首个全球尺度的活性污泥宏基因组资源库构建成功

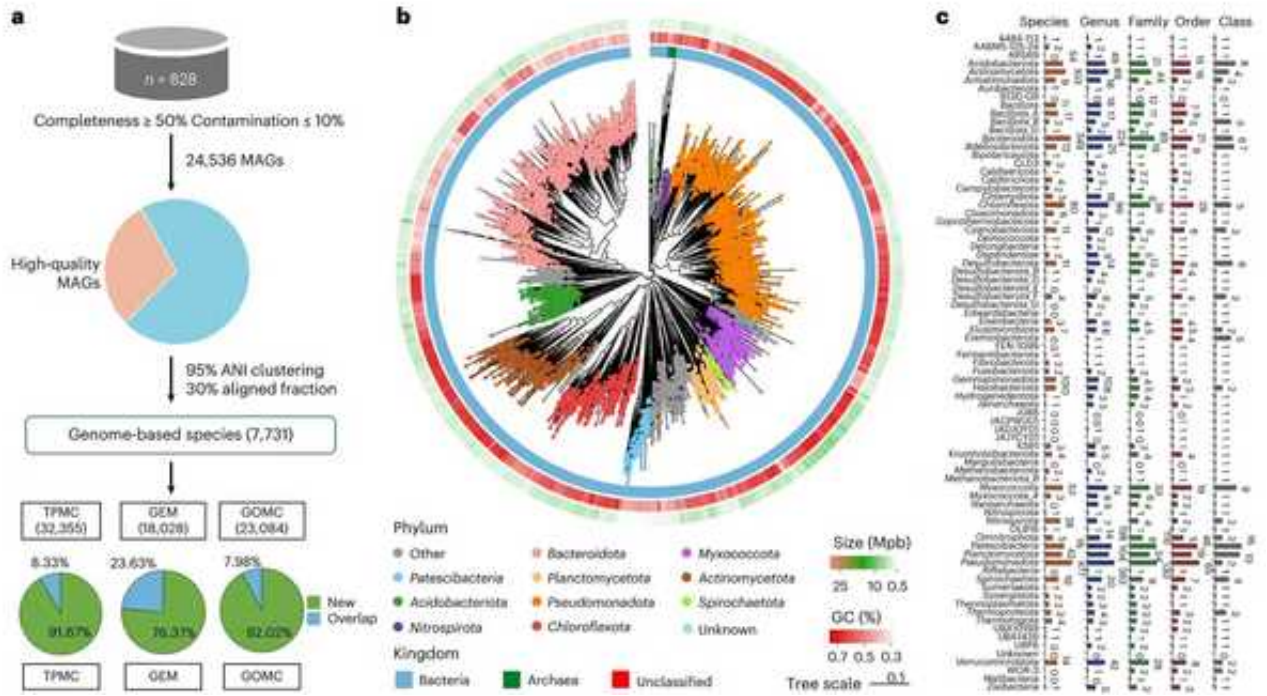
作者：writer 来源：科学网

本文原地址：https://www.iikx.com/news/progress/38186.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！

首个全球尺度的活性污泥宏基因组资源库构建
成功

。在国家自然科学基金、广东省人才计划等项目资助下，华南理工大学教授邱光磊团队与哈尔滨工业大学教授贺诗欣团队、新加坡南洋理工大学教授Stefan Wuertz团队合作，成功构建了首个全球尺度的活性污泥宏基因组资源库。1月23日，相关成果在线发表于《自然-水》（Nature Water）。



针对全球城市污水处理厂活性污泥微生物种群的基因组大规模重建。研究团队供图

污水处理厂是全球最重要的人工微生物生态系统之一，其稳定运行高度依赖复杂而精细分工的微生物群落。长期以来，学界对活性污泥微生物的认知主要依赖基因标志物分析，这类方法虽然揭示了群落结构的总体轮廓，却在解析关键功能微生物的种群结构、多样性、代谢潜力及其在全球尺度上的分布格局等方面存在不足，致使大量在污水处理过程中发挥核心作用的微生物未得到充分认识、理解与表征。

针对这一关键性盲区，研究团队通过在全国31个省级行政区取样，同时系统整合来自全球六大洲污水处理厂的活性污泥宏基因组数据，回收重建了24536个宏基因组组装基因组，其中75%为新物种；建立了目前为止最大、最全面、包含2400余万非冗余基因家族的全球污水处理厂活性污泥微生物基因目录。

在此基础上，研究进一步将系统发育关系、全球分布与功能潜力进行整合解析，全面解析了脱氮、除磷、塑料降解、生物合成及毒力因子等关键功能模块，首次在全球尺度上构建了活性污泥微生物的“功能-系统发育”对应关系图谱。

该研究不仅为比较基因组学和多组学研究提供了权威参考，也为从经验驱动走向基于基因组的精准调控的污水处理工程设计奠定了基础，标志着污水处理微生物组学工程研究迈入新阶段。

相关论文信息：https://doi.org/10.1038/s44221-025-00576-8

作者：朱汉斌 来源：中国科学报

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转发