

P24-4

熱水環境中の一酸化炭素資化性好熱菌の分子生態学的研究

○池田 栄太郎¹、米田 恭子²、吉田 天士¹、福山 宥斗¹、左子 芳彦¹¹京大院・農、²産総研・生物プロセス

【背景】 一酸化炭素 (CO) 資化性菌はCOを無毒化することから、火山ガスより持続的にCOが供給される温泉環境において、生態学的に重要な役割を担うと考えられている。そこで本研究では、静岡県伊豆半島の温泉において、1) CO資化性菌の代表種である*Carboxydothemus*属細菌の定量、2) CO資化性菌を標的とした集積系の構築とクローン解析、3)集積系でのCO資化酵素遺伝子 (*cooS*) 多様性解析を行うことで生態学的知見の獲得を目指した。 【方法】 静岡県賀茂郡より、2013年6月に温泉堆積物を採取した。堆積物から環境DNAをExtrap soil DNA Kitを用いて抽出し、定量的PCRに供した。また気相100% COの下、集積培養を行った。得られた集積系よりInstaGene Matrix (BIO-RAD) を用いてDNAを抽出し、クローン解析及び*cooS*多様性解析に供した。 【結果・考察】 各サンプリング地点の温度は67~88℃、pHは7.4~8.4、酸化還元電位は-333~64であった。定量的PCRの結果、全地点で*Carboxydothemus*属細菌は検出されなかった。異なる10種の集積培養系のクローン解析では、CO資化性能を有する*Carboxydocella*属や*Thermolithobacter*属細菌由来のクローン配列が得られた。本集積系で得られた計6個のCO資化酵素遺伝子配列は、既知配列に類似しており、それぞれ異なるCO資化性菌由来であった。それゆえ温泉環境によって、異なるCO資化性菌が優占することが示唆された。

P24-5

風化度の異なる火山岩中の微生物群集構造

○砂村 倫成¹、川合 理恵¹、中村 仁美²、遠藤 一佳¹、岩森 光³¹東大院・理、²東工大院・理工学、³JAMSTEC

火成岩の風化は土壌の形成、水圏や周辺環境への元素供給、二酸化炭素の吸収に重要な役割を果たしている。火成岩の風化は、物理的作用（熱膨張と収縮、圧力変化、植物根）、化学的作用（鉱物の粘土化、pHや酸化還元変化作用を含む鉱物の溶解）に伴って生じる。微生物細胞は、代謝に伴い、pHやEhを微小領域で変化させることが可能であることから、微生物活動の火成岩風化への関与が示唆される。そこで、本研究では噴出年代と風化度の異なる桜島の火成岩試料を採取し、各試料の岩石化学成分比と微生物群集構造の比較を行った。火成岩中の微生物群集組成は風化土壌や岩石表面の組成と相同性が高かった。火成岩中の微生物密度は風化土壌や岩石表面に比べ1/100以下と小さいことから、岩石試料には周辺の光合成生態系に組み込まれる微生物群集の混入が示唆される。一方で、岩石内部からは、Soil crenarchaeota, *Nitrospira*の硝化微生物、

*Shewanella*や*Pseudomonas*の金属代謝に関わるとされる微生物が特徴的に見出され、特に昭和溶岩中には硝化やメタン酸化に関わる系統群が10倍以上多く観察された。昭和溶岩と大正溶岩を比較すると、化学成分比から昭和溶岩のほうが風化が進行していた。微生物組成や岩石中に保持されうる還元ガス成分量から、硝化やメタン酸化の基質の主たる供給源は大気とみなすことができるので、金属代謝に関わる微生物活動に加え、これらのガス代謝微生物が昭和溶岩の風化を促進していると考えられる。