

日本海直江津沖における嫌氣的メタン酸化古細菌群の分布とメタンフラックスとの関係

Horizontal distribution of anaerobic methanotrophs related with methane flux in cold-seep sediments off Naoetsu in Japan Sea

柳川 勝紀 [1]; 砂村 倫成 [2]; 浦辺 徹郎 [3]; 蛭田 明宏 [4]; 松本 良 [5]; 稲垣 史生 [6]

Katsunori Yanagawa[1]; Michinari Sunamura[2]; Tetsuro Urabe[3]; Akihiro Hiruta[4]; Ryo Matsumoto[5]; Fumio Inagaki[6]

[1] 東大・理・地惑; [2] 東大・地惑; [3] 東大・理 地球惑星科学; [4] 東大・理・地球惑星; [5] 東大・理・地球惑星; [6] 海洋研究開発機構・地殻内微生物

[1] Univ. Tokyo; [2] Univ. Tokyo; [3] Earth and Planetary Science,

Univ. of Tokyo.; [4] Earth and Planetary Sci, Tokyo Univ.; [5] Earth and Planetary Sci., Univ. of Tokyo; [6] JAMSTEC

海底下で生成されるメタンは、微生物による嫌氣的メタン酸化反応 (AOM) によって、その大半が堆積物中で消費される (Iversen and Jorgensen, 1985)。嫌氣的メタン酸化古細菌 (ANME) は、AOM を担う主要な微生物と考えられており、現在、ANME-1,2,3 の3つの系統群が知られている。これまでに ANME の単離培養例がないため、ANME の生化学的な好適条件は明らかにされておらず、これらの微生物に好適な地球科学的環境は解明されていない。日本海直江津沖では深部から供給されるメタンに由来する、冷湧水とメタンハイドレートが観察され、高いメタンフラックスの存在が示唆されている。本海域では広域的かつ詳細な地球化学的調査が実施されており、メタンフラックス分布が詳細に推定されている。本研究では、ANME の生息環境としての地球化学的条件を解明するため、分子生物学的手法に基づいた ANME の種類、分布、および存在量を明らかにし、環境要因との比較を行った。

堆積物試料は、ピストンコアおよびブッシュコアを用いて 2006 年に採取した。メタン湧出域近傍では、主に ROV およびブッシュコアを用い、その他の海域ではピストンコアを用いて試料採取を行った。試料は堆積物の深さ方向に、適宜分取し、DNA 抽出を行った。得られた試料を用いて、嫌氣的メタン酸化反応の鍵酵素遺伝子と予想される *mcrA* の系統解析、および定量を行った。

系統解析の結果から、ANME の主要な構成群として報告されている ANME-1 および ANME-2 由来の *mcrA* 遺伝子が見出された。ANME-1 は海域全体に広く見出され、ANME-2 は堆積物浅部で多く検出されることから、系統群ごとに好適な環境が異なることが示された。

また、メタンを多く含む堆積物中では、メタンがほとんど検出されない試料に比べ、顕著に多い *mcrA* 遺伝子が検出された。AOM ではメタン酸化の共役反応として、硫酸が用いられることが知られており、メタンフラックスは硫酸塩濃度勾配から算出される。*mcrA* 遺伝子の検出される深度と硫酸塩の枯渇深度には正の相関が認められており、特にメタンフラックスが強いと考えられる硫酸枯渇深度の浅い試料では、顕著に大量の *mcrA* 遺伝子が検出される傾向が認められた。これらのことから、ANME の生息域はメタンフラックスに強く規定されていると示唆された。

さらに、*mcrA* 遺伝子コピー数の多い試料では、16SrRNA 遺伝子コピー数も多く、ANME は微生物群集全体に強い影響を与えていると考えられる。