

# 東濃ウラン鉱床周辺の微生物群集解析

## Microbial communities from deep subsurface uranium deposit in the Tono area

# 村上 由記[1]; 岩月 輝希[1]; 長沼 毅[2]

# Yuki Murakami[1]; Teruki Iwatsuki[1]; Takeshi Naganuma[2]

[1] サイクル機構 東濃地科学センター; [2] 広大・院・生物圏

[1] JNC TGC; [2] School of Biosphere Sci., Hiroshima Univ.

### 1. はじめに

微生物の異化型硫酸還元は、海底堆積物、嫌気汚泥、汚染地下水などの多くの還元的環境において重要な代謝活性反応である。この反応をおこなう硫酸還元菌は、地下環境においても花崗岩、玄武岩、堆積岩など様々な岩質条件で分布することが知られており、地下の硫黄循環に重要な役割を果たしていると考えられる。岐阜県東濃地域の第三紀堆積岩中に存在する東濃ウラン鉱床周辺においても、幅広い範囲において硫化物イオンが検出されており、硫酸還元菌の活動が確認されている。東濃ウラン鉱床は 1000 万年以上に渡って安定な状態で保持されてきたと考えられており、その要因の一つに、硫酸還元菌を主とした微生物による酸化還元反応が大きな役割を果たしていると考えられているが、そのメカニズムについてはまだ明らかになっていない。そこで本研究では、メカニズム解明の第一段階として、東濃地域の地下水中に存在する微生物群集構造の空間的な分布を明らかにし、酸化還元反応に影響を与えうる微生物生態系の解明を目的とした。

### 2. 研究方法

地下水の採取は、基盤である花崗岩および花崗岩を覆う堆積岩を対象とし、ウラン鉱床の東端部に位置する試錐孔 MSB-2 および 4 号孔、ウラン鉱床中央部に位置する試錐孔 KNA-6 号孔において、合計 6 深度にておこなった。採取した地下水は、微生物現存量の見積もりのために、直接計数法により全菌数および生菌数を計数した。一方で、地下水中の微生物多様性を明らかにするために、地下水中から抽出した全 DNA に対して、バクテリアおよびアーキアの 16S rRNA 遺伝子の解析をおこなった。また、硫酸還元菌の群集組成については、Dissimilatory sulfite reductase (DSR) 遺伝子をターゲットとした解析をおこなった。

### 3. 結果と考察

AO, DAPI, および SYBR Green I を用いた全菌数の計数結果は、約  $10^4 - 10^5$  cells ml<sup>-1</sup>、膜健全性 (LIVE/DEAD BacLight), 呼吸活性 (CTC), エステラーゼ活性 (FDA, cFDA, sFDA) に基づいて計数された生菌数は、約  $10^2 - 10^5$  cells ml<sup>-1</sup> であり、深度によりばらつきがみられた。

バクテリアを対象とした 16S rDNA 解析の結果から、堆積岩のどの深度の地下水においても硝酸還元菌に近縁な微生物が優占して存在していることが明らかになった。また、DSR 遺伝子に基づいた解析結果からは、深度によって存在する硫酸還元菌の種類が全く異なっていることが示された。硫酸還元が最も活発に行われていると考えられる深度においては、Desulfovivrio 属, Desulfotomaculum 属の硫酸還元菌が生息することが示唆された。一方で、ウラン鉱化帯に比較的近い堆積岩最下部および花崗岩においては、アーキアの 16S rDNA 解析の結果から、Methanobacterium 属, Methanosaeta 属などのメタン生成菌に近縁な遺伝子が検出された。これらの微生物の空間分布から、地下環境においては微生物の棲み分けがおこっており、この棲み分けは利用可能な硫酸イオン濃度に依存することが推察された。また、ウラン鉱化帯に比較的近い環境においては、近年報告されているどの硫酸還元菌 DSR 遺伝子にも近縁でない未知の DSR 遺伝子を持つ硫酸還元菌が優占することが示唆された。さらに、バクテリアおよびアーキアの 16S rDNA 解析結果からは、硫酸還元菌に近縁な遺伝子は検出されておらず、これらの環境には新規の硫酸還元菌が生息している可能性が推察された。これらの微生物とウラン鉱床の長期的保持の関係については、今後さらなる解析が必要である。