

ホネクイハナムシ類共生細菌の多様性

○宮崎征行・河戸勝・宮本教生・高木善弘 (JAMSTEC), 山本智子 (鹿児島大学), 藤原義弘 (JAMSTEC/広島大学)

ホネクイハナムシ類(学名:*Osedax*)は root と呼ばれる部位に共生細菌を共生させており、16S rRNA 遺伝子の系統解析の結果から、これらの共生細菌は *Oceanospirillales* に属することが知られている (Goffredi et al., 2005)。また、Verna et. al. (2010) によると、同一種の宿主でも共生菌は複数種存在しているとの報告がある。ホネクイハナムシ類は卵の状態では共生細菌を保有していないことから、幼生もしくは成体になるときに共生細菌を水平伝播により獲得していると推定されている。

これまで、鹿児島県野間岬沖の鯨骨域には *Osedax japonicus* が生息しており、これまでにこの鯨骨域環境中から *O. japonicus* の共生細菌に近縁な 2 種の細菌の分離に成功している (Miyazaki et al., 2008a & b)。これら分離株はゲノム解析が進行中であるが、環境中から分離されていることから、*O. japonicus* の菌根部に存在していた直接的な証拠はない。そこで本研究では *O. japonicus* に生息している共生細菌の局在と宿主から直接共生細菌の分離を目的とした。

用いたサンプルは、NT12-07 及び NT12-08 航海で#6 鯨の顎骨を回収した。回収した骨に生息していたホネクイハナムシ類を掘り起こし、菌根部とその他の部分に解剖した。菌根部については共生細菌分離用、共生細菌遺伝子クローン解析用、FISH 用に分け、それぞれ処理を行った。分離用については、先行研究において近縁種の分離に成功した培地を用いて現場海域の温度にて培養を行い、画線法にて生育したコロニーを純化した。共生細菌遺伝子クローン解析用は菌根部から直接遺伝子を抽出し、16S rRNA 遺伝子を用いたクローン解析を行った。また、COI 遺伝子を用いて宿主の同定を行った。FISH 解析は得られた 16S rRNA 遺伝子クローン配列から共生細菌と推定した rRNA をターゲットとした DNA プローブを用いてその局在の解析を行った。

今回用いたホネクイハナムシ類は COI 遺伝子による同定を行った結果、全てにおいて *O. japonicus* と同定した。得られた分離株については 16S rRNA 遺伝子の相同性検索の結果から、過去に分離した *Neptunomonas* 属や *Amphritea* 属細菌と同種の分離株は得ることはできなかった。また菌根部から直接抽出した遺伝子のクローン解析結果からもこれら 2 属の配列は確認できず、これら 2 属とは変わって *Neptuniibacter* 属に属すクローン配列が多数検出された。この配列は Verna らの研究から *O. mucofloris* の菌根部から検出された配列と類似していた。

これらの結果から、*O. japonicus* と共生細菌の間には特異性がなく、共通して存在する機能を有している細菌を取り込んでいる可能性が示唆された。*Neptuniibacter* 属細菌においても近縁種の分離に成功していることから、共通して存在する機能については今後の研究において明らかにしたい。