

トラバーチン堆積物に見られる微生物遷移と縞状構造：北部スマトラ島の例

Transition of microbial communities and laminated structures in travertines: a case study in northern Sumatra, Indonesia

杉原 千耶¹、*狩野 彰宏¹、柳川 勝紀¹、奥村 知世²、高島 千鶴³

Chiya Sugihara¹, *Akihiro Kano¹, Katsunori Yanagawa¹, Tomoyo Okumura², Chizuru Takashima³

1.九州大学大学院比較社会文化研究院、2.海洋研究開発機構、3.佐賀大学

1.Graduate School of Social and Cultural Studies, Kyushu University, 2.JAMSTEC, 3.Saga University

トラバーチンとは、 CO_2 と Ca^{2+} に富む温泉水から沈殿する炭酸塩堆積物である。太古代～原生代に発達したストロマトライトと類似した縞構造を持つことから、当時のモダンアナログとされている。先行研究ではシアノバクテリアとストロマトライトの関連性が強調されてきたが、これはストロマトライトが既に存在していた太古代の極めて低い酸素濃度と矛盾する。酸素を発生しない微生物群集もストロマトライトを作る可能性がある。この問題を解決するため、本研究ではインドネシア共和国スマトラ島北部のDolok Tinggi Rajaで調査を行った。ここでは、約62℃、無酸素で硫化水素と二酸化炭素に富む源泉からアラゴナイトとカルサイトで構成されるトラバーチンが長径約50mのマウンド状の地形を作る。水質分析の結果は、湧出直後の急速な二酸化炭素と硫化水素の脱ガス、溶存酸素濃度の上昇、pHと炭酸カルシウム過飽和度の上昇、流下経路での炭酸塩鉱物沈殿を示している。この水質条件の変化を反映するように、上流から下流にかけて微生物の優先種が化学合成細菌→紅色硫黄細菌→緑色非硫黄細菌→緑色硫黄細菌と遷移する。シアノバクテリアは下流部で認められるものの優先しない。遺伝子解析で検出された硫黄細菌の中には、紅色硫黄細菌*Chromatiaceae*科の様な明らかな非酸素発生型光合成細菌も認められた。おそらく、硫化水素が豊富にある環境では、水を用いる酸素発生型光合成（シアノバクテリア）よりも硫化水素を用いる非酸素発生型光合成（硫黄細菌）のほうが有利となるのだろう。微生物マットが発達している場所では、トラバーチンは縞構造を形成していることが多く、硫黄細菌でも大分県長湯温泉やジャワ島Pancuran Pituと同様の日輪組織を形成できる。したがって、太古のストロマトライトは必ずしもシアノバクテリアによって作られたものとは言えない。

キーワード：トラバーチン、硫黄細菌、ストロマトライト

Keywords: travertine, sulfur bacteria, stromatolite

日本海東縁深海堆積物におけるメタノールの生物地球化学的物質循環

Biogeochemical cycle of methanol in anoxic deep-sea sediments of the eastern Japan Sea

*柳川 勝紀¹、谷 篤史²、山本 直弥²、八久保 晶弘³、狩野 彰宏¹、松本 良⁴、鈴木 庸平⁵*Katsunori Yanagawa¹, Atsushi Tani², Naoya Yamamoto², Akihiro Hachikubo³, Akihiro Kano¹, Ryo Matsumoto⁴, Yohey Suzuki⁵

1.九州大学大学院比較社会文化研究院、2.大阪大学大学院理学研究科、3.北見工業大学 環境・エネルギー研究推進センター、4.明治大学 ガスハイドレート研究所、5.東京大学大学院理学系研究科

1.Graduate School of Social and Cultural Studies, Kyushu University, 2.Department of Earth and Space Science, Graduate School of Science, Osaka University, 3.Environmental and Energy Resources Research Center, Kitami Institute of Technology, 4.Gas Hydrate Laboratory, Meiji University, 5.Department of Earth and Planetary Science, University of Tokyo

Methanol is one of the most important carbon and energy sources in anoxic environments. However, the biological flux and lifetime of methanol in anoxic marine sediments are largely unknown. In this study, we report quantitative methanol removal rates in subsurface sediments for the first time. Methanol concentrations in pore water from Japan Sea sediments gradually increased with depth below the sulfate-methane transition zone. Based on anaerobic incubation experiments with radiotracers, high rates of microbial methanol consumption were detected in the sediments. Our experiments also showed that the methanol oxidation to CO₂ surpassed methanol assimilation and methanogenesis from CO₂/H₂ and methanol. Nonetheless, a significant decrease in methanol was not observed after incubation, likely because of the microbial production of methanol in parallel with its consumption. This study suggests that microbial reactions play an important role in the sources and sinks of methanol in subseafloor sediments.

