

卒業論文要旨

次世代シーケンサーを用いた環境中における腐朽木材中の糸状菌群集構造の解析

1140261 永井壮

Analysis of filamentous fungal community structure of decayed wood in natural environment using next generation sequencer
Takeshi Nagai

自然界での木材腐朽は、複数の菌種の共同作業により進行していくものと考えられる。しかし、木材腐朽を菌群の観点から解明しようとした研究はまだ少ない。近年、担子菌類の検出・同定における分子生物学的手法が著しく発達し、その中でも DNA を用いる方法が簡便かつ高感度で検出可能になった。群集構造を解析することで、微生物集団としての理解や木材腐朽に関わる微生物の新しい知識、腐朽メカニズムについての新しい発見、微生物間の相互作用の発見などが期待できる。このことは、有機微生物分解技術や防腐技術の開発に貢献できると考えられる。本研究の目的は、環境中における腐朽材に生育する腐朽菌の DNA より種を判別できる配列を取り出し、この情報に基づいて材中に形成された群集構造を明らかにすることとした。腐朽木材からゲノム DNA を抽出し、PCR によって rDNA の ITS 領域を増幅させた。この増幅産物には微生物群集を構成する菌すべてよりそれぞれの ITS 領域の DNA 断片が含まれると考えて、次世代シーケンサーによって 1 分子ずつ塩基配列を読み取り、微生物群集構造を解析した。解析の結果、木材を腐朽させる菌群の構成を明らかにすることができた。