

深海底熱水活動域に生息する化学合成微生物の

遺伝学的多様性と群集構造の解明

○美野 さやか・中川 聡・澤辺 智雄（北海道大学），宮崎 淳一・牧田 寛子・和辻 智朗・中村 謙太郎（JAMSTEC），加藤 真悟（理化学研究所），小島 茂明（東大海洋研），渡部 裕美（JAMSTEC），土岐 知弘（琉球大学），島 伸和（神戸大学），石橋 純一郎（九州大学），布浦 拓郎・山本 正浩・高井 研（JAMSTEC），NT07-13, YK09-13, YK10-10, YK10-11 乗船研究者一同

深海底熱水活動域には、硫黄や水素といった無機化合物をエネルギー源とする化学合成微生物に支えられた独自の生態系が存在する。近年の培養に依存しない分子生物学的手法により、世界各地の深海底熱水活動域において *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いことが知られているが、深海性のものに関する群集遺伝学的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 と同程度の温度範囲で増殖する深海性 *Epsilonproteobacteria* の別のサブグループ（Group F）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。得られた分離株について、複数のハウスキーピング遺伝子の塩基配列を決定し、系統樹の作成および突然変異や組換え率等を算出し、群集遺伝学的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、*Epsilonproteobacteria* に限らず熱水活動域の化学合成微生物群集は、その遺伝学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最も優占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。