

底生有孔虫にみられる盗葉緑体の獲得機構とその機能 Putative functions of kleptoplast in *Planoglabratella opercularis* (foraminifera)

土屋 正史^{1*}, 宮脇 省次², 力石 嘉人¹, 小栗 一将¹, 多米 晃裕³, 植松 勝之³, 三宅 裕志², 丸山 正¹, 大河内 直彦¹
Masashi Tsuchiya^{1*}, Seiji Miyawaki², Yoshito Chikaraishi¹, Kazumasa Oguri¹, Akihiro Tame³, Katsuyuki Uematsu³, Hiroshi Miyake², Tadashi Maruyama¹, Naohiko Ohkouchi¹

¹ 独立行政法人海洋研究開発機構 海洋・極限環境生物圏領域, ² 北里大学大学院水産学研究所, ³ 株式会社マリン・ワーク・ジャパン

¹Japan Agency for Marine-Earth Science and Technology, ²Kitasato University, ³Marine Works Japan Ltd.

宿主-共生系は、生物の多様性を生み出す要因のひとつであり、多様な共生様式を持つ有孔虫進化のドライビングフォースとなる。有孔虫類には、多様な藻類を藻類のまま共生させる種がいる一方で、盗葉緑体と呼ばれる特殊な共生様式を持つ種が存在する。盗葉緑体とは、従属栄養生物が外来性の藻類の葉緑体だけを細胞内に保持する現象で、宿主は、横取りした葉緑体をあたかも自分のオルガネラであるかのように利用する。有孔虫にみられる共生藻類のさまざまな存在形態は、宿主の依存度や機能・役割に変化をもたらす。

有孔虫類の共生藻類には、おもに2つの役割があると考えられている。1つは、グルコースやアミノ酸といった光合成産物の産生であり、宿主の生存と成長を助ける。もう1つは、炭酸カルシウム殻の形成に関与すると言うものである。本研究では、細胞内に盗葉緑体を共生させる石灰質底生有孔虫 *Planoglabratella opercularis* について、盗葉緑体現象の理解(盗葉緑体の獲得と維持)・背景(盗葉緑体遺伝子の役割と進化)・機能(資源の利用形態)・役割(光合成と石灰化への寄与)から読み解き、共生による有孔虫の多様化メカニズムの解明を目的に研究を行っており、本発表では、特に、盗葉緑体現象の理解と機能について、アミノ酸窒素同位体比分析に基づく栄養段階推定、超微細構造観察、微小酸素電極の測定から、宿主による盗葉緑体への依存度と役割を推測した。

アミノ酸窒素同位体比に基づく栄養段階推定の結果、*P. opercularis* の栄養段階は、天然の個体で1.2となり、光合成によって得られたアミノ酸を、ほぼ100%利用していることが示唆された。一方、異なる季節に採取した天然の個体では、栄養段階が1.9となり、捕食者の値を示す。

培養実験および透過型電子顕微鏡による細胞内の超微細構造の観察では、周囲に盗葉緑体の起源生物である珪藻が存在しない場合、盗葉緑体は10日程度で消化することが明らかになったが、餌がある場合や暗環境では、盗葉緑体は10日を超えても消化されない。このように短期間しか保持できないにもかかわらず、細胞の表面付近に盗葉緑体を配置させ、酸素発生型の光合成を活発に行っていることが明らかになった。また、細胞内にはペルオキシソームが多数見られることから、盗葉緑体と宿主有孔虫細胞との密接な関係が示唆される。

これらのことから、本種の栄養依存形態が混合栄養性である可能性が高く、季節や天候、微小生息環境あるいは生息姿勢、周囲の餌の状況に応じて速やかに栄養依存形態を変化させていることが示唆される。発表では、貧酸素環境下で、光が十分に届かない環境に生息する *Virgulina fragilis* の特徴とあわせて紹介する。

キーワード: 盗葉緑体, 底生有孔虫, アミノ酸窒素同位体比, 微小酸素電極測定, 透過型電子顕微鏡

Keywords: Kleptoplast, benthic foraminifera, nitrogen isotope of amino acid, oxygen micro-sensor, transmission electron microscope

