

中房温泉バクテリアマットの炭素・水素同位体比の多様性

Large distinct carbon and hydrogen isotope variation of biomarkers in the Nakafusa hot-spring bacterial mat.

奈良岡 浩 [1]; 井手ノ瀬 真由美 [2]; 花田 智 [3]

Hiroshi Naraoka[1]; Mayumi Idenose[2]; Satoshi Hanada[3]

[1] 岡山大・理・地球科学; [2] 岡山大・理・地球; [3] 産総研 生物遺伝子資源

[1] Dept. of Earth Sci. Okayama Univ.; [2] Dept. Earth Sci., Okayama Univ.; [3] Natl. Inst. of Adv. Ind. Sci. & Tech. (AIST)

http://www.desc.okayama-u.ac.jp/Geo/HP_New/staff_e/Naraoka/Naraoka_e.html

熱水孔からもたらされる様々な化学種を用いて、熱水孔近傍には化学合成バクテリアを一次生産者として特殊な生態系が発達する場合がある。特に陸上熱水系では、その高い温度のために動物などの捕食者が制限され、バクテリア群集のみからなるマット構造あるいはストリーム構造を形成する。これらのバクテリアがどのような炭素固定系・代謝系を持つかを明らかにすることは群集内におけるバクテリアの化学基質や栄養の依存・棲み分けを考える上で重要である。本研究では陸上温泉に発達したバクテリアストリーム中に含まれる脂肪酸や炭化水素などの有機分子の炭素・水素同位体組成を測定することにより、バクテリア群集の解析を試みた。

本研究では長野県中房温泉において約70度Cの熱水噴出孔の出口に発達したバクテリアストリームを用いた。外見上から白色・緑色・茶色のバクテリアマットに区分され、採取時の温度とpHはそれぞれ59.4-65.5度C, pH 8.6-9.0であった。それぞれのマットを凍結乾燥後、有機分子を抽出し、その分子組成をガスクロマトグラフ(GC)およびGC質量分析計で決定するとともに、GC/燃焼・熱分解/同位体比質量分析計を用いて分子レベル安定炭素・水素同位体比を決定した。

源泉に近く、最も多く存在する白色マットは分子状イオウを伴い、炭素数16のC16:0飽和脂肪酸の炭素同位体比が-22.6パーミル(vs. PDB)であることからイオウ酸化バクテリア、外側に存在する緑色マットにはC17 n-アルカンと炭素数C30のホパノイドであるジプロペンが含まれ、炭素同位体比がどちらも-33パーミルであることからシアノバクテリアが主であると思われる。C16:0飽和脂肪酸の炭素同位体比が-30.0パーミルであることもこの考察と一致する。茶色マットに含まれているC20:1脂肪酸は極端に炭素は同位体的に重く(+0.2パーミル)、水素は同位体的に軽かった(-468パーミル vs. SMOW)。これら脂肪酸の同位体比は一般に自然界にあまり見られず、H₂を用いた逆TCA炭素固定を行う水素酸化バクテリアであると考えられる。このことはC20:1脂肪酸が水素酸化バクテリアに含まれるという過去の研究とも一致する。しかし、白色および緑色のマットにもC20:1脂肪酸が検出され、その炭素同位体比が同位体的に重いことから、水素酸化バクテリアの混入あるいは共生関係が示唆される。また、茶色と緑色マットには炭素数15と17の分岐脂肪酸が検出され、その炭素同位体比(約-13~-11パーミル)はマットのバルク炭素同位体比に近く、水素同位体比(約-210~-170パーミル)は他の分子に比較して同位体的に重いことから、硫酸還元バクテリアなどの従属栄養バクテリアによるものと考えられる。

このように、ひとつの温泉バクテリア群集において、そのバイオマーカーの炭素同位体比は-33から0パーミル、水素同位体比は-470から-160パーミルに幅広く分布し、バクテリアの炭素固定系・代謝系、および群集における依存関係を反映している。