PR0212

環境DNAメタバーコーディング法による成層型湖沼における細菌および真核生物群集の空間的多様性の評価

○平山耕太郎[1]、佐藤佑磨[1]、大音周平[1]、砂村倫成[1]、板井啓明[1]
（[1]東大・理・地惑）

【はじめに】閉鎖性水域では、水温や保存性化学成分は水平方向に高い均質性を示すことが知られているが、反応性の高い化学成分は不均質になることが予想される。生物必須元素が不均質分布を示す場合、それに対応して微生物群集が不均質性を示す可能性がある。水圏生物の群集組成は、次世代シーケンサーの利用により、物理化学データと近い時空間分解能で解析できるようになった。本研究では、野尻湖（長軸距離：2900 m）における鉛直水質の水平方向変化を季節別に計測すると共に、細菌類と真核生物類の群集組成について環境 DNA を指標に解析することで、中型湖沼における生物地球化学的パラメータの水平均質性について包括的に解析した。

【手法】 2022 年 4 月、6 月、8 月、10 月に、長野県北部の野尻湖において、水温・pH・DO の鉛直分布測定と、深度別採水を実施した。試料は湖沼長軸に沿って 7 地点を設定し、表水層（透明度深度）と深水層（20 m）それぞれ 1 試料ずつを採取した。16S および 18S rRNA 配列は、現地でカートリッジフィルター（Sterivex-GP φ0.22 μm）上に濾過濃縮した粒子を分析に供試し、解析した。濾過した試料は現場で RNAlater™ (Thermo Fisher Scientific) を添加後、冷蔵して実験室に持ち帰り冷凍保存した。粒子中の DNA をフィルターから抽出・精製後（DNeasy, QIAGEN)、原核生物は SSU rRNA の v4,v5 領域を、真核生物は SSU rRNA の v4 領域を PCR により増幅し、ライブラリーを作成した。PCR 産物は次世代シーケンシング（300PE, MiSeq イルミナ社）により取得し、得られた配列に対し、Qiime2-DADA2 パイプライン及び R を用いた解析を実施した。

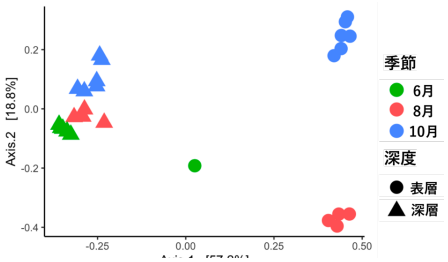

Fig. 1 季節および水深ごとの真核生物類の β 多様性距離 (MDS プロット)

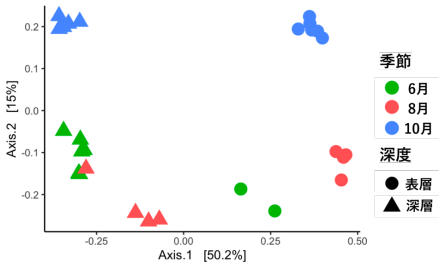

Fig. 2 季節および水深ごとの細菌類の β 多様性距離 (MDS プロット)

【結果と考察】
各群間の生物群集組成の差を解析するため、MDS により β 多様性距離を評価した (Figs. 1, 2)。原核生物・真核生物ともに、深水層と表水層で群集組成に差があり、表層では季節間で群集組成に差があることがわかった。深層の群集組成の違いは、原核生物では大きかったが、真核生物では少なかった。講演では、物理化学データとの相関性も含めた解析結果を紹介する。

Within-lake variability in the composition of bacterioplankton and eucaryote using environmental DNA metabarcoding approach.

*K. Hirayama[1], Y. Sato[1], S. Oto[1], M. Sunamura[1], and T. Itai[1] ([1]Dept. Earth & Planetary Sci. Univ. Tokyo)