

富士山麓における降雨の湧水への直接的な影響のシグナルを追跡するための複合的な解析  
Multiple analyses to chase the signature of direct impact of rainfall into groundwater in Mt. Fuji

杉山 歩<sup>1</sup>; 永翁 一代<sup>1</sup>; 加藤 憲二<sup>1\*</sup>  
SUGIYAMA, Ayumi<sup>1</sup>; NAGAOSA, Kazuyo<sup>1</sup>; KATO, Kenji<sup>1\*</sup>

<sup>1</sup> 静岡大学大学院 理学研究科

<sup>1</sup>Shizuoka University, Graduate School of Science

A huge amount of groundwater is stored in subsurface environment of Mt. Fuji, the largest volcanic (basalt) mountain in Japan. There distribute many springs flushing out between lava (high permeability) and underlying older lava (low permeability) at various points of the foot. Based on the concept of piston flow transport an apparent residence time was estimated to ca. 30 years by <sup>36</sup>Cl/Cl ratio (Tosaki et al., 2011). However, this number represents an averaged value of the residence time of groundwater mixed before flushing out. On the other hand, we found that pH of spring water in the lower part of the foot of Mt. Fuji decreased shortly after the typhoon in August 2011 which suggested the newly supplied rainwater was mixed into groundwater. Thus, we try to chase signature of direct impact of rainfall into groundwater from multiple analyses to elucidate the routes of groundwater under the torrential rainfall. Though analyses of groundwater chemistry show just an averaged value, microbial DNA analysis could suggest the routes of transport; if thermophilic microbial DNA is detected this suggests at least a part of groundwater must originated from the environment >ca. 40°C (=600 m deep in Mt. Fuji). Thus, we employed three different tracers; stable isotopic analysis ( $\delta^{18}\text{O}$  and  $\delta\text{D}$ ), chemical analysis (concentration of silica) and microbial DNA analysis.

Stable oxygen isotopic ratio of shallow groundwater became higher than usual value reflecting torrential rainfall and the concentration of silica decreased after the torrential rainfall amounting more than 300 mm. In addition, the density of Prokaryotes in shallow groundwater apparently increased. These findings indicate a direct impact of rainfall into groundwater was observed after torrential rainfall with more than 300 mm in the studied geological setting. This did not appear when rainfall did not exceed 100 mm/day. Increase in the density of Archaea at deep groundwater after the torrential rainfall suggests a possible mixing of deep groundwater which was pushed by piston flow transport as an indirect impact of rainfall into deep groundwater, if it is true to this geological setting that Archaea is predominant in deep subsurface environment as was suggested. Microbial DNA can give possible information about the route of groundwater.

キーワード: 地下水, 強い降雨, 湧水の異常出水

Keywords: groundwater, strong rainfall, abnormal flash out

環境中には未知なる脱窒微生物が豊富に存在している  
Higher diversity and abundance of denitrifying microorganisms in environments than considered previously

磯部 一夫<sup>1\*</sup>; Wei Wei<sup>1</sup>; 妹尾 啓史<sup>1</sup>  
ISOBE, Kazuo<sup>1\*</sup>; WEI, Wei<sup>1</sup>; SENOO, Keishi<sup>1</sup>

<sup>1</sup> 東京大学大学院農学生命科学研究科

<sup>1</sup> Graduate School of Agricultural and Life Sciences, The University of Tokyo

Denitrification is an important process in the global nitrogen cycle. The genes encoding NirK and NirS (*nirK* and *nirS*), which catalyze the reduction of nitrite to nitric oxide, have been used as marker genes to study the ecological behavior of denitrifiers in environments. However, conventional polymerase chain reaction (PCR) primers can only detect a limited range of the phylogenetically diverse *nirK* and *nirS*. Thus, we developed new PCR primers covering the diverse *nirK* and *nirS*. Clone library and qPCR analysis using the primers showed that *nirK* and *nirS* in terrestrial environments are more phylogenetically diverse and 2-6 times more abundant than those revealed with the conventional primers. RNA- and culture-based analyses using a cropland soil also suggested that microorganisms with previously unconsidered *nirK* or *nirS* are responsible for denitrification in the soil. PCR techniques still have a greater capacity for the deep analysis of target genes than PCR-independent methods including metagenome analysis, although efforts are needed to minimize the PCR biases. The methodology and the insights obtained here should allow us to achieve a more precise understanding of the ecological behavior of denitrifiers and facilitate more precise estimate of denitrification in environments.