ハプト藻 *Chrysotila lamellosa* の長鎖アルケノン・アルケン組成と生育温度の関係 The effect of temperature on the composition of lipid biomarkers produced by *Chrysotila lamellosa*

中村 英人^{1*}, 沢田 健¹, 新家 弘也², 鈴木 石根², 白岩 善博²
Hideto Nakamura^{1*}, Ken Sawada¹, Hiroya Araie², Iwane Suzuki², Yoshihiro Shiraiwa²

¹北海道大学大学院理学研究院, ²筑波大学大学院生命環境科学研究科, ³JST CREST

¹Faculty of Science, Hokkaido University, ²Graduate School of Life and Environmental Science, University of Tsukuba, ³CREST, Japan Science and Technology Agency (JST)

世界各地の湖(特に塩湖)の堆積物からアルケノンの検出が相次ぎ、陸域の古水温指標として検討されている。現場のアルケノン組成と温度データから求められたアルケノン不飽和度($U^{K'}_{37}$, $U^{K'}_{37}$)-水温関係式は、海洋で一般的に用いられる式(Prahl and Wakeham, 1987)とは大きく異なり、中国・ヨーロッパ・北米といった地域間での差異も見られる(Zink et al., 2001; Chu et al., 2005; Toney et al., 2010)。湖のアルケノン組成は4不飽和アルケノンが多く、一部の湖からは*Chrysotila lamellosa*が単離されることから、湖におけるアルケノン生産者として*C. lamellosa*が重要な種であると考えられている。最近になって分子系統解析(Theroux et al., 2010)から、アルケノンが検出される湖において実際に*C. lamellosa*や*Isochrysis galbana*に近縁なハプト藻が生育していることが報告されている。しかしながら、単離された*C. lamellosa*の培養株を用いて体系的に水温と脂質組成の関係を報告した例は少なく、Rontani et al. (2004)でフランス沿岸で採取された株の10, 20 °C条件における脂質組成が、Sun et al. (2007)では中国内陸の塩湖Xiarinur湖から単離された株でアルケノン不飽和度-水温換算式が報告されているのみにとどまる。このため、湖における式の多様性を与える要因については十分に理解されていない。本研究では、*C. lamellosa*の生育温度に対する脂質組成の変化を明らかにし、湖の式と対比されるデータセットを与えるため、これまでに脂質組成の報告されていない*C. lamellosa*株の培養実験を行い、アルケノンおよび長鎖アルケノンの不飽和度と組成比を調べた。

海水産の底生ハプト藻*C. lamellosa*を4, 5, 10, 15, 20, 25 °Cで培養した。グラスフィルタに漉しとった藻細胞をメタノール/ジクロロメタンで超音波抽出し、シリカゲルカラムで分離した後にGCおよびGC/MSで同定・定量した。

本研究で用いた*C. lamellosa*株のアルケノン組成は、海洋のアルケノン生産者である*Emiliania huxleyi*や*Gephyrocapsa oceanica*と比較して、4不飽和アルケノン($C_{37:4}$, $C_{38:4}$)を豊富に含み、 C_{38} メチルアルケノンを持たなかった。このような組成は*C. lamellosa*に共通の特徴であると考えられている(Marlowe et al., 1984; Rontani et al., 2004; Sun et al., 2007)。また、長鎖アルケンも検出され、そのうち大半を占める C_{31} アルケノンの不飽和度も水温とよく相関した。本研究で得られた $U^{K'}_{37}$ -水温換算式は、海洋の式(Prahl & Wakeham, 1987)や中国の内陸湖の式(Chu et al., 2005)と比較して傾きと切片が小さく、ヨーロッパの湖の式(Zink et al., 2001)に近い。4不飽和アルケノンを含めた U_{K37} -水温換算式も海洋の式に対する大まかな傾向は変わらず、ヨーロッパや北米の湖の式(Toney et al., 2010)に近い領域にプロットされる。特に、Sun et al. (2007)と比較すると全ての温度で顕著に低い $U^{K'}_{37}$ 値をとることが分かった。本研究の結果から、*C. lamellosa*の生育条件に対する生理学的応答には顕著な種内多様性が存在し、これが各地の湖における水温換算式の多様性に寄与している可能性を指摘する。

