

グリーンランド・ラッセル氷河における光合成細菌の多様性

金子亮¹、植竹淳²、伊村智²、神田啓史²、本山秀明²

¹ 東京大学 大気海洋研究所

² 国立極地研究所

Diversity of phototrophic bacteria in Russell Glacier, Greenland

Ryo Kaneko¹, Jun Uetake², Satoshi Imura², Hiroshi Kanda² and Hideaki Motoyama²

¹ *Atmosphere and Ocean Research Institute (AORI), The University of Tokyo*

² *National institute of Polar Research (NIPR)*

Although bacterial photosynthesis is thought to play a particularly important role in the primary productivity of the snow- and ice-covered cryosphere, the phototrophic bacterial communities remain unclear. In this study, we report the phylogenetic diversity and distribution of phototrophic bacteria in the ablation zone of the Greenland ice sheet based on culture-independent technique. The glacial ice and cryoconite granules were collected from Russell Glacier of central-western Greenland in summer 2009. Genomic DNA was extracted aseptically using 500 mg (wet weight) of each of the thawed samples, and cyanobacterial 16S rRNA to 23S rRNA internal transcribed spacer region and photosynthetic reaction centre gene were PCR amplified for the clone library analysis. The results revealed the extensive diversity and dominance of phototrophic bacteria in Russell Glacier ablation zone.

細菌による光合成一次生産は、雪氷圏における物質循環に重要な役割を果たしていると考えられる。しかし、雪氷圏に生息する光合成細菌、とりわけシアノバクテリア以外の光合成細菌の多様性や現存量、生息分布域、生理生態、活性については、これまでほとんど理解が進んでいなかった。本研究では雪氷生態系における光合成細菌の生態学的意義の解明を目標とし、その予察的研究として氷河消耗域における光合成細菌の群集構造と分布域の多様性について解析を行った。解析には、グリーンランド中西部のラッセル氷河で2009年夏期に採取した、クリオコナイト粒および氷河氷を用いた。各試料500 mg（湿重量）から全ゲノムDNAを抽出し、得られたDNAを鋳型として、シアノバクテリアの16S rRNA-ITS領域および光合成反応中心タンパク質遺伝子をポリメラーゼ連鎖反応（PCR）により増幅した。各PCR産物をもとにクローンライブラリーを作成し、計240クローンの16S rRNA-ITS領域と計96クローンの光合成反応中心タンパク質遺伝子の塩基配列を決定した後、国際DNAデータベースに登録されている塩基配列と比較して系統解析を行った。解析の結果、ラッセル氷河消耗域においてユレモ目に属するシアノバクテリアが優占することが示された。また、光合成反応中心タンパク質遺伝子配列はすべて α プロテオバクテリアに属しており、その系統的多様性は非常に高かった。なお、得られた光合成反応中心タンパク質遺伝子配列の多くが新奇な細菌由来であることが明らかとなった。本研究により、氷河消耗域に生息する光合成細菌の群集構造が精査されたとともに、氷河生態系における新たな炭素循環経路（光合成従属栄養細菌を介した有機物分解過程）の存在が示唆された。