キーワード: 脱窒, 亜硝酸還元酵素遺伝子, *nirS*, *nirK*  
Keywords: denitrification, nitrite reductase gene, *nirS*, *nirK*

土壤微生物バイオマスの窒素安定同位体比：ストイキオメトリーと同位体比の接点  
Soil microbes shape nitrogen isotopic signatures of soils: a linkage between the ecological stoichiometry and  $\delta^{15}\text{N}$ .

木庭 啓介<sup>1\*</sup>  
KOBA, Keisuke<sup>1\*</sup>

<sup>1</sup> 東京農工大学大学院農学研究院  
<sup>1</sup>Tokyo University of Agriculture and Technology

Nitrogen (N) is an essential, although ecologically limiting, nutrient in many terrestrial ecosystems. It is thus critically important to understand N cycles in terrestrial ecosystems to project their responses to expected changes in environments such as the increase in anthropogenic N input and CO<sub>2</sub> concentration. Natural abundance of N isotopes ( $\delta^{15}\text{N}$ ) has been used to get insights into N cycles in the ecosystems because the  $\delta^{15}\text{N}$  signature can provide unique information on the naturally-occurring processes in the intact ecosystem. Interpretations of global dataset of plant  $\delta^{15}\text{N}$  (e.g. Craine et al. 2009) and soil  $\delta^{15}\text{N}$  (e.g. Houlton and Bai 2009, Craine et al. 2015) have been proposed to explore the important flux/parameter in N cycles which are difficult to measure (such as N availability and denitrification loss). In most of these cases, the rule of the thumb in  $\delta^{15}\text{N}$  interpretation is that soil loses  $^{15}\text{N}$ -depleted N during decomposition (more strictly, mineralization and leaching/denitrification loss), which is also the fundamental concept for marine sediment  $\delta^{15}\text{N}$  (e.g. Robinson et al. 2012, Tesdal et al. 2013). Even this "15N-depleted N loss" concept is easy to follow, the direct (experimental) evidence for the isotopic fractionation during N mineralization or decomposition is surprisingly scarce. Although long-term lab incubation of soil samples revealed the expected  $\delta^{15}\text{N}$  increase with the decrease in N concentration (Nadelhoffer and Fry 1988), litter-bag experiments (Melillo et al. 1989; Connin et al. 2001) did not show this expected  $\delta^{15}\text{N}$  change during litter decomposition. Thus the gap between field observations and lab experiments in the  $\delta^{15}\text{N}$  trend calls the review of the fundamental concept for the interpretation of soil  $\delta^{15}\text{N}$ .

In the presentation, I will summarize the  $\delta^{15}\text{N}$  data we obtained in the last five years on soil bulk N, several extractable organic N (EON), extractable inorganic N (EIN) in soils and soil microbial biomass (SMB), which are now relatively easy to measure with denitrifier method (Sigman et al. 2001, Houlton et al. 2006). The  $\delta^{15}\text{N}$  of SMB is generally higher than  $\delta^{15}\text{N}$  of other N compounds, which should be interpreted as a consequence of carbon and N stoichiometry (or N mineralization; Dijkstra et al. 2008). This high  $\delta^{15}\text{N}$  of SMB can complement the interpretation of soil  $\delta^{15}\text{N}$  variations – the large  $\delta^{15}\text{N}$  differences between organic layers and mineral soils often observed in soil profiles, the low  $\delta^{15}\text{N}$  in wet/cold ecosystems and the high  $\delta^{15}\text{N}$  in dry/hot ecosystems in the global soil  $\delta^{15}\text{N}$  trend, and the high  $\delta^{15}\text{N}$  of the microbially-processed soil fractions.