[References]

- Chu et al., 2005. Geochim. Cosmochim. Acta 69, 4985-5003.
Conte et al., 1998. Geochim. Cosmochim. Acta 62, 51-68.
Marlowe et al., 1984. Br. Phycol. J. 19, 203-216.
Prahl and Wakeham, 1987. Nature 330, 367-369.
Rontani et al., 2004. Phytochemistry 65, 117-126.
Sun et al., 2007. Org. Geochem. 38, 1226-1234.
Theroux et al., 2010. Earth Planet. Sci. Lett. 300, 311-320.
Toney et al., 2010. Geochim. Cosmochim. Acta 74, 1563-1578.
Zink et al., 2001. Geochim. Cosmochim. Acta 65, 253-265.

キーワード: アルケノン, ハプト藻, クリソティラ, アルケン, 古水温指標

Keywords: Alkenone, Alkene, Haptophyte, *Chrysotila lamellosa*, $U^{K'}_{37}$, U_{K37}

水月湖の酸化還元境界層における緑色硫黄細菌の生態学的役割 The ecological role of green sulfur bacteria in the chemocline of Lake Suigetsu

森 裕美^{1*}, 近藤 竜二¹
Yumi Mori^{1*}, Ryuji Kondo¹

¹ 福井県立大学 海洋生物資源学部

¹Department of Marine bioscience Fukui Prefectural University

光合成硫黄細菌は、紅色硫黄細菌と緑色硫黄細菌で構成され、還元型硫黄化合物を電子供与体として用いて酸素非発生源型の光合成を行う偏性嫌気性細菌である。光合成硫黄細菌は、部分循環湖の酸化還元境界層などの嫌氣的で還元型硫黄化合物が存在し、かつ光が届く環境でブルームを形成する。光合成硫黄細菌の生態調査と生理学的機能から、嫌氣的な有光層における炭酸固定の大部分は、光合成硫黄細菌が担っていると考えられてきた。しかしながら、その直接的な証拠は得られておらず、環境中の炭酸固定への光合成硫黄細菌による寄与は、推測の域を脱していないのが現状である。福井県に存在する水月湖は、典型的な部分循環湖である。分子生物学的手法や色素解析を用いた研究から、水月湖の酸化還元境界層には*Chlorobium*属や*Prosthecochloris*属の緑色硫黄細菌が一年を通して優占することが報告されている。そこで、本研究では、水月湖を研究フィールドとして、光合成硫黄細菌の炭酸固定への寄与を評価した。

夏季と冬季に酸化還元境界層から採水し、嫌気培養瓶に試水を分注後、炭素安定同位体 (¹³C) でラベルされた炭酸水素ナトリウムを添加し、明条件と暗条件で培養した。数日間培養した後、孔径 0.2 μm のヌクレオフィルフィルターで細菌画分をろ過捕集し、DNA を抽出した。密度勾配遠心分離によって ¹²C-DNA 画分と ¹³C-DNA 画分を分離し、¹³C-DNA 画分の 16S rDNA のクローニングを行い、炭酸固定を行った細菌群集組成を明らかにした。また、試水を嫌気培養瓶に分注後、炭素放射性同位体でラベルされた炭酸水素ナトリウムを添加した。環境中の光量子量と同じ光条件 (明条件) と暗条件で一定時間培養後、サンプルを少量抜き取り GF75 フィルターで細菌画分をろ過捕集し、細菌に同化された放射能を測定し、炭酸固定速度を算出した。光合成活性は、明条件で培養したサンプルの炭酸固定速度から暗条件の炭酸固定速度を差し引いた値とし、化学合成活性は、暗条件で培養したサンプルの炭酸固定速度とした。

