

発表論文：Distribution and phylogeny of mercury methylation, demethylation, and reduction genes in the Seto Inland Sea of Japan

(瀬戸内海における水銀メチル化・脱メチル化・還元関連遺伝子の分布と系統)

掲載誌：Marine Pollution Bulletin (Impact factor 2021: 7.001)

著者：Yuya Tada^{1*}, Kohji Marumoto¹, Yoko Iwamoto², Kazuhiko Takeda², Hiroshi Sakugawa²

¹ 国立水俣病総合研究センター, ² 広島大学

DOI: <https://doi.org/10.1016/j.marpolbul.2022.114381>

毒性が強い金属として知られている水銀は、海洋環境中に極微量に(濃度として ppq [parts per quadrillion]~ppb [parts per billion]レベル)存在しており、これらの水銀は、微生物の作用によって形態変化(メチル化・脱メチル化・還元)することが知られています。特に、神経毒性が強く、生物蓄積性のあるメチル水銀の海水中における生成(メチル化)・分解(脱メチル化)メカニズムの解明は、海洋生物へのメチル水銀蓄積過程を理解する上で重要です。本研究では、広島大学との共同研究によって、瀬戸内海東部(紀伊水道)並びに西部(豊後水道)における海洋観測を実施し、海水中の水銀濃度を分析すると同時に、メタゲノム解析によって海洋微生物の水銀メチル化遺伝(*hgcAB*)、脱メチル化遺伝子(*merB*)、還元遺伝子(*merA*)の分布及び系統を解析しました。分析の結果、水銀の濃度と水銀関連遺伝子の存在量との間には関係性は見られませんでした。紀伊水道と豊後水道では異なる水銀関連遺伝子が検出され、海洋環境の違いによって多様な微生物が関与する水銀形態変化過程が存在する可能性が示されました。これまで、海水中の水銀関連遺伝子を包括的に解析した研究例は希少であったことから、本研究の成果は、海洋微生物によるメチル水銀生成・分解過程の解明に大きく貢献できるものと考えています。

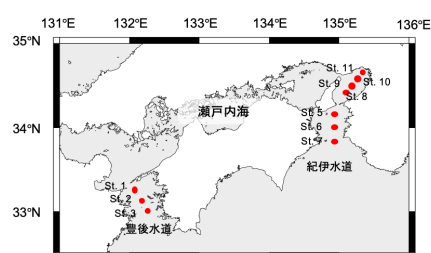


図 1. 瀬戸内海における観測点

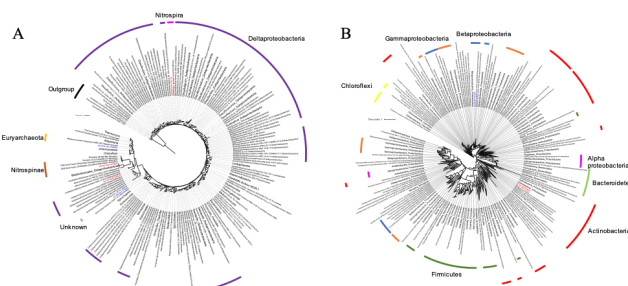


図 2. 紀伊水道、豊後水道から検出された水銀メチル化(A)並びに脱メチル化遺伝子(B)の系統解析結果