

南極のコアの氷期-間氷期の微生物相の比較

Comparison of microorganisms from the glacial and interglacial periods in Antarctic ice cores

瀬川 高弘 [1]; 神田 啓史 [2]; 幸島 司郎 [3]

Takahiro Segawa[1]; Hiroshi Kanda[2]; Shiro Kohshima[3]

[1] なし; [2] 極地研; [3] 東工大・生命理工・生体システム

[1] none; [2] NIPR; [3] Biological Sci.,Tokyo Inst. Technol.

氷床コア中に含まれる微生物を解析することにより、過去の環境変動と生物の時間的変動との関連性の解明をめざして、「地球生命システムの環境・遺伝基盤の解明とモデル化・予測に向けた研究」が情報・システム研究機構、新領域融合研究センターに提案された。

微生物のゲノム情報を得ることにより、微生物がどのように地球環境と相互作用してそのシステムを多様化・進化してきたのか、さらに極低温や強紫外線という極限環境下で生息する生物の遺伝子構成、発現パターンや機能を解析して地球の生命システムを明らかにすることを目的としている。

本研究では、南極みずほ基地付近 (72 °15.9 S, 46 °32 E) で採取された約 1000 年前の間氷期のアイスコアと、やまと山脈付近 (72 °05 ' 05 ' S, 35 °11 ' 10 ' E) で得られた数万年前の氷期のアイスコアについて、バクテリア群集構造の解析をおこなった。

やまと山脈周辺は、流動する氷床の氷がやまと山脈にぶつかって上昇し、表面で昇華するため、古い氷期のアイスコアが浅い部分で採取できる。掘削の際に発生するコンタミネーションを除外するために、滅菌済みセラミック包丁を用いて、コンタミネーションが起こりうるアイスコアサンプルの周囲約 1-2 cm を除去したサンプルを用いて分析をおこなった。

融解させたアイスコア試料を 0.22 μ m のフィルターで濾過し、フィルター上に捕集されたものから微生物コミュニティ DNA を抽出した。DNA から 16SrRNA 遺伝子を PCR 増幅後、クローン化し、16SrRNA 遺伝子の後半約 500bp 塩基配列を解読し、相同性検索 FASTA によりデータベースと照合して試料中のバクテリアの同定をおこなった。

間氷期のアイスコアからは 24 種、数万年前の氷期のアイスコアからは 19 種、合計 36 種のバクテリアが検出された。これらの中には各種土壌細菌から病原菌、腸内細菌まで、様々なバクテリアが含まれていた。これは、氷床には大気中から様々なバクテリアが供給されていることを反映していると考えられる。

氷期のアイスコア試料は Gamma-proteobacteria と Bacillus / Clostridium group が主体をなしていたが、間氷期のアイスコア試料の主要群集は Bacillus / Clostridium group であった。

氷期のサンプルから検出された各グループの構成は Actinobacteria, Bacillus / Clostridium group, CFB, and Deinococcus-Thermus and -, -, and -proteobacteria であり、間氷期のサンプルからは Actinobacteria, Bacillus/Clostridium group, CFB, cyanobacteria, and -, -, -, and -proteobacteria であり、氷期と間氷期とではバクテリアの群集構造が異なることが明らかになった。

非常に興味深いことに、アラスカ Gulkana 氷河や北アルプス立山雪渓などの雪氷環境から検出され、グリーンランドのアイスコアからも単離された *Variovorax paradoxus* は、間氷期・氷期サンプルに共通して含まれていることが明らかになった。リアルタイム PCR 解析システムにより *V.paradoxus* の密度の推定を行った結果、氷期、間氷期の試料からともに、500 cells/ml 以下の濃度で検出された。*V.paradoxus* は数万年前の氷期から氷床表面に存在し、最終氷期以降も地球上の広い範囲の雪氷環境で生息している可能性がある。