酸化還元境界層の炭酸固定活性は、両季節とも約 80% を化学合成が占め、酸化還元境界層の炭酸固定の大部分は化学合成によって行われていることが明らかとなった。SIP 法を用いた 16S rDNA のクローン解析では、試水を暗条件で培養した場合、夏季では硫黄還元化学合成細菌の *Thioreductor* 属に近縁なクローンが、冬季では硫黄酸化化学合成細菌の *Thiomicrospira* 属に近縁なクローンが検出された。これらは、酸化還元境界層に存在する硫黄化合物を利用して化学合成独立栄養的に増殖したと考えられ、化学合成細菌が酸化還元境界層の高い化学合成活性を担っていると推測される。一方、明条件で培養した場合、両季節とも *Chlorobium* 属に近縁なクローンが検出されたことから、水月湖の酸化還元境界層では、優占種である *Chlorobium* 属の緑色硫黄細菌が、季節に関わらず、光合成によって炭酸固定を行っていることが示された。また、冬季の試水を明条件で培養した場合、硫黄不均化細菌の *Desulfocapsa sulfoexigens* に近縁なクローンが最も多く検出された。*D. sulfoexigens* は、硫黄を不均化して独立栄養的に増殖する嫌気性細菌であり、光を必要としないにもかかわらず、明条件で培養したサンプルのみから検出された。同じサンプルから、緑色硫黄細菌も多く検出されている。緑色硫黄細菌は硫化物酸化過程で硫黄を菌体外に蓄積することから、*D. sulfoexigens* は共存する緑色硫黄細菌が蓄積した硫黄を不均化して独立栄養的に増殖したのではないかと考えられる。

本研究によって、水月湖の酸化還元境界層では、優占する緑色硫黄細菌が光合成によって炭酸固定を行っているという直接証拠を得ることができた。また、化学合成独立栄養細菌が化学合成によって炭酸固定を行っており、その寄与は光合成よりも大きいことが明らかになった。緑色硫黄細菌は、光合成による一次生産の機能を担っているだけでなく、硫黄不均化細菌などの他の化学合成独立栄養細菌にエネルギーを供給するという、新たな生態学的役割を担っている可能性が示された。

キーワード: 部分循環湖, 炭酸固定, 緑色硫黄細菌, SIP 法

Keywords: meromictic lake, CO₂ fixation, green sulfur bacteria, stable isotoping method

パルマ藻培養試料におけるステロイド分析：パルマ藻バイオマーカーの探索 Steroid analysis in culture samples of Parmales: Search for Parmales biomarker

加納 千紗都¹, 沢田 健^{1*}, 桑田 晃², 吉川 伸哉³, 一宮 睦雄⁴

Chisato Kanou¹, Ken Sawada^{1*}, Akira Kuwata², Shinya Yoshikawa³, Mutsuo Ichinomiya⁴

¹北海道大学大学院理学院, ²東北区水産研究所, ³福井県立大学, ⁴熊本県立大学

¹Faculty of Science, Hokkaido University, ²Tohoku National Fisheries Res. Inst., ³Fukui Prefectural University, ⁴Prefectural University of Kumamoto

パルマ藻は珪質の殻をもつピコプランクトンであり、新生代の海洋における重要な基礎生産者である珪藻と密接な関係をもつことが推測されている。パルマ藻の珪質殻化石の研究例はまったく報告されていない。珪藻の珪質殻の化石は堆積岩に残されているが、それでも堆積後の続成作用によって溶解し失われることが多い。微小なパルマ藻の珪質殻は、堆積岩中に残らず出現時期の推定や生産性変動の復元がほぼ不可能であると考えてよい。そこで演者らは、パルマ藻のバイオマーカーを明らかにして、それを分子化石として利用して進化過程や生産性変動を解明しようと研究を進めている。本研究では、このパルマ藻の脂質バイオマーカー、とくにステロイドに着目してその組成や濃度を検討し、分類における多様性を明らかにする。

