

S07-23 新高效好氧砷还原菌的分离与表征

田海霞, 景传勇

(中国科学院生态环境研究中心 北京 100085)

砷的迁移转化包括非生物参与和生物参与。一般认为, 五价砷的还原和迁移的微生物过程比无机化学转化要快得多。因此, 微生物在砷的次地表环境循环中起着非常重要的作用^[1]。

好氧砷还原菌就是这些微生物中的一大类, 它们可以快速将低毒, 易被吸附的五价砷还原成毒性较大, 不易被吸附的三价砷, 积极参与到砷的地球化学循环中。目前关于好氧砷还原菌的报道还比较少, 关于它在实际环境中的重要作用也有待进一步研究。

本研究分别从山西和内蒙地下水中分离得到两株新的高效好氧砷还原菌。经 16S rDNA 鉴定, 分别命名为 *Bacillus* sp. SXB 与 *Pantoea* sp. IMH。其中 *Pantoea* 属是被首次报道为具有砷还原功能的属, 这不仅拓宽了我们对好氧砷还原菌多样性的认识, 而且可推进对好氧砷还原菌进化机制的研究, 最终对于评价实际环境中砷的迁移转化和环境健康风险具有非常重要的意义。

首先我们对这两株菌的基本特征进行了表征, 菌株 SXB 是一株兼性厌氧菌株, 最适生长 pH 为 7, 最小抗三价和五价砷的浓度分别为 60 和 250 mM, 在好氧情况下具有较高的砷还原能力; 菌株 IMH 是一株严格好氧菌株, 最适生长 pH 为 6, 最小抗三价和五价砷浓度分别为 10 和 150 mM, 在 36 h 内就可以还原 90% 以上的五价砷。

鉴于这两株菌的高效砷还原能力, 我们对它们的砷还原分子机制进行了进一步研究。根据现有报道^[2], 目前好氧砷还原机制主要涉及到 *ars* 操纵子, 因此我们主要对其中的 *arsR*、*arsB*、*arsC* 和 *arsH* 基因进行了扩增。结果如表 1:

表 1 菌株 SXB 和 IMH 中的 *ars* 基因扩增

<i>ars</i> genes	Isolate	
	Strain SXB	Strain IMH
<i>arsR</i>	-	-
<i>arsB</i>	+	+
<i>arsC</i>	+	-
<i>arsH</i>	-	+

结果表明，在菌株 SXB 中成功扩增到了 *arsB* 和 *arsC*，证明 SXB 的砷还原机制主要涉及 ArsC 还原酶，与目前文献报道的机制一致。在 IMH 中扩增到了 *arsB* 和 *arsH*，其中 *arsB* 是编码三价砷外排泵的基因^[2]，而 *arsH* 基因在别的文献中也有报道^[3]，但是具体与砷代谢的关系如何还未报道。因此对于 IMH 的砷还原机制还有待进一步的研究。

基金项目：国家 973 计划（2010CB933502）

参考文献

[1] Oremland RS, Stolz JF. The ecology of arsenic. *Science*, 2003, 300: 939-944.

[2] Silver, S, et al. Genes and enzymes involved in bacterial oxidation and reduction of inorganic arsenic. *Appl Environ Microbiol*, 2005, 71: 599-608.

[3] Hervas, M, et al. ArsH from the *Cyanobacterium Synechocystis* sp PCC 6803 is an efficient NADPH-dependent quinone reductase

新高效好氧砷还原菌的分离与表征

作者: [田海霞](#), [景传勇](#)

作者单位: [中国科学院生态环境研究中心 北京 100085](#)

引用本文格式: [田海霞](#). [景传勇](#). [新高效好氧砷还原菌的分离与表征](#)[会议论文] 2013