

南極塩湖堆積物における微生物の多様性と分布

Diversity and distribution of prokaryotes in sediments from a hypersaline Antarctic lake

金子 亮 [1]; 瀬戸 浩二 [2]; 神田 啓史 [3]

Ryo Kaneko[1]; koji Seto[2]; Hiroshi Kanda[3]

[1] 国立極地研; [2] 島根大・汽水セ; [3] 極地研

[1] NIPR; [2] ReCCLE, Shimane Univ.; [3] NIPR

南極湖沼堆積物中において微生物（特に原核生物）が物質やエネルギー循環に大きく寄与している。しかしながら、そこに生息する微生物の分布や多様性に関する知見は未だ乏しい。そこで、本研究では南極すりばち池堆積物中の微生物群集と鉛直分布を明らかにすることを目的とした。すりばち池堆積物試料はピストンコアラを用いて採取し、深度別（2.3 cm 間隔）に合計 27 画分を分取した。堆積物は主に黒色有機質泥で形成されており湖底下 9-25 cm の層に石膏状物質が偏在することが報告されている（Seto et al., 2005）。

堆積物試料各 250 mg からゲノム DNA を抽出し、得られた DNA から原核生物の系統分類指標遺伝子 16S リボソーム RNA 遺伝子（16S rDNA）をポリメラーゼ連鎖反応（PCR）によって増幅した。得られた 16S rDNA のクローン（合計 561 クローン）にたいして系統解析を行った結果、12 の門に分類された。全 12 門のうち、プロテオバクテリア門、バクテロイデテス門、ファーミキューテス門、candidate division TM6 に近縁なクローンはほぼすべての堆積物深度から検出された。一方、シアノバクテリア門およびジェマティモナダエ門に近縁なクローンは一部の深度のみで検出された。本研究で明らかとなった堆積物深度毎の微生物相の変化は、過去数千年に渡るすりばち池環境の変遷を示す指標になると考えられる。