

## 新第三紀堆積岩における地下水中の微生物群集の分子生物学的特徴

## Molecular characterization of groundwater microbial communities in a deep Neogene sedimentary rock

# 清水了 [1]; 秋山克 [1]; 石島洋二 [1]; 濱克宏 [2]; 國丸貴紀 [2]; 長沼毅 [3]

# Satoru Shimizu[1]; Masaru Akiyama[1]; Yoji Ishijima[1]; Katsuhiko Hama[2]; Takanori Kunimaru[2]; Takeshi Naganuma[3]

[1] 幌延 RISE; [2] 原子力機構; [3] 広大・院・生物圏

[1] Horonobe RISE; [2] JAEA; [3] School of Biosphere Sci., Hiroshima Univ.

<http://www.h-rise.jp>

日本北部の幌延地域に分布する中期中新世中頃～後期中新世前半の稚内層（硬質頁岩層）深部地下水中の細菌および古細菌の 16S rRNA 遺伝子の多様性と分布特性を明らかにした。この研究サイトでは、大曲断層が NW-SE 方向に走っていることが特徴の一つである。地下水試料は、日本原子力研究開発機構が幌延町周辺で掘削した 3 つボーリング孔である HDB-6 (断層 SW 側, 採水深度: 296 metre blow ground level (mbgl)、374mbgl) および HDB-11 (断層 SW 側, 採水深度: 625mbgl) および HDB-10 (断層 NE 側, 採水深度: 458mbgl) から得られた。HDB-10 (458mbgl) ( $10E+03$ cells/ml) のアクリジンオレンジ直接計数値は、HDB-6 (296mbgl および 374mbgl) および HDB-11 (625mbgl) ( $10E+05 \sim 10E+06$ cells/ml) よりも 2~3 桁低かった。アーキアの 16S rRNA 遺伝子クローンライブラリ (204 clones) については、HDB-6 (296mbgl および 374mbgl) および HDB-11 (625mbgl) では cultured methanogen が優占しており (97.5%)、*Methanoculleus chikugoensis* に近縁なクローンがそのうちの 78.6% を占めていたが、HDB-10 ではすべてのクローンが環境クローンのみとクラスターを形成し、メタン生成古細菌に近縁なクローンは全く検出されなかった。バクテリアの 16S rRNA 遺伝子クローンライブラリ (203 clones) については、HDB-6 (296mbgl および 374mbgl) および HDB-11 (625mbgl) では Bacteroidetes 門 (54.1%)、Firmicutes 門 (18.2%) および  $\gamma$ -Proteobacteria 綱 (18.2%) に属するクローンが優占していたが、HDB-10 (458mbgl) の地下水では  $\gamma$ -Proteobacteria 綱 (72%) に属するクローンが突出して優占しており、HDB-6 と HDB-11 の地下水で優占していた Bacteroidetes 門と  $\gamma$ -Proteobacteria 綱に属するクローンは全く検出されなかった。