キーワード：メタノール、深海堆積物、海底下生命圏

Keywords: methanol, deep-sea sediment, subseafloor biosphere

大陸地殻内生命圏における第三のエネルギー源

Co-occurrence and Metabolic Consequences of Candidate Bacterial Phyla and Anaerobic Methane Oxidizing Archaea in the Deep Crustal Biosphere

*伊能 康平¹、幸塚 麻里子¹、砂村 倫成¹、柳川 勝紀²、石村 豊穂³、鈴木 庸平¹*Kohei Ino¹, Mariko Kouduka¹, Michinari Sunamura¹, Katsunori Yanagawa², Toyoho Ishimura³, Yohey Suzuki¹

1.東京大学大学院理学系研究科、2.九州大学大学院比較社会文化研究院、3.独立行政法人国立高等専門学校機構茨城工業高等専門学校

1.Graduate School of Science, The University of Tokyo, 2.Graduate School of Social and Cultural Studies, Kyushu University, 3.National Institute of Technology, Ibaraki College

The terrestrial crust is known to harbor deep microbial life energetically dependent on organic matter and/or H₂. Recent studies have provided fragmented pieces of evidence suggesting that anaerobic oxidation of methane (AOM) is microbiologically mediated in the terrestrial subsurface as well as the deep oceanic crust. As the abundance of methane is extremely common in the deep aquifers, the existence of subsurface microbial ecosystems capable of harvesting the energy from AOM can dramatically change our view of the Earth's biosphere. Here we show the integrated evidence of the anaerobic methanotrophy based on geochemical, stable isotopic, molecular phylogenetic and metagenomic data from the deep granitic aquifer. High-quality groundwater was collected from two adjacent boreholes drilled into highly and sparsely fractured domains at a 300-m deep stage of the Mizunami underground research laboratory (URL), central Japan. The highly fractured domain was associated with groundwater dominantly colonized by AAA (AOM associated Archaea) and the candidate phyla OD1 and OP3, neither of which were detected from the sparsely fracture domain with groundwater enriched with H₂ (~10-100 nM) and depleted in sulfate (<5 μM). Consistent with 16S rRNA gene sequences, methyl-coenzyme M reductase gene sequence analysis revealed the habitat segregation of AAA and methanogens corresponding to the fracture domains. As the strong correlation of AAA and sulfate was statistically indicated by canonical correspondence analysis (CCA), anaerobic methane oxidation coupled to sulfate reduction was experimentally demonstrated by the amendment of ¹³CH₄ of, and the subsequent detection of ¹³C-enriched dissolved inorganic carbon from, microbial cells incubated in groundwater with and without the molybdate inhibition of dissimilatory sulfate reduction. Heatmap of 16S rRNA gene abundance in the boreholes within the two domains over two years showed the highly correlated distributions of AAA and the candidate phylum OP3, the nearly completed genome of which has functional genes involved in sulfur metabolisms such as a potential reductase gene of nitrite and sulfite. Although the syntrophic partnership among AAA and the candidate phyla needs to be further investigated, our results clearly demonstrate that the deep methanotrophy coupled to sulfate reduction is microbiologically mediated, which leads to the reconsideration of the biomass production and the cycling of hydrogen, carbon and sulfur in one of the largest microbial habitats on Earth.

キーワード：地殻内生命圏、瑞浪超深地層研究所、嫌気的メタン酸化

Keywords: Deep biosphere, Mizunami underground research laboratory, Anaerobic oxidation of methane

深海堆積物中に記録された真核生物DNAに堆積物酸化還元状態が与える影響

Effects of sedimentary redox conditions on Eukaryotic DNA recorded in deep-sea sediments

*山口 保彦¹、幸塚 麻里子¹、山崎 俊嗣²、川村 紀子³、清家 弘治²、櫻本 晋洋²、奥津 なつみ²、鈴木 庸平¹*Yasuhiko T. Yamaguchi¹, Mariko Kouduka¹, Toshitsugu Yamazaki², Noriko Kawamura³, Koji Seike², Yukihiro SAKURAMOTO², Natsumi Okutsu², Yohey Suzuki¹