私たちは、パルマ藻の3つの培養株 *Triparma laevis*, *Triparma laevis f. longispina*, *Triparma strigata* を用いて固有の脂質バイオマーカー成分の検出を行った。試料をメタノール/ジクロロメタンで抽出し、シリカゲルカラムクロマトグラフィーで分画した。極性画分はBSTFAでシリル化した後にGC/MSで測定した(Sawada and Shiraiwa, 2004, Phytochem. 65, 1299)。その結果、パルマ藻バイオマーカーとして、 $C_{21:6}$ n-アルケンや、 $C_{20:5}$ 、 $C_{22:6}$ 脂肪酸、 $C_{27-C_{29}}$ ステロイドを同定した。これらは珪藻の培養株の研究においても検出例のある化合物である(例えば、Rampen et al., 2010, Limnol. Oceanogr. 55, 91)。とくにステロールにおいては C_{29} -シトステロールが圧倒的に卓越し、珪藻との関連が興味深い。しかし、*T. strigata*においては C_{29} ステロールよりも C_{28} ステロールがより多量である。この結果は*Triparma*属の中でステロール組成が種間で多様であることを示している。加えて、未同定の高分子量の極性脂質が複数検出されていて、これらが独特の*Triparma*バイオマーカーとしての潜在性があるかもしれない。

キーワード: パルマ藻, バイオマーカー, 培養, ステロイド, 珪藻進化, 化学分類

Keywords: Parmales, biomarker, culture, steroid, evolution of diatom, chemotaxonomy

プロティストによる捕食生物中のクロロフィル解毒代謝機構と光合成細胞内共生 Chlorophyll detoxification catabolism associated with protistan phycophagy and evolution of phototrophic symbiosis

柏山 祐一郎^{1*}, 横山 亜紀子², 民秋均³

Yuichiro Kashiya^{1*}, Akiko Yokoyama², Hitoshi Tamiaki³

¹ JST さきがけ; 立命館大学院生命科学, ² 筑波大学生命環境系, ³ 立命館大学院生命科学

¹JST PRESTO; Ritsumeikan Univ., ²Life Environ. Sci., Univ. Tsukuba, ³Grad. Sch. Life Sciences, Ritsumeikan Univ.

藻類の光合成においては、クロロフィルは光のエネルギーを化学ポテンシャルに転換する上で必要不可欠な有機分子であり、色素体内で多量に生合成・維持されている。しかし、クロロフィルは生物にとって猛毒の一重項酸素（活性酸素の一種）を発生させる高い光毒性を有するため、クロロフィルの生合成や分解代謝は、光毒性の中間生成物を蓄積することなく精密に制御されていることが被子植物やシアノバクテリアなどの研究から分かっている [1]。陸上で生産されるクロロフィルの多くは PAO 経路と呼ばれる多段階の代謝分解により無色無蛍光（従って光毒性がない）の化合物にまで植物自身によって分解されていると考えられるが、水圏環境では、微細藻類を捕食するプロティストがクロロフィルを無蛍光性でかつ光毒性を示さない¹³,¹⁷-シクロフェオフォルバドエノール（シクロエノールと略す）に分解代謝していることが報告された [2]。すなわち、様々なプロティストと藻類の二員培養株を抽出・色素分析すると、クロロフィルが減少し、シクロエノールが高濃度で蓄積する現象が観察された。さらに、プロティストのの食胞作用による藻類捕食過程を蛍光顕微鏡下で観察すると、クロロフィルの自家蛍光が消化の初期段階において速やかに消失することを確認できた。従ってシクロエノールは、光毒性であるクロロフィルのプロティストによる解毒代謝物であると結論された。

