

深海微生物の炭酸固定酵素 (RuBisCO) 遺伝子における多様性

Genetic diversity of the CO₂-fixing enzyme RuBisCO in deep-sea microorganisms

Hosam Elsaied[1], 木村 浩之[1], # 長沼 毅[1]

Hosam Elsaied[1], Hiroyuki Kimura[1], # Takeshi Naganuma[1]

[1] 広大・院・生物圏

[1] School of Biosphere Sci., Hiroshima Univ.

<http://home.hiroshima-u.ac.jp/hubol/naganuma.html>

本研究では、深海微生物の炭酸固定酵素 (RuBisCo) 遺伝子における分子系統学的多様性に関する解析をおこなった。サンプル採取はそれぞれ、大西洋中央海嶺、ロイヒ海山 (ハワイ)、および4箇所の日本近海の深海底にておこなった。ゲノム DNA は、6 箇所の深海域から採取した熱水、チムニーの破片、堆積物、体内に共生細菌を共存しているとされるシンカイヒバリガイ *Bathymodiolus* sp. およびハオリムシ (チューブワーム) *Lamellibrachia* sp. の共生菌含有組織からそれぞれ抽出・精製した。その後、得られた DNA のうちの I および II 型の大サブユニット (cbbL および cbbM) をコードする RuBisCO 遺伝子を PCR によって増幅させた。それぞれの PCR 増幅産物から得た 50 クローンについて、遺伝子塩基配列を決定して分子系統解析を行った。その結果、RuBisCO 遺伝子の多様性は試料採取場所の環境特性 (特に酸化的か還元的かという点) ごとに異なり、RuBisCO 遺伝子から推察される生理特性との相関関係が見られた。

共生細菌を含有するハオリムシの組織 (トロフォソーム) から得られた RuBisCO 遺伝子は周囲底泥から得られた RuBisCO 遺伝子と分子系統学的に近縁であった。同様に、共生細菌を含有するシンカイヒバリガイのエラ組織から得られた RuBisCO 遺伝子は周囲海水の浮遊細菌の RuBisCO 遺伝子と近縁であった。これは共生細菌が環境から獲得されていることを示唆すると思われる。シンカイヒバリガイのエラ組織からは ccbL が検出されたのに対し、チューブワームの組織からは cbbM のみしか検出できなかった。

同 DNA サンプルを用いた *in situ* hybridization 法による解析をおこなった結果、消化管を持たない深海生物の組織内に存在する RuBisCO 遺伝子の視覚化に成功し、炭酸固定をおこなう部位を局在化することができた。その結果、RuBisCO 遺伝子は、共生菌含有組織 / 細胞内部でも表面に近い部分に局在することが分かった。本研究によって、これらの「消化管のない後生動物」の細胞内共生性の独立栄養性微生物に関して、理解を深めることができた。