

P2-098

## 海洋細菌群集構造の解析は 新しい環境モニターリングの方法となる

ラフィディナリブエリズ、藤本聡志、渡邊健、北里海雄、小林信之  
長崎大学大学院医歯薬学総合研究科

Analysis of bacterial community structures in marine sediments as a new sensitive  
method for the monitoring of marine environmental status

Rafidnarivo Herizo, Fujimoto Satoshi, Watanaba Ken,  
Kitazato Kaio, and Kobayashi Nobuyuki

Graduate school of Biomedical Science, Nagasaki University

「目的」 当研究室は長崎県近海から採取された海洋微生物ライブラリーを保有している。これらのライブラリーから新規生理活性を検出した細菌の同定はバクテリア 16S rDNA 遺伝子配列の決定によって行っている。本大会において我々は海洋微生物の分類から長崎近海の海洋環境をそこに分布する微生物群集の解析により評価できる可能性が得られたので報告する。

「方法」 長崎県周辺海域沿岸部五島、長崎半島、橘湾、諫早湾、大村湾の5つの海域の海泥から1997年に採取された海洋微生物で構成される海洋微生物ライブラリーを用い、16S rDNA の塩基配列解析により細菌の同定およびその群集構造を解析した。

「結果と考察」 海域に存在する微生物を中心とした Alpha-または Gamma-proteobacteria は全

体の細菌における割合は開放的な海域である五島、長崎半島のそれぞれにおいて72%と58%を示した。閉鎖的な海域である大村湾、橘湾、諫早湾においてそれぞれ13.8%、28.6%、43.8%でした。一方、陸域からの流入が中心であると考えられる Bacilli の組成は大村湾、橘湾、諫早湾においてそれぞれ76.6%、61.9%、29.2%でした。これに対し、五島や長崎半島のそれぞれの海域では4.9%と6.8%でした。Bacilli の存在およびその海洋環境における変動は主に地理構造的な閉鎖性と環境汚染レベルの2つの要因によって影響されると考えられる。従って、従来の環境評価指標であるCODやBOD法に比べ、海洋環境における Bacilli と海洋性細菌の組成変化は新しい海洋環境変動の評価法として用いる可能性が示唆された。