

沿岸域海底堆積物中の物質循環における硝酸の役割

青柳 智

海底堆積物は沿岸域から外洋域に至るまで地球の海底全体に分布し、地形や周辺地域産業などの環境要因を反映した微生物生態系を形成している。特に人間活動による影響を受けやすく、富栄養化の進行した閉鎖系沿岸域の海底（特に養殖漁場の下など）において、堆積物の蓄積が日本のみならず、アジア、ヨーロッパ、アメリカ大陸など世界中で報告されている。その一方で2011年の東日本大震災に起因する大津波により東北地方太平洋沿岸の広範囲に大量の堆積物が打ち上げられたことから¹⁾、外洋に面した開放系沿岸域においても堆積物が蓄積され続けてきた事実が明るみとなった。

通説として、沿岸域の海底では陸域や養殖漁場の残餌などを由来とする有機物が底生生物や好気微生物によって分解される。これらの働きにより酸素が消費されると、次は海水中に20–30 mMの濃度で豊富に存在している硫酸を電子受容体とする硫酸還元菌の有機物分解が活発となり、その硫酸還元反応により生成される硫化水素が周辺生態系へ悪影響を与えることが知られている。閉鎖系海域における堆積物の減容化や環境改善には、重機などで堆積物を取り除く浚渫や海底を砂などで覆う覆砂といった、土木工学的な方法が採用されてきたが、近年ではこれらの手法にかかるコストや持続性また環境への負荷が問題視され、生物の機能を利用した環境修復法が注目されている。たとえば、Kunihiroらは熊本県楠浦湾の堆積物に対して、堆積物食性能を有するイトゴカイ (*Capitella*属の多毛類の一種) を散布し、その増殖および有機物分解能を有する共生細菌である *Roseobacter* 属細菌の増加が誘発されることで、閉鎖系沿岸海域の海底環境が改善されるメカニズムを示している²⁾。

海底堆積物は海水と接している上層部分を除いて嫌気状態であり、嫌気微生物が物質の変換や循環に重要な役割を担うと推察される。海水や海底中には硫酸や鉄が豊富に存在しながらも、堆積物が蓄積されている事実を鑑みると、これらを電子受容体とする微生物による有機物分解が起こりにくいと予想される。一方、より高エネルギーの電子受容体である「硝酸」に焦点を当てると、その濃度は沿岸域で0.5 μ M–400 mMで変動し、河川などから海水への硝酸態窒素の流入量は地球全体で年間560 Tg (Tは10の12乗) と推計されている。これは地球の全窒素循環の9%–35%を占める規模であり、硝酸還元条件下の嫌気分解メカニズムの解明は海底堆積物におけ

る物質循環を理解する上でもきわめて重要である。それでは、堆積物中の硝酸還元機構とはいったいどのようなものだろう。Marchantらは *in situ* の堆積物において、脱窒反応の方が硝酸からアンモニアへの還元よりも優勢に進行すると報告している³⁾。またAoyagiらは化学分析、次世代シーケンサー解析、および分離培養の組合せにより海底由来堆積物の硝酸還元ポテンシャルを評価し、硝酸添加によって脱窒反応と硫酸酸化反応が引き起こされること、これらの共役反応を新規な化学合成硫酸酸化細菌 (*Sulfurimonas* 属および *Thioalkalispira* 属細菌) が直接的に担うことを示した⁴⁾。さらにこれらの硫酸酸化細菌群の増殖の後に嫌気有機物分解の最終段階を担うメタン生成菌などの代謝が活性化された。これは、硫酸酸化細菌がその炭酸固定能によって生態系の一次生産者としての役割を担うことで、微生物生態系の物質循環が駆動し始めたことを強く示唆している。さらにVasquez-Cardenasらは堆積物中において硫酸酸化細菌群 (*Beggiatoa* 属, *Sulfurimonas* 属, *Sulfurovum* 属細菌) が¹³C-炭素を自身の生体成分である phospholipid fatty acids (PLFA; リン脂質脂肪酸) へ取り込むことを stable isotope probing (SIP; 安定同位体プロービング) により示している⁵⁾。海底堆積物中において硝酸は化学合成硫酸酸化細菌に利用され、窒素循環だけでなく、硫黄や炭素の循環にも大きな影響を及ぼすと推察される。

最近、rRNAに基づいたSIP (rRNA-SIP) の高感度化がなされた⁶⁾。この新手法を堆積物に適用することにより、これまででない感度で未知・未培養微生物を含む微生物間の食物連鎖や栄養共生などの代謝ネットワークが解析可能となる。環境中の微生物が担う機能や微生物間の相互作用をひとつひとつ明らかにすることで、今後の海底堆積物の嫌気分解メカニズムの全貌解明が期待される。

- 1) 津波堆積物データベース: https://gbank.gsj.jp/tsunami_deposit_db/
- 2) Kunihiro, T. et al.: *ISME J.*, **5**, 1818 (2011).
- 3) Marchant, H. K. et al.: *PLoS One.*, **9**, e104517 (2014).
- 4) Aoyagi, T. et al.: *Front. Microbiol.*, **6**, 426 (2015).
- 5) Vasquez-Cardenas, D. et al.: *ISME J.*, **9**, 1966 (2015).
- 6) Aoyagi, T. et al.: *Environ. Microbiol. Rep.*, **7**, 282 (2015).