1.東京大学大学院理学系研究科地球惑星科学専攻、2.東京大学大気海洋研究所、3.海上保安大学校

1.Department of Earth and Planetary Science, The University of Tokyo, 2.Atmosphere and Ocean Research Institute, The University of Tokyo, 3.Japan Coast Guard Academy

Eukaryotic DNA in marine sediments can be a useful indicator of both ancient marine ecosystem in water column and living microbial eukaryotes in sediments. However, the environmental factors that influence the composition and preservation of eukaryotic DNA in marine sediments are poorly characterized. In this study, we examined effects of sedimentary redox conditions on the diversity of eukaryotic communities recorded in deep-sea surface sediment samples from 8 sites of the Japan Sea (from oxygenated abyssal sediments to sulfidic sediments in methane seeps) using a combination of various geochemical and molecular-biological tools. Sedimentary redox conditions were characterized by depth profiles of pore water (oxygen, nitrate, iron, sulfide, etc.) and bulk sedimentary organic matter (TOC, TN, $\delta^{13}\text{C}$, $\delta^{15}\text{N}$). The concentration and diversity of 18S rDNA in the sediment samples were investigated by qPCR and pyrosequencing. Decreases in 18S rDNA concentration with sediment depth were rapid in the oxic sediments, while decreases were moderate in the anoxic sediments and the sulfidic sediments. The community composition based on 18S rDNA sequences also varied with the sedimentary redox conditions. These results suggest that redox conditions of surface sediments can be important factors controlling the composition and preservation of eukaryotic DNA in deep-sea sediments.

キーワード：酸化還元状態、海洋堆積物、生物多様性、DNA、真核生物

Keywords: Redox condition, Marine sediments, Biodiversity, DNA, Eukaryote

南極氷床下の水-鉱物相互作用と氷河湖の生物地球化学：氷床下の伏流水によるシリカ流入と微生物生態系のレスポンス

Biogeochemistry and subglacial meltwater limnology in East Antarctica: insight from microbial response with subglacial silica input in a perennially ice-covered lake at Rundvagsshetta

*高野 淑識¹、横山 祐典²、福井 学³

*Yoshinori Takano¹, Yusuke Yokoyama², Manabu Fukui³

1.海洋研究開発機構、2.東京大学 大気海洋研究所 高解像度環境解析研究センター、3.北海道大学低温科学研究センター

1.Japan Agency for Marine-Earth Science and Technology (JAMSTEC), 2.Atmosphere and Ocean Research Institute, University of Tokyo, 3.Institute of Low Temperature Science, Hokkaido University

南極氷床下には、基盤岩に接する氷の部分融解により液体の水 (subglacial meltwater) が存在することがある。そのような氷床下の水は、地底湖を形成するほか、一部は伏流水となり、水脈に沿って、大陸縁辺部に向かって流れてゆく (e.g., [1])。氷床下の水脈は、基盤岩との物理的剝離や化学的な水-鉱物相互作用 (subglacial weathering) を経て、無機態の炭素 (relic ^{14}C) のほか、窒素、鉄、シリカ等の栄養塩をわずかに供給・運搬する。氷床下の伏流水の恩恵を受けるのが、氷床縁辺部の微生物生態系である。南極全体の約1%程度は、完新世の氷床後退により、かつて氷床に覆われていた場所が露岩域となっている。そのような氷床縁辺部には、かつての氷食作用の形跡が見られる他、氷河性の湖沼が存在する。では、水の収支や物理・化学的特徴が、そこに棲息している (棲息してきた) 基礎生産者にどのような影響を与え、全体の微生物相は、どのように応答しているのだろうか。これらの全体像について、基礎的な記載が非常に少なかったため、我々は、東南極氷床のルンドボークスヘッダ地域の氷床縁辺部にある氷河湖を対象に、完新世の地史的背景と生物地球化学プロセスの記載を行った。永年の氷に被覆された湖底には、少なくとも約6000年前から微細な氷河性砕屑物の堆積作用が始まっていた。初生的な基礎生産者は、同時期の海成湖沼 (Lake Skallen [2]) でも観察された珪藻 (*Chaetoceros*) であることが分かった。その後、氷床後退に伴うアイソスタティックリバウンドによる隆起と離水の後にも基礎生産者は、*Chaetoceros* に近縁な種が卓越しており、離水後に基礎生産者が、大気 CO_2 (modern ^{14}C) と大気 N_2 に依存したシアノバクテリアに変遷するスカーレン地域とは、対照的な結果となった。ルンドボークスヘッダでは、無機態の炭素 (relic ^{14}C) を含む、氷床下の伏流水 (窒素、シリカ等) に依存した独特の生態系を形成していることが明らかになった[3]。

