## 研究成果報告書

(国立情報学研究所の民間助成研究成果概要データベース・登録原稿)

研究テ (注	<b>ーマ</b> 和文) ав	水環境中の微生物集団の遺伝的変異に飛来放射性物質が及ぼした影響の調査							
研究テ ()	ーマ 欧文) AZ	Effect of radioactive sediments on the genetic variation of microbial populati water environments							
研 究氏	<b>አ</b> አታታ cc	姓)タナベ	名)ユウヒコ	研究期間 в	2011 ~ 2013 年				
代	漢字 св	田辺	雄彦	報告年度 YR	2013 年				
表名 者	┖─ <b>२</b> 字 cz	TANABE	YUUHIKO	研究機関名	筑波大学				
研究代表者 cp 所属機関・職名		筑波大学 大学院 生命	市環境科学研究科・助教						

概要 EA (600 字~800 字程度にまとめてください。)

2011.3.11 の東日本大震災に付随して起こった福島第一原子力発電所事故により飛来し環境中に蓄積した放射性 物質の生物への影響については、世代時間が短く単細胞であるバクテリアの自然集団における遺伝子突然変異を調 べる方法が有効である。この目的のため、実際に事故後に放射性物質の少なからぬ蓄積が見られた霞ヶ浦(茨城県) に生息するラン藻類(シアノバクテリア)の一種ミクロシスティス・エルギノーザ(Microcystis aeruginosa)の自然集団 について、事故前後2年の遺伝子変異を網羅的に比較分析した。同種ラン藻は夏季に湖沼で大量発生していわゆる アオコを形成することが知られており、微生物であるにもかかわらず選択的な採集が可能であるという大きな利点が ある。同種ラン藻を事故後の 2011-2012 に計 29 回採集し、これを事故前の 2009-2010 に計 12 回採集したサンプルと 比較した。比較遺伝子座として、筆者が同種ラン藻の個体識別に利用していた遺伝子座の一つである ftsZ(約 400bps)を用いた。同種ラン藻を含む環境サンプルから直接ゲノム DNA を抽出後、複製エラーの少ない高性能 PCR 酵 素を用いて ftsZを PCR 増幅した後に大腸菌にクローニングを行い、1 サンプルにつき>30 クローンの遺伝子配列を決 定した。得られた配列配列データを筆者がこれまでに蓄積してきた配列データと比較し、既知配列から数えた塩基置 換数が2以下のものを「最近生じた突然変異」と仮定してその性質を調べた。その結果、翻訳アミノ酸を変える「非同義 置換」の数が、事故以前に比べて事故以後に有意に多くなっていることがわかった(P < 0.01, Fisher's exact test)。非同義置換はほとんどが有害であるため、通常は低い突然変異率の下では速やかに集団中から除去される ことから、原発事故以後に同種ラン藻集団において突然変異率が上昇したことが示唆された。また、霞ヶ浦のアオコ採 集地点の底泥を採取して放射性物質の存在を調べたところ、事故以前(2000-2010)の採集地点近傍の底泥の計測値 (<1.5 bq/kg)よりはるかに高い 136 bq/kg の放射性セシウム(Cs137)が検出された。放射線被爆以外のストレスの存 在下でもバクテリア集団において突然変異率が上昇することがあることが知られているため、本データの解釈には慎 重さを要するが、飛来放射性物質による同種ラン藻の遺伝子への影響があった可能性は否定できない。

キーワード FA	ラン藻	自然集団	突然変異	飛来放射性物質
----------	-----	------	------	---------

(以下は記入しないでください。)

助成財団コード⊤ѧ			研究課題番号 🗛					
研究機関番号 AC			シート番号					

孚	発表文献(この研究を発表した雑誌・図書について記入してください。)										
雑誌	論文標題GB										
	著者名 GA		雑誌名 GC								
	ページ GF	~	発行年 GE					巻号 GD			
雑	論文標題GB										
***	著者名 GA		雑誌名 GC								
	ページ GF	~	発行年 GE					巻号 GD			
雑	論文標題GB										
***	著者名 GA		雑誌名 gc								
	ページ GF	~	発行年 GE					巻号 GD			
义	著者名 на										
書	書名 HC										
	出版者 нв		発行年 нр					総ページ нe			
事 図	著者名 на										
	書名 HC										
	出版者 нв		発行年 нр					総ページ нe			

## 欧文概要 EZ

The Fukushima Daiichi nuclear disaster has been posing a threat to every life form inhabiting nearby because they are exposed to accumulating radioactive sediments discharged from the plant. Investigating mutation spectra of natural bacterial population provides a good opportunity to understand how these radioactive substances impact genome of living organism. To address this issue, weekly or monthly samples of a cyanobacterial population (*Microcystis aeruginosa*) in Lake Kasumigaura (175 km apart from the plant) were genetically characterized and compared before (n = 12) and after (n = 29) the Fukushima disaster. ftsZ locus was selected for the comparison because accumulating data (>200) of this locus are available since 2004. Genomic DNA were extracted and *ftsZ* were PCR amplified using a high fidelity *Tag* enzyme. followed by a cloning and sequencing of at least 30 clones for each samples. The obtained DNA sequence data were compared with those obtained previously. Assuming that a maximum of 2 nucleotide substitutions are recent mutations, an excess of nonsynonymous mutation in the sequence after (2011.4-2012.10) compared to those before (2009.8-2010.10) the disaster was observed ( $P \le 0.01$ , Fisher's exact test). This suggests that the mutation rate in the natural population is higher after than before the disaster. It might be possible that the elevated mutation rate is caused by the exposure to radioactive sediments from Fukushima Power plant. Indeed, the bottom sediments of the sampling point were shown to contain substantial concentration of Cs137 (136 kg/Bq), which is much higher than those nearby before the disaster (<1.5 kg/Bq).