

微生物のアミノ酸窒素同位体組成：微生物食物連鎖の解明へ向けて

Nitrogen isotopic compositions of amino acids from microorganisms as a tool for studying microbial processes

山口 保彦 [1]; 高野 淑識 [2]; 力石 嘉人 [3]; 横山 祐典 [1]; 大河内 直彦 [2]

Yasuhiko T. Yamaguchi[1]; Yoshinori Takano[2]; Yoshito Chikaraishi[3]; Yusuke Yokoyama[1]; Naohiko Ohkouchi[2]

[1] 東大 海洋研; [2] 海洋研究開発機構; [3] JAMSTEC/IFREE

[1] ORI, Univ. Tokyo; [2] JAMSTEC; [3] IFREE, JAMSTEC

微生物は、生物地球化学循環を駆動することで、地球表層環境に大きな影響を与えてきた。例えば、「微生物ループ」「腐食連鎖」と呼ばれる海洋の従属栄養細菌による有機物の取り込みは、炭素循環全体の変動を左右しているとされる (e.g. Azam and Malfatti, 2007)。しかし、生物地球化学循環における微生物の働きはもっぱら“ブラックボックス”として扱われ、その役割・ダイナミクスに関しては謎が多い。ここ数年、植物や動物で構成される「生食連鎖」(いわゆる食物連鎖)の解析には、アミノ酸の化合物レベル窒素同位体組成が有用な手法となることが示され (e.g. Chikaraishi et al., 2007; 力石ほか, 2007)、生態学や古生物学などで応用が始まりつつある。この手法が微生物の食性解析にも応用できれば、生物地球化学循環における微生物の役割・ダイナミクスの解明につながる可能性がある。ただし、動物や植物に関しては、アミノ酸窒素同位体組成の変動ルールの理解が進んできたが、微生物に関しては、原核生物・真核生物ともによく分かっていない。

そこでまず我々は、微生物におけるアミノ酸窒素同位体組成の変動ルートを調べるため、大腸菌 (*Escherichia coli*)、ビブリオ菌 (*Vibrio harveyi*)、出芽酵母 (*Saccharomyces cerevisiae*) など様々な従属栄養微生物を、アンモニアやアミノ酸など様々な窒素源のもとで培養しており、さらに、培養した微生物のアミノ酸窒素同位体組成の解析を進めている。本発表では、それらの予察的な結果を報告するとともに、応用の可能性について議論する。

Azam and Malfatti (2007) *Nature Rev. Microbiol.* 5, 782-791.

Chikaraishi et al. (2007) *Mar. Ecol. Prog. Ser.* 342, 85-90.

力石ほか (2007) *Radioisotopes* 56, 436-477.