

宿主分布域を越えた有駆動物マシコヒゲムシ共生細菌の分布

○会田将人¹⁾、久保田憲広¹⁾、又多政博²⁾、笠山雄一²⁾、金森正明¹⁾、福森義宏¹⁾

金沢大学自然科学研究科生物科学専攻¹⁾、金沢大学自然計測応用研究センター²⁾

Wider distribution of endosymbiont than a host, Pogonophoran *Oligobrachia mashikoi*, in Tsukumo Bay

○Masato Aida¹⁾, Norihiro Kubota¹⁾, Masahiro Matada²⁾, Yuichi Sasayama²⁾, Masaaki Kanemori¹⁾,
and Yoshihiro Fukumori¹⁾

¹Graduate School of Natural Science, Kanazawa University,

²Institute of Nature and Environmental Technology, Kanazawa University

Key words: Pogonophora, endosymbiosis, free-living bacterium

【目的】マシコヒゲムシ(*Oligobrachia mashikoi*)は石川県能登半島九十九湾の水深約25mの硫化水素の臭気を帯びた底泥に棲息している。この動物は深海の熱水噴出孔付近やメタン湧水域に棲息するハオリムシを含む有駆動物門に属し、口／肛門／消化器官を持たず、細胞内共生している化学合成独立栄養細菌が生産する有機物の供給を受けて生育していると考えられている。他の有駆動物の研究から、細胞内共生細菌は配偶子を介して次世代に伝えられるのではなく、幼生期に周辺環境から獲得されることが示唆されている(1)。当研究室ではマシコヒゲムシと共生細菌の共生メカニズムの解明を目指している。マシコヒゲムシ共生細菌はγ-プロテオバクテリアに属しており(2)、我々は昨年この細菌が湾内全域に分布していることを報告した(3)。本大会において、その後行った定量性を高める実験の結果を報告する。

【方法】海底堆積物からのDNA抽出には、UltraClean Soil DNA Kit (MO BIO)を使用した。共生細菌の単離・培養に成功していないことから、自然界には存在しないマーカー遺伝子を持つ大腸菌を用いてDNA抽出効率を求めた。さらに湾内の共生細菌の定量的検出はcompetitive PCRにより行ったため、同じ大腸菌を用いて染色体DNAと短い直鎖状DNAの增幅効率を求めた。

【結果と考察】今回用いたKitのDNA抽出効率は約100%であった。さらにDNAの形状による增幅効率の差もほとんどなく、湾内23ヶ所の堆積物1g中に共生細菌の標的遺伝子は $1.2 \times 10^4 \sim 1.2 \times 10^6$ コピーの範囲であった。マシコヒゲムシは硫化水素臭のする泥土に棲息しているが、共生細菌はマシコヒゲムシがないと思われる砂地においても検出され、宿主分布域を越えた共生細菌の分布を確認した。今後、マシコヒゲムシの分布を詳細に調べる必要がある。現在は、砂地で検出された細菌DNAが生菌由来のものであることを確認する実験を行っている。

- 参考文献： (1) Cary SC et al., Mol Mar Biol Biotechnol 2(1):51-62 (1993)
 (2) 久保田ら 第18回日本微生物生態学会 講演要旨集 p.98 (2002)
 (3) 会田ら 第20回日本微生物生態学会 講演要旨集 p.203 (2004)

連絡先： 会田将人 aida@stu.kanazawa-u.ac.jp