

深海底熱水活動域に生息する化学合成微生物の群集遺伝構造解明 Population genetic structure of deep-sea vent chemolithoautotrophs

美野 さやか^{1*}, 中川 聡¹, 宮崎 淳一², 牧田 寛子², 和辻 智朗², 布浦 拓郎², 山本 正浩², 高井 研², 澤辺 智雄¹
MINO, Sayaka^{1*}, Satoshi Nakagawa¹, Junichi Miyazaki², Makita Hiroko², Tomoo Watsuji², Takuro Nunoura², Masahiro Yamamoto², Ken Takai², Tomoo Sawabe¹

¹ 北海道大学, ² 海洋研究開発機構

¹Hokkaido Univ., ²JAMSTEC

深海底熱水活動域には、H₂ や H₂S といった無機化合物をエネルギー源とした化学合成を行う微生物に支えられた独自の生態系が存在する。近年の分子生物学的手法により、*Epsilonproteobacteria* 綱に属する化学合成微生物が、世界各地の深海底熱水活動域において普遍的に優占することが明らかとなってきた。本分類群は胃潰瘍や胃癌、腸炎等の原因となる *Helicobacter pylori* や *Campylobacter jejuni* といった病原性微生物を含むことで知られている。これら病原性 *Epsilonproteobacteria* の群集遺伝構造は、突然変異や水平伝播の頻度が極めて高いことが明らかとなっているが、深海性のものに関する群集遺伝構造の解析例は少なく、群集の進化的知見は乏しい。我々の研究グループは、これまでに世界各地の深海底熱水活動域から分離した深海性 *Epsilonproteobacteria* の特定のサブグループ (Group B) を対象とし、MLSA 法 (ゲノムレベルで群集の遺伝学的な多様性を捉えられる画期的な手法) を用いた群集遺伝学的解析を行い、各海域に固有の遺伝学的特徴を持った微生物群集が存在し、その遺伝学的な多様性は主に突然変異によって生み出されていることを突き止めた。しかしながら、熱水活動域に生息する微生物群集の地理的隔離や高い突然変異率を示唆した本知見が、他の系統群や増殖生理特性の異なる微生物群集に共通してみられるのかを調べる必要がある。そこで本研究では、Group B に新たな熱水活動域の菌株を加えるとともに、Group B と同程度の温度範囲、またはより高い温度で増殖する他のサブグループ (Group F や A)、および深海性 *Epsilonproteobacteria* と類似したエネルギー代謝経路 (硫黄酸化や水素酸化) を持つが、より高い温度で増殖する他系統群 (*Aquificales* 目の *Persephonella* 属) に属する微生物群集も研究対象に加えた。

沖縄トラフ・南部マリアナトラフ・インド洋中央海嶺の深海底熱水活動域において、有人・無人潜水艇により熱水性試料を採取し微生物を分離培養した。得られた分離株から 16S rRNA 遺伝子の塩基配列の相同性が高い菌株を選択し、複数のハウスキーピング遺伝子の塩基配列を決定した。得られた遺伝子塩基配列情報に基づき、系統樹の作成および突然変異や組換え率等を算出し、群集遺伝構造を決定する要因を調査した。

深海性 *Epsilonproteobacteria* および *Persephonella* に属する分離株は、各系統群内ではほぼ同じ 16S rRNA 遺伝子の塩基配列を共有するにもかかわらず、複数のハウスキーピング遺伝子の塩基配列を組み合わせで作成した系統樹では、微生物が分離された海域ごとにクラスターが形成される傾向が見られた。このことから深海底熱水活動域に生息する化学合成微生物群集では、系統群や増殖生理特性の違いによらない明確な地理的隔離が存在することが示唆された。さらに各系統群共通の群集遺伝学的特徴として突然変異率が高い傾向にあったことから、熱水活動域の化学合成微生物群集はその遺伝的な多様性を主に突然変異によって生み出していることが示唆された。

本発表では、上述した深海底熱水活動域に普遍的に生息する化学合成微生物群集の地理的分布様式や進化の原動力に焦点を当て、各系統群に固有な遺伝的特徴および共通点について議論したい。