## アナモックスの優占する活性汚泥における同位体分別 Isotopic fractionations during nitrogen removal in the activated sludge

古田島 翔徳<sup>1\*</sup>; 木庭 啓介<sup>1</sup>; 池田 大輔<sup>2</sup>; 寺田 昭彦<sup>2</sup>; 井坂 和一<sup>3</sup>

KOTAJIMA, Syoutoku<sup>1\*</sup>; KOBAYASHI, Keisuke<sup>1</sup>; IKEDA, Daisuke<sup>2</sup>; TERADA, Akihiko<sup>2</sup>; ISAKA, Kazuichi<sup>3</sup>

<sup>1</sup> 東京農工大学大学院農学研究院, <sup>2</sup> 東京農工大学大学院工学研究院, <sup>3</sup> 日立製作所

<sup>1</sup>Tokyo University of Agriculture and Technology, <sup>2</sup>Tokyo University of Agriculture and Technology, <sup>3</sup>Hitachi, Ltd

Anammox is considered to be an important nitrogen removal pathway in the ecosystem. However, it is still unknown how much the anammox can contribute to the total nitrogen loss in the ecosystem. Natural abundance of stable isotopes can be a promising tool to investigate the relative contribution of anammox and denitrification in the intact ecosystem, although the isotopic fractionation factors during anammox which are necessary to interpret isotopic signatures are not fully known. Here we reported nitrogen and oxygen isotopic fractionation factors during anammox occurring in the activated sludge. We incubated the sludge anaerobically to trace the changes in concentrations and isotopic signatures of ammonium, nitrite and nitrate during the anammox process. We found the large isotopic fractionations for ammonium oxidation and nitrite reduction by anammox. In addition, the inverse isotopic fractionation during nitrite oxidation to nitrate was observed. We will discuss these factors with comparison of the latest study on anammox isotopic systematics (Brunner et al. 2013) in the presentation.

## 1 細胞ゲノム解析から見る海洋性アンモニア酸化アーキアの環境適応機構 Single cell genomic analysis for the marine ammonia-oxidizing archaea

布浦 拓郎<sup>1\*</sup>; 高木 善弘<sup>1</sup>; 首藤 彩<sup>1</sup>; 高井 研<sup>1</sup>  
NUNOURA, Takuro<sup>1\*</sup>; TAKAKI, Yoshihiro<sup>1</sup>; SHUTO, Aya<sup>1</sup>; TAKAI, Ken<sup>1</sup>

<sup>1</sup> 海洋研究開発機構

<sup>1</sup>Japan Agency for Marine-Earth Science & Technology

アンモニア酸化アーキア (AOA) は、光が十分に届かない海洋水塊中微生物生態系において最も優占する系統群であり、しばしば、全微生物数の数十%を占める。これまでの研究により、水塊中に棲息する海洋性 AOA は、系統群毎に適した電子供与体 (アンモニア・尿素等) 濃度・フラックスに応じた棲み分けを行っていることが示唆されている。一方において、これまでに培養された海洋性 AOA は、比較的高いアンモニア濃度・フラックスに適応した特定系統群に限られており、その性状に関する情報は極めて限られている。

1 細胞ゲノム増幅及びそのシーケンス解析は、未培養系統群の代謝、ゲノム構造、そして進化を明らかにする有力な手段の一つである。本研究では、伊豆小笠原海溝の海洋表層から海溝底 (9697 m) に至る計 6 深度から 1 細胞ゲノム増幅ライブラリーを構築し、SSU rRNA 遺伝子の PCR 増幅により、AOA 由来のゲノム増幅産物を確定した。さらに、アンモニア酸化に関わる ammonia monooxygenase や urease 遺伝子を対象に PCR 増幅を試みた。そして、一連の遺伝子系統解析情報に基づき、505・5010・9,697 m の 3 深度において、それぞれ優占する遺伝子型群を示すゲノム増幅産物を対象に、全ゲノムシーケンス解析を進めている。1 連の解析より明らかにされた深海環境に棲息する AOA の棲み分けの仕組み、その背景にあるゲノム上の特徴について紹介する。

