第二十七次全国环境微生物学学术研讨会

The 27th National Symposium on Environmental Microbiology

摘要集

主办单位：中国科学院沈阳应用生态研究所

中国微生物学会环境微生物学专业委员会

2026 年 8 月 27 日—8 月 30 日

辽宁·沈阳

目　录

议题一：环境微生物学前沿与新技术.....1

议题二：合成生物学与环境治理.....32

议题三：新污染物微生物降解与转化.....50

议题四：人工智能驱动的环境微生物组学.....90

议题五：环境微生物与元素循环.....98

议题六：地下水环境微生物生态与过程.....137

议题七：环境微生物与固碳减.....152

议题八：环境病毒与宿主互作.....172

议题一：环境微生物学前沿与新技术

限制剂量电离辐射（LimDIR）下活性污泥群落水平耐受性的宏组学机理解析

刘文博[1*]，宋斌[2]，杜梦洁[1]，许念[3]，白皓[1]，张舒羽[1]

（1. 四川大学华西基础医学与法医学院，成都 610041；2. 核工业416医院四川省重点临床实验室，成都 610051；3. 成都信息工程大学资源环境学院，成都 610225）

*通讯作者，E-mail：liuwenbo0532@126.com

摘要：高剂量电离辐射（＞1 kGy）可作为高级氧化工艺处理难降解废水，但其会杀灭活性污泥中的微生物。限制剂量电离辐射（LimDIR，2-50 Gy）可兼顾污水处理效果和微生物活性，提升传统活性污泥法的处理效果，然而群落层面的辐射耐受机制尚不明确。本研究综合运用批量实验、16S rRNA高通量测序、宏基因组学、宏转录组学及宏基因组组装基因组（MAG）分析，深入探讨了LimDIR胁迫下活性污泥群落的性能响应、结构演变与分子耐受机制。

结果表明，LimDIR并未引起群落微生物多样性和物种组成的显著变化。与未辐照对照相比，LimDIR处理组中NH_4^+-N去除稳定，而有机物（以总有机碳TOC计）去除率从64.5%增至71.6%。宏组学数据表明，群落的抗逆恢复力并非源于物种的大规模更替，而是高度依赖于功能基因表达强度的动态调节与功能冗余。在分子层面，群落主要通过RecFOR途径介导的同源重组来修复DNA损伤；酶促抗氧化系统（如超氧化物歧化酶、过氧化氢酶等）抵御活性氧（ROS）氧化应激。此外，群体感应（QS）、双组分系统（TCS）、生物膜与胞外聚合物（EPS）相关的物理保护屏障，以及互养的碳氮代谢网络，共同提供了群落水平的缓冲能力。

基于MAG的深度解析，本研究创新性地提出了一种“核心-伙伴（Core-Partner）合作耐受模型”。在该模型中，“自我保护型核心菌群”集中编码了DNA修复、抗氧化防御及应激调控相关的完整功能基因，并负责释放群体感应信号分子；而缺乏完整内部防御体系的“伙伴菌群”则通过合成脂多糖（LPS）等外膜结构组件，并提供代谢互补来维持系统整体稳定性。这种跨物种的功能冗余与分工合作，有效缓冲了辐射应激对微生物群落的损害。

综上，本研究揭示了活性污泥群落对限制剂量电离辐射的耐受机理，为开发“低剂量辐照辅助生物处理”耦合工艺处理难降解废水提供了理论依据与机制支撑。

关键词：限制剂量电离辐射，群落水平耐受性，活性污泥，协同代谢

内生促生菌 *Bacillus* sp. RE35 强化水稻根系镉截留的效应与机制

陈未[1,2#]，吴懿鑫[1,2#]，高岩[1,2*]，王博[1,2,3]，史高玲[1,2]，李云涛[1,2]，续绅[1,2]，盛下放[4]，刘丽珠[1,2]

（1 江苏省农业科学院农业资源与环境研究所，南京 210014；2 农业农村部长江下游平原农业环境重点实验室，南京 210014；[3] 江苏大学环境与安全工程学院，南京 212013；[4] 南京农业大学生命科学学院，南京 210014）

通讯邮箱：*通讯作者，ygao@jaas.ac.cn

摘要：水稻中镉（Cd）的积累严重威胁食品安全和人类健康。植物促生内生菌（PGPEs）在缓解植物镉胁迫方面表现出良好的潜力，但目前对于微生物介导的镉吸收抑制机制，特别是特定植物-微生物互作相关分子过程仍缺乏深入探究。本研究从水稻根系中分离出一株兼具耐镉、促生能力的内生芽孢杆菌（Bacillus sp. RE35），该菌株能高效合成激素吲哚-3-乙酸（IAA），并在根部质外体空间成功定殖，显著增强镉在根系中的滞留。我们利用红色荧光蛋白标记、菌株特异性基因定量以及定殖相关基因表达分析，证实RE35能够稳定定殖于根系质外体。在镉胁迫条件下，该菌株通过IAA的从头合成与补救合成两条途径，有效促进根系形态重塑。接种RE35后，植株体内镉的分布发生明显变化：根细胞壁中结合的镉含量提高了64.7%，而茎叶等地上部分镉积累量则减少了24.1%至49.7%。这一增强的质外体镉固定效应源于RE35诱导的细胞壁系统性重塑，包括激活植物自身受体激酶（如LRR-RLKs和LysM-RLKs），并上调参与果胶、半纤维素和木质素合成的关键基因的表达。此外，RE35还通过下调镉吸收转运蛋白基因（OsNRAMP5、OsZIP5/9）并上调液泡区隔化基因OsHMA3的表达，调控宿主对镉的跨膜运输。综上所述，本研究揭示了一个由内生菌驱动的镉响应调控网络，内生菌通过协同调节生长素信号、激活受体激酶活性和重塑细胞壁结构，强化镉

在质外体中的固定。该研究为在重金属污染土壤中实现安全、可持续的水稻生产提供了理论依据和应用基础。

关键词：生长素；镉；镉固定；细胞壁重塑；促生内生菌

基于冷休克蛋白介导 anammox 超低温高效脱氮

张莉[1*]，司光超[1]

（1. 环境科学与工程学院，北京工业大学，北京市，中国）

通讯作者：87232640@qq.com

摘要：低温环境下厌氧氨氧化菌（AnAOB）功能失活，是制约厌氧氨氧化低碳脱氮技术在寒冷地区推广应用的核心瓶颈，也是当前环境微生物学领域亟待突破的前沿难题。针对这一行业痛点，本研究聚焦环境微生物功能调控新技术，围绕低温下 AnAOB 功能受限的核心微生物学机制与创新调控范式开展系统性研究，攻克了低温下微生物代谢受阻、脱氮效能锐减的技术短板。

研究表明，低温会固化微生物 mRNA 二级结构，阻碍核糖体识别与蛋白翻译过程，抑制 AnAOB 关键代谢酶的合成更新，最终导致厌氧氨氧化脱氮体系功能衰退。基于此，本研究创新构建光生电子驱动的 LC-COF/Anammox 杂化调控新体系，通过外源光电耦合赋能的微生物调控新技术，重塑 AnAOB 低温生存与代谢模式。该体系可精准提升微生物呼吸链能量供给，持续激活冷休克蛋白 CspB 稳定表达，打破低温翻译抑制瓶颈。

