

地衣類共生細菌相の分子系統解析：地点間での比較

柏原克彦¹、伊村 智²、長沼 毅¹

¹広島大学大学院生物圏科学研究科

²国立極地研究所

Phylogenetic analysis of lichen-associated bacteria: Comparison between locations

Katsuhiko Kashihara¹, Satoshi Imura², Takeshi Naganuma¹

¹ Graduate School of Biosphere Science, Hiroshima University

² National Institute of Polar Research, ROIS

地衣類は菌類と藻類の共生体で、地球で最も寒冷であり、また乾燥している南極大陸において、最も優占している植生である。近年の研究で、地衣共生体の第三の要素として細菌の存在が指摘されるようになった。しかし、どのような細菌が地衣類に共生しているのか、地衣共生細菌相はどのような特徴を持つのか、といった知見は不足している。本研究では、東南極・昭和基地周辺から、2010年～2011年の夏に採取された岩上着生の地衣類（形態的に *Umbilicaria aprina* とされる）を用いて、真核生物 18S rRNA 遺伝子を標的に菌類と藻類を、細菌 16S rRNA 遺伝子を標的に共生細菌相を、異なる群生地から採取された地衣類間で比較した。得られた真核生物 18S rRNA 遺伝子の配列をデータベースで検索すると、地衣類を構成している菌類は *Umbilicaria yunnana*、共生藻類は *Trebouxia asymmetrica* と高い相同性を示した。細菌 16S rRNA 遺伝子の配列から、共生細菌相は、予想以上に多様である可能性が示唆された。また、アルファプロテオバクテリアやガンマプロテオバクテリアがよく優占して検出される一方で、2011年に新設された新門であるアルマティモナス門に近縁な配列も得られ、今後も、少なくない新奇な細菌が検出される可能性も示唆された。さらに、窒素固定細菌や化学合成独立栄養細菌の存在も示唆され、地衣類の強い生活力の一端はこれら細菌の生物地球化学的な過程によって支えられていることが窺われた。

Lichens, symbiotic life forms of fungi and algae, are the most prominent vegetation components in the cold and dry Antarctic habitats. Recent studies pointed out that bacteria may be additional components of lichen symbioses. However, species compositions of lichen-associated bacteria are still poorly understood. To elucidate lichen-forming association of fungi, algae and bacteria, 18S/16S rRNA gene sequence clones were compared among the rock-dwelling lichens (it would be *Umbilicaria aprina* morphologically) collected from ice-free areas near Syowa Station, East Antarctica during the 2010-2011 austral summer. The eukaryotic 18S rRNA and bacterial 16S rRNA gene sequences were compared among the lichen specimens sampled at different spatial scale orders of 10-100 m (between colonies of a same habitat), and 10 km (between different regions). Among the specimens, the eukaryotic 18S rRNA gene sequences revealed that the fungal and algal components were as affiliated with the rock tripe (or rock mushroom) *Umbilicaria yunnana* and the green alga *Trebouxia asymmetrica*, respectively by BLASTN search. Lichen-associated bacterial 16S rRNA gene sequences were found to be more diverse and variable than previously expected. Bacterial sequences showing >97% similarities were grouped in a “phylotype”. Phylotypes affiliated with Alpha- and Gamma-proteobacteria often dominated the bacterial sequence assemblages. Phylotypes affiliated with Armatimonadetes, the bacterial phylum newly established in July 2011, were also detected, suggesting that not a few novel bacterial species may be found in further studies. Phylotypes related to nitrogen-fixing bacteria and thiotrophic (sulphur-oxidizing chemolithoautotrophic) bacteria were detected as well, suggesting that living of lichens may partially be supported by such bacteria-mediated biogeochemical processes.