キーワード: ゲノム, アンモニア酸化, アーキア

Keywords: genome, ammonia oxidation, archaea

## 軽希土類元素と細菌 C1 代謝: *Bradyrhizobium* 属細菌のメタノールデヒドロゲナーゼ Rare earth elements and bacterial C1 metabolic system

南澤 究<sup>1\*</sup>; 関 謙二郎<sup>1</sup>; 包 智華<sup>1</sup>; 菅原 雅之<sup>1</sup>; 篠田 亮<sup>1</sup>; 谷 明生<sup>2</sup>; 増田 幸子<sup>2</sup>; 三井 亮司<sup>3</sup>  
MINAMISAWA, Kiwamu<sup>1\*</sup>; SEKI, Kenjiro<sup>1</sup>; ZHIHUA, Bao<sup>1</sup>; SUGAWARA, Masayuki<sup>1</sup>; SHINODA, Ryo<sup>1</sup>;  
TANI, Akio<sup>2</sup>; MASUDA, Sachiko<sup>2</sup>; MITSUI, Ryoji<sup>3</sup>

<sup>1</sup> 東北大学大学院生命科学研究科, <sup>2</sup> 岡山大学資源植物科学研究所, <sup>3</sup> 岡山理科大学理学部生物化学科  
<sup>1</sup>Graduate School of Life Sciences, Tohoku University, <sup>2</sup>Institute of Plant Science and Resources, Okayama University, <sup>3</sup>Department of Biochemistry, Faculty of Science, Okayama University of Science

軽希土類元素 (La, Ce, Nd など) はレアアースとも呼ばれ、宇宙存在比はケイ素の 100 万分の 1 程度と極めて低いが、土壌も含めた地殻存在度はその数十倍で、数十 ppm に達する。*Methylobacterium. extorquens* AM1 のメタノールデヒドロゲナーゼ遺伝子 *xoxF* の産物は、Ca によって活性を得る MxaF と異なり、La や Ce のような希土類元素存在下で活性を示すことが報告された (Nakagawa et al. 2012)。*Bradyrhizobium* 属細菌には、マメ科植物の根粒菌だけでなく、非マメ科植物のイネ根などにエンドファイトとして生息している。そこで、本研究では、これらの *Bradyrhizobium* 属細菌の C1 代謝系に及ぼす希土類元素の影響を検討した。*Bradyrhizobium* 属細菌における *xoxF*, *mxoF* の有無を確認するために、クサネム根粒菌である *B. oligotrophicum* S58, *Bradyrhizobium* sp. BTAi1, *Bradyrhizobium* sp. ORS278、イネ根から分離された *Bradyrhizobium* sp. RP5, *Bradyrhizobium* sp. RP7, *Bradyrhizobium* sp. WD16 の 6 株のゲノム情報より、*xoxF* と *mxoF* (*M. extorquens* AM1 株由来) の配列を対象とした BLASTN による遺伝子検索を行った。その結果、対象菌株全てが *xoxF* を有すること、およびイネ根から分離された 3 株 (RP5, RP7, WD16) は *xoxF* と *mxoF* の両方を有することが予想された。供試菌のメタノール資化能に及ぼす希土類元素の影響を検討した。炭素源を除いた液体の HM 培地 5 ml にメタノールを 0, 0.1, 1, 10% (v/v) の 4 段階添加し、La 添加区 (30  $\mu$  M) と Ce 添加区 (30  $\mu$  M)、非添加区を設けた。6 株 (S58, BTAi1, ORS278, RP5, RP7, WD16) を液体 HM 培地で前培養し、OD660 を 24 時間毎に測定した。その結果、*xoxF* のみを有するクサネム根粒菌 3 株 (S58, BTAi1, ORS278) では La もしくは Ce を添加し且つメタノール濃度 0.1% と 1% の条件で生育が観察された。*xoxF* と *mxoF* の両方を有するイネ根分離菌 3 株 (RP5, RP7, WD16) は La, Ce の添加の有無に関わらずメタノール濃度 0.1 と 1% の条件で生育が見られた。*B. oligotrophicum* S58 株を対象に、 $\Delta xoxF::\Omega$  (*xoxF* 遺伝子の  $\Omega$  カセット挿入変異) と  $\Delta xoxF$  (*xoxF* 遺伝子のマーカーレス欠損変異) の 2 種類の変異株を作製し、培養実験を行った。その結果、 $\Delta xoxF::\Omega$  変異株では希土類元素存在下で野生株に比べ生育は低下したが、 $\Delta xoxF$  変異株では逆に野生株よりも生育が促進された。野生株において La 添加区メタノール濃度 0.1% の系で、濁度の上昇と共に培養液中のメタノール濃度が減少した。一方、 $\Delta xoxF::\Omega$  変異株では野生株に比べメタノール濃度の減少は抑制され、 $\Delta xoxF$  変異株は野生株と同様のメタノール濃度の減少が見られた。供試したクサネム根粒菌 *Bradyrhizobium* 属 3 株 (S58, BTAi1, ORS278) は *mxoF* を持たず *xoxF* を有し、0.1~1% のメタノールを添加した HM 培養液において La, Ce 依存的な生育を示した。一方、イネ根分離 *Bradyrhizobium* 属 3 株 (RP5, RP7, WD16) は、*mxoF* と *xoxF* を保有し、La, Ce 非依存的な生育を示した。この結果より、*xoxF* のみを持つクサネム根粒菌 3 株がメタノール依存的な生育に La, Ce が必要であることが明らかになった。しかし、S58 株の  $\Delta xoxF::\Omega$  変異株はメタノール依存的な生育能力が低下し、 $\Delta xoxF$  変異株ではメタノール資化能が失われず、かつ La, Ce 依存的に生育の促進が観察された。これらのことから、S58 株が *xoxF* とは異なる新規の希土類元素依存的メタノールデヒドロゲナーゼ遺伝子を保持していることが強く示唆された。また  $\Delta xoxF::\Omega$  変異株の生育能力の低下は、 $\Omega$  カセット挿入によってアルデヒドデヒドロゲナーゼなどの C1 代謝系に関わる下流遺伝子の転写が抑制されたことによると考えられた。以上より、植物共生 *Bradyrhizobium* 属細菌には広く *xoxF* 遺伝子が存在し、特にクサネム根粒菌は希土類元素依存的なメタノール代謝能を示すこと、および新規の希土類元素依存的メタノール資化に関する遺伝子の存在が示唆された。本発表では、希土類元素と微生物の関係について生物地球化学視点からも議論したい。