在新型调控机制下，CspB 有效松解 mRNA 二级结构，协同核糖体与延伸因子提升蛋白合成效率；同时依托分子伴侣 DnaK/GroEL、蛋氨酸亚砜还原酶 MsrB 的协同作用，实现肽链精准折叠、蛋白氧化损伤高效修复，构建起 mRNA 松解-肽链合成-构象折叠-损伤修复的完整微生物蛋白质稳态调控链条，实现 AnAOB 从低温短暂应激向长效稳定功能表达的关键转变。

技术应用成效显著，体系在 4℃低温极端条件下仍保持高效脱氮性能，总氮去除率可达 87.2%，脱氮负荷达 1.66 kg $N \cdot m^{-3} \cdot d^{-1}$。本研究创新性揭示了低温微生物功能激活的内在机制，开创了基于微生物内源潜能激活的低碳脱氮新技

术，为寒冷地区水环境低碳治理提供了全新的环境微生物调控思路与技术范式。

关键词：冷休克蛋白；厌氧氨氧化；低温脱氮机制

微生物多糖复合抑菌膜的制备及其在蓝莓保鲜中的应用

段欣彤，段雅倩，李梅彤*，黄磊*

（天津理工大学化学化工学院，天津 300384）

*李梅彤，E-mail：tjutlmt@email.tjut.edu.cn

*黄磊，E-mail：huanglei@tjut.edu.cn

摘要：蓝莓（Ericaceae, *Vaccinium* sp.）果实营养丰富、风味独特，但采后极易因微生物侵染而发生腐烂变质，其中塔宾曲霉（*Aspergillus tubingensis*）是导致蓝莓采后损失的主要致病真菌之一。目前，采后病害的防控主要依赖化学杀菌剂，但其长期使用易引发食品安全隐患和病原菌抗药性等问题。因此，开发安全高效、环境友好的生物基抑菌包装材料具有重要的现实意义。

本研究以聚乙烯醇（PVA）和纳米二氧化硅（SiO_2）为成膜基材，分别添加解淀粉芽孢杆菌（*Bacillus amyloliquefaciens*）SQ-2所产的抑菌物质和*Pseudoduganella* sp. ZMN-3所产的胞外多糖（EPS），采用溶液流延法制备复合抑菌膜。通过测定复合膜的机械性能、水蒸气透过率、抑菌活性等指标，系统评价其理化性能；同时，以失重率、硬度、腐败率、可溶性固形物含量等为评价指标，考察复合膜对蓝莓采后贮藏品质的影响。

实验结果表明，复合膜对塔宾曲霉具有较强的抑菌活性。并且，PVA/SiO_2/EPS/SQ-2复合膜的综合性能最优，不仅具有良好的机械强度和适宜的水蒸气阻隔性能，还对塔宾曲霉表现出较强的抑制作用。在蓝莓保鲜实验中，该复合膜能够有效降低果实的失重率和腐败率，延缓硬度下降，维持较高的可溶性固形物含量，显著延长了蓝莓的货架期。

本研究为微生物源抑菌物质在食品保鲜包装材料中的应用提供了理论依据和技术参考，同时也为开发新型环境友好型活性包装材料开辟了新思路。

关键词：细菌胞外多糖；抑菌薄膜；纳米颗粒；水果保鲜

cAMP-Crp 系统协调呼吸以响应缺乏 CCR 的细菌中的不同电子受体

顾嘉怡[1]，高海春[1*]

（1. 生命科学学院, 浙江大学, 杭州市, 浙江省, 中国）

通讯作者：haichung@zju.edu.cn

摘要：环磷酸腺苷（cAMP）及其受体蛋白（Crp）统称为cAMP-Crp系统，代表了原核生物中最具特征和进化保守的全局调控模块之一。cAMP-Crp信号系统是细菌代谢和呼吸的中心全球调节剂，在协调细胞代谢与环境和营养条件方面发挥着核心作用。然而，对于不同水平的cAMP如何定量影响呼吸酶功能以及细菌生长我们仍然知之甚少有待进一步系统研究。通过关注由过量cAMP引起的有氧生长缺陷，我们探索了不同细菌对cAMP水平变化的生理反应。我们表明，仅依赖Crp的过量cAMP的影响可能会影响初级或次级代谢，具体取决于物种。在缺乏CCR（碳分解代谢物阻遏）的细菌中，我们发现过量cAMP通过上调大量末端氧化还原酶及相关电子转运蛋白的表达，同时直接和间接下调TCA循环，驱动细胞利用非氧电子受体进行呼吸。这种代谢状态降低了碳氧化和电子生成的效率，进而在有氧条件下抑制细菌生长。这些发现表明，cAMP-Crp不仅调控其调控子的转录，还通过CCR依赖或非依赖途径介导代谢和蛋白质组分配的限制，为理解全局信号网络如何协调细菌代谢适应提供了新的见解。

关键词：cAMP-Crp 系统；细胞呼吸；细胞色素 c

基于微生物互作网络与宏基因组学解析菌丝球促进低表观气速下好氧颗粒污泥快速启动与稳定运行机制

党天祺[1]，王怡雯[1]，王晓慧[1,*]

(1 北京化工大学化学工程学院，北京市污水净化新材料技术研发基地，北京, 100029)

通讯作者 Email: xhwang@mail.buct.edu.cn

摘要：好氧颗粒污泥（Aerobic granular sludge，AGS）是一种前沿污水生物

处理技术。相较于目前广泛应用的传统活性污泥，AGS 具有沉降性能好、生物量保持能力强、可同步去除碳、氮和磷以及更强的抗负荷冲击和环境胁迫能力等优势，在复杂废水及新污染物治理中具有良好的应用潜力。然而，AGS 仍存在颗粒化周期长和曝气能耗高等问题。本研究开展了为期 150 d 的实验，探究菌丝球（Mycelial pellets，MPs）是否能够在低表观气速（Superficial gas velocity，SGV，0.4 cm/s）条件下促进好氧颗粒污泥形成并维持系统稳定运行。

摇瓶实验表明，菌丝球接种后迅速分解，该现象在长期运行过程中同样得到验证。尽管菌丝球未能长期保留，但其添加有效减少了生物量流失，促进了絮状污泥保留，加快了颗粒污泥形成。在添加菌丝球的反应器（R1）中，第 44 天即形成清晰的好氧颗粒污泥，较对照组（R0）提前约 21 d。稳定运行阶段，R1 的 TN、COD 和 TP 去除率分别达到 68.82%、96.42%和 69.30%，均略高于 R0。两组均形成了沉降性能良好的颗粒污泥，与 R0 相比，R1 形成的颗粒粒径更小，表面保留白色绒毛。EPS 分析表明，R1 形成了以蛋白质（PN）为主的胞外聚合物基质，PN/PS 比值显著提高。

微生物群落及分子生态网络分析表明，菌丝球显著改变了微生物群落组成及其相互作用关系。Pseudomonadota 不仅是颗粒污泥中的优势菌门，也是分子生态网络的主体。其中，*Thiothrix* 在 R1 中显著富集，并与 Pseudomonadota、Bacteroidota、Acidobacteriota 和 Bdellovibrionota 中的多个节点存在直接关联。宏基因组分析进一步显示，R1 中与氮转化、氨基酸代谢以及 EPS 前体生物合成相关的功能潜力得到增强。基于基因组分箱分析，在 R1 中鉴定到高丰度且独有的 *Thiothrix* 相关基因组 MAG40。进一步功能分析表明，MAG40 携带了硝酸盐转运与还原、亚硝酸盐还原及一氧化氮还原等氮转化相关基因，具备 12 种氨基酸的生物合成能力，并具有 UDP-GlcNAc、UDP-Glc、UDP-Gal、UDP-GlcA、GDP-Man 和 UDP-ManNAc 等活化糖前体的合成潜力。

