Ishikawa, Y., Fukushima, J., Sakurai, K., Niu, S., Wang, S., Inoue, M., Shoji, T., Hayakawa, A. and Hidaka, S. (2012) Effect of sulfur-humic acid on agricultural production including grape growth on saline-alkali soil in Gansu province, P. R. China. *Journal of Arid Land Studies*, 22, 103-106.
4. Asano, R., Y. Nakai, W. Kawada, Y. Shimura, T. Inamoto, and J. Fukushima. 2013. The sea water inundation by the Tohoku tsunami caused by the great east-Japan earthquake 2011, leaves strong impact for soil bacterial community after more than one year. *Microbial Ecology*, DOI 10.1007/s00248-013-0261-9.

キーワード

土壌微生物、水圏微生物、菌叢解析、ゲノム、メタゲノム