

環境とバイオテクノロジー
2022 年度採択研究代表者

2022 年度
年次報告書

鈴木 研志

東京大学 大学院農学生命科学研究科
特任助教

複合微生物群における種多様性と機能的頑健性

研究成果の概要

本研究の目的は複合微生物群のデザイン・制御を実現することであり、そのためにサブ群集あるいは1細胞レベルでの繋がりを代謝物の授受から解析し、微生物群の形成・維持と機能的安定化機構の解明を目指した。その為にまず、個体群内でフェノール分解プロセスを分担しつつ代謝ネットワークを形成することで機能維持することが予測されている *Comamonas thiooxydans* R2 株を用いて、細胞間で授受される代謝物の検出を試みた。R2 株を培養した培養上清を用いて再度 R2 株を培養し、その前後で増減する代謝物を検出した結果、少なくとも 51 種の代謝物が消失し、34 種の代謝物が新規に検出された。特に分子量 278.18809 で化学式が $C_{17}H_{26}O_3$ と予測された代謝物の減少が顕著であった。そこで今後は上記の計 85 種の代謝物に注目しつつ、代謝ネットワーク構造の解析を進める。その為には、細胞間の代謝のつながりを正確に解析する必要がある。そこで本研究では、マイクロ流路で細胞の空間分布を維持したまま R2 株を培養し細胞レベルでの代謝状態を解析するが、まず、フェノール分解細胞とそれ以外を識別する為に GFP 導入株の作成を実施した。変異株の選抜を進めているが、使用した抗生物質に対して自然耐性を獲得する問題が発生したため、使用する抗生物質を再検討しつつ GFP 導入株の作成を進めている。マイクロ流路で1細胞レベルの解析を実施するには流路のデザインが極めて重要である。研究開始当初は単純な一方向の流路を検討していたが、細胞を培養するチャンバーを2つの流路で挟む流路や、出口に細胞をある程度止めるような構造を持つ流路を設計し構築を始めている。本研究は次段階として、複合微生物群を用いた代謝ネットワーク解析を行う。その為に、フェノールで集積した複合微生物群の詳細な解析を進めた結果、代謝物に依存した増殖をする細菌の単離および同定に成功した。現在、マイクロ流路内での細胞識別を目指し、FISH 法による染色を試みている。