本研究为低表观气速条件下好氧颗粒污泥工艺的快速形成与稳定运行提供了参考。

关键词：好氧颗粒污泥；菌丝球；低表观气速；分子生态网络；宏基因组学

东北家常泡菜微生物群适应高尿酸血症小鼠肠道并促进尿酸代谢

周晓倩[#]，崔彬钰[#]，张巍，Aman Khan[*]，王伟东[*]

（东北林业大学生命科学学院，哈尔滨 150400）

[#]周晓倩，崔彬钰为共同第一作者，对本文贡献相同

*通讯作者，E-mail：wdwang@nefu.edu.cn

摘要：发酵食品作为人类跨文化饮食实践中长期存在的组成部分，既是一种食品保藏手段，但传统发酵食品的功能价值尚未被充分挖掘。本研究评估了益生菌发酵（KP）和自然发酵（KC）的东北传统家常泡菜对高尿酸血症小鼠的治疗潜力，考察了其对机体系统代谢、肠道菌群以及肾脏/肝脏的保护作用。结果显示，KP组血清尿酸（SUA）水平（152.64 μM）显著低于高尿酸血症（HUA）组和KA组（分别为309.56 μM和313.30 μM）。血清生物标志物分析进一步证实，KP和KC可降低肾功能损伤标志物（血尿素氮和肌酐）、肝损伤指标（ALT）及血脂异常指标（总胆固醇和甘油三酯），表明其具有超越单纯降尿酸效应的多器官保护作用。此外，肠道菌群谱分析显示，KP处理能有效恢复有益菌属，如乳杆菌属（Lactobacillus）、魏斯氏菌属（Weissella）、双歧杆菌属（Bifidobacterium）和罗氏菌属（Roseburia），同时抑制机会性致病菌链球菌属（Streptococcus）。功能预测分析表明，还原酶、脱氢酶和次黄嘌呤通透酶参与了尿酸分解代谢以及高尿酸胁迫下的宿主代谢适应。本研究总结认为，东北益生菌发酵泡菜通过协调代谢重塑和肠道菌群调节，对高尿酸血症发挥综合保护作用，凸显其作为功能性食品的开发前景。

关键词：传统家常泡菜，代谢产物，功能应用，高尿酸血症，动物模型

缓解高尿酸血症的功能性酸奶调节小鼠体内尿酸代谢和肠道稳态

崔彬钰[#]，周晓倩[#]，张巍，Aman Khan*，王伟东*

（东北林业大学生命科学学院，哈尔滨 150400）

[#]崔彬钰，周晓倩为共同第一作者，对本文贡献相同

*通讯作者，E-mail：wwdcyy@126.com

摘要：益生菌的尿酸降解活性已得到广泛验证，但功能菌株在大众化食品基质中的转化应用仍较为有限。本研究制备一款具有高尿酸血症缓解作用的功能性益生菌酸奶，探究其对高尿酸血症模型小鼠尿酸代谢、肝肾损伤及肠道菌群稳态的调控效果。通过构建高尿酸血症小鼠模型，设置对照组、模型组、普通酸奶对照组、别嘌醇阳性对照组及功能性益生菌酸奶干预组，检测血清尿酸、肌酐、尿素氮等生化指标，观察肝肾组织病理形态并分析肠道菌群结构变化。结果表明，高尿酸血症模型组与普通酸奶组血清尿酸水平分别为 396.64 μmol/L 和 372.68 μmol/L；功能性益生菌酸奶组与别嘌醇组血清尿酸较模型组分别降低 38.80% 和 42.69%，同时血清肌酐、尿素氮水平显著下降，肾小管损伤、肝肾组织炎性浸润及化脓灶等病理损伤明显减轻；肠道菌群分析显示，功能性酸奶可提升产短链脂肪酸菌属相对丰度，下调螺杆菌属丰度。本研究证实，该功能性益生菌酸奶可有效改善高尿酸血症小鼠的尿酸代谢紊乱，减轻肝肾损伤并调节肠道微生态，具备开发为降尿酸功能食品的应用潜力。

关键词：酸奶，益生菌，高尿酸血症，尿酸代谢，肠道微生物群

Predatory Quorum Quenchers for Dynamic Membrane Biofouling Mitigation: Foulant Precursor Degradation and Biofilm Formation Inhibition

张思源[1]，余冉[2*]

（1. 宁波大学土木工程与未来城市学院，宁波 315211；2. 东南大学能源与环境工程学院，南京 211189）

*通讯作者，E-mail：yuran@seu.edu.cn

摘要：Membrane biofouling remains a critical challenge limiting the widespread application of membrane bioreactors (MBRs) for wastewater treatment. As a progressive biological succession process involving microbial attachment, extracellular polymeric substance (EPS) accumulation, and biofilm maturation, membrane fouling is strongly influenced by early microbial colonization and biofilm development. However, previous studies have mainly focused on mature biofilm characteristics, whereas the dynamic regulation mechanisms underlying fouling progression remain insufficiently understood. Although biological approaches have attracted increasing attention as sustainable biofouling mitigation strategies, conventional methods based on enzymes and bacteriophages are often limited by poor operational stability, narrow host specificity, and inadequate adaptability within complex microbial communities. Quorum sensing (QS) is a key cell-to-cell communication mechanism that coordinates intra- and interspecies interactions and regulates initial cell attachment, EPS production, and biofouling development. N-acyl homoserine lactone (AHL), produced by Gram-negative bacteria, is a typical QS signaling molecule that induces substantial biofouling formation on MBRs. Accordingly, quorum quenching (QQ) strategies have been explored to disrupt QS signaling; however, their practical applications are frequently constrained by limited stability, high operational costs, or potential secondary environmental impacts. *Bdellovibrio* and like organisms (BALOs), as broad-spectrum predatory bacteria, can prey on diverse bacterial hosts and disrupt biofilm formation through biolysis. Moreover, their extracellular hydrolases and predatory activity may enable QS interference by degrading AHLs and reducing QS-active bacterial

populations. Nevertheless, whether BALOs can function as living predatory quorum quenchers to regulate QS and mitigate membrane biofouling throughout the entire fouling trajectory remains unclear. In this study, four parallel MBR systems were operated to investigate the antifouling performance and underlying mechanisms of BALOs. A control reactor without BALO addition (MBR1) and three experimental reactors supplemented with BALOs at different inoculation dosages (MBR2–MBR4) were continuously operated under identical conditions. Each MBR had a working volume of 9.0 L and was aerated at a flow rate of approximately 1.0 L/min. The membrane module comprised a polyvinylidene fluoride membrane fiber (Watercode membranes Co., Ltd, Guangzhou, China) with a nominal pore size of 0.1 μm and an effective surface area of 0.14 m^2. Filtrate was extracted from the membrane module using a peristaltic pump at a constant membrane flux of 10.3 L/(m^2·h). The hydraulic retention time of the MBRs was 6.6 h, and regular discharge of activated sludge was periodically discharged to maintain the mixed liquor suspended solids concentration within the range of 8–12 g/L. Transmembrane pressure (TMP) was continuously monitored using a vacuum manometer and recorded manually every 24 h. Once the TMP reached 35 kPa, the membrane module was physically cleaned with tap water, then soaked in 0.2% NaClO + 0.01 mol/L NaOH solution for 2 h for reuse. To ensure reproducibility, each MBR was operated at least twice under the same conditions. The results showed that BALO addition significantly mitigated membrane fouling, reducing total AHL concentrations in both mixed liquor and membrane-associated biofilms by up to (29.7 ± 0.7) % and extending the filtration period by up to (86.4 ± 2.8) %, with stronger effects observed at higher inoculation dosages. Meanwhile, BALO introduction slowed the accumulation of 8 out of 10 detected AHLs during the MBR operation, with the strongest effects occurring from the middle to final fouling stages in the mixed liquor and from the early to middle stages in the biofilm. BALO addition also reduced protein- and polysaccharide-based foulant precursors, extracellular polymeric substances (EPS) accumulation, and biofilm biomass compared with the control during the same MBR running time. In parallel, BALOs altered microbial community composition and decreased the relative abundances of QS-associated