キーワード: 希土類元素, 細菌, C1 代謝, *Bradyrhizobium*, メタノール, メタノールデヒドロゲナーゼ

Keywords: Rare earth elements, Bacteria, C1 compound metabolism, *Bradyrhizobium*, Methanol, Methanol dehydrogenase

## クロロフィルの光毒性：光合成生物からのエネルギーフラックスを制約する光生化学的因子

## Phototoxicity of chlorophylls: a major photobiochemical constraint on the energy flux from photosynthesis

柏山 祐一郎<sup>1\*</sup>; 横山 亜紀子<sup>2</sup>; 民秋 均<sup>3</sup>

KASHIYAMA, Yuichiro<sup>1\*</sup>; YOKOYAMA, Akiko<sup>2</sup>; TAMIAMI, Hitoshi<sup>3</sup>

<sup>1</sup> 福井工大/JST さきがけ/立命館大, <sup>2</sup> 筑波大学生命環境系, <sup>3</sup> 立命館大学 大学院生命科学研究科

<sup>1</sup>Fukui Univ. Technol./JST PRESTO/Ritsumeikan Univ., <sup>2</sup>Faculty of Life and Environmental Sciences, University of Tsukuba,

<sup>3</sup>Graduate School of Life Sciences, Ritsumeikan University

光合成の仕組みを系内に獲得して以降、太陽からの光のエネルギーを主要なソースとしたエネルギーフラックスが地球生命圏を駆動する状態へとシフトした。この地球生命の光合成は、クロロフィル類という光増感剤を用いたエネルギー転換の機構が根幹をなしている。

