

海洋微生物分子生物学的同定法による微生物群集 構造解析による環境評価法

小林信之

長崎大学・大学院・医歯薬学総合研究科・新興感染症病態
制御学専攻系・感染分子薬学研究室

Analysis of bacterial community structures in marine sediments:
a new sensitive method for the monitoring of marine environmental status
Laboratory of Molecular Biology of Infectious Agents, Graduate School of Biomedical
Sciences, Nagasaki University, Nagasaki 852-8521, Japan

海洋微生物ライブラリーを用いた新規生理活性物質の探索において我々は抗ウイルス活性、新規毒素等の探索を行っているが、分離された有用生理活性を示す海洋微生物について、16S rRNA 遺伝子を解析して分子生物学的同定を行っている。本研究に用いた海洋微生物ライブラリーは長崎県近海各地から採取され、約 30,000 株にのぼっている。それらのライブラリーを構成する微生物の解析を微生物採集を行った海域ごとに比較した結果、各海域での微生物群集構造がそれらの海域の環境指標となる可能性が得られた。

本発表では、(I) 大村湾、諫早湾、橘湾、長崎半島、五島海域での海洋微生物群集解析の結果、これら海域の環境汚染度に比例して *Bacilli* に属する細菌の顕著な増加がみられ、通常海域に生息する *Vibrio*, *Pseudoalteromonas*, *She-wanella* 等の属す *Gamma Proteobacteraria*, *Alpha Proteobacteria* 属の顕著な減少が観察された。通常海域の汚染度の指標としては COD (Chemical oxygen demand) 値が用いられ大村湾に於いてはその値が 2.54 (mg/l) と環境基準 2.0 を大きく上回り、近年その汚染が深刻な問題となっている。大村湾は極めて閉鎖性の高い

海域で陸生の汚染廃水の流れ込みがこれらの環境汚染の主要な要因と考えられている。大村湾海域の微生物群集としては *Bacilli* に属する細菌がもっとも高く 76.6% にも達し、*Gamma Proteobacteraria*, *Alpha Proteobacteria* 属は僅か 13.8% にしか過ぎないことが明かとなった。一方極めて高い海洋保全がなされている五島周辺では *Gamma Proteobacteraria*, *Alpha Proteobacteria* 属は 72.1% に達し、*Bacilli* に属する細菌は僅か 4.9% に止まっていることが明かとなった。*Bacilli* に属する細菌は主として陸性に広く分布する細菌であり、*Bacilli* 属の存在比が陸域からの汚染廃水の流れ込みによる環境汚染を示す指標になりうるものと考えられる。

(II) 我々が利用している海洋微生物ライブラリーは諫早湾において 1996 年 6 月から 1998 年 9 月までに採取された微生物を含んでいる。諫早湾においては現在その干拓工事に伴う潮受け堤防のめきり後の環境汚染が社会問題となっているが、その潮受け堤防の締め切りが 1997.4.14. に行われた。そこで今回潮受け堤防閉鎖前後の二年間に渡る諫早湾の環境変化を、微生物群集解析によりおこなった。