

首页

新闻动态

学术交流

论文动态

论文动态

当前位置: 首页 > 论文动态 > 正文

李平* BGEG国家重点实验室 WATER RES, 2017. Analysis of the functional gene structure and metabolic potential of microbial community in high arsenic groundwater

发表时间: 2017-09-28 点击: 455 次

近日, 我校生物地质与环境地质国家重点实验室李平团队在国际著名期刊《Water Research》(IF 6.942) 上在线发表了论文——高砷地下水中微生物群落功能结构及其代谢潜能分析(Analysis of the functional gene structure and metabolic potential of microbial community in high arsenic groundwater)。

地下水砷污染是当今国际社会面临的重要环境问题之一。前人研究表明, 微生物活动是高砷水形成的重要因素。然而, 目前人们对原位高砷地下水环境中的微生物群落结构和功能知之甚少。李平研究员团队采用基因芯片技术(GeoChip 5.0)结合地球化学与生物信息学技术, 对我国内蒙古河套平原高砷地下水原位环境中的微生物群落功能结构及其代谢潜能进行了研究。

研究表明, 高砷水与低砷水中的微生物群落结构和功能有显著差异。与砷代谢相关的基因(*arsC*, *arrA*), 硫酸盐代谢相关基因(*dsrA*, *dsrB*), 氮循环相关基因(*ureC*, *amoA*, *hzo*)以及产甲烷基因(*mcrA*, *hdrB*)分别和与之相关的水化参数 As , SO_4^{2-} , NH_4^+ , CH_4 等的浓度密切相关。 As , TOC , SO_4^{2-} , NH_4^+ , ORP 以及 pH 值是控制高砷水环境中微生物群落功能结构及其代谢潜能的重要环境因子。碱性和低 SO_4^{2-} , 低 ORP 、高 NH_4^+ 以及铁还原环境中的微生物地球化学过程是导致该地区高砷地下水形成的关键因素。研究发现了大量栖息在高砷地下水环境中的功能微生物群落及其基因, 一些微生物同时具有硫还原、铁还原以及砷还原等多种代谢潜能, 地下水中 NH_4^+ 的积累可能由农业活动尿素的输入以及微生物代谢活动所致。

以往的研究更多地侧重于实验室相关纯菌株代谢功能的研究, 本文从复杂的原位环境着手, 全面地揭示了高砷地下水环境中微生物群落功能结构及其代谢潜能, 研究成果不仅对人们深入理解高砷地下水形成的分子机制有重要的科学意义, 同时也为高砷水的原位修复提供了可能参考的依据。

论文信息:

Title: Analysis of the functional gene structure and metabolic potential of microbial community in high arsenic groundwater
Authors: Ping Li, Zhou Jiang, Yanhong Wang, Ye Deng, Joy D. Van Nostrand, Tong Yuan, Han Liu, Dazhun Wei, Jizhong Zhou
Source: **Water Research** Volume 123, Pages 268-276
Published: 15 October 2017
DOI: 10.1016/j.watres.2017.06.053. Epub 2017 Jun 21.
原文链接: <http://dx.doi.org/10.1016/j.watres.2017.06.053>

快速链接:

-- 政府科技管理部门 --

-- 科研机构 --

-- 兄弟高校 --

-- 驻外研究院 --

Copyright 2016 All Rights Reserved 中国地质大学科学技术发展院 版权所有

地址: 湖北省武汉市洪山区鲁磨路388号 邮编: 430074 电话: 027-67885082 传真: 027-87481365 Email: kyc013@cug.edu.cn