genera and the relative copy abundances of QS-related genes. Positive correlations were obtained for the typical AHL concentrations and EPS content or biofilm biomass, which suggested that BALOs probably persistently disrupted AHL-mediated QS and regulated microbial composition to suppress EPS accumulation and early biofilm development to mitigate the membrane fouling during the MBR operation. Overall, this study demonstrates that BALOs function as living predatory quorum quenchers for dynamic membrane biofouling mitigation. By coupling microbial predation with QS interference and foulant precursor reduction, BALOs provide a sustainable and in situ strategy for controlling membrane biofouling in MBRs and potentially other biological treatment systems.

关 键 词 ： *Bdellovibrio*-and-like-organisms, Membrane biofouling, Quorum sensing, Fouling control, Membrane bioreactors

中国湖泊沉积物抗生素抗性组的地理分布格局及其塑造机制

陈成壮[1]，祝新宇[1]，周丽君[2]，吴庆龙[2]，鞠峰[1]*

（1. 环境微生物组与生物技术实验室，浙江省全省智能低碳生物合成重点实验室，西湖大学，杭州 310030；2. 湖泊与流域水安全全国重点实验室，中国科学院南京地理与湖泊研究所，南京 210008）

*通讯作者，E-mail：jufeng@westlake.edu.cn

摘要：抗生素抗性基因（ARGs）广泛赋存于天然湖泊沉积物，但其全国尺度的生物地理分布规律与驱动机制尚不明确。本研究基于宏基因组学方法，对覆盖中国五大生物气候区的117个湖泊共计225份沉积物样品进行分析，系统解析了ARGs的生物地理格局、影响因素及宿主特征。共鉴定出1,152种ARG亚型，其丰度呈长尾分布，由少数高丰度ARGs和大量低丰度ARGs构成稀有抗性基因库。随机森林和夏普利加性解释（SHAP）分析表明，年均降水量、平均日温差、年均温度、纬度和海拔是ARGs丰富度与总丰度的主要预测变量，表明气候和地理梯度构成ARGs分布的主要环境背景。高人类活动强度湖泊的ARGs丰度较高，且气

候因子与ARGs多样性的关联强度随人类活动强度而异。ARGs群落相似性随地理距离增加而降低，且在高强度湖泊中下降更快。沿人类活动增强梯度，质粒介导的可移动抗性基因占比由24.8%增至38.8%，表明高强度人类活动可提升ARGs水平基因转移的传播潜力，放大水环境抗性污染风险。进一步分箱获得了4,231个宏基因组组装基因组并建立中国湖泊沉积物微生物组目录，从中鉴定出427个携带已知ARGs（≥80%序列相似度，≥70%覆盖度）的基因组，其中89.5%在现有参考数据库中缺乏已知物种代表，揭示了沉积物ARGs宿主种类覆盖的显著不足。ARGs宿主群落组装过程在寒冷高海拔湖泊中表现出较强的确定性特征，而在温暖且受高人类活动影响的亚热带湖泊中表现出更强的随机性特征。综上，研究揭示了气候主导、人类活动协同塑造的中国湖泊沉积物抗生素抗性组生物地理格局，产出大量未培养微生物基因组资源，为水环境抗生素抗性风险评估及全球微生物参考基因组库的完善提供关键理论与数据支撑。

关键词：抗生素抗性基因；湖泊沉积物；生物气候梯度；人类活动；宏基因组

通过纤维素降解益生菌预处理减少高级醇积累并提升青稞酒出酒率

Zemin Wang1（王泽民），Zhenming Ling1*(令桢民), Xiangkai Li1*(李祥锴)

（1.兰州大学,生命科学学院,细胞活动与应激适应教育部重点实验室，甘肃兰州 730000，中国）

*E-mail: lingzm@lzu.edu.cn; xkli@lzu.edu.cn

摘要：青稞富含淀粉、纤维素和蛋白质，是开发特色白酒的重要杂粮原料，但其较高的纤维质结构可能限制固态发酵过程中底物释放与利用，并影响产酒效率和风味品质。本研究以具有纤维素降解能力的益生菌 *Lactobacillus delbrueckii* GR-8 为功能菌株，构建青稞原料预处理策略，系统评估其对青稞白酒发酵过程、微生物群落演替、代谢特征及酒体品质的影响。结果表明，GR-8 预处理能够促进青稞基质中结构性碳源转化，预处理期间纤维素含量明显下降，还原糖显著积累，体系 pH 同步降低，说明该菌株可改善青稞原料中可发酵底物的释放条件。进入主发酵后，GR-8 处理组表现出更优的产酒能力，发酵末期酒精含量由对照组的 4.87%提高至 7.47%，出酒率由 50.55%提高至 54.05%，表明纤维素降解益

生菌预处理有助于提高青稞固态发酵的底物利用效率和产酒表现。微生物组分析显示，GR-8 预处理改变了发酵过程中的微生物群落结构和演替模式，可能为后续糖化、发酵及风味形成创造了不同的微生态环境。非靶向代谢组结果进一步表明，GR-8 处理影响了发酵体系中的代谢物组成，差异特征主要涉及碳源转化、氨基酸代谢和有机酸代谢等过程，提示其对青稞白酒发酵代谢网络具有调节作用。挥发性风味物质分析显示，GR-8 处理在提升产酒表现的同时降低了部分风险风味物质含量，其中异丁醇、正丁醇和异戊醇三种已定量高级醇总量降低，甲醇含量也明显下降。综上，*L. delbrueckii* GR-8 预处理可通过促进青稞纤维质底物转化、改善发酵底物可利用性、提高出酒率并调控风味物质积累，为杂粮白酒发酵过程优化和功能益生菌在传统酿造体系中的应用提供了新的技术思路。