これまでにシクロエノール代謝は、ストラメノパイル-アルペオラータ-リザリア群（SAR 群）とクリプト藻-有中心粒類-テロネマ類-ハプト藻群（CCTH 群）の 2 つの真核生物のスーパーグループからの報告があるが、二次共生藻であるユーグレナ藻類を含む、エクスカバータ群全体に関する知見はなかった。そこで我々は、ユーグレナ藻類とその外群に属する微細藻類食の無色ユーグレノイドに関して、クロロフィルの代謝分解物を分析したところ、光独立栄養のユーグレナ藻類を含む全ての生物からシクロエノールが有意な量検出された。すなわち、色素体を持つユーグレナ藻類は、一部色素体が褐色で無蛍光性の顆粒状に変化した細胞において、シクロエノールの有意な蓄積が確認され、老化あるいは不要となった色素体を処分するに際してシクロエノール代謝によりクロロフィルの光毒性を無効化していることが示唆された。ユーグレナ藻類の色素体は細胞内共生した緑藻を起源とすると考えられているが、細胞内共生やそれに続くオルガネラの過程において、ホスト生物が従来は植物食の目的で有していたシクロエノール代謝の仕組みが、光毒性のクロロフィルを多量に含有する共生体（色素体）の代謝分解に転用されたと考えられる。

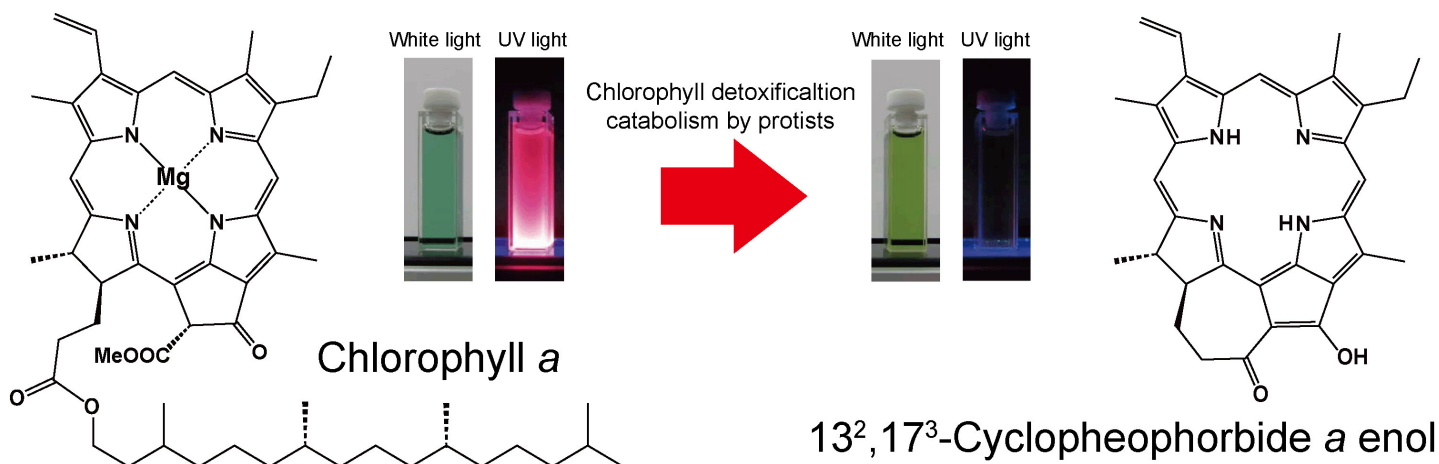
引用文献

[1] Scheer, H. Proc. Natl. Acad. Sci. USA 2012. 109, 17311.

[2] Kashiya, Y.; Yokoyama, A.; Kinoshita, Y.; Shoji, S. et al. Proc. Natl. Acad. Sci. USA 2012. 109, 17328.

キーワード: クロロフィルの光毒性, プロティスト, 光合成細胞内共生, 二次植物進化, シクロエノール

Keywords: phototoxicity of chlorophyll, protists, phototrophic symbiosis, evolution of secondary algae, cyclophorbide enol



沿岸域におけるクロロフィル誘導体と真核微生物相の時空間変動解析 Spatio-temporal relationship between chlorophyll derivatives and eukaryotic microorganisms in a coastal water.

