

## 地衣類共生細菌相と生物地理

柏原克彦<sup>1</sup>、伊村智<sup>2,3</sup>、植竹淳<sup>2,3</sup>、中井亮佑<sup>4</sup>、長沼毅<sup>1</sup>

<sup>1</sup> 広島大学大学院生物圏科学研究科

<sup>2</sup> 国立極地研究所

<sup>3</sup> 情報・システム研究機構、新領域融合研究センター

<sup>4</sup> 国立遺伝学研究所

### Lichen-associated bacteria and biogeography

Katsuhiko Kashiwara<sup>1</sup>, Satoshi Imura<sup>2</sup>, Jun Uetake<sup>2,3</sup>, Ryosuke Nakai<sup>4</sup>, Takeshi Naganuma<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Graduate School of Biosphere Science, Hiroshima University

<sup>2</sup> National Institute of Polar Research, ROIS

<sup>3</sup> Transdisciplinary Research Integration Center, ROIS

<sup>4</sup> Genetics Strains Research Center, National Institute of Genetics

Lichens are visible-organisms that show worldwide distribution on lands. They are able to cope with the most extreme conditions for life and grow in most severe habitats that are unsuitable for other macro-organisms. A lichen is a symbiotic life form consisting of a fungus and an alga. The fungus provides protection and moisture to house the alga; the alga provides photosynthetic products for fungal nutrition. Recent studies suggest that bacteria may be additional components, as a “third symbiont”, in the lichen symbioses. However, species compositions and biogeographical characteristics of lichen-associated bacteria are still poorly understood.

To elucidate lichen-forming association of fungi, algae and bacteria, 18S/16S rRNA gene sequences were compared among the rock-dwelling lichens (preliminarily morpho-typed as *Umbilicaria aprina*) collected from ice-free areas near Syowa Station, East Antarctica, as well as from Rwenzori Mountains (5109 m), Uganda, Equatorial Africa. 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 into a “phylotype”. Phylotypes affiliated with Sphingobacteriia, Alpha- and Gamma-proteobacteria often dominated the bacterial sequence assemblages. Phylotypes affiliated with Armatimonadetes, the bacterial phylum newly established in 2011, were also detected, suggesting that not a few novel bacterial species may be found in further studies. In addition, we discuss about relationships of bacterial communities and habitats, from a biogeographical viewpoint.

地衣類は世界の陸域に最も広範囲に分布する目に見える生物である。他の生物がほとんど生息できない極限環境に適応し、生息している。地衣類は菌類が構造体を、共生藻類が光合成産物を提供しあう共生関係であるが、近年の研究では第三の共生メンバーとして細菌の存在が指摘されている。しかし、地衣類共生細菌の種組成や地理的特性などの知見は不足している。

本研究では南極・昭和基地周辺の氷河周縁域および赤道直下のウガンダのルウェンゾリ山（標高5109m）の氷河周縁域から採取された岩上着生の地衣類（南極のものは形態的に *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、スフィンゴ細菌やアルファプロテオ細菌、ガンマプロテオ細菌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。また、採取地点間と細菌相にどのような関係が見られるのか、生物地理的観点からも検討したい。