关键词：青稞酒；高级醇；益生菌

嗜酸热古菌冰岛硫化叶菌 DNA 损伤应答研究

张冉，姜志超，林子佳，吴鹏举，申玉龙*，黄奇洪*

（山东大学微生物技术研究院，山东省青岛市即墨区鳌山卫滨海大道 72 号，266237）

*通讯作者，Email：huangqihong@sdu.edu.cn，yulgshen@sdu.edu.cn

摘要：硫化叶菌（Sulfolobales）是一类广泛分布于全球陆地热泉的嗜酸嗜热的泉古菌，其最适生长温度为 75-80℃，最适 pH 为 3-3.5。硫化叶菌具有类似真核生物且更为简单的 DNA 代谢机器及细胞周期，也有成熟的遗传操作体系。酸热环境极易对细胞造成频繁的 DNA 损伤，因此硫化叶菌是研究真核生物相关过程及微生物抗逆机制的重要模式生物。此前已发现硫化叶菌具有以全局调控因子 Orc1-2 为中心的 DNA 损伤应答（DDR）转录调控网络：在 DNA 损伤产生后 Orc1-2 被激活，随后其下游细胞聚集、DNA 交换及修复等基因转录上调，而细胞周期相关基因转录下调。然而，该过程很多细节仍不清楚。我们的研究显示，蛋白磷酸化也参与了硫化叶菌的 DDR 过程。通过对冰岛硫化叶菌（*Saccharolobus islandicus*）磷酸化蛋白组学分析发现，该古菌中多个 DNA 结合蛋白的磷酸化发生变化，且磷酸化状态影响其 DNA 结合活性；另外，磷酸化介导 Fork head-associated (FHA)结构域蛋白与其伴侣蛋白相互作用，从而影响 DDR 基因的转录，

该途径独立于 Orc1-2 的调控。此外，我们还发现蛋白酶体介导了 DDR 过程中重要转录因子 Tfb3 的降解。在 DNA 损伤时，阻碍该蛋白的降解可以增强细胞聚集、DNA 交换以及 DNA 跨损伤合成等过程，从而促进细胞存活。我们的研究表明，极端嗜酸热古菌采用转录调控、蛋白翻译后修饰等多种策略应对环境胁迫。

关键词：嗜酸热古菌，硫化叶菌，DNA 损伤，蛋白磷酸化，转录调控，蛋白酶体

Biotransformation of 2-Aminobenzothiazole by a newly isolated *Rhodococcus* sp. YQ-4 eliminates its toxicity to sensitive organisms

宋馥羽[1]，刘佳喜[1]，吴祁[1]，刁爱芹[2]，姜寅虎[1,3]，闫新[1]，李娜[3]，何健[1]，邱吉国[1,*]

（1. 农业农村部农业与环境微生物重点实验室&南京农业大学生命科学学院，南京 210095；2. 泰州职业技术学院医学院，泰州 225300；3. 宿州学院生物与食品工程学院，宿州 234099）

* 通讯作者，邱吉国，E-mail：qiujiguo@njau.edu.cn

Abstract： 2-Aminobenzothiazole (2-ABT), a representative heterocyclic compound originating from tire wear particles, was widely detected in diverse environmental matrices. Due to its persistence and potential toxicity, the removal of 2-ABT from contaminated environments has become an increasing environmental concern. However, studies on the efficient biodegradation of 2-ABT by pure cultures remain limited. In this study, the abundance of *Rhodococcus* increased significantly following enrichment and acclimation. Subsequently, a 2-ABT-degrading pure culture, designated *Rhodococcus* sp. YQ-4, was isolated. Under the optimal conditions of pH 7.0, 1% NaCl, and 30°C, strain YQ-4 achieved a removal rate of 98% for 50 μM 2-ABT within 24 h. A key metabolic intermediate, 2-hydroxybenzothiazole (2-OBT), was identified by liquid chromatography-time-of-flight mass spectrometry (LC-TOF-MS). Based on these results, a possible initial biotransformation pathway involving deamination and hydroxylation at the C2 position of the thiazole ring was proposed.

Furthermore, toxicity bioassays involving the green alga *Chlamydomonas ellipsoidea* and mung bean (*Vigna radiata*) demonstrated that the biodegradation of 2-ABT by strain YQ-4 significantly alleviated its phytotoxicity, thereby restoring the growth and physiological vigor of the test species. Collectively, this study provided a novel bacterial resource for the bioremediation of 2-ABT-contaminated environments and offered new insights into the catabolic pathway associated with emerging pollutants.

Keywords: Biotransformation; 2-Aminobenzothiazole; *Rhodococcus* sp. YQ-4; 2-Hydroxybenzothiazole; Detoxification.

微生物组资源深度挖掘驱动污染降解与绿色防治

鞠峰[1,2*]

（1. 西湖大学工学院，杭州 310030；2. 西湖大学生命科学院，杭州 310030）

*通讯作者，E-mail：jufeng@westlake.edu.cn

摘要：微生物组是连接宿主与环境的关键功能枢纽，蕴藏着丰富的微生物菌株与酶基因资源。从土壤、填埋场等自然与工程环境，到昆虫肠道等宿主共生体系，微生物群落在元素循环、污染物降解及宿主健康调控中发挥着不可替代的作用。本报告以2019年入侵中国的重大农业害虫草地贪夜蛾为对象，讲述从其肠道微生物组偶然发现塑料降解能力，到系统解析抗药性机制的研究故事。

塑料降解研究源于一次意外观察：实验室在开发新型农药时，发现幼虫能够取食家用聚氯乙烯（PVC）薄膜。围绕碳-碳骨架塑料极难降解的难题，我们从肠道微生物组中发掘出解聚细菌及脱氯菌株，首次解析多种新型增塑剂降解酶，构建了塑料解聚-脱氯和增塑剂降解的三步路径，并设计功能互补的合成菌群，使脱氯能力提升23%、分子量降低17%，填补了难降解塑料生物降解资源的空白。

这一偶然发现引导我们转向该虫更紧迫的田间抗药性问题。我们从“宿主-共生体”协同进化视角，通过多组学与抗生素清除实验证实共生菌参与抗性塑造。机制上，除共生菌自身降解杀虫剂外，更关键的是菌虫互作驱动的宿主解毒增强：酪黄肠球菌EMBL-3代谢色氨酸产生吲哚乙酸，激活宿主AhR通路上调解毒酶UGT2表达。基于此，提出了模块化噬菌体共生菌靶向平台（MPST），该平台融

合噬菌体疗法与纳米技术，以玉米蛋白共包封特异性噬菌体与杀虫剂，实现环境响应型智能控释。通过替换靶向不同共生菌的噬菌体模块，能精准清除害虫肠道共生菌以削弱其抗药性。田间试验证实，该平台将防治效率提升17%，土壤农药残留降低82%，实现了减污增效协同的绿色、高效、可持续害虫防控。

综上所述，我们以昆虫微生物组为例，通过多组学解析机制与生物资源挖掘，取得从机制到应用的系统进展。近期我们开发了一套可扩展的微生物基因功能精准分类与深度挖掘AI框架，并陆续应用于病原细菌与抗性基因等生物风险因子的精准识别与发现，同时可以有效支持微生物组赋存海量降解菌酶资源发掘，为应对粮食安全与生态健康挑战提供了基于微生物组的新方案。

关键词：微生物组，塑料降解，微生物-宿主互作，绿色防治，资源发掘，风险识别，深度学习

MCP4250, a Novel Chemoreceptor, Mediates Chemotaxis toward Halogenated Nitrophenols in *Cupriavidus* sp. CNP-8

Jun Min (闵军)*, Yahui Zhang (张雅慧), Yanhong Xu (许艳红), Suyun Fang (方素云), Lingxue Xu(徐凌雪), Xiaoke Hu (胡晓珂)*

Key Laboratory of Coastal Biology and Bio-resource Utilization, Yantai Institute of Coastal Zone Research, Chinese Academy of Sciences, Yantai, Shandong, China

