

Phylogenetic Analysis of Atmospheric Microbial Communities Transported by Asian Dust (Kosa) Events

| | |
|-------|---|
| メタデータ | 言語: eng 出版者: 公開日: 2017-10-05 キーワード (Ja): キーワード (En): 作成者: メールアドレス: 所属: |
| URL | http://hdl.handle.net/2297/43845 |

This work is licensed under a Creative Commons Attribution-NonCommercial-ShareAlike 3.0 International License.



Abstract

Airborne microorganisms (bioaerosol) from the Chinese desert region, which are released into the atmosphere, disperse by the Asian dust event and affect ecosystems, human life, atmospheric processes and ice-cloud formation in downwind areas. However, the dynamics of airborne bacterial abundance and compositions have rarely been investigated in Asian dust source region and downwind areas during dust events. In the first segment of the study, air samplings were sequentially performed in the Asian dust arrival area (Kanazawa city, Japan) during a dust event. The airborne bacterial communities in dusty atmosphere significantly differed from those in the non-dust period and dominated by terrestrial bacteria such as *Bacillus* species.

Next the bacterial communities in air samples and sand samples of the Asian dust source region (Taklamakan desert) were analyzed using a clone library technique. Air samples were mainly composed of the members of *Firmicutes* and *Proteobacteria* and the proportion of *Proteobacteria* sequences decreased during a dust event, whereas that of *Firmicutes* clones increased correspondingly. *Bacillus* species was predominant in both sand and air samples. These results suggested that the transports of bioaerosols from dune sand to atmosphere.

Finally, for more comprehensive understanding in vertical mixture of airborne microbial to high altitudes over Asian dust source, the air samples collected at altitudes of 800 m and 10 m over Taklamakan desert were analyzed using pyrosequencing targeting bacterial 16S rDNA and fungal Internal Transcribed Spacer (ITS) regions. High diverse of microorganisms were detected

from the samples of 10 m. while some populations of bacteria (*Bacilli* and *Gamma-proteobacteria*) and fungi (*Cladosporium* species) were found to suspend at the high altitude of 800 m. Dust events over Taklamakan desert are thought to carry fungal populations as well as bacterial populations. The dominated levels of fungal populations were higher than those of bacterial populations, suggesting that the most fungal cells would be hardly transported to higher altitudes.

The wind conditions over desert area would contribute to vertical mixture of some microbial populations from dune sand to atmosphere and the bacterial population that maintain their viabilities increased in atmosphere in downwind areas.

学位論文審査報告書（甲）

1. 学位論文題目（外国語の場合は和訳を付けること。）

Phylogenetic analysis of atmospheric microbial communities transported by Asian dust (Kosa) events（黄砂によって風送される大気微生物群集の分子系統解析に関する研究）

2. 論文提出者 (1) 所 属 物質科学 専攻
(2) 氏 名 Findya Puspitasari

3. 審査結果の要旨（600～650 字）

提出学位論文について、各審査委員が個別に審査した後、平成 27 年 7 月 17 日に予備審査会を実施し、平成 27 年 8 月 4 日に行われた口頭発表会に引き続き、同日に審査委員会を開催し、次のように判定した。

年々砂漠化が進行する中国大陸では、砂漠地帯で舞い上がる鉱物粒子が増え、アジア一円での黄砂現象が大規模化しつつある。近年、鉱物粒子のみならず、カビや細菌などの微生物（バイオエアロゾル）も風送されることが判り、そのヒト健康や気候動態への影響に関心が集まりつつある。本研究では、黄砂発生源である中国砂漠地帯（タクラマカン砂漠；敦煌）、および黄砂現象がみられた能登半島（金沢）において、エアロゾル試料を採取する大気観測調査を実施し、試料に含まれる微生物の群集構造を、リボソーマル DNA を標的とした超並列シーケンサー解析およびクローン・ライブラリー法を用いて分析した。その結果、砂漠から大気への微生物の舞い上がりを実証するとともに、砂漠地帯から日本へ越境輸送される微生物群を特定した。また、DNA 染色法を用いた蛍光顕微鏡観察によってバイオエアロゾルの大気粒子密度を計数可能とし、砂塵発生時の敦煌および黄砂飛来時の金沢では、大気中の微生物が通常の 10 倍から 100 倍に増大する現象を突き止めた。以上の研究成果は、黄砂現象による微生物の長距離輸送メカニズムを理解するための有用な知見を提供するものであり、博士（学術）の学位に値するものと判断した。

4. 審査結果 (1) 判 定（いずれかに○印） 合 格 ・ 不合格
(2) 授与学位 博 士（学術）