

「ルーメン微生物生態系の解析手法の開発とルーメン発酵制御系の検出」

農業・食品産業技術総合研究機構 畜産草地研究所 三森眞琴

ルーメン細菌の16S-23S rDNA internal spacer region (ISR) を標的としたリアルタイムPCR法により、ルーメン微生物生態系を簡便に群別解析する手法が確立した。また、ペプチド (AIP) を情報伝達物質とする細胞密度依存的遺伝子発現制御系 (quorum sensing) をルーメン微生物生態系で探索する過程において、クエン酸やリンゴ酸などに反応する二成分制御系の存在が明らかになり、ルーメン細菌の代謝調節機構の一端が明らかにされた。

[研究の背景・ねらい]

消化管内微生物生態系は多種多様な微生物が生息する複雑な生態系である。このため、消化管内微生物生態系の人為的な制御は困難であると考えられている。そこで消化管内微生物 (特にルーメン微生物) 間の相互作用と影響因子を解明することにより、消化管内微生物生態系を人為的に変動させることを目的とし、ルーメン微生物生態系の情報伝達ネットワークの解明と機能解析を試みた。

[研究の成果]

1) ルーメン細菌から得られたISR領域のDNA配列より特異性の高い4種類のプライマーセットを設計した。これらのプライマーセットを用いるリアルタイムPCRによりルーメン細菌の定量的群別解析が可能になった。

2) AIPのセンサータンパク質であるAgrCの遺伝子と類似のDNA断片を検出するためのPCRを実施したところ、histidine protein kinase (HPK) をコードする2つのDNA断片がルーメン微生物生態系から得られた。これらのHPKはクエン酸やリンゴ酸などに反応する二成分制御系のセンサータンパク質であることが明らかとなり、ある種のルーメン細菌は環境中のクエン酸やリンゴ酸に反応して、その代謝経路を調整していると推定された。クエン酸やリンゴ酸は地球温暖化ガスであるメタンのルーメン内生成を抑制する効果があり (図)、この分野での応用が期待される。また、ルーメンプロトゾアからquorum sensingに関与する*luxS*遺伝子が検出されたことから、ルーメンプロトゾアにもquorum sensingによる代謝制御機構が存在することが示唆された。

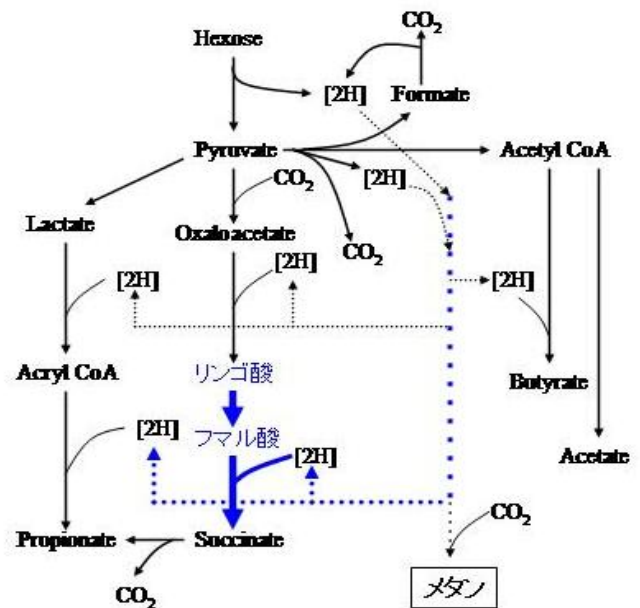


図 ルーメン内のメタン生成経路
リンゴ酸とフマル酸(青字)の代謝量を増加させるとメタン生成量が減少すると推定される。

「形態・生理」 課題名：ルーメン微生物生態系制御のためのホモセリンラクトン類の作用機作の解明

問い合わせ先：畜産草地研究所分子栄養研究チーム

(E-mail: <https://form.affrc.go.jp/nilgs-naro/inquiry/form.html>)

主な発表論文、特許等： Ricard, G. et al. (2006) Horizontal Gene Transfer from Bacteria to rumen Ciliates indicates adaptation to their anaerobic carbohydrates rich environment. BMC Genomics, 7:22; Mitsumori, M. and Sun, W. (2007) Control of Rumen Microbial Fermentation for Mitigating Methane Emissions from the Rumen. Asian-Aust. J. Anim. Sci. 21: 144-154.