*Corresponding author: Xiaoke Hu, Email: xkhu@yic.ac.cn

Abstract: Bacterial chemotaxis towards synthetic halo- and nitro-substituted aromatic compounds has been observed; however, the molecular mechanisms by which bacteria sense these pollutants remain unclear. *Cupriavidus* sp. CNP-8 is capable of utilizing a range of halogenated nitroaromatic compounds for growth. In this study, we demonstrated the chemotactic responses of strain CNP-8 to several halogenated nitrophenols. Genetic deletion and complementation experiments revealed that MCP4250, a methyl-accepting chemotaxis protein (MCP), is involved in bacterial chemotaxis toward monohalogenated and dihalogenated nitrophenols. Isothermal titration calorimetry (ITC) analyses indicated that the ligand-binding domain of

MCP4250 (MCP4250LBD) did not bind to halogenated nitrophenols, but did bind to cis-aconitate, citrate, malate, isocitrate and α-ketoglutarate, with cis-aconitate as the tightest-binding ligand. This suggests that MCP4250 triggers taxis towards halogenated nitrophenols by sensing TCA cycle intermediate. Genetic deletion of the LBD fragment of *mcp4250* gene indicated that MCP4250LBD plays an important role in chemotactic responses. Furthermore, the key amino acid residues within a putative LBD pocket were characterized by site-directed mutagenesis and ITC assays. Phylogenetic analysis suggests that MCP4250 has a unique evolutionary origin distinct from other functionally characterized chemoreceptors. To date, MCP4250 is the first biochemically identified chemoreceptor that mediates chemotaxis toward halogenated nitroaromatic compounds, extending our understanding of chemoreceptor diversity, as well as providing an example of how bacteria may sense xenobiotic pollutants through metabolic integration rather than direct substrate-receptor interactions.

细菌运动性对紫外消毒及纳米塑料的适应抗性调控机制

刘阳[1]，邢德峰[1*]

（1. 哈尔滨工业大学环境学院，哈尔滨 150096）

*通讯作者，E-mail：dxing@hit.edu.cn

摘要：近年来，病原微生物引发的公共卫生风险受到广泛关注，水体消毒技术在保障水安全中具有重要作用。紫外（Ultraviolet，UV）辐照作为一种无需投加化学药剂的低碳消毒技术，已被广泛应用于水处理过程。然而，在实际水环境中，细菌运动性、趋化性及生物膜形成等生理特征可能显著影响 UV 消毒效果。同时，纳米塑料（Nanoplastics，NPs）在供水系统中的检出频率不断增加，其与 UV 消毒过程的耦合作用及其对生物膜微生物风险的影响机制尚不明确。本研究以机会致病菌铜绿假单胞菌（*Pseudomonas aeruginosa*）野生型菌株 PAO1 及其 IV 型菌毛缺陷突变株（*ΔpilH*）和趋化转导缺陷突变株（*ΔchpA*）为研究对象，探究聚苯乙烯纳米塑料（PS-NPs）对不同运动趋化能力菌株生物膜 UV-LED 消毒抗性的影响。利用微流控芯片结合共聚焦显微镜和多模态结构超分辨智能显微成像技术，对生物膜形成过程进行原位实时监测，结果表明 PS-NPs 显著降低了紫外对生物

膜的灭活效率，尤其对 *ΔchpA* 与 *ΔpilH* 的保护作用更为明显，灭活率分别下降了27.59%和 32.54%。结合转录组学测序分析，UVC 辐照可诱导细菌能量代谢、DNA修复、群体感应、多糖合成及运动性相关通路发生显著变化，并证实 NPs 通过上调多糖合成基因的表达从而增强生物膜对紫外的耐受性，为水回用系统中微生物风险精准防控及消毒技术优化提供了理论依据与科学支撑。

关键词：纳米塑料，消毒，生物膜，运动性，转录组

智能拉曼分选：从微塑料精准鉴定到功能菌株原位挖掘的新范式

李 备[1,2]

（[1]中国科学院长春光学精密机械与物理研究所光学系统先进制造全国重点实验室，长春，中国；[2]长春长光辰英生物科学仪器有限公司，长春，中国）

通讯作者邮箱：beili@ciomp.ac.cn

摘要：在资源挖掘与环境健康研究中，高效获取特定功能菌株是推动下游应用的前提。针对传统筛选中菌株冗余度高、低丰度目标发现难、未培养微生物功能验证缺失等挑战，本报告介绍了一套由多款专用设备构成的跨尺度拉曼技术体系。该体系集成拉曼光谱识别、单细胞分选及智能化分析技术，旨在为科研人员提供从样本初筛到功能验证的全流程解决方案。

该技术体系通过模块化设备协同，在不同研究尺度展示了其应用效能。在菌落筛选环节，利用形态特征与拉曼指纹的关联分析实现原位“去重复”，通过对海量菌落的快速分类与靶向挑取，在剔除冗余优势菌的同时显著提升低丰度目标的捕获率，优化后续培养与测序资源配置。在单细胞解析环节，体系利用拉曼光谱的非破坏性表征能力，实现目标活细胞的精准识别。配合单细胞定向分选与微培养系统，实现了从单个细胞截获到功能菌株纯化的资源化转变，打通了代谢表型-单细胞基因组-功能纯菌株的闭环链路。

依托在复杂基质中精准定位与定性表征的共性技术优势，该方案进一步延伸至环境微塑料监测领域。体系能够实现对微纳塑料从环境赋存、生物摄入到组织蓄积的全生命周期追踪，并能从单细胞水平评估其对生物代谢功能的影响。这种

覆盖多环节的研究布局，为功能菌资源开发、环境风险评估及健康机制解析提供了标准化的科研范式。

关键词： 拉曼组学；功能微生物筛选；单细胞分选；LIFT；光镊；菌落

多维度解析新兴底盘细胞需钠弧菌（Vibrio natriegens）的盐适应机制

陶欣意[1]，邢庆花[1]，王伟伟[2]，唐鸿志[2]，赵百锁[*2]

（1. 研究生院,中国农业科学院,北京,北京市,中国；2. 生命科学技术学院,上海交通大学,上海,上海,中国）

通讯作者：bszhao@163.com

摘要：*Vibrio natriegens* VCOD-2 是一株来源于海洋环境的中度嗜盐细菌，具有生长迅速、代谢活性高及遗传操作体系相对完善等特点，在高盐环境生物过程研究及工程底盘菌开发方面展现出良好的应用潜力。由于其生长依赖一定盐度条件，该菌也是解析微生物渗透胁迫响应机制的重要研究对象。然而，目前关于 *V. natriegens* 在不同盐度条件下适应策略的认识仍较为有限，尚缺乏系统而深入的研究。

为系统解析其盐适应机制，本研究在不同盐度条件下开展了 Tandem Mass Tag（TMT）定量蛋白质组学和非靶向代谢组学分析，从蛋白质表达变化与代谢网络重塑两个层面对其盐胁迫响应特征进行了系统解析。蛋白质组学结果表明，在高盐条件下，差异表达蛋白主要富集于氨基酸转运与代谢、能量产生与转化以及膜运输等功能通路，其中多种与相容性溶质合成和转运相关的蛋白呈显著上调。代谢组学分析进一步显示，四氢嘧啶在高盐条件下明显积累；同时，多种氨基酸代谢中间体及中心碳代谢相关代谢物水平发生显著变化，表明细胞通过代谢网络重构，为相容性溶质合成提供必要的碳骨架、还原力及能量支持。蛋白质组学与代谢组学联合分析表明，*V. natriegens* 在盐胁迫条件下并非依赖单一应答途径，而是通过相容性溶质积累、氨基酸代谢调节以及中心碳代谢重分配等多种机制协同作用，以维持胞内渗透稳态和细胞生理功能。

