

日本海東縁のバクテリアマットにおける微生物相解析

Microbial diversity of the bacterial mat sediments in the eastern margin of Japan Sea

荒川 康[1]; 加藤 千明[2]; 佐藤 孝子[3]

Shizuka Arakawa[1]; Chiaki Kato[2]; Takako Sato[3]

[1] 東洋大・工・応化; [2] 海洋科技セ・海洋生態; [3] 海洋科技セ・海洋生態

[1] Applied Chemistry, Toyo Univ; [2] Dept. Mar. Eco., JAMSTEC; [3] Marine Eco., JAMSTEC

< 緒言 >

日本海東縁は新生プレートの沈み込み境界であると考えられている。1999年、後志トラフ南東部で、巨大なバクテリアマットが発見された。これは地滑りや斜面崩壊等の地殻変動に起因する浸透性の高い砂利が厚く堆積していることにより、冷湧水が広域に供給され大規模なバクテリアマットが生成されると推測されている。

2001年に行われた日本海奥尻海嶺における調査潜航により、深度3100mの海底で冷水湧出現象に起因すると考えられる巨大バクテリアマットを確認し、バクテリアマット周辺の泥について多様性解析を行った。その結果、太平洋側の冷水湧出域のバクテリアマットコミュニティとは異なる可能性が示唆された。本研究では、より詳細な微生物相の解明を目的とし、バクテリアマットにおける微生物多様性の解析を行った。

< 操作手順 >

2003年に日本海奥尻海嶺域の後志トラフに潜航した。各潜航でバクテリアマットサイトに着底し、この地点で無菌採泥、柱状採泥等を行った。得られたサンプルから直接DNAを抽出し、バクテリアおよびアーキアの16S rDNAの塩基配列を指標としたterminal restriction fragment length polymorphisms (t-RFLP)分析を行った。その後、異なるt-RFLPパターンを示すサンプルを選択し、16S rDNAを指標としたクローン解析を行った。

また、硫酸還元菌が生成する亜硫酸還元酵素の塩基配列をpolymerase chain reaction (PCR)法により増幅を試みた。

< 結果と考察 >

t-RFLP分析の結果、無菌採泥サンプルからはバクテリアマット間による大きな違いは見られなかった。柱状採泥サンプルは γ -Proteobacteria groupが鉛直方向に減少していくのに対し、嫌氣的メタン酸化アーキア、Methanogenが鉛直方向に増加した。

クローン解析の結果からは、硫酸還元菌に近縁な γ -Proteobacteriaや β -Proteobacteria、嫌氣的メタン酸化アーキア、Methanogenに属するクローンが多数検出された。さらに、硫黄酸化細菌と思われるクローンも検出された。

また、PCR法の増幅結果からは海底下2~8cmの間に亜硫酸還元酵素が増幅された。しかし、バクテリアマットサンプルおよび、表層と8cm以深の柱状採泥サンプルからは増幅されなかった。

このことより、バクテリアマットの微生物コミュニティは、表層に硫黄酸化細菌を含む γ -Proteobacteria、2~8cmに硫酸還元菌と嫌氣的メタン酸化アーキアが集合体を形成し、そして、さらにその下の絶対嫌氣の環境中にMethanogenが存在することが示唆された。