### 【光毒性問題：酸素とクロロフィル光合成のパラドックス】

光合成電子伝達においては細胞外から電子供与体が要求されるが、初期の光合成では硫化水素などの還元的分子種が利用された。これに代わって遍在する水分子から電子を奪う仕組み、すなわち酸素発生型光合成の登場に至って、光合成からのエネルギーフラックスが飛躍的に重要度を増したと概略的には看做される。しかし、その代償として発生する分子酸素は、クロロフィル類とは非常に相性が悪い。すなわち、クロロフィル類は通常の分子酸素 [三重項酸素] を強力な活性酸素 [一重項酸素] に励起させる光増感作用を有し<sup>1</sup>、これは生命に致命的なダメージを与えうる (クロロフィルの光毒性)。現在の植物 (シアノバクテリアと真核植物) はこのクロロフィルの光毒性を回避する巧妙な仕組みを備えているが<sup>1</sup>、最初に還元的な大気下で酸素発生型光合成を始めた生物は、あらかじめその「巧妙な仕組み」を備えていなければならなかったはずである。

### 【クロロフィルの「解毒」：植物の捕食と光毒性問題】

光合成からのエネルギーフラックスが生態系には、植物が産生する有機物が従属栄養生物の細胞内に取り込まれるステップが必須である。現在の水圏環境でも重要な役割を果たす捕食性のプロティスト (単細胞体制の真核生物) は、食胞作用を通して光合成生物を捕食するが、多細胞生物登場以前の初期の水圏生態系においては、これが特に重要なプロセスであったことは想像に難くない。しかしこれは、クロロフィルを含有する物体を光が透過する細胞内に取り込む行為であり、光毒性に対する厳重な制御機構が必須である。しかし見かけ上、これら生物にクロロフィルの光毒性は顕在化しない。我々は近年、植食性のプロティストがクロロフィルの光毒性を無効化する代謝プロセスを発見し、その仕組みの一端がようやく明かされてきた。すなわち、水圏環境で微細藻類を捕食するプロティストは食胞形成と消化の進行の過程で、クロロフィル類を光毒性のない有色化合物 13<sup>2</sup>, 17<sup>3</sup>-シクロフェオフォルバイドエノール (シクロエノール) に代謝する<sup>2,3</sup>。この代謝は、ほぼ全ての真核生物のスーパーグループ間に共有されていることも分かった。シクロエノールは分析条件下では非常に不安定であり、従来、定量分析はおろか検出すら困難であったが、実際にはあらゆる水圏環境に多量に存在する (底泥中にはクロロフィルを遙かに凌駕する量が含まれる)。一連の発見は、(1) 微細藻類を捕食するプロティストが現在の水圏環境においても量的に重要であることを示し、(2) それを可能とする「シクロエノール代謝」が、真核生物による酸素発生型光合成生物 (初期には特にシアノバクテリア?) の直接捕食を通じた繁栄と多様化を駆動する重要な因子であったことを示唆する。

