

北海道サロベツ湿原の泥炭層における微生物群集の鉛直分布

Vertical distribution of microbial community in peat bog of Sarobetsu mire in Hokkaido

秋山 克 [1]; 清水 了 [1]; 石島 洋二 [1]; 長沼 毅 [2]

Masaru Akiyama[1]; Satoru Shimizu[1]; Yoji Ishijima[1]; Takeshi Naganuma[2]

[1] 幌延 RISE; [2] 広大・院・生物圏

[1] Horonobe RISE; [2] School of Biosphere Sci., Hiroshima Univ.

<http://www.h-rise.jp>

北海道北部に位置するサロベツ湿原は2005年11月にラムサール条約登録湿地に指定され、その生態学的重要性や学術的価値が世界的に認められている。サロベツ湿原の起源は天塩川河口の潟湖（古サロベツ湖）で、7,000年～4,000年前に発達したと言われている。泥炭の堆積速度1mm/yearで、約500cmの泥炭層が形成されており、湿原表層には周辺域の気温の低さなどから、低地に発達した高層湿原の植生を観察することができる。しかし、サロベツ湿原では、農地等の開発や放水路の設置等により湿原域の地下水位低下が起こり、それに伴う湿原の乾燥化が懸念されている。さらに森林の伐採や土地の改変などで土砂や栄養塩が流入し、結果として貧栄養で生育する湿原稀少植物の生存が危ぶまれている。

一方で、主要な温室効果ガスであるメタンガスや亜酸化窒素が湿原からも発生していることが知られている。これらのガスは主に土壌中の嫌気性微生物によって生成される。たとえばメタンは有機物の嫌氣的分解で生じ、亜酸化窒素は富栄養化物質である硝酸塩の還元（脱窒）で生成する。したがって、湿原地下の微生物相を把握することが、今後の地下水位低下の影響評価に資すると考えられることから、湿原生態系における地下微生物群集の構造と機能に関する基礎調査を行っている。

本研究では、湿原を涵養する地下水を蓄えた泥炭層に注目し、そこに存在する微生物群集について分子生物学的手法を用いた解析を行った。サロベツ湿原の南部に位置する泥炭地で、ピートサンプラーを用いて表層から長さ480cm分、直径5cmのコアを採取した。その後直ちに、50、100、200、300、400および480cmの計6深度から土壌を採取してサンプルとし、実験に供した。それらのサンプルについて全DNAを抽出したのち、16S rDNAをPCRにより増幅して得られたPCR産物についてクローニングを行い、各深度におけるクローンライブラリーを作成した。得られた全526クローン（真正細菌293クローン、古細菌233クローン）の塩基配列を解析し、DNA配列の相同性が97%以上のクローンは同じグループ単位（OTU）としてグループ化を行ったのち、系統樹を作成して系統および多様性の解析を行った。

サンプリング地点周辺の地層は深さ400cmまでは間隙率の比較的高い泥炭層であり、深さ480cmに達すると過去の湖沼堆積物と考えられる灰色粘性土層が出現する。真正細菌は、地層の変化に対応して、400cm以浅ではHolophaga/Acidobacterium門やFirmicutes門に近縁のOTUが検出され、深さ480cmでは主にPseudomonas属に近縁のOTUが優占していた。一方古細菌のクローンも全深度から検出され、各深度に特徴的な分布傾向がみられた。本講演ではこれらの点をふまえ、湿原における物質循環と微生物群集との関わりについて議論する。