シベリア永久凍土におけるメタン生成菌の群集解析 Molecule Analysis of Methanogen in Siberian Permafrost

田口幸広(五川大学)、瀬川高弘(極地研)、鈴木悠香(慶応義塾大学)、

Victoria Shcherbakova (Skryabin Institute of Biochemistry and Physiology of Microorganisms, RAS)、吉村義隆(玉川大学)
Yukihiro Taguchi (Tamagawa University), Segawa Tkahiro (NIPR), Haruka Suzuki (Keio University),
Victoria Shcherbakova (Skryabin Institute of Biochemistry and Physiology of Microorganisms, RAS),
Yoshitaka Yoshimura (Tamagawa University)

シベリア永久凍土には、過去の生物の DNA が保存されていると考えられており、死んだ植物が分解される時に 生成されたメタンも貯蔵されている、永久凍土の深部には氷河期以前に土壌中に存在していたメタン生成菌によっ て生産されたメタンが、大気に放出されることなく蓄積されている。

メタン生成菌は非常に高い嫌気的条件下で生息するため培養は難しい、そこで群集構造を知るために DNA を利用する分子生物学的手法が主となっており、メタン生成菌が持つ特異的補酵素 mcrA 遺伝子 (methyl coenzyme-M reducrase) を生物マーカーとしたメタン生成菌の群集解析が多く行われている。しかし永久凍土のメタン生成菌の群集構造についての報告は少ないため、本研究では、mcrA 遺伝子などを利用して PCR を行い、DGGE (Denaturing Gradient Gel Electrophoresis) 及びクローニング法を用いて永久凍土中に存在しているメタン生成菌を解析し、メタン生成菌群集構造解析を行った。その結果、既知種との相同値が低く、新規のメタン生成菌が多数存在する可能性があることが判明した。

In the Siberian permafrost, DNAs and methane are stored more than 50-60 thousand years: the former has been kept without degradation, and latter was generated from dead plants. In the deeper layer of the permafrost a lot of methane produced by methanogenesis living before the ice age without releasing it into the atmosphere.

As many species of methanogenesis are difficult to culture, molecular biological method of DNA is utilized for clarifying microbial flora. For this purpose a specific gene, *mcrA* coenzyme methanogene (methyl coenzyme-M reducrase) crowd has been often analyzed as markers. However, reports of permafrost on the community structure of methanogens, has been hardly done. Thus, in this study, PCR using gene of *mcrA* and DGGE (Denaturing Gradient Gel Electrophoresis) analysis were performed on methanogen community structure analysis and the cloning method for permafrost sample. As a result, low similarities with the known species were found, and it was supped there is a potential for existence of a new species methanogenesis.