

---

# 地化所等在宏基因组揭示煤矿来源酸性废水的抗性组特征研究中获进展

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/22082.html>

*本文仅供学习交流之用，版权归原作者所有，请勿用于商业用途！*

地化所等在宏基因组揭示煤矿来源酸性废水的抗性组特征研究中获进展。

不同种类矿物的开采

活动均能产生极端酸性，富含多种重金属和高浓度 $\text{SO}_4^{2-}$ 的酸性矿山废水（AMD，acid mine drainage）。此前关于AMD的研究集中在极端微生物的代谢特征以及处理工艺开发。金属和抗生素抗性基因共选择理论认为，富含多种重金属的环境可能是抗生素抗性基因（antibiotic resistance genes ARGs）的一个源。该假设被近期一项全球范围的研究证实，不同金属矿来源的AMD具有相似的以多药抗性机制占主导的抗生素抗性组（antibiotic resistome），且总的ARGs的相对丰度与城市污水中的相似但高于淡水沉积物中的相对丰度。故矿山开采活动产生的AMD或引起ARG环境扩散的风险引发关注。迄今为止，相关研究集中在金属矿，而关于煤矿这种非典型金属矿来源的AMD的抗生素和金属抗性组（metal resistance genes，MRGs）的调查未见报道。此外，现有研究多直接调查受矿山开采影响环境的抗生素和金属抗性组特征，而未比较周围未受矿山开采影响环境的微生物抗生素和金属抗性组特征，这限制了全面理解微生物抗生素和金属抗性组环境扩散风险。此外，AMD生态处理系统对微生物抗生素和金属抗性组的影响与去除效果鲜有报道。因此，作为最有前景的AMD处理方法之一，生态处理系统的抗生素和金属抗性组的控制以及去除效率值得关注。

中国科学院地球化学研究所环境地球化学国家重点实验室研究员郝立凯带领的地球微生物学课题组，选择贵州某地废弃煤矿，开展了详细研究。该煤矿废弃多年，每年有大量AMD从矿洞口沿着山坡流到山脚，威胁周围环境生态健康和城市水源安全。工程师在山脚修建了生态处理系统，专门用来处理AMD。研究分别采集了山坡上受AMD影响的土壤样品以及周围未受AMD影响的土壤样品，使用宏基因组技术对照研究AMD对土壤抗生素和金属抗性组的影响。另外，研究在处理系统的不同处理单元收集水体环境微生物样品，利用宏基因组结合环境地球化学参数，探讨该典型煤矿AMD的抗生素和金属抗性组特性以及处理系统对抗生素和金属抗性基因组的处理效果和影响因素。

研究发现，污染土壤和背景土壤均具有多药抗性机制占主导地位的抗生素抗性组，这或归因于多药抗性机制相关基因具有抗酸、抗金属等功能。研究进一步发现，AMD污染降低了土壤中ARGs的相对丰度，但增强了MRGs和移动元件（mobile gene elements，MGEs）的相对丰度。与对照组相比，受AMD污染的土壤微生物群落中的能量代谢相关基因相对丰度有显著提高，这主要是物

种之间的水平基因转移（horizontal gene transfer，HGT）所致，用于满足群落适应环境胁迫所需要的能量与物质代谢需求。上述研究为AMD的ARGs和MRGs环境扩散风险与控制提供了新见解。相关成果以Coal-source acid mine drainage reduced the soil multidrug-dominated antibiotic resistome but increased the heavy metal(loid) resistome and energy production-related metabolism为题，发表在Science of the Total Environment

上。同时，研究发现，在AMD生态处理系统中抗生素抗性组特征与土壤相似，也以多药抗性机制类型占主导地位。相比之下，汞、铁和砷相关抗性基因主导的MRGs呈现高度多样化。生态处理系统对ARGs、MRGs和MGEs均有明显的限制效果。相关性分析表明，MGEs对MRGs的驱动效应大于ARGs，与以上土壤抗性组分析结果相似，这说明在金属胁迫下，群落更加频繁地通过水平基因转移的方式交换MRGs。另外，基因组层面分析找到6个携带多种抗性基因的潜在病原菌。其中，注释为假单胞菌属的一个基因组被发现对两种抗生素和多达12种重金属具有抗性。这说明含有多种抗性基因的潜在病原菌可能随着AMD扩散到周边土壤和水体环境，引起携带ARGs的病原菌在环境中传播的风险。相关成果以Metagenomic analysis characterizes resistomes of an acidic, multimetal (loid)-enriched coal source mine drainage treatment system为题，发表在Journal of Hazardous Materials上。

上述工作由地化所和中科院微生物研究所合作完成。研究工作得到国家自然科学基金、国家重点研发计划、中科院战略性先导科技专项（B类）、贵州省科学技术厅等的支持。

论文链接：[1](#)、[2](#)

