

南部マリアナ海域深海海底熱水系における微生物群集構造の時空間変動

Spatial and temporal variation in microbial community and chemistry in a deep-sea hydrothermal field on Southern Mariana

柳川 勝紀 [1]; 石橋 純一郎 [2]; 浦辺 徹郎 [3]; 砂村 倫成 [4]

Katsunori Yanagawa[1]; Junichiro Ishibashi[2]; Tetsuro Urabe[3]; Michinari Sunamura[4]

[1] 東理大・理工・応生; [2] 九大・理・地球惑星; [3] 東大・理 地球惑星科学; [4] 東大・地惑

[1] Tokyo Univ. of Science; [2] Earth and Planetary Sci., Kyushu Univ; [3] Earth and Planetary Science, Univ. of Tokyo.; [4] Univ. Tokyo

[背景]

深海海底熱水域における豊かな生態系は、熱水から供給される還元物質を利用した化学合成による一次生産により支えられている。これまでの培養や分子系統学的な研究から深海熱水域に生息する微生物は、多様かつ特異な系統群から成り立ち、その中に未知系統群も含まれることが明らかにされてきた。培養や分子生物学的手法による微生物群集の定量解析によれば、海底熱水系では熱水と海水の混合域に MGI, プロテオバクテリア、プロテオバクテリアなどの卓越が報告されている。本研究では、微生物の定量に最も信頼性の高い FISH 法を用いて、南マリアナ海域背弧拡大軸の深海海底熱水系混合域に着目し、時空間的な微生物群集構造の変化を定量的に解析した。また熱水の混合指標となる化学成分組成との比較を通じて、微生物群集の組成と存在量との関係性を考察した。

[材料と方法]

南マリアナ海域熱水噴出域の経時調査を目的に、2003年10月から2005年7月にかけて、しんかい6500やROPOSによる3回の潜航調査航海を行った。本研究では、マリアナ背弧拡大軸上に位置する熱水域 Fryer site 周辺を対象に解析を行った。試料は ROCS 採水器およびニスキン採水器を用いて、採水場所ならびに位置を目視もしくはモニター画面上で確認しながら採取し、時間と温度の異なる合計25種類の熱水もしくは混合域の海水を得た。各試料は船上にて直ちにホルマリン固定後、研究室に持ち帰り濾過、FISH染色、核酸染色試薬による全微生物染色を行い、全微生物および特定微生物を標的に顕微鏡による計数を行った。FISH法ではバクテリア、アーキア、プロテオバクテリア、プロテオバクテリアの SSU rRNA を標的としたプローブを用いた。同時に、シリカ、pH、アンモニアなど同一試料中の熱水成分の化学分析も行った。

[結果]

周囲の深海水中の全菌数が 2.5×10^4 cells/ml であったのに対して熱水試料中では $4.4 - 30 \times 10^4$ cells/ml であり、熱水中で明らかな現場密度の増加が確認された。FISH法によって全菌数の30-80%に当たる微生物がドメインレベルで検出された。海洋を含む一般的な環境で報告されるように、全体的にバクテリアが優占しており、最大で全菌数の66%を占めていた。一方アーキアは全菌数の2-25%ほどしか検出されず、とりわけ高温熱水中では検出率が低かった。熱水域での検出事例が相次ぎ注目を集めているプロテオバクテリアは、最大で全菌数の21%程度を占めていたが、12熱水試料のうち8試料は10%以下であった。特に高温熱水試料中での検出率は低く、周囲の酸化的な環境が主な生息地である可能性が高い。その一方、全体的な群集組成においてプロテオバクテリアが優占しており、バクテリアの半数以上を占めることが多かった(全菌数の3-40%)。これら群集組成の主要な部分を担う系統群が有する熱水域での生態的役割や生理学的特性、一次生産能力などに関しては今後の詳細な解析が必要である。

また化学成分分析結果との比較から、熱水と周囲海水が適度に混合した試料中で微生物量が増加している傾向があることを確認した。さらに熱水域近傍における微生物密度の空間分布解析から、熱水噴出地点から数mの範囲内に微生物量が極めて多いことを見出した。すなわち還元的な熱水と酸化的な周囲の海水との混合が起こる範囲内に、熱水生態系の微生物群集は極大密度を持つような空間分布をしていることが示された。この生態系内には熱水と海水が様々な希釈段階で環境を形成しており、本研究で行われた経時変化と空間分布解析は、その微環境の一部を取り上げたものであると示唆された。このような微環境における微生物組成と量の変化量は、時間変動に伴う微生物群集の推移に比べ遙かに大きく、微生物群集の定量的な時間変動検出が困難になるものと考えられた。