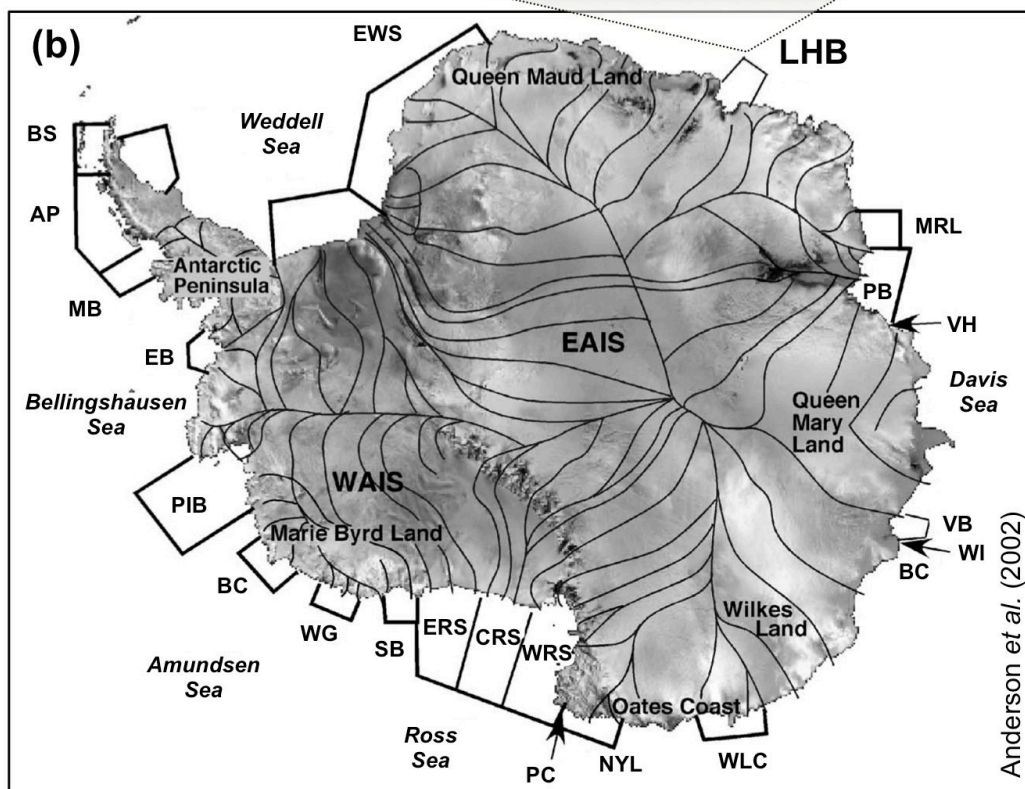
--

[References]

- [1] Wingham, D., Siegert, M., Shepherd, A. and Muir, A. (2006) Rapid discharge connects Antarctic subglacial lakes. *Nature* 440, 1033-1036.
- [2] Takano, Y., Kojima, H., Takeda, E., Yokoyama, Y., and Fukui, M. (2015) Biogeochemistry and limnology in Antarctic subglacial weathering: molecular evidence of the linkage between subglacial silica input and primary producers in a perennially ice-covered lake. *Progress in Earth and Planetary Science*, 2:8. doi: 10.1186/s40645-015-0036-7.
- [3] Takano, Y., Tyler, J.J., Kojima, H., Yokoyama, Y., Tanabe, Y., Sato, T., Ogawa, O.N., Ohkouchi, N. and Fukui, M. (2012) Holocene lake development and glacial-isostatic uplift at Lake Skallen and Lake Oyako, Lutzow-Holm Bay, East Antarctica: based on biogeochemical facies and molecular signatures. *Applied Geochemistry*, 27, 2546-2559.

キーワード：氷床下の水-鉱物相互作用、氷床縁辺部の微生物生態系

Keywords: Biogeochemistry within subglacial weathering, Subglacial meltwater limnology and microbial ecology



(a) Lake Maruwan, a perennially ice-covered glacial lake at the Rundvågshetta on the Soya Coast of Lützow-Holm Bay (LHB), East Antarctica. (b) a drainage map of the Antarctic ice sheet. Modified after Anderson *et al.*, *Quaternary Sci. Rev.*, 2002 and Takano *et al.*, this study.