

## P-089

**春期ブルーム中の親潮黒潮移行域において活発に細胞分裂する細菌群集 (Active growing bacteria: AGB) の組成比較**○片岡 剛文<sup>1,2</sup>, 山口 晴代<sup>2</sup>, 桑田 晃<sup>3</sup>, 河地 正伸<sup>2</sup><sup>1</sup>福井県大海洋, <sup>2</sup>国環研, <sup>3</sup>東北水研

E-mail: kataoka@fpu.ac.jp

従属栄養性細菌は溶存態・粒子状有機物を利用して群集を維持しているため、バイオマスプールとして生物地球化学的な物質循環における重要な構成要素である。細菌の群集組成は海域や環境により異なるが、植物プランクトンの現存量との関係が知られており、特に、特定の系統群が植物プランクトンのブルーム時に優占する例が報告されている。近年では次世代シーケンシング法により細菌群集組成を網羅的に分析できるが、天然群集には死菌や休眠状態の細菌も含まれており、物質循環に貢献するような活発に細胞分裂する細菌 (Active growing bacteria: AGB) についての知見は未だ少ない。プロモデオキシウリジン (BrdU) はチミジン類似体であり、細胞分裂に伴って複製される DNA に取り込まれるため、新たに合成される DNA の標識となる。つまり BrdU を取り込ませた環境試料から免疫沈降法により BrdU を含む DNA を選抜すること (BrdU immuno capturing: BIC) で、AGB 由来の DNA を分析可能である。本研究では、AGB 群集組成と植物プランクトンとの関係を明らかにするために、春期ブルーム中の親潮域と非ブルームの親潮黒潮移行域において、2 水深 (表層とクロロフィル極大) の細菌群集組成を 16S rDNA のアンプリコン解析により比較した。BIC 法により選抜されたゲノム DNA 中の 16S rDNA コピー数は、無選抜ゲノム DNA の 5 ? 10% を占め、全細菌群集の 10% 程度が AGB であることが示唆された。3 連反復実験で共通して得られた OTU を分析したところ、365 OTU (92% 相同性) が得られた。OTU 組成は表層とクロロフィル極大層でよく類似したが、親潮域では Alphaproteobacteria と Flavobacteriia に属する多様な系統群が優占し、移行域では Rhodobacteracea が優占する違いがあった。得られた OTU の 27% が AGB であり、優占する AGB の分類群は各観測点の無選抜細菌群集と類似していたことから、AGB と非 AGB は遺伝子型レベルで異なることが示唆された。また、親潮域の AGB は他海域の植物プランクトンブルームで優占する系統群と類似しており、ブルームに特異的な組成である可能性が示唆された。