

南部マリアナトラフにおける熱水性堆積物の微生物相の解析

Microbial diversity in the unique hydrothermal sediment around hydrothermal systems at the Southern Mariana Trough

小林 智織 [1]; # 加藤 真悟 [1]; 掛川 武 [2]; 佐藤 誠悟 [3]; 横堀 伸一 [1]; 益田 晴恵 [4]; 浦辺 徹郎 [5]; 山岸 明彦 [1]
Chiyori Kobayashi[1]; # Shingo Kato[1]; Takeshi Kakegawa[2]; Seigo Sato[3]; Shin-ichi Yokobori[1]; Harue Masuda[4]; Tet-
suro Urabe[5]; Akihiko Yamagishi[1]

[1] 東薬大・生命; [2] 東北大・理・地球物質; [3] 東北大・理・地球物質; [4] 阪市大・理・地; [5] 東大・理 地球惑星科学
[1] Dep. Mol. Biol., Tokyo Univ. Pharm. Life Sci.; [2] IMPE., Tohoku Univ.; [3] Dep.Mineral.Petrol.& Econ.Geol.,Tohoku
Univ.; [4] Dept. Geosci., Osaka City Univ.; [5] Earth and Planetary Science,
Univ. of Tokyo,

<http://www.ls.toyaku.ac.jp/~lcb-7/>

海底熱水系ではメタンや硫化水素などの酸化により得られる化学エネルギーを用いて活動している微生物(化学合成細菌)の存在が明らかにされている。海底熱水噴出地帯は、高温・高圧な環境であり、また、生物が生育する際に利用できる化学エネルギーがふんだんに供給されていることがその特徴である。実際、メタン・水素・硫化水素などの還元型物質が豊富に存在しており、海底熱水系に存在する微生物はこれらの化合物を利用して生育している。

2005年の7月から8月にかけて行われた南部マリアナトラフにおけるYK05-09調査航海において、二カ所の熱水噴出地帯が確認された(Mrk#16, Mrk#18)。本研究の目的は、この二カ所の海底熱水噴出地帯周辺の熱水性堆積物中の微生物相を解析することである。

Mrk#16とMrk#18付近でM式採泥機により採取した黄色い堆積物からDNAを抽出した。そして原核生物(真正細菌と古細菌)の16S rRNA遺伝子、古細菌のみの16S rRNA遺伝子、真核生物の18S rRNA遺伝子に特異的なプライマーを用いて、PCR法によりSSU rRNA遺伝子の部分配列を増幅した。得られたSSU rRNA遺伝子断片をクローニングし、配列を決定した後に、系統学的解析により堆積物中の微生物相を推定した。その結果以下のような特徴が観察された。

まず、Mrk#18の堆積物では、真核生物を標的にした解析(47クローン)の結果、1)環形動物のクローンが全体の7割弱を占めた。2)繊毛虫類のクローンが全体の2割ほどを占めた。3)系統解析の結果、どちらのクローンもデータベース上の既知の配列とは明確に異なっていた。また原核生物全体を標的にした解析(53クローン)では、1)C1化合物酸化細菌(Methylotroph)が全体の2割ほど検出された。2)これまで知られている5つのプロテオバクテリアサブグループのどのグループにも属さない第6番目のサブグループ(加藤ら、2005)に属するクローンが全体の3割を占めた。さらに古細菌のみを標的にした解析結果(81クローン)では、1)海底地殻内の熱水から検出されたクローン(加藤ら、2005)と比較的相同性の高い(92-95%)クローンが多数検出された。2)海水中に多く存在するMarine Group Iはほとんど検出されなかった。

次いで、Mrk#16の堆積物では、まず真核生物を標的にした解析(43クローン)の結果、1)クロレラに比較的近いが原生生物であると考えられるクローンが、解析したクローン全体の6割弱を占めた。2)これらのクローンはデータベース上の既知の配列とは明確に異なっていた。原核生物全体を標的とした解析(55クローン)では、これまで知られている5つのプロテオバクテリアサブグループのどのグループにも属さない第6番目のサブグループ(加藤ら、2005)に属するクローンが全体の2割を占めた。古細菌のみを標的にした解析を現在行っている。

このように、今回解析に用いた堆積物中には、新規の真核生物が存在することが明らかになった。加えて、二つの堆積物試料によって検出される真核生物は互いに異なるものであった。この結果は、それぞれの堆積物中の環境の違いを反映しているものと考えられる。原核生物に関しては、海底地殻内熱水から検出されたクローンと相同性の高いものが大部分を占めていた。これらの微生物が海底地殻内に由来するものなのか、もともと堆積物中にいたものなのかは現在検討中である。また、抽出したDNAの濃度から菌体数を推定すると、約 $10^7 \sim 10^8$ cells/gであった。これは陸上土壌中の菌体数に匹敵する程の量である。以上の結果から、南部マリアナトラフの熱水性堆積物中には未知の微生物が繁栄していることが推定された。