

Abstract

Project Code : MRG6180127

Project Title : Microbial diversity in arsenic-contaminated groundwater

Investigator : Prinpida Sonthiphand

E-mail Address : prinpida.son@mahidol.ac.th

Project Period : 2 May 2018 – 1 May 2020

Abstract: The microbial community structures and arsenite-oxidizing bacteria in the groundwater, surface water, and soil within and surrounding a gold mining area were explored using high-throughput sequencing of the 16S rRNA gene and cloning-ddPCR of the *aioA* gene. Metagenomic analysis revealed that although *Proteobacteria* (13-99%) were commonly detected across all analyzed samples, the microbial diversity in the soil was relatively higher than that in the groundwater and surface water. The majority of the soil and surface water microbiomes were *Proteobacteria*, *Actinobacteria*, *Bacteroidetes*, and *Chloroflexi*, whereas the groundwater microbiomes were dominated exclusively by the classes *Betaproteobacteria* and *Alphaproteobacteria*. Each sample harbored unique bacterial taxa, and cluster analyses showed that habitat primarily governed the community structures. Geochemical factors that potentially influenced the microbial structure in the groundwater were As, residence time, and groundwater flowrate, while those showing a positive correlation to the microbial structure in the surface water were TOC, ORP, and DO. The analysis of the *aioA* gene showed that arsenite-oxidizing bacteria retrieved from groundwater, surface water, and soil were associated with *Alphaproteobacteria*, *Betaproteobacteria*, and *Gammaproteobacteria*. The ddPCR results indicated that arsenite-oxidizing bacteria were widespread at low abundance in all samples with low As concentrations. This study provides insights into the groundwater, surface water, and soil microbiomes within and surrounding a gold mine and expands the current understanding of the diversity and abundance of arsenite-oxidizing bacteria, playing a vital role in global As cycling.

Keywords : microbial community, groundwater, surface water, soil, gold mine, *aioA* gene, arsenite-oxidizing bacteria

บทคัดย่อ

รหัสโครงการ : MRG6180127

ชื่อโครงการ : ความหลากหลายของจุลินทรีย์ในน้ำใต้ดินปนเปื้อนสารหนู

นักวิจัย : พรินท์พิดา สนธิพันธ์

อีเมล : prinpida.son@mahidol.ac.th

ระยะเวลาโครงการ : 2 พฤษภาคม 2561 – 1 พฤษภาคม 2563

Abstract: งานวิจัยนี้ศึกษาโครงสร้างกลุ่มประชากรจุลินทรีย์และอาร์ชีไนต์ออกซิไดซิงแบคทีเรียในน้ำใต้ดิน น้ำผิวดิน และดิน บริเวณเหมืองทองและรอบ ๆ เหมืองทอง โดยใช้เทคโนโลยี high-throughput sequencing อ่านลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน 16S rRNA และเทคนิค PCR-cloning-sequencing ในการศึกษา ยีน *aioA* ผลจากการวิเคราะห์เมตาจีโนมิกส์แสดงให้เห็นว่า *Proteobacteria* (13-99%) เป็นกลุ่มจุลินทรีย์ที่ตรวจพบได้ทั่วไปในตัวอย่างที่ศึกษา และพบว่าตัวอย่างดินมีความหลากหลายของจุลินทรีย์มากกว่าตัวอย่างน้ำใต้ดินและน้ำผิวดิน กลุ่มประชากรจุลินทรีย์หลักที่พบในดินและน้ำผิวดิน คือ *Proteobacteria Actinobacteria Bacteroidetes* และ *Chloroflexi* ส่วนกลุ่มประชากรจุลินทรีย์หลักที่พบในน้ำใต้ดิน คือ *Betaproteobacteria* และ *Alphaproteobacteria* อีกทั้งพบกลุ่มจุลินทรีย์เฉพาะในตัวอย่างที่ศึกษาแต่ละชนิด และการวิเคราะห์คลัสเตอร์แสดงให้เห็นว่าชนิดตัวอย่างมีผลต่อโครงสร้างกลุ่มประชากรจุลินทรีย์ ปัจจัยทางธรณีเคมีที่มีผลต่อโครงสร้างกลุ่มประชากรจุลินทรีย์ในน้ำใต้ดิน คือ สารหนู ระยะเวลาคงอยู่ และอัตราการไหลของน้ำใต้ดิน สำหรับปัจจัยทางธรณีเคมีที่มีผลต่อโครงสร้างกลุ่มประชากรจุลินทรีย์ในน้ำผิวดิน คือ TOC ORP และ DO การศึกษา ยีน *aioA* แสดงให้เห็นว่าอาร์ชีไนต์ออกซิไดซิงแบคทีเรียที่พบในน้ำใต้ดิน น้ำผิวดิน และดิน มีความใกล้เคียงกับจุลินทรีย์ในกลุ่ม *Alphaproteobacteria Betaproteobacteria* และ *Gammaproteobacteria* ผล ddPCR แสดงให้เห็นว่าอาร์ชีไนต์ออกซิไดซิงแบคทีเรียมีปริมาณน้อยแต่พบได้ทั่วไปในตัวอย่างศึกษาที่มีความเข้มข้นสารหนูต่ำ งานวิจัยนี้สร้างฐานข้อมูลความหลากหลายทางชีวภาพของกลุ่มประชากรจุลินทรีย์ในน้ำใต้ดิน น้ำผิวดิน และดินบริเวณเหมืองทองและรอบ ๆ เหมืองทอง รวมทั้งฐานข้อมูลความหลากหลายของอาร์ชีไนต์ออกซิไดซิงแบคทีเรียที่มีบทบาทในวัฏจักรสารหนู

คำสำคัญ : กลุ่มประชากรจุลินทรีย์, น้ำใต้ดิน, น้ำผิวดิน, ดิน, เหมืองทอง, ยีน *aioA*, อาร์ชีไนต์ออกซิไดซิงแบคทีเรีย