

# グリーンランド深層氷床コア掘削計画 (NEEM 計画) におけるバクテリアの季節変動

植竹淳(1、2)東久美子(2)、倉元隆之(3)、平林幹啓(2)、三宅隆之(4)、本山秀明(2)

<sup>1</sup> 新領域融合研究センター

<sup>2</sup> 国立極地研究所

<sup>3</sup> 信州大学

<sup>4</sup> 滋賀県立大学

## Seasonal variation of bacteria from surface snow pit at NEEM, Greenland

Jun Uetake<sup>1,2</sup>, Kumiko Goto-Azuma<sup>2</sup>, Takayuki Kuramoto<sup>3</sup>, Motohiro Hirabayashi<sup>2</sup>, Takayuki Miyake<sup>4</sup>, Hideaki Motoyama<sup>2</sup>

<sup>1</sup> *Transdisciplinary Research Integration Center*

<sup>2</sup> *National Institute of Polar Research*

<sup>3</sup> *Shinshu University*

<sup>4</sup> *The University of Shiga Prefecture*

Ice core show the record of environmental changes through glacial-interglacial cycles and contain many particle like dust, cosmic dust, pollen and microorganisms. Biological study in Antarctica ice core show that cell concentration of airborne microorganisms change with glacial-interglacial cycles and microorganisms peak well match to the peak of dust in the end of glacial age. As source area of airborne dust particle had changed through glacial-interglacial cycles, microorganisms also have information about its source area.

To understand bacterial deposition on modern surface of NEEM deep ice-coring site, we had examined seasonal changes of bacteria from 3 m and 1.5 m deep snow pit in 2009 and 2010, respectively. Surface snow contained maximum 211 cells/ml of bacteria, and annual bacteria peaks are mainly located in spring layer with airborne dust peaks. On the other hands, few peaks are located in the layers above the dust peaks. We had inoculate the 250 times concentrated samples onto the eutrophic, oligotrophic and hypersaline mediums, and incubated at 4, 15, 30 degree, respectively. However, we had not detected any culturable bacteria from snow.

極域の氷床アイスコアは、十数万から数十万年スケールでの環境変動を示す様々な指標を含んでいるが、微生物もその一つになりうる可能性があり近年注目され始めている。アイスコア中に含まれると予想される微生物には、ダスト等の微粒子と共に大気輸送される風送微生物 (Abyzov et al. 1998)、寒冷、貧栄養な環境でも増殖出来る好冷性微生物 (Uetake et al. 2006) などが考えられているが、アイスコアから復元される長期間の環境変動と関連した研究は、これまでほとんど行われていない。

北グリーンランドの NEEM (North Greenland Eemian Ice Drilling) 掘削地点では、これまでのグリーンランド氷床掘削地点に比べ標高が低く(2454 m a.s.l.)、かつ現在よりも 3~5°C 温暖だったと考えられている最終間氷期の氷を含んでおり、貧栄養、低温でも増殖ができる好冷性微生物が存在する可能性が考えられる。また、これまでのグリーンランド・アイスコア研究の結果から、中央アジア由来のダストが検出されていることから、鉱物に付着して長距離輸送されてくる微生物も飛来している可能性がある。そこで本研究では、NEEM アイスコアの微生物解析のリファレンスとして、現在の NEEM 表面にどのように微生物が堆積しているのかを明らかにする事を目的として、表層から採取された積雪ピット試料を用いて、微生物数の季節変動を明らかにし、発生源の推定を行った。2010 年の細胞数が多かった試料 (NP10-1 : 0-10cm, NP10-9 : 80-90cm) をビーズ破碎で遺伝子を抽出し、バクテリアの 16S rRNA 約 550 bp の遺伝子 PCR 増幅を行い、DNA クローンライブラリを作成した。

ピット積雪中からは、球形のバクテリアが観察されたが、藻類、菌類の胞子や花粉などは観察されなかった。バクテリアの細胞数は平均で約 50cell/mL、最大でも約 200cells/mL と非常に少なかった。酸素同位体比や鉱物粒子濃度と比較を行ったところ、酸素同位体比が高くなる夏期頃にピークが現れるが季節性がみられるが、鉱物粒子のピークとは一致する年もあれば一致しない年もある (図 1 : 点線は土壌起源と考えられる粒子のピーク)。そのため年によってダストと同じまたは異なる輸送経路で飛来してきた可能性が考えられる。

鉱物粒子ピークと一致するバクテリアピーク (NP10-9 : 80-90cm) と一致しないバクテリアピーク (NP10-1 : 0-10cm) の二つの試料から、DNA の増幅を行った。両サンプル共に通常 16S rRNA の増幅に用いられる約 1500bp の全長領域は増幅することができず、NP10-1 のみで全長の約 3 分の 1 の 550bp の遺伝子が増幅できた。

NP10-1 に含まれるバクテリアは 6OTU (Operational Taxonomic Unit)、4 種類のバクテリアにクラスタリングされた。このうち *Arthrobacter. sp* に属するものは北極点に近い海洋と海氷から単離された培養株と近縁であった。また、最もクローン数が多かった *Acinetobacter. sp* も海洋環境から多く単離されている。この層は鉱物粒子ピークとの一致が見られなかった事から、海を起源とする微生物が多かったのではないかと推測される。