

## P-056

## 新第三紀堆積岩における地下水中の細菌群集

## - 北海道幌延地域を対象とした研究（第一報） -

○<sup>ながおさ かずよ</sup>永翁 一代<sup>1</sup>、<sup>はま かつひろ</sup>濱 克宏<sup>2</sup>、<sup>くにまる たかのり</sup>國丸 貴紀<sup>2</sup>、<sup>なかやま まさし</sup>中山 雅<sup>2</sup>、<sup>あおき かずひろ</sup>青木 和弘<sup>2</sup>、<sup>かとう けんじ</sup>加藤 憲二<sup>1</sup>

(<sup>1</sup>静岡大学 理 地球科学教室、<sup>2</sup>核燃料サイクル開発機構 幌延深地層研究センター)

＜目 的＞ 地下深部における細菌群集の現存量や多様性、活性の知見を得ることは、地下圏の物質変換における微生物の役割や、放射性廃棄物の地層処分に対する安全評価等において重要である。

しかしながら、とりわけわが国における地下圏微生物の研究はたち遅れている。本研究では、北海道北部の幌延地域を対象とし、第三紀堆積岩における地下水中の全菌数やその群集構造を解析することにより、深層地下水中の細菌群集の実態を解明し、地下水の水質形成に及ぼす影響、地下環境との関係について考察することを目的とした。

＜方 法＞ 北海道天塩郡幌延町 核燃料サイクル開発機構幌延深地層研究センター周辺のボーリング孔 HDB-6 孔(掘削長:620m;採水深度:①281~312m、②364~409m)、HDB-8 孔(掘削長:470m;採水深度:168~184m)、HDB-4 孔(掘削長:530m;採水深度:①224~233m、②281~291m、③478m)の 3 孔 6 深度より地下水を採水した。また対照試料として、掘削孔周辺の河川水 (3 地点) を採水した。

全菌数 (AODC)、FISH 法を用いたドメインバクテリア、ドメインアーケア、デルタプロテオバクテリアの検出を行った。また、PCR-DGGE 法により、各試料のバクテリアの群集構造の比較を行った。DGGE 法により得られたバンドから DNA を回収し、その塩基配列を決定した。さらに、BLAST による系統解析を行った。

＜結果と考察＞ 深層地下水中の微生物分析を行った結果、全菌数は HDB-6 孔②で  $4.6 \pm 1.3 \times 10^4$  cells mL<sup>-1</sup> と最も低く、HDB-4 孔②で  $5.1 \pm 0.7 \times 10^6$  cells mL<sup>-1</sup> と最も高い値を示した。HDB-6 孔における全菌数は深度が深い試料で小さかったが、HDB-4 孔では深度が浅い試料で最も小さく、必ずしも深度方向に現存量が減少しないことを示した。また、現場での細菌の活性の指標となる全菌数に対する分裂中の細胞の割合 (FDC) は、HDB-6 孔①で 5.63% と最も高かった。この試料の FISH 法によるドメインバクテリアの検出率は 61.9% と高く、現場での微生物活性が高いことを示唆している。他の試料が稚内層中から採水したのに対し、この試料は声問層と稚内層の地層境界から採水したものである。なお、全菌数の大きかった HDB-4 における FDC は 0.45~1.82% と低く、細菌数の大きさとその活性は調べられた地下圏において必ずしも一致してはいないことを示していた。

HDB-4 孔において、全菌数に対するドメインバクテリアの割合は 6.4~14.0%、ドメインアーケアの割合は 10.3~19.1% であった。また、デルタプロテオバクテリアは今回の FISH 法では検出することができなかった。

永翁一代: sknagao@ipc.shizuoka.ac.jp