在多组学分析的基础上，本研究进一步选取四氢嘧啶生物合成途径中的关键基因 *ectC* 进行功能验证。通过同源重组成功构建 Δ*ectC* 突变株，并对其生长表型及代谢产物变化进行了分析。结果表明在高盐条件下野生型菌株中能够检测到四氢嘧啶，而 Δ*ectC* 突变株中该产物消失，并伴随前体 N-γ-乙酰-L-2,4-二氨基丁酸的积累，说明 *ectC* 缺失阻断了四氢嘧啶生物合成途径的末端转化步骤，证明该基因在四氢嘧啶合成过程中具有关键作用。进一步在 *Escherichia coli* BL21(DE3) 中进行异源表达实验，结果显示 *ectC* 的表达可有效催化底物向四氢嘧啶转化，并伴随底物的显著消耗，从而在功能层面进一步验证了该基因编码酶的催化活性。Δ*ectC* 突变株在不同盐度条件下仍能够维持基本正常的生长状态，说明四氢嘧啶虽然在 *V. natriegens* 的盐适应过程中发挥重要作用，但并非决定其耐盐表型的唯一因素。该菌对盐胁迫的适应更可能依赖于多种相容性溶质代谢途径、物质转运系统以及离子稳态调控机制之间的协同配合。

本研究从蛋白质组、代谢组及关键基因功能验证等多个层面，较为系统地揭示了 *V. natriegens* VCOD-2 的盐适应过程，构建了“多组学筛选—关键通路识别—基因功能验证”的研究框架，为进一步阐明中度嗜盐菌的渗透适应机制，以及开展耐盐工程菌构建和相容性溶质生物合成研究提供了重要的理论依据。

关键词：*Vibrio natriegens*，四氢嘧啶，盐适应，蛋白质组学，代谢组学

GEMs模型驱动的石油降解合成菌群构建与溢流解毒机制

刘天昊，张旭旺*

（大连理工大学化工海洋与生命学院，工业生态与环境工程教育部重点实验室，盘锦 124221）

*通讯作者，E-mail：张旭旺，zhangxw@dlut.edu.cn

摘要：在石油污染原位生物强化修复中，传统策略常依赖投加单一的高效降解菌。然而，受限于胞内碳代谢失衡及微环境中激烈的土著生物竞争，该策略在实际工程中常面临定殖困难与功能衰退的瓶颈。近年来，环境系统生物学正逐步向模型驱动的“自下而上”理性设计转变。本研究突破了传统正交组合筛选在高维变量下的局限性，依托分离自污染生境的9株石油降解菌，构建了整合基因组尺

度代谢模型（GEMs）、静态拓扑网络解码与动态通量平衡分析（dFBA）的计算生态学预测框架。研究基于模型精修约束了长链烷烃降解的电子当量平衡，重建了质量与电荷平衡率均大于99.8%的高质量单菌代谢网络。借助SMETANA算法，量化了寡营养生境下单菌间的代谢资源重叠度（MRO）与代谢互作潜能（MIP）。

为克服静态模型的局限性，本研究引入耦合空间容量限制与跨膜动力学的区室化dFBA计算引擎，对256种理论群落组合进行了360小时的时空演替模拟。模型推演与天然海水微宇宙实验一致表明：功能冗余物种的引入会加剧对痕量元素的竞争，导致系统呈现负向的生物多样性-生态系统功能（Negative BEF）关系。研究最终筛选出由先锋基石菌株ZHL3与协同菌株Z1组成的二元合成群落，其在15天内的长链烷烃降解率达68.1%。结合靶向气相色谱-质谱（GC-MS/MS）与无细胞滤液培养实验，阐明了该群落高效降解的生化机制：基石菌株ZHL3在裂解烷烃时因胞内碳通量过载发生“碳溢流”，向生境中分泌乙酸等短链有机酸；辅助菌株Z1作为“代谢碳汇”，通过交叉喂养靶向同化上述次级代谢物，有效解除了微生态系统的代谢反馈抑制。本研究通过构建“基因-代谢-表型”的闭环证据链，为复杂原位生境中合成微生物群落的定向组装提供了数理依据与理论支撑。

关键词：合成微生物群落；基因组尺度代谢模型；动态通量平衡分析；溢流解毒；原位生物修复

通过纤维素降解益生菌预处理减少高级醇积累并提升青稞酒出酒率

Zemin Wang[1]（王泽民），JingJi（季晶），Zhenming Ling[1*](令桢民), Xiangkai Li[1*](李祥锴)

（1.兰州大学生命科学学院细胞活动与应激适应教育部重点实验室，甘肃兰州 730000，中国）

*E-mail: lingzm@lzu.edu.cn; xkli@lzu.edu.cn

摘要：啤酒是全球消费量最高的发酵酒类之一，其所含的嘌呤类物质与高尿酸血症及痛风的发生高度相关，开发低嘌呤啤酒已成为行业发展的重要现实需求。当前主流降嘌呤技术存在明显局限：物理吸附、高辅料配比等方法易削弱啤酒风味与酒体品质，外源酶解工艺生产成本较高，基因工程菌株则面临生物安全性争

议，难以同时兼顾降嘌呤效果、产品风味与食用安全。我国西北传统发酵食品浆水经长期自然驯化形成了独特的微生物群落，是挖掘功能益生菌的天然环境资源库。本研究以甘肃多地传统浆水为菌源，采用嘌呤核苷为唯一氮源的定向筛选策略，分离获得高效降解嘌呤核苷的嗜酸片球菌（*Pediococcus acidilactici*）GR-5，建立“酿酒酵母主发酵 +GR-5 后发酵”的分步发酵体系制备低嘌呤啤酒，结合色谱质谱技术分析发酵前后啤酒嘌呤组分与风味特征，通过多组学解析作用机制，并通过小鼠实验验证低嘌呤啤酒的体内降尿酸效果及对肠道嘌呤代谢的调控作用。结果显示，GR-5 可在 12 h 内完全降解腺苷、鸟苷、肌苷三类核心嘌呤核苷；经后发酵处理后，啤酒嘌呤核苷含量降低 80.15%，总嘌呤含量下降 41.91%，且对酵母正常发酵进程无显著干扰。GR-5 发酵可提升啤酒果香类酯类物质丰度，降低不良风味组分，4~10℃冷藏条件下菌株活菌数保持稳定。动物实验表明，活菌型低嘌呤啤酒可显著降低小鼠血清尿酸水平，GR-5 能够在小鼠肠道定植，优化肠道菌群结构，增强肠道嘌呤代谢能力，维持宿主嘌呤稳态。机制分析表明，GR-5 通过表达 *deoD* 基因编码嘌呤核苷磷酸化酶，将核苷分解为游离嘌呤碱基并促进酿酒酵母吸收利用，协同实现啤酒嘌呤含量的高效降低。本研究为低嘌呤啤酒的绿色生产提供了新型益生菌资源与技术方案，也为传统发酵环境微生物资源的高值化应用拓展了新方向。

基于磁敏免疫原理的环境微生物现场快速检测技术平台

李晨[1]、李倩曦[1]、侯福旭[2]、苏加忱[4]、杜成[3]、白石[2,4]、张延昭[1*]