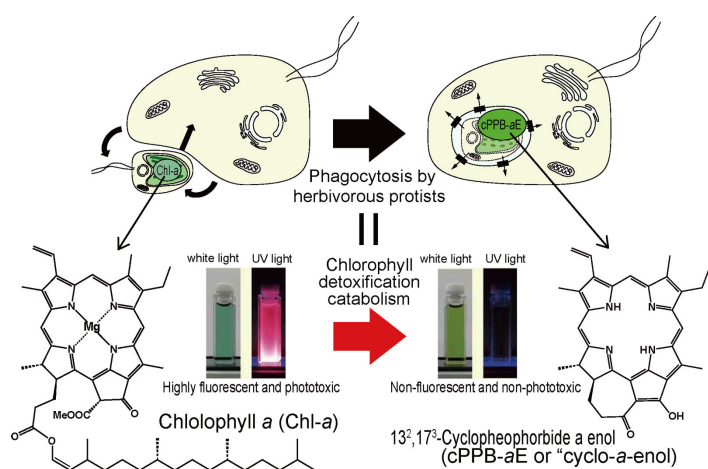
### 【真核植物の進化とクロロフィル光毒性の制御】

複雑な体制を構築できる真核生物が、シアノバクテリアを細胞内取り込み制御することで酸素発生型の光合成の機構を獲得したことで (葉緑体の獲得：一次植物の進化)、光合成からのエネルギーフラックスは飛躍的に重要度を増したと想像される。色素体の獲得は大量のクロロフィル類を細胞内で保持する大きなリスクを負うため、それらの光毒性を制御する生理機構を発達させる必要がある。さらに、様々な系統の真核生物は、緑色植物や紅色植物の一次植物を細胞内に取り込み葉緑体化することで、「植物化」という進化を繰り返してきた (二次植物の進化)。二次植物化は、食胞作用による植物の細胞内への取り込み過程の延長線上にあったとみなされている。いくつかの二次植物の系統では、自ら細胞内でシクロエノールを産生するが<sup>4,5</sup>、これは光毒性の制御との関連性が考えられる。特に、光栄養性のユーグレノイドにおいては、自己の色素体の分解に際し不要となるクロロフィルを光無毒性のシクロエノールへ代謝しており、祖先的な捕食性のユーグレノイドのシクロエノール代謝の仕組みを、自らの細胞内で産生されるようになったクロロフィルに対する「安全装置」として維持することで植物化を可能としたのかもしれない。

引用文献:

- <sup>1</sup>Kashiyama Y. and Tamiaki H. (2014) *Chem. Lett.* **43**, 148-156.
- <sup>2</sup>Kashiyama Y., Yokoyama A., et al. (2012) *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* **109**, 17328-17335.
- <sup>3</sup>Kashiyama Y. et al. (2013) *FEBS Lett.* **587**, 2578-2583.
- <sup>4</sup>Yamada N. et al. (2014) *J. Phycol.* **50**, 101-107.
- <sup>5</sup>Suzuki T. et al. (2015) *J. Phycol.* **51**, 37-45.

キーワード: クロロフィル, 酸素, 光毒性, プロティスト, 微細藻類, シクロフェオフォルバイドエノール  
 Keywords: chlorophyll, oxygen, phototoxicity, protist, microalgae, cyclophorphide enol





## アンチモン微生物変換と環境動態における影響 Microbiological transformation of antimony and its geochemical implications

濱村 奈津子<sup>1\*</sup>; 森 久美子<sup>2</sup>; 光延 聖<sup>3</sup>  
HAMAMURA, Natsuko<sup>1\*</sup>; MORI, Kumiko<sup>2</sup>; MITSUNOBU, Satoshi<sup>3</sup>

<sup>1</sup>九州大学大学院理学研究院 生物科学部門, <sup>2</sup>愛媛大学沿岸環境科学研究センター, <sup>3</sup>静岡県立大学 薬食生命科学総合学府 環境科学専攻

<sup>1</sup>Dept. Biology, Faculty of Sciences, Kyushu Univ., <sup>2</sup>CMES, Ehime Univ., <sup>3</sup>Grad. School of Integrated Pharmaceutical and Nut. Sci., Univ. of Shizuoka

Antimony (Sb) is a naturally occurring toxic element and is considered to be a priority pollutant of interest by the USEPA. Although the concentrations of Sb in soils are generally low ( $<1 \text{ mg kg}^{-1}$ ), elevated levels of Sb have been released via mining activities and other anthropogenic activities due to its increasing industrial use. Antimony is commonly associated with arsenic (As) in the environment and both elements have similar chemistry and toxicity. Increasing numbers of studies have focused on microbial roles in As transformations, while microbial-Sb interactions are still not well understood. To gain insight into microbial roles in the geochemical cycling of Sb, soils from an old stibnite ( $\text{Sb}_2\text{S}_3$ ) mine tailing area (Ichinokawa mine, Ehime, Japan) were characterized geochemically and examined for the presence of Sb-transforming microbial populations. Total concentrations of Sb and As were higher in the surface soil (0-3 cm: 2280 and 1240  $\text{mg kg}^{-1}$ , respectively) and decreased with depth (9-12 cm: 330 and 133  $\text{mg kg}^{-1}$ ). Bacterial community profiles, examined by cultivation-independent analysis using 16S rRNA gene-based denaturing gradient gel electrophoresis, did not show substantial differences through depth (0-12 cm). After the aerobic enrichment culturing with Sb(III) (100  $\mu\text{M}$ ), pure cultures of *Pseudomonas*- and *Stenotrophomonas*-related isolates with Sb(III) oxidation activities were obtained. Anaerobic enrichment cultures capable of reducing Sb(V) (2 mM) were also obtained, in which the precipitation of antimonite [Sb(III)] as antimony trioxide was observed. These results demonstrate that indigenous microorganisms associated with stibnite mine soils are capable of Sb redox transformations and contribute to the speciation and mobility of Sb *in situ*.

