

# 深海底に生息する化学合成微生物の群集遺伝学的構造

## 解明へのアプローチ

○美野 さやか・中川 聡(北海道大学), 牧田 寛子・稲垣 史生・山本 正浩・布浦 拓郎(JAMSTEC), 中村 光一(産総研), Anne Godfroy (IFREMER), 高井研 (JAMSTEC), 澤辺智雄(北海道大学)

深海底熱水環境には、硫黄酸化や水素酸化などを行う化学合成微生物が支える独特な生態系が存在する。世界中の深海底熱水環境において Epsilonproteobacteria 綱に属する化学合成微生物が普遍的に優占して生息してい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 の群集遺伝学的構造は、突然変異や水平伝播の頻度が極めて高く特徴的だが、深海性のものに関しては研究例がない。そこで本研究では、深海性 Epsilonproteobacteria の群集遺伝学的構造を MLSA 法によって明らかにすることを目的とした。

有人・無人潜水艇により、西太平洋・インド洋など世界各地の深海底熱水活動域において採取された試料を希釈培養した後、限界希釈法に供し単離を行った。複数のハウスキーピング遺伝子の塩基配列をもとに、系統樹作成および突然変異や組換え頻度等を算出し、群集遺伝学的構造を決定する要因を調査した。

系統樹作成の結果、類似性の高い 16S rRNA 遺伝子配列を持つ分離株内で、その由来する地域ごとにクレードが形成される傾向が見られた。このことから、深海底熱水環境に生息する化学合成微生物群集では、多くの微生物群集で観察される地理的な混合が起こっていないことが示唆された。本発表では、微生物の生物地理についての所見を示しつつ、深海性 Epsilonproteobacteria の群集構造やゲノムレベルの多様性を生み出す原動力について議論したい。