

南極特別保護地域ラングホブデ雪鳥沢のコケ層に生息する菌類の多様性

大園享司¹, 広瀬 大², 田邊優貴子³, 内田雅己⁴, 工藤 栄⁴

¹京大・生態研

²日大・薬

³東大・新領域

⁴極地研、総研大・極域

Diversity of fungi associated with mosses in Yukidori Valley, an ASPA of Langhovde

Takashi Osono¹, Dai Hirose², Yukiko Tanabe³, Masaki Uchida⁴, Sakae Kudo⁴

¹Center for Ecological Research, Kyoto University

²College of Pharmacy, Nihon University

³Graduate School of Frontier Sciences, The University of Tokyo

⁴NIPR

Yukidori Valley, located at Langhovde on the coastal region of Lützw-Holm Bay, is an ASPA harboring rich vegetation dominated by mosses. The purpose of the present study is to examine the biodiversity and geographical distribution of fungi associated with mosses in Lützw-Holm Bay area, with special focus on Yukidori Valley. Samples were collected at six locations along Yukidori valley and three locations along Yatsude Valley, adjacent to Yukidori Valley during JARE51 from December 2009 to January 2010. Five or 15 moss samples were collected at each location, homogenated, and mounted on FTA cards. DNA were extracted from the mounted samples on FTA cards and amplified for fungal 18S rDNA with PCR. DGGE was used to evaluate the species richness of fungi on each sample, and bands were used for the determination of base sequences to estimate taxa. A total of 14 operational taxonomic units (OTUs) of fungi were detected from 55 moss samples. One to three OTUs were observed for each moss sample, and two to four OTUs for each sampling location. Pleosporales sp., phylogenetically close to *Phoma*, was the most frequent OTU that were detected on all moss samples. Coniochaetales sp., phylogenetically close to *Lecythophora*, was detected on four locations, and the other 12 OTUS on one or two locations. OTU richness and composition were similar between Yukidori and Yatsude Valleys and between upper and lower parts along the valleys. Further analyses will extend to moss samples collected from Skalvsnes and Skalen to elucidate the biodiversity and geographical distribution of fungi in Lützw-Holm Bay area.

ラングホブデ雪鳥沢は大陸性南極のリュッツ・ホルム湾沿岸部の露岩域でもっとも植生が豊かな場所の1つであり、南極特別保護地域に指定されている。本研究では、リュッツ・ホルム湾沿岸域における菌類の多様性と地理的分布を明らかにする研究の一環として、ラングホブデにおいてもっとも優占する陸上植物の1つであるコケ層を対象として菌類相の調査を実施した。2009年12月から2010年1月までの第51次南極地域観測隊の現地滞在期間中に、雪鳥沢の流域に沿った6地点に加えて、ラングホブデのやつで沢に沿った3地点を含む、計9地点で採取を行った。各地点で5ないし15サンプルのコケを採取し、粉碎・懸濁した後、FTAカードに滴下して日本に持ち帰った。FTAカードは洗浄のちDNAを回収し、菌類の18S rDNAをPCRにより増幅し、DGGE法により菌類の多様性を評価した。バンドに含まれるDNAの塩基配列を決定して分類群の特定を行った。その結果、全体55サンプルのコケにおいて14分類群の菌類が検出された。コケ試料あたり1~3分類群、地点あたり2~4分類群が出現した。*Phoma*属に近縁な分類群がもっとも高頻度で出現しており、すべてのサンプルにおいて検出された。*Lecythophora*属に近縁な分類群が4地点で、残る12分類群が1ないし2地点でそれぞれ検出された。雪鳥沢とやつで沢の高標高部(157~188m)の上流から下流および河口にいたる流域に沿った、菌類の多様性や種組成の変化は認められなかった。また雪鳥沢とやつで沢とで、菌類の多様性や種組成に顕著な差は認められなかった。今後は、スカルブスネスやスカレンといったラングホブデ以外の露岩域における菌類の多様性についても解析を進めることで、リュッツ・ホルム湾沿岸域における菌類の多様性と地理的な分布について、より詳細に検討していく予定である。