キーワード: アンチモン, ヒ素, アンチモン還元微生物, アンチモン酸化微生物, 土壌微生物群集

Keywords: Antimony, Arsenic, Microbial antimony oxidation, Microbial antimony reduction, Soil bacterial community

## 薩摩硫黄島の浅海性熱水マウンドにおける鉄酸化微生物群集の分子生態学的・鉱物学的特徴

### Ecological and mineralogical characteristics of Fe-oxidizing microbial communities in a shallow hydrothermal mound

星野 辰彦<sup>1\*</sup>; 倉富 隆<sup>3</sup>; 堀 知行<sup>4</sup>; 大岩根 尚<sup>5</sup>; 諸野 祐樹<sup>1</sup>; 稲垣 史生<sup>1</sup>; 清川 昌一<sup>3</sup>  
HOSHINO, Tatsuhiko<sup>1\*</sup>; KURATOMI, Takashi<sup>3</sup>; HORI, Tomoyuki<sup>4</sup>; OIWANE, Hisashi<sup>5</sup>; MORONO, Yuki<sup>1</sup>; INAGAKI, Fumio<sup>1</sup>; KIYOKAWA, Shoichi<sup>3</sup>

<sup>1</sup> 海洋研究開発機構, <sup>2</sup> 海洋研究開発機構海底資源研究開発センター, <sup>3</sup> 九州大学, <sup>4</sup> 産業技術総合研究所, <sup>5</sup> 三島村役場  
<sup>1</sup>JAMSTEC, <sup>2</sup>Research and Development Center for Submarine Resources, JAMSTEC, <sup>3</sup>Kyushu University, <sup>4</sup>AIST, <sup>5</sup>Mishima village office

Microbial Fe-oxidation has been mainly studied at deep-sea hydrothermal vents because the low concentration of oxygen and high concentration of ferrous ion was preferable for Fe-oxidizing bacteria that have to compete with abiotic Fe-Oxidation. However, microbial Fe-oxidation in shallow, fully oxygenated environments has been still largely unknown. In this study, we aim to reveal the ecology and role for mound formation of Fe-oxidizing bacteria at iron oxyhydroxide-rich hydrothermal mounds developing in Nagahama Bay, Satsuma-Iwojima where we observed dense assembly of twisted stalks, typical signature of microbial Fe-oxidation. Core samples were taken from the iron oxyhydroxide-rich mound and used for sequencing and microscopic analysis. Microscopic observation indicated the highest occurrence of stalk structure was observed at around 20 cm from the surface. Sequencing of 16S rRNA gene of prokaryotic communities (>100,000 reads/sample) revealed that Anaerolineae known as obligately anaerobic heterotroph was highly dominated at ~40% throughout all depths down to 40 cm from the surface of the mound, inferring anaerobic circumstances in the sediment. We also found Fe-oxidizing Zetaproteobacteria in all depths and its population was determined to be up to 4%. Network analysis of microbial communities revealed that appearance of the Zetaproteobacteria coincided with some anaerobic sulfur reducing bacteria, indicating that the Zetaproteobacteria lived in ecological niche of oxic-anoxic interface in the mounds. Seismic data indicated that those mounds grow ~1cm/yr which is much faster than the abiotic deposition occurring at the surrounding diffuse hydrothermal venting seafloor. Overall, our results indicated that Zetaproteobacteria may accelerate deposition of Fe species in hydrothermal fluid and formation of iron oxyhydroxide-rich mounds in the Nagahama-bay, Satsuma-Iwojima.

キーワード: 熱水マウンド, 鉄酸化細菌, 微生物生態

Keywords: Hydrothermal mound, Fe-oxidizing bacteria, microbial ecology