

BBG005-12

会場: 301B

時間: 5月23日14:10-14:25

新しい微生物ドメインレベル識別・定量法の可能性

Domain-level diagnosis and quantification of prokaryotic cell and abundance in extant microbial communities

高井 研^{1*}, 伊規須 素子³, 西澤 学¹, 布浦 拓郎², 平井美穂², 金子 雅紀⁵, 奈良岡 浩⁵,
上野 雄一郎⁴, 磯崎 行雄³

Ken Takai^{1*}, Motoko Igisu³, Manabu Nishizawa¹, Takuro Nunoura², Miho Hirai²,
Masanori Kaneko⁵, Hiroshi Naraoka⁵, Yuichiro Ueno⁴, Yukio Isozaki³

¹海洋研究開発機構プレカンラボ, ²海洋研究開発機構シュガープロジェクト, ³東京大学大学院総合文化研究科,
⁴東京工業大学大学院グローバルエッジ研究院, ⁵九州大学大学院地球惑星科学専攻

¹PEL, JAMSTEC, ²SUGAR Project, JAMSTEC, ³University of Tokyo, ⁴GEI, TITEC, ⁵Kyusyu Univeristy

地球における生態系の存在様式や各々の生態系間を通じた物質循環を理解する上で、最も重要な第一歩は、生態系を構成する生物種の組成を見極めることである。ところが、相手が微生物生態系になると、この第一歩が最も困難なステップになっていると言っても過言ではない状態である。種や属レベル、あるいは機能や代謝レベルでの組成を見極めることは、ほぼ研究の最終目的と言えるほど難易度が高く、現時点では、微生物生態系における二大分類群であるアーキアとバクテリアの構成比を見極めるだけでも四苦八苦の状態である。アーキアとバクテリアのドメインレベルの定量が重要と考えられる理由は、近年、バイオマス及び機能の面からマイノリティと考えられてきたアーキアが、バクテリアを凌駕する程、地球環境において優占することがわかってきたからである。

これまでの微生物群集中のバクテリア・アーキア組成の定量は主に、(1)FISHによる細胞レベルでの顕微鏡的な同定・定量、(2)定量PCRを用いた遺伝子レベルでの分別・定量、(3)メタゲノミックアプローチによる遺伝子レベルでの分別・定量及び(4)脂質を用いた分別・定量、が行われてきた。細胞レベルで定量できるのはFISHしかないが、定量FISHは技術的に簡便とは言えず、さらに活性の低い微生物群集にはお手上げ状態であったり、適用環境の幅が狭い、という問題がある。他の3つは、細胞構成分子の定量を行うものであり、対象分子の抽出効率や定量法においてバイアスが掛かることが予想できる。このため、新しい簡便な細胞レベルでの顕微鏡的な同定・定量法の開発が望まれていた。

2009年に伊規須ら(Igisu et al., *Precambrian Res.*, 173: 19-26)は、FT-IR分光を用いた化石のバクテリア・アーキア同定法を開発した。その同定の背景になっていたのは、バクテリア・アーキア細胞の細胞膜脂質の組成の違いであった。実際の標準バクテリア・アーキア細胞のFT-IR分光シグナル(R2/3)は、確かに異なっており、化石のみならず、現世の微生物に適用できる可能性があった。そこで、昨年、伊規須らの発表にあるように、標準バクテリア・アーキア細胞を増やし、かつ抽出脂質の分光シグナル(R2/3)まで解析した。一方での微生物生態学的試料処理(化学固定及び核酸染色)の影響も調べた。本発表では、FT-IR分光シグナルを用いた現世の微生物群集中のバクテリア・アーキア組成の定量について報告する。極めて簡便であるこの方法は、FISH、定量PCR、IPL定量とほぼ同等の定量値を導いた。おそらく、FISHとの共用も可能であり、新しい現世の微生物群集中のバクテリア・アーキア組成の定量法として、大いに期待できる。

キーワード:アーキア,バクテリア,識別, FT-IR

Keywords: Archaea, Bacteria, Diagnosis, FT-IR