

OF-003

Microbial mat living library: development of a fully defined microbial mat community for microbiological research

○Everroad R. Craig¹, Lee Jackson Z.¹, DelaCalzada Donna¹, Prufert-Bebout Leslie¹, Bebout Brad M.¹

¹NASA Ames Research Center

Microbial mats played a key role in the evolution of the early Earth. The ecology of these mat systems is important; mats provide a model for exploring the relationships between ecology, evolution and biogeochemistry, and microbes likely are the form of any life found beyond Earth. Yet modern mats are complex, making it difficult to understand the role of individual taxa in the partitioning of energy and material cycling. Using intertidal marine mats in Elkhorn Slough CA, USA as the source system, we have employed a combination of molecular, bacteriological and engineering efforts to create simplified, fully-defined mat communities for microbial ecological research. Based on DNA and cDNA ITag data from the natural mats, we have cultivated bacteria consistent with at least 78 % and 84% of the identifiable DNA and cDNA reads, respectively. These isolates represent at least 9 bacterial phyla and all functional groups found in the natural mat system. Mats constructed from these components recapitulate nitrogen-fixation and hydrogen-production, with a two-order of magnitude reduction in complexity. Genomic analyses make it possible to query the system using omics approaches. These results provide a tool that can be used to inform basic ecological understanding of microbial ecosystems and offers paths towards processes such as closed-loop life support and energy production.

Key words: microbial mats, nitrogen fixation, hydrogen, cyanobacteria, microbial diversity
E-mail: craig.everroad@nasa.gov

OF-005

有害元素複合曝露に対する土壌微生物群集の応答とヒ素酸化能への影響

○片岡 剛文¹, 濱村 奈津子¹

¹愛媛大学・沿岸セ

天然鉱物や人間活動を起源とするヒ素汚染の影響はその化学形態に依存し、無機態の亜ヒ酸(AsIII)はヒ酸(AsV)と比べ、土壌中での移動性ならびに毒性が高い。AsIIIの自然酸化速度は酵素反応と比べて遅いため、微生物によるAsIII酸化反応は汚染土壌からのヒ素流出過程において重要な反応である。実際の汚染現場でヒ素は他の有害元素や重金属と混在することが多いが、複合汚染が微生物の群集組成やヒ素酸化能に及ぼす影響に関する知見は少ない。そこで本研究では、ヒ素汚染土壌を接種源とした固相連続培養系を用い、ヒ素及び同族有害元素であるアンチモン(Sb)との複合曝露による、細菌群集とヒ素酸化速度への影響を検討した。

汚染土壌を5%(w/w)含む石英砂を封入した固相カラムに0.15mMのAsIIIを通過させ、約3週間培養した。培養開始後、ヒ素酸化速度は指数関数的に増加し、約8日目には流入するAsIIIを100%酸化する定常期に達した。Sb複合曝露の影響は添加したSb化学形態に依存し、SbV<Sb2O3(酸化物)<SbIII(酒石酸カリウム塩)の順でヒ素酸化効率の阻害が確認された。細菌群集を調べたところ、SbIII添加後に16S rDNAによるDGGEパターンの変化とともに、ヒ素酸化酵素遺伝子の発現量増加と発現する遺伝子型の変遷が検出された。同カラムより99株のヒ素酸化細菌を単離したところ、8株のみがSb存在下でヒ素酸化能を示した。以上より、Sbによる複合汚染下ではヒ素酸化機能を発現している細菌群集が変化することで酸化活性が低下した可能性が考えられる。

Key words: Combined contamination, Arsenic, Antimony, Arsenite oxidase gene (Aio), Solid-phase continuous culturing

OF-004

抗生物質によるヒ素酸化細菌群の変化

○山村 茂樹¹、渡邊 圭司²、須田 亙³、坪井 隼¹、渡邊 未来¹

¹国環研、²埼玉県・環境国セ、³東大院・新領域

ヒ素を含めた金属に耐性を持つ細菌は、抗生物質に対する耐性も同時に有することが知られている。従って、抗生物質の水環境中への流入には、ヒ素耐性細菌の優先化を間接的に促し、ヒ素の環境動態を大きく変化させる恐れがある。本研究では、好気条件下におけるヒ素の酸化・還元及ぼす各種抗生物質の影響を個別の培養試験により調べるとともに、亜ヒ酸酸化細菌群の変遷を解析した。抗生物質を加えていない対照系では、実験開始2日目には底泥微生物群によってほぼ全てのヒ酸が還元されていた。その後、4日目には、ヒ酸濃度が増加へと転じ、亜ヒ酸の酸化が起きていることが確認された。抗生物質を加えた実験系においても、ヒ酸の還元は全ての系で認められた。一方で、一部の抗生物質を添加した系では、その後の亜ヒ酸酸化の開始に遅れが生じ、なかでもクロラムフェニコール(CP)によって強く阻害される結果となった。16S rRNA遺伝子のクローン解析から、CPを添加した実験系では、プロテオバクテリアの大幅な減少が確認された。また、同実験系では、亜ヒ酸酸化遺伝子(*aioA*)もほとんど検出されなかった。その他の抗生物質系では、*aioA*のクローンが得られ、全てがプロテオバクテリアに分類されたが、対照系と比べて多様性が減少していた。以上の結果から、自然環境中の亜ヒ酸酸化には、プロテオバクテリアが大きく関わっており、ある種の抗生物質によってその活動が阻害されると酸化・還元のバランスが崩れる可能性が示唆された。

Key words: Antibiotics, Arsenate reduction, Arsenite oxidation, co-resistance

OF-006

(講演取り消し)