横山 亜紀子^{1*}, 柏山 祐一郎², 守屋 繁春³, 民秋 均⁴, 井上 勲¹

Akiko Yokoyama^{1*}, Yuichiro Kashiya², Shigeharu Moriya³, Hitoshi Tamiaki⁴, Isao Inouye¹

¹ 筑波大学・生命環境系, ²JST・さきがけ, ³ 理化学研究所・基幹研究所, ⁴ 立命館大学大学院生命科学研究科

¹Fac. Life Environ. Sci., University of Tsukuba, ²JST PREST, ³ASI, RIKEN, ⁴Grad. Sch., Life Sci., Ritsumeikan University

Chl-*a*, *b*, *c*, *d*, *f*などのクロロフィルは、水圏における光合成生物（藻類）の酸素発生型光合成において重要な色素である。光合成色素組成は、クロロフィル類のほか、脂溶性のカロチノイド類、あるいは水溶性のフィコビルタンパクといった光合成補助色素も含めて、生物群ごとに異なることから、分類学的な識別形質、あるいは生態系における優占生物群の指標として広く利用されてきた。ところが近年、自然界からごく稀に報告されていたクロロフィル起源の化合物のシクロフェオフォルバイド *a* エノール (cPPB-*a*E) が、実は外洋から淡水、表層水から堆積物に至るまでの多様な環境に遍在すること、藻類を補食したプロティストの体内で産生されることがわかってきた。このことから、cPPB-*a*E を水圏に生育するプロティストの捕食活動の指標として利用可能なのではないかと考え、東京湾沿岸 1 地点 2 水深における定期採水を行い、HPLC による色素分析と、顕微鏡下での細胞計数と環境 DNA による生物定量を行い、両者の時空間的変動パターンの解析を行った。

環境サンプルから検出されたクロロフィル類は、それらを含む藻類群の変動と同期した季節変動傾向を示した。Chl-*a*量は、調査期間を通して他のクロロフィル誘導体に比べて顕著に多く、水深が浅い方で多い傾向がある。一方、cPPB-*a*E量は、Chl-*a*と同期して増減する。ただし、夏期の藻類ブルーム時期から生物量が激減しつづけた晩秋までは、水深が深い方で cPPB-*a*E 量が多いという特徴が観察された。さらに冬期には、夏期と同等量の Chl-*a*が含まれているにもかかわらず、cPPB-*a*E の含有率は低下する。これらの結果は cPPB-*a*E を産生するプロティスト量と相関することも明らかとなった。

キーワード: クロロフィル誘導体, シクロフェオフォルバイド *a* エノール, プロティスト, 藻類

Keywords: Chlorophyll derivatives, Cyclophorbide *a* enol, Protist, Algae

温泉微生物マットにおけるクロロフィル *f* の分布 Distribution of chlorophyll *f* within hot spring microbial mat

大久保 智司^{1*}, 宮下 英明¹

Satoshi Ohkubo^{1*}, Hideaki Miyashita¹

¹ 京都大学大学院 人間・環境学研究科

¹ Grad. Sch. of Human Environ. Stud., Kyoto Univ.

クロロフィル (Chl) *f* は近年新たに発見された光合成色素で、波長 700-750 nm の遠赤色光を吸収することができる。我々はこれまでに複数種の Chl *f* 産生シアノバクテリアを分離してきた。これらの分離株において、Chl *f* は遠赤色光下で培養した時のみ合成が誘導され、白色光培養ではつくられないことがわかっている。したがって、自然界において Chl *f* は遠赤色光の優占する環境に存在し、遠赤色光を利用した光合成に寄与していると考えられた。そのような環境として、本研究では微生物マットに注目した。シアノバクテリアなどの微生物がマットを形成した場合、波長 400-700 nm の光合成有効放射 (PAR) は表層に存在する光合成生物に吸収されるため、マット内では遠赤色光が相対的に多くなり、Chl *f* が存在していると推測された。本研究ではこの仮説を確かめるため、温泉で採取した微生物マット中の Chl *f* の垂直分布と光環境を明らかにした。

