

# 東海沖ピストンコア試料におけるメタン酸化およびイオウ循環関連遺伝子の分布と多様性

## Distribution and diversity of the genes involved in methane oxidation and sulfur cycling in the piston-cored sediments

# 長沼 毅[1]; 林 徹[2]; 金子 亮[3]; 松本 良[4]; 棚橋 学[5]

# Takeshi Naganuma[1]; Toru Hayashi[2]; Ryo Kaneko[3]; Ryo Matsumoto[4]; Manabu Tanahashi[5]

[1] 広大・院・生物圏; [2] 広大・生物圏・環境循環; [3] 広大・生物圏・環境循環; [4] 東大・理・地球惑星; [5] 産総研・地圏資源

[1] School of Biosphere Sci., Hiroshima Univ.; [2] Environmental Dynamics, Biosphere, Hiroshima Univ.; [3] Biosphere Sciences, Hiroshima Univ.; [4] Earth and Planetary Sci., Univ. of Tokyo; [5] Geological Survey of Japan

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

東海沖のメタンハイドレート賦存予想域において海底堆積物のピストンコアを採取し、表層直下の sulfate-methane interface (SMI) に関連した微生物相の鉛直的遷移を遺伝子 (DNA) レベルで詳細に調べた。対象としたのはメタン酸化、硫酸還元およびイオウ酸化に関わる酵素の遺伝子 5 種類、すなわち *pmoA*、*amoA*、*mmoX* (以上メタン酸化酵素遺伝子)、*dsr* (硫酸還元酵素遺伝子)、*soxB* (イオウ酸化酵素遺伝子) である。1 つのコアから数~十数セクション (深度) のサンプルを採取し、1 つのサンプルについて各遺伝子の有無を PCR 法 (遺伝子増幅法) で確認した。もし遺伝子が検出された場合、それは塩基配列が微妙に (たとえば微生物の種レベルで) 異なる遺伝子の混合物である場合も多いので、増幅した遺伝子断片 (フラグメント) からランダムに 12 フラグメントを取り出し、その塩基配列を解析した。12 フラグメントが全部同じ塩基配列という可能性もあるし、逆に全部違う可能性もある。調査した結果、*mmoX* はほとんど検出されず、*pmoA* もごく少数のサンプルにしか見られなかった。これと対照的に *amoA* は多くのサンプルから検出され、その多様性もきわめて高かった。*amoA* は本来アンモニア酸化酵素の遺伝子であるが、メタンも酸化することが知られている。一方、イオウ循環に関わる *dsr* と *soxB* は多くのサンプルから多様な塩基配列が得られた。特に *dsr* はピストンコア試料 (最深 3 m 程度) で明瞭な鉛直分布が見られた。上層の *dsr* はよく知られているデルタプロテオバクテリア・グループの *dsr* であったが、上~中層の *dsr* はグワイマス海盆の熱水噴出域グループの *dsr* であった。グワイマス海盆の熱水噴出域は厚い堆積物層を有し、有機物の熱分解による炭化水素が豊富である。さらに下層の *dsr* はこれまで知られていない新規の *dsr* グループであり、SMI 以深の層に特有に分布することから、嫌氣的メタン酸化に関連した未知の硫酸還元機序に関わる酵素遺伝子であることが示唆された。これと対照的に *soxB* はほとんど深度分布を示さず、SMI に関連した地球化学過程との関係は *dsr* ほど密接ではないことが示された。