

アンチモンによる土壌性細菌群集及びヒ素酸化能への影響 Effect of antimony on arsenite oxidation by soil microbial community

片岡 剛文^{1*}; 濱村 奈津子¹

KATAOKA, Takafumi^{1*}; HAMAMURA, Natsuko¹

¹ 愛媛大学沿岸環境科学研究センター

¹ Center for Marine Environmental Studies

Antimony (Sb) and arsenic (As) are naturally occurring toxic elements in the earth's crust, and both elements exist commonly in sympatric environment. The chemical properties and the mode of toxicity of those elements depend on their oxidation states. Although both oxidation states are toxic, trivalent is more toxic than pentavalent chemical form. The microbiological oxidation of As(III) can impact on the geochemical cycling of arsenic in the contaminated environment, and more than 30 phylogenetically diverse As(III)-oxidizing bacterial strains have been isolated. Although natural microbes are exposed to multiple contaminants in situ, the effect of co-contamination on microbial As(III)-oxidation activity is not well understood. To gain insight into the microbial roles in the biogeochemical cycles of As, we evaluated the effect of co-contamination of Sb and As on the microbial community and their As-oxidizing activity by using solid-phase culturing which was inoculated with antimony mine tailing soil (Ichinokawa, Ehime, Japan). As(III) oxidation rates increased exponentially and reached steady state at day-8 in which 0.15 mM As(III) was oxidized to As(V) in 22.9 hrs. The addition of antimonite tartrate (Sb[III]-tar, 0.15 mM) at day-9 inhibited arsenite oxidation, which was then reduced to 40% by day-15. Successional changes in bacterial community compositions were observed after Sb(III)-tar addition by 16S rDNA- and arsenite oxidase gene (aioA)-targeted analyses. Total of 69 As(III)-oxidizing strains were isolated from the solid samples obtained before and after the Sb(III)-tar addition, and the Sb(III)-tar tolerance of representative isolates were determined. Various As(III)-oxidizing strains exhibited different levels of Sb(III)-tar tolerance in growth response and As(III)-oxidation rates. These results indicated that the co-contamination of As and Sb affect the community composition and activity of As(III)-oxidizing microbial population reflecting the differences in cellular responses among strains to Sb toxicity.

キーワード: 重金属複合汚染, ヒ素, アンチモン, 固相カラム連続培養, 土壌細菌群集

Keywords: Heavy metal pollution, Arsenic, Antimony, Solid phase advective culturing, Soil bacterial community

関東平野南部における地下堆積物中の細菌群集構造 Bacterial community structure in different subsurface sediments of the southern Kanto Plain

大久保 智司^{1*}; 大西 純一¹; A.K. Azad Muhammad¹; 須田 互²; 斎藤 健志¹; 斎藤 広隆³; 竹村 貴人⁴; 濱本 昌一郎⁵; 小松 登志子¹

OHKUBO, Satoshi^{1*}; OHNISHI, Jun-ichi¹; A.K. AZAD, Muhammad¹; SUDA, Wataru²; SAITO, Takeshi¹; SAITO, Hirota³; TAKEMURA, Takato⁴; HAMAMOTO, Shoichiro⁵; KOMATSU, Toshiko¹

¹ 埼玉大学大学院 理工学研究科, ² 東京大学大学院 新領域創成科学研究科, ³ 東京農工大学大学院 農学研究院, ⁴ 日本大学 文理学部, ⁵ 東京大学大学院 農学研究科, ⁶CREST JST

¹Graduate School of Science and Engineering, Saitama University, ²Graduate School of Frontier Science, University of Tokyo, ³Department of Ecoregion Science, Tokyo University of Agriculture and Technology, ⁴College of Humanity and Science, Nihon University, ⁵Graduate School of Agriculture, University of Tokyo, ⁶CREST, JST

二酸化炭素放出の削減および省エネルギーの必要性から、近年、特に都市部建物において地圏熱利用ヒートポンプシステム (GSHP) の普及が進んでいる。GSHP は冷暖房用恒温熱源として、年間を通して温度がほぼ一定な地下の熱を利用するものである。このような技術の普及に加え、都市部の地下利用やヒートアイランド現象等の影響によって今後地下 (地表から深さ約 100 m まで) の温度環境が変化することが予測される。地下の温度変化が地下地盤や地下水の水質、地下に生息する微生物に影響を与えることは容易に推測されるが、実際に地下の温度変化によって何が起こるかについては、ほとんどわかっていない。地下の温度変化によって地下の微生物群集がどのように変化するかを明らかにするためには、まず熱の影響を受ける前の群集構造を理解する必要があると考え、本研究では、関東平野南部の異なる 3 地点において、様々な深度のボーリングコア中に存在するバクテリアの群集構造を明らかにすることを目的とした。

日本大学文理学部 (世田谷区)、埼玉大学 (さいたま市)、東京農工大学府中キャンパス (府中市) の各キャンパス内で掘削したボーリングコアについて、10-12 の異なる深度から DNA を抽出し、16S rRNA 遺伝子を対象とした次世代シーケンス解析を行った。その結果、深さ 0-30 m では優占する細菌がサイトによって異なっており、日本大学では Actinobacteria 門、Firmicutes 門が半数以上を占めたのに対し、埼玉大学では Chloroflexi 門、 γ -、 δ -proteobacteria 綱、東京農工大学では α -、 β -、 γ -proteobacteria 綱が多く検出された。特に埼玉大学では Chloroflexi 門の中でも Dehalococcoidetes 綱および Anaerolineae 綱と分類される OTU 多く検出され、海成層に特に多く分布していた。一方、30 m 以深では全てのサイトで β -、 γ -proteobacteria 綱が優占していた。一部のグループの細菌については、その相対量と深度や間隙水の pH、電気伝導度、堆積物中の粒子径分布との間に相関が見られた。したがって、サイトや深さごとの群集構造の違いは、各サイトの堆積年代、堆積環境と現在の地下環境の違いに起因すると考えられる。本研究で得られた結果をもとに、今後、実際に地下温度変化が起きた場合、細菌の群集構造がどのように変化するかを明らかにしたいと考えている。

キーワード: 地下微生物, 地中熱ヒートポンプ, 次世代シーケンス解析, 細菌群集構造

Keywords: subsurface microorganisms, ground source heat pump, next generation DNA sequencing, bacterial community structures