

PB-18

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 (第二報) クローニングによる系統解析-

○^{ながおさ かずよ}永翁 一代¹, ^{はま かつひろ}濱 克宏², ^{くにまる たかのり}國丸 貴紀², ^{なかやま まさし}中山 雅², ^{あおき かずひろ}青木 和弘², ^{かとう けんじ}加藤 憲二¹¹静岡大学・理・地球科学教室, ²核燃料サイクル開発機構 幌延深地層研究センターBacterial community in the groundwater of the Neogene sedimentary rock in Horonobe area, Hokkaido:
Phylogenetic analysis with cloningKazuyo Nagaosa¹, Katsuhiro Hama², Takanori Kunimaru², Masashi Nakayama², Kazuhiro Aoki² and
Kenji Kato¹¹Faculty of Science, Shizuoka University, ²Japan Nuclear Cycle Development Institute

Key word: subsurface, activity, bacterial abundance, community structure, phylogenetic analysis

【目的】 地下深部における細菌群集の現存量や多様性, 活性に関する知見を得ることは, 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において重要である。本研究は, 北海道北部の幌延地域を対象とし, 深層地下水中の細菌群集の解析を行うことにより, 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ている。前報告において, 地層境界における微生物活性が高いことが示唆された¹⁾。本報告では, これら地下水中の細菌群集の系統解析を行うことにより, 細菌の群集構成からの考察を試みた。

【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新第三紀堆積岩を対象に掘削したボーリング孔 HDB-6 孔 (掘削長:620m;採水深度:①281~312m, ②364~409m), HDB-4 孔 (掘削長:520m;採水深度:②281~291m, ③477~479m) の2孔4深度より採水した地下水から, DNA を抽出した。domain Bacteria の16S rDNA を標的とするプライマーでPCR増幅を行った。得られたPCR産物に対しクローニング・シーケンシングを行い, 塩基配列を決定し, BLASTによる系統解析を行った。

【結果および考察】 クローニングによる系統解析の結果, 各孔, 各深度において, それぞれ固有の群集構成を持つことが明らかにされた。現場での微生物活性が高いことが示唆されたHDB-6孔①では, γ -Proteobacteria, 特に *Pseudomonas* 属に近縁な細菌が優占しており, HDB-6孔①でみられた高い活性はこれらの細菌グループに支えられていたと考えられる。また各孔において, 芳香族化合物の分解に関与する細菌や, 硫酸還元菌, 硫黄酸化, メタン酸化に関与する細菌に近縁の遺伝子配列を持つクローンが検出された。これらの細菌は地下圏における物質変換過程に大きく関与していることが推察される。

1)永翁ら 2004. 第20回日本微生物生態学会講演要旨集 p.78

永翁一代 Nagaosa Kazuyo: sknagao@ipc.shizuoka.ac.jp