

U020-P10

会場:コンベンションホール

時間:5月24日 10:30-13:00

拓洋第5海山の海洋性マンガクラスト上の微生物の群集構造と多様性と存在量とその機能

Abundance, diversity, function and composition of microbial community on oceanic Mn crusts from Takuyo-Daigo Seamount

仁田原 翔太^{1*}, 加藤 真悟¹, 山岸 明彦¹
Shouta Nitahara^{1*}, Shingo Kato¹, Akihiko Yamagishi¹

¹ 東京薬科大学生命科学部

¹Department of Molecular Biology, Tokyo U

【背景、目的】

水圏の岩石表面には、鉄・マンガク酸化物の沈着物がしばしば観察される。これら鉄・マンガク酸化物によって表面が覆われた岩石はマンガクラストもしくはマンガクノジュールと呼ばれる。海洋性マンガクラストは、ゆっくりとした速度で成長し(1-10 mm/Myr)、主として古い年代の海山など上に見られる。また、これらのマンガクラストは、水深5から6 kmの海底面の70%を覆っていると予想されている(Rona, 2003)。

マンガクラスト上の微生物は、水圏と岩石圏との間の物質循環やマンガク酸化物の濃集における役割を担っている可能性がある。しかし、海洋性マンガクラスト上の微生物についての知見はほとんどない。そこで本研究では、16S rRNA 遺伝子と*amoA* 遺伝子の解析により、拓洋第5海山のマンガクラスト上の微生物の群集組成、多様性、存在量、機能、深さごとの微生物の分布について明らかにすることを目的とする。

【方法】

2009年2月に行われたNT09-02航海において、拓洋第5海山からマンガクラスト、周辺海水、堆積物を採取した。採取深度は1200 m、1419 m、2209 m、2991 mである。これらの試料からDNAを抽出し、原核生物全体と古細菌それぞれの16S rRNA 遺伝子に特異的なプライマーと*amoA* 遺伝子に特異的なプライマーを用いてPCR増幅を行った。その増幅産物をもとにクローンライブラリーを作成した。ランダムに選択したクローンの塩基配列を決定し、得られた配列情報をもとに分子系統解析を行い、微生物群集組成や多様性を決定した。また、定量PCRを用いて、真正細菌と古細菌の16S rRNA 遺伝子および*amoA* 遺伝子のコピー数を決定した。

【結果、考察】

定量PCRの結果、マンガクラスト中に真正細菌と古細菌はそれぞれ、 10^7 - 10^8 cells/g程度存在することがわかった。4つのマンガクラスト試料のうち、3つにおいて古細菌の比率が高く(50-83%)、マンガクラストの微生物群集において古細菌が大きな割合を占めることが示された。マンガクラスト試料において、真正細菌と古細菌の*amoA* 遺伝子のコピー数はどちらも 10^6 copy/g程度であった。一方、堆積物中では真正細菌と古細菌*amoA* 遺伝子のコピー数は、それぞれ 10^7 copy/g程度、 10^6 copy/g程度であった。

*Nitrosospora*属に近縁な系統型とMarine Group I(MGI)に属する系統型が共通して、4つのマンガクラストの試料から検出された。これらは独立栄養性アンモニア酸化菌を含むグループである。さらに、アンモニア酸化に関わる遺伝子である*amoA* 遺伝子が検出された。以上の結果から、アンモニア酸化菌と推定される系統型がマンガクラスト上の微生物生態系において、一次生産者としての役割を担っていることが示唆された。

同じ水深から得られた固形試料(マンガクラストと堆積物)と海水試料とでは、ほとんど共通の系統型は存在しないということが比較解析により示された(1-8種)。固形試料および海水試料中から検出されたMGIの系統型は、系統樹上において、別々のクラスターを形成した。さらに、固形試料中のMGIの系統型は、いくつかのクラスターを作った。さらに、固形試料および海水試料中から検出された*amoA* 遺伝子は、系統樹上において、別々のクラスターを形成した。これらのことから、様々なサブグループのMGIがマンガクラスト上に存在し、またそれらは海水中に存在するものと異なるということが示唆された。

それぞれのサンプルから検出された古細菌の*amoA* 遺伝子は、Crenarchaeotaの*amoA* 遺伝子と相関性が高かった(95-99%)、培養種である*Nitrosopumilus maritimus*の*amoA* 遺伝子との相関性は低かった(79-83%)。真正細菌の*amoA* 遺伝子は、培養種の中で最も配列相関性の高い配列は*Nitrosolobus multiformis*と*Nitrosospora* sp.の*amoA* 遺伝子であった(それぞれ78%)。このことから、未培養の新規アンモニア酸化古細菌およびアンモニア酸化細菌がマンガクラスト上に存在することが示唆された。

キーワード: マンガンクラスト, 16S rRNA 遺伝子, amoA 遺伝子, アンモニア酸化菌

Keywords: Ferro-manganese crust, 16S rRNA gene, amoA gene, ammonia oxidizing bacteria