

講演番号：4E071

発表日時：3月7日 13:15~14:15、発表場所：ポスター発表会場エリア E

オカダンゴムシの腸内細菌が真菌を抑制する

Intestinal bacteria of *Armadillidium vulgare* inhibits fungi

○片岡 柁人<sup>1</sup>、永久保 利紀<sup>2,3</sup>、野村 暢彦<sup>2,3</sup>、上野 誠<sup>4</sup>、豊福 雅典<sup>2,3</sup> (1筑波大・生物、2筑波大・生命環境系、3筑波大・MiCS、4島根大・生物資源)

○Masahito KATOKA<sup>1</sup>, Toshiki Nagakubo<sup>2,3</sup>, Nobuhiko Nomura<sup>2,3</sup>, Makoto Ueno<sup>4</sup>, Masanori Toyofuku<sup>2,3</sup> (1Col. Biol. Sci., Univ. Tsukuba, 2Fac. Life Environ. Sci., Univ. Tsukuba, 3MiCS, Univ. Tsukuba, 4Fac. Life Environ. Sci., Shimane Univ.)

土壤中に生息するオカダンゴムシ(*Armadillidium vulgare*)は、動植物の枯死体を食べて分解・排出することで、土壤への炭素供給に大きな影響をもたらす。またこのような生息環境や食性から、多くの微生物と相互作用していると考えられている。当グループではオカダンゴムシの糞便から、真菌の生育を抑制する細菌 *Brevibacterium sediminis* H4 株を単離した。同一シャーレ内で本細菌と真菌を隔離培養した際にも真菌の生育抑制がみられたことから、揮発性の抗真菌物質を産生していることが示された。ガスクロマトグラフィー質量分析によって、本細菌の培養ヘッドスペースから dimethyldisulfide (DMDS) が検出され、DMDS の標品においても抗真菌活性が確認された。これらのことから、H4 株が産生する揮発性抗真菌物質のひとつとして DMDS が同定された。また *Brevibacterium* 属特異的プライマーを用いた PCR および定量 PCR によって、調査したほとんどのオカダンゴムシ個体の糞便および後腸から同属細菌が検出された。このことから、本属の細菌はオカダンゴムシにおいて一般的に存在する腸内細菌であることが示唆された。本研究の成果は、揮発性物質が関与する細菌・真菌・動物の新たな相互作用モデルの提案につながる可能性がある。

*Armadillidium vulgare*, which is a soil animal has a significant impact on the soil nutrition by feeding on dead plant and animal matter and expelling the decomposed matter. Hence, *A. vulgare* may interact with microorganisms due to their habitats, which is poorly understood. Our group isolated a bacterium *Brevibacterium sediminis* H4 from the feces of the *A. vulgare*, which inhibits the growth of fungi. This bacterium inhibited fungi growth even when it was inoculated in another medium from where fungi was grown, indicating that it produces a volatile antifungal substance. Gas chromatography-mass spectrometry detected dimethyldisulfide (DMDS) in the culture headspace of this bacterium, and anti-fungal activity was confirmed by chemically synthesized DMDS. These results identified DMDS as one of the volatile antifungal substances produced by strain H4. PCR and qPCR using *Brevibacterium*-specific primers detected the genus in the feces and hindgut of most of the individual *A. vulgare* examined suggesting that this bacterium is a common intestinal bacterium in *A. vulgare*. The results of this study may lead to a new model for interactions among bacteria, fungi, and animals involving volatile substances.

bacteria, volatile, antifungi