長野県および岐阜県にある 6ヶ所の温泉で、シアノバクテリアを含む微生物マットを 20 サンプル採取した。メタノール抽出と HPLC によってこれらの色素組成を分析したところ、5つのサンプルから Chl *f* が検出された。このうち長野県中房温泉の砂防ダムで採取した厚さ約 7 mm のサンプルについて、マットの付着面と平行に厚さ 0.5 mm の凍結切片を作製し、各切片の色素組成を分析した。その結果、表面から深さ 0-4.0 mm の範囲では Chl *f* は検出されなかったが、深さ 4.0-6.5 mm で検出され、その量は Chl *a* の 2-3% であった。同じサンプルについて、ファイバ式分光光度計を用いてマット内の光環境測定を行った。表面から深くなるにつれて、遠赤色光よりも PAR が先に減衰し、特に光合成生物の吸収する青色光および赤色光が大きく減衰していた。深さ 4.0 mm では、遠赤色光が表面に入射する光の数%残っていたのに対し、青色光および赤色光は 0.01% 以下まで減少していた。したがって、このマット内の深さ 4.0 mm 以深では遠赤色光が優占し Chl *f* の合成が誘導され得る光環境になっていたと考えられた。以上の結果から、微生物マットは自然環境中で Chl *f* が分布する場所の 1つであることが明らかとなった。Chl *f* 産生シアノバクテリアは、自己遮蔽や他生物との共存による光の競合を回避することができ、微生物マット内において他の光合成生物よりも深い場所での生育が可能になっていると考えられる。

キーワード: クロロフィル *f*, シアノバクテリア, 微生物マット

Keywords: chlorophyll *f*, cyanobacteria, microbial mat

琵琶湖おけるクロロフィル類とクロロフィル代謝産物の時空間変動 Spatio-temporal dynamics of chlorophylls and chlorophyll-derived catabolites in Lake Biwa

柏山 祐一郎^{1*}, 石川可奈子², 宮下 英明³
Yuichiro Kashiya^{1*}, Kanako Ishikawa², Hideaki Miyashita³

¹ JST さきがけ, ² 琵琶湖環境科学研究センター, ³ 京都大学人間・環境
¹JST PRESTO, ²LBERI, ³Human Environ., Kyoto Univ.

水圏の光合成生物(シアノバクテリアや光栄養性のプロティスト)が生産するクロロフィル類はこれら生物の重要なバイオマーカーである。特に、光合成に必須であるクロロフィルa (Chl-a)量は、水圏環境の基礎生産量を推定する指標として利用されてきている。一方、Kashiya, Yokoyama et al. (2012) [1]では、Chl-aに由来する $13^2,17\{3\}$ -シクロフェオフォルバイドaエノール(「cPPB-aE」ないし「シクロaエノール」と省略)という色素が、水圏環境に偏在することが報告された。琵琶湖湖心部においては、有光層内の水柱で7~16%、直下の底泥中では51%のChl-a誘導体がcPPB-aEであった。さらに、これまでの研究から、cPPB-aEとその相同体(総称として「シクロエノール類」)は、主に藻類を捕食したプロティストの体内で産生される二次代謝物であり、これらプロティストによるクロロフィル類の解毒代謝産物であることが示された[1]。このため、琵琶湖の水柱から検出されるシクロエノール類は、現場におけるプロティストの捕食活動の指標として捉えることが可能であると考えた。そこで、定期観測で湖心観測点N4における深度別の採水を行い、あわせて水中下方放射スペクトルの強度、水温、溶存イオン濃度などを深度別に計測し、また、採水試料各1LをGF/Fフィルターで濾過したサンプルから色素類を含む脂質成分を抽出し高速液体クロマトグラフィーを用いて定量分析を行った。本講演では、約2年間にわたる月ごとの色素組成プロファイルの変動に基づいた生物相の遷移に関して討論する。

引用文献

[1] Kashiya, Y.; Yokoyama, A.; Kinoshita, Y.; Shoji, S. et al. Proc. Natl. Acad. Sci. USA 2012. 109, 17328.

キーワード: 琵琶湖, プロティスト, シクロエノール, 藻類, マイクロbialループ
Keywords: Lake Biwa, Protists, cycloenls, algae, microbial loop