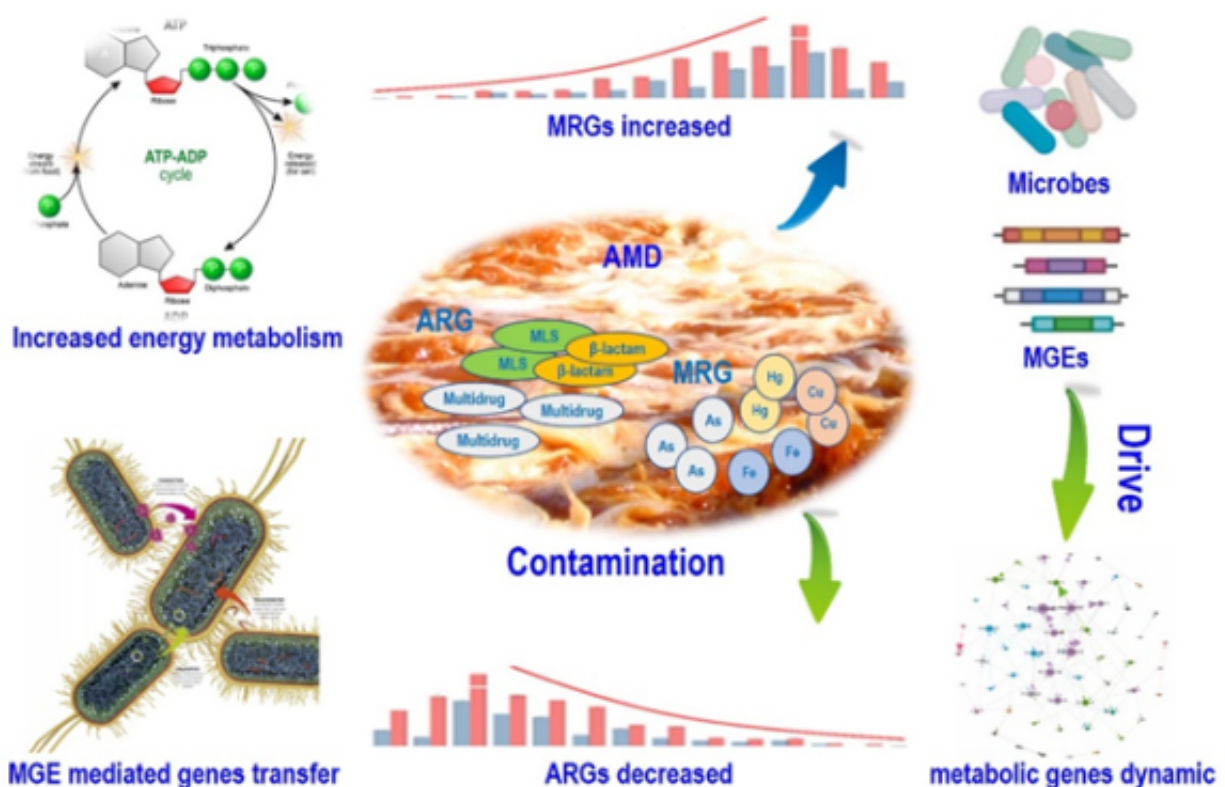


图1.AMD对土壤微生物抗性组特征的影响示意图

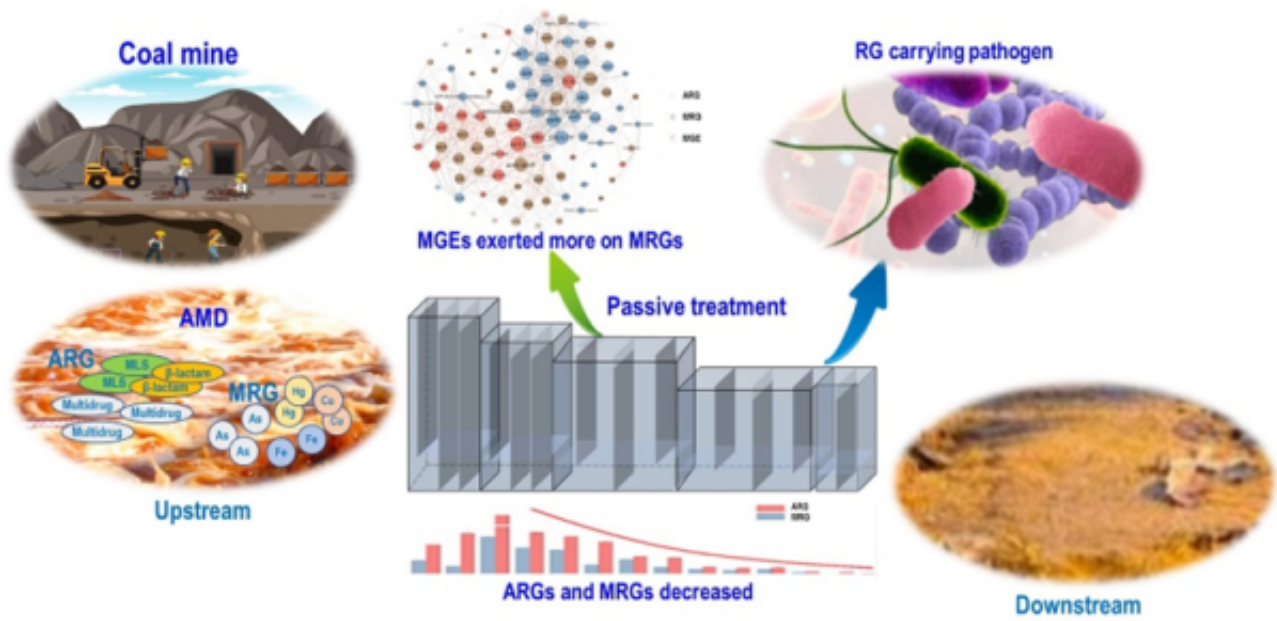


图2.AMD抗性组特征及处理系统对抗性基因的控制效果示意图

研究团队单位：地球化学研究所

更多 科学进展 请访问 <https://www.iikx.com/news/progress/>

本文版权归原作者所有，请勿用于商业用途，[爱科学iikx.com](http://www.iikx.com)转发