

研究成果報告書

(国立情報学研究所の民間助成研究成果概要データベース・登録原稿)

研究テーマ (和文) AB		乾燥地の拡大にともなう微生物の長距離移動に関する分子微生物生態学的研究			
研究テーマ (欧文) AZ		Molecular microbial ecological study on long distance movement of bacteria from arid regions			
研究氏 代表 名 者	カカナ CC	姓)ヤマグチ	名)ノブヤス	研究期間 B	2008 ~ 2010 年
	漢字 CB	山口	進康	報告年度 YR	2010 年
	ローマ字 CZ	Yamaguchi	Nobuyasu	研究機関名	大阪大学
研究代表者 CD 所属機関・職名		大阪大学大学院薬学研究科・准教授			
概要 EA (600字~800字程度にまとめてください。)					
<p>黄砂は中国やモンゴルの乾燥地で舞い上がった砂塵が大陸を移動し、東アジアに到達する現象である。日本では「春霞」として季節の風物詩として捉えられることもある。しかしながら、中国では「砂塵暴」と呼ばれる自然災害であり、大量の砂塵の移動が農作物の被害、野外活動における障害や疾患などの原因となっている。日本への黄砂の飛来量は、毎年 100 万トン以上であると推測されており、その環境や健康に対する影響の解明が大きな課題となっている。</p> <p>黄砂は直径数~十数マイクロメートルのシルトであり、微生物のキャリアーになり得ると考えられる。黄砂とともに大量の微生物が飛来する場合、その量や属種を明らかにし、環境や健康に対する影響を考察しなければならない。そこで定量的 PCR 法や変性剤濃度勾配ゲル電気泳動(DGGE)法、末端標識制限酵素断片多型分析(T-RFLP)法等を用いて、黄砂発生源土壌および黄砂に存在する細菌の現存量や多様性を明らかにした。</p> <p>まず、黄砂発生源地域である黄土高原4地点の土壌中に生息する細菌の現存量を確認するとともに、細菌の 16S rRNA の配列を指標としてその多様性を評価した。その結果、一般的な土壌環境に比べて細菌の多様性は低く、貧栄養環境に多く生息する alphaproteobacteria が4地点に共通して存在することがわかった。</p> <p>次に、黄砂に細菌が付着し移動していることを実証するために、中国・北京で採取した黄砂から細菌の DNA を抽出し、16S rRNA 遺伝子を対象として細菌現存量の測定および系統分類を行った。その結果、黄砂 1g あたりに細菌の 16S rRNA 遺伝子が 10^7 から 10^9 コピー存在することを明らかにし、本結果から黄砂発生時の北京には ひと月・1 km² あたり 10^{13} の細菌が飛来すると推測された。また DGGE および T-RFLP 解析の結果から、黄砂には発生源地域の土壌に存在する細菌と同属の細菌が付着していることがわかった。</p> <p>今回得られた結果は、黄砂によって細菌が長距離を移動している可能性を示すものであり、今後継続的に調査を行うことにより、黄砂現象の環境や健康への影響を客観的かつ普遍的に評価するための重要な情報を得ることが可能となる。</p>					
キーワード FA	黄砂	微生物	長距離移動	細菌群集構造	

(以下は記入しないでください。)

助成財団コード TA					研究課題番号 AA								
研究機関番号 AC					シート番号								

発表文献（この研究を発表した雑誌・図書について記入してください。）									
雑誌	論文標題 ^{GB}	Soil microbial community structure in an Asian dust source region (Loess Plateau)							
	著者名 ^{GA}	Kenzaka T., et al.	雑誌名 ^{GC}	Microbes and Environments					
	ページ ^{GF}	53~57	発行年 ^{GE}	2	0	1	0	巻号 ^{GD}	25
雑誌	論文標題 ^{GB}	Similarity of bacterial community structure between Asian dust and its source region determined by rRNA gene-targeted approaches							
	著者名 ^{GA}	Nishimura Y., et al.	雑誌名 ^{GC}	Microbes and Environments					
	ページ ^{GF}	22~27	発行年 ^{GE}	2	0	1	0	巻号 ^{GD}	25
雑誌	論文標題 ^{GB}								
	著者名 ^{GA}		雑誌名 ^{GC}						
	ページ ^{GF}	~	発行年 ^{GE}					巻号 ^{GD}	
図書	著者名 ^{HA}								
	書名 ^{HC}								
	出版者 ^{HB}		発行年 ^{HD}					総ページ ^{HE}	
図書	著者名 ^{HA}								
	書名 ^{HC}								
	出版者 ^{HB}		発行年 ^{HD}					総ページ ^{HE}	

欧文概要 EZ

“Asian Dust” is a transportation of a large amount of soil particles originated from arid regions in China and Mongolia such as Taklamakan desert, Gobi desert and Loess plateau, and these particles are transported to East Asia (Eastern China, Korea and Japan) by the prevailing westerly winds. Large-scale “Asian Dust event” is considered a disaster in China. Even in Japan, about 5000 km away from dust source regions, more than one million tons of dust particles are estimated to fall on ground per year. One of the biggest public concerns on Asian Dust is whether Asian Dust particles are harmful or not: “Can they be carrying any pathogenic microbes?” We did not have enough scientific evidence and started the research on the soil bacteria in the major dust source soils.

The bacterial community structure in four arid regions on the Loess plateau, China, a source of Asian dust, was investigated using a 16S rRNA gene. Denaturing gradient gel electrophoresis and sequencing demonstrated that community diversity in the Loess plateau was low, and a common *Alphaproteobacteria* phylotype was identified. Phylogenetic analyses of arid soils revealed that most phylotypes had low similarity with known strains in various phyla, suggesting that these regions contain phylogenetically divergent bacteria.

As the next stage to demonstrate the long distance movement of bacteria by Asian Dust event, bacterial community structures in Asian dust collected at Beijing were investigated using the 16S rRNA gene sequence and compared to those in arid soil, a possible source of the dust. Asian dust samples contained 10^7 to 10^9 copies of the 16S rRNA gene gram^{-1} . Therefore, more than 10^{13} bacterial cells $(\text{km})^{-2}$ per month were estimated to arrive in Beijing via Asian dust.

Our scientific findings will surely become important knowledge of “Global travel” of microbes by the collaboration/comparison with researches on “Sahara Dust” originating from Sahara desert. These findings will become the scientific basis that leads to the proper estimation of the impact of dust particles carried by atmospheric movement on our health, environment and ecosystem.