

網羅的に調べるということ

化学環境部長

齋藤 雅典



当所の前身・農業技術研究所土壌微生物研究室では、土壌微生物相の研究を地道に進めていた。土壌微生物の機能を解明し、農業生産・環境保全に利用していくためには、そこ

どのような微生物が生息するか明らかにしていかなければならなかった。土壌から分離した微生物の形態や生理的性質を逐一調べていく作業は大変労力と時間がかかり、また、地味な作業であった。こうした研究は、現在の農業環境技術研究所の研究に受け継がれているが、遺伝子の塩基配列に基づく系統解析と微量な DNA を増幅する PCR 技術などの分子生物学手法の進歩は、それまでの作業内容を一新させた。培養できない微生物についても、これまで不可能であった遺伝子レベルでの情報収集が可能になっている。とは言え、何千種類とも言われる土壌中の微生物相の全貌を把握するのははるか遠い道のりのように思っていた。

ところが、この4月、米国のサイエンス誌に驚異的な論文が掲載された。ヒトゲノム解読プロジェクトの一方の旗頭 C・ベンター率いるチームが、サルガッソー海の多種多様な微生物をまとめてショットガンクローニングし全塩基配列を決定し、そこに存在する全ての微生物種をゲノムレベルで網羅的に明らかにしたのである。この研究は、膨大な予算とヒトゲノム解読でつちかった最新のバイオインフォマティクス技術によって初めて可能になったものである。この方法を土壌などの環境試料に適用するには乗り越えなければならない技術的ハードルがあるが、原理的には可能である。言い換えれば、人材と金があれば、土壌微生物相

の全貌を網羅することも可能なのである。

環境中で起こっている現象を解明するためには、その原因を一つ一つ解析して突き詰めていく作業が必要である。その一方で、個々の要因が複雑にからみあっている問題では、網羅的に調査を行い、その上でそれらの相互作用を解きほぐしていく作業が必要となる。これは、何もポストゲノムと呼ばれる分子生物学の世界だけではない。環境中の有害化学物質についても、個々の毒性評価だけではなく、他の有害物質や環境との複雑な相互作用を考慮しなければならなくなっている。

最近の分析機器の進歩は、環境化学物質の網羅的分析を可能にしている。たとえば、ダイオキシン研究では百種類以上あるダイオキシンの同族・異性体（コンジェナー）を網羅的に分析し、コンジェナーの組成の違いによって、ダイオキシンの発生源を推定できる。当所では農業環境中でのダイオキシンの動態解明を進めているが、こうした手法によって、「イネは土壌中のダイオキシンを吸収しない」などの成果を上げることができた。土壌や植物中に含まれる何十種類という元素を ICP 発光分析や蛍光 X 線などの機器で網羅的に分析することはごく普通の手法となっている。

環境問題はきわめて多岐にわたっており、全く環境への負荷を与えずに農業生産を行うことは不可能である。環境負荷を減らすための個別的な技術開発が必要なことは言うまでもないが、新たな技術はまた新たな環境負荷をもたらす可能性もある。生産体系を包括的に評価し、全体として少しでも環境影響の少ない体系を選択するということが必要になる。そのためには、網羅的に環境影響を評価するための環境モニタリング手法や分析手法の開発、そして、膨大なデータを解析し包括的に評価するための手法開発や新たな思考法が必要となる。