（1.中国医科大学公共卫生学院，沈阳·110122；2.沈阳工业大学，沈阳·110870；3.北部战区总医院，沈阳·110016；4.辽宁嘉音医疗科技有限公司，沈阳·110170）

*通讯作者，E-mail：yanzhaozhang@cmu.edu.cn

摘要：环境由来细菌与病毒等微生物引发的卫生问题正频繁威胁全民健康。现有检测方法具有耗时长，对仪器和操作环境要求高等问题，难以满足环境卫生监测现场对抗干扰、快速、精准的实际需求。生物功能化磁纳米粒子（MNPs）具有顺应磁场方向旋转的特性，可与抗体分子以共价键偶联获得特异性。结合样本后产生聚集效应，粒子的布朗弛豫时间延长，导致磁化响应信号降低，通过传感体系将信号变化转化为电信号输出即可实现即时的定性与定量。

依托上述物理学与生物学原理，研发了具备广泛应用前景的微生物检测技术平台，其核心突破主要有：①搭建了磁性信号传感体系，筛选最佳激励频率；②建立了基于开源数据库的微生物表面靶蛋白筛选算法，确立了 MNPs 制备的流程、条件与储存方式；③测试了系统在不同温度、湿度等环境下的稳定性；④验证了本技术针对环境指示菌、病毒的检测效果，优化了方法与数据处理；⑤开发了专属软件，结合人工智能模型实现高通量与数字化。

本技术可实现 5 分钟捕获稳定信号；在 10-30℃、30%-80%湿度环境下保持信号稳定性不变，具备快速、抗干扰的特性。优化了封闭后扣除的数据算法，对新冠病毒的最低检测限（LOD）可达 500 个/mL，HIV-1 2000 个/mL；大肠埃希菌、金黄色葡萄球菌可实现 10^2CFU/mL 量级的定性与定量，具备高灵敏性。本技术平台为检验检疫等重要领域，提供了高效可用的解决方案，完善我国环境微生物的监测体系建设。

关键词：磁纳米粒子；布朗和尼尔弛豫；现场快速检测；环境指示微生物

Investigating CyaC-Mediated cAMP Synthesis and CRP-Dependent Growth Inhibition in Shewanella oneidensis

张富蓄，高海春*

1. 生命科学学院,浙江大学,杭州,浙江,China

通讯作者：haichung@zju.edu.cn

Abstract: The cAMP–Crp system serves as the core global regulatory hub that enables Shewanella oneidensis to respond to diverse electron acceptors and coordinate respiratory metabolism. This study addresses two unresolved questions: (1) the ligand-sensing mechanism and biochemical characterization of the class III adenylyl cyclase CyaC; and (2) the molecular mechanism by which elevated cAMP levels suppress aerobic growth.

Through molecular docking, MD simulations, and site-directed mutagenesis, we found that CyaC may recognize quinone/flavin-type molecules. We plan to further validate this by incorporating purified CyaC into liposomes for in vitro assays.

Transcriptomic analysis and functional validation of Crp variants suggest that elevated cAMP does not exert direct toxicity; rather, it suppresses aerobic growth through aberrant activation of Crp, which in turn downregulates the TCA cycle and other essential physiological processes.

Keywords: CyaC;ligand interaction; cAMP-Crp ; TCA cycle; transcriptional regulation

From High-Throughput Enzymatic Assays to AI Predictions: Revealing the Molecular Mechanisms of Reductive Dechlorination for 209 PCB Congeners

粟懿[1]，汪善全[1*]

(1. 环境科学与工程学院，中山大学，广州市，广东省，中国)

*Corresponding Author，E-mail: wangshanquan@mail.sysu.edu.cn

Abstract: Microbial reductive dechlorination dictates the bioremediation of polychlorinated biphenyls (PCBs). However, mapping pathways for all 209 congeners is bottlenecked by their structural complexity and low-throughput conventional assays. Here, we developed HINVARD, a high-throughput assay achieving a 30-fold efficiency gain, to screen 61 PCBs across 12 cultures. Integrating this empirical data with quantum chemistry ($q_{Hirshfeld,Cl,modi.}$) and machine learning (XGBoost), we built a robust predictive framework. We reveal that physicochemical properties drive dechlorination reactivity, whereas RDase-substrate steric interactions dictate pathway specificity (*para*/*meta*). This model successfully mapped the entire PCB panorama, predicting pathways with 98.3% accuracy and identifying detoxification potential for 11/12 highly-toxic dioxin-like PCBs, providing a roadmap for microbiome-based bioremediation.

Keywords: Microbial reductive dechlorination; polychlorinated biphenyls (PCBs); high-throughput assay; machine learning

基于通用探针等温扩增系统（UPILS）的耳念珠菌氟康唑与棘白菌素双耐药单管检测

陈欣[2]，赵君[2]，占国强[1]，李大平[1]，唐卓[3]，董娟[1*]

（1. 中国科学院成都生物研究所生态环境修复中心，成都 610213；2. 西南交通大学医学院，成都 610031；3. 西华大学食品与生物工程学院，成都 610039）

*通讯作者，E-mail：dongjuan@cib.ac.cn

摘要：耳念珠菌（Candida auris）是WHO认定的“极高优先级别”真菌病原体，具有多重耐药、高致死率及院内传播性强等特征。近年来，其在我国及全球范围内感染病例持续攀升，氟康唑耐药率高达90%以上，棘白菌素耐药株亦不断涌现，对临床抗真菌治疗构成严峻挑战。然而，当前耳念珠菌的耐药检测主要依赖传统药敏试验或基因测序，存在周期长、设备要求高、成本昂贵等问题，难以满足临床快速精准用药指导与耐药传播监测的迫切需求。分子检测方面，虽然PCR方法灵敏度高，但受限于精密温控设备，在基层或现场场景中部署困难；而现有等温扩增方法在SNP区分方面仍面临技术瓶颈。本研究在前期ICR-LAMP等温扩增研究基础上，进一步探究并利用LAMP体系中ICR特异性剪切特性，通过巧妙的探针设计策略，建立了ICR-LAMP通用探针体系（Universal Probe-based ICR-LAMP System，简称UPILS），并应用于耳念珠菌氟康唑和棘白菌素类药物热点耐药突变的检测。该体系通用荧光探针的设计大幅降低了多靶标检测的探针设计难度与试剂成本；同时利用超长环区引物设计策略，实现了一套LAMP引物对氟康唑三个热点SNP（ERG11 F126L、Y132F、K143R）的同步覆盖，耦联棘白菌素耐药SNP（FKS1 S639F）探针，实现了单管双耐药联检，进一步降低了检测成本并简化操作。UPILS不仅可通过实时荧光报告方式进行定量检测，也可兼容低配置设备下的可视化判读进行快速筛查，40分钟内即可完成耐药分析，灵敏度达10拷贝/μL，经临床分离株验证准确率为100%。同时，作为一套可灵活编程的等温检测平台，UPILS亦具备拓展至其它病原鉴定及耐药分析的能力，可为病原微生物的临床快速诊断与环境传播监测提供高效、低成本的技术工具，并为环境微生物组在耐药性传播预警中的应用提供有力的技术储备。

关键词：耳念珠菌；等温扩增；耐药基因检测；单核苷酸多态性；即时检测

单细胞代谢功能分析与分选新技术赋能环境微生态机制研究和资源挖掘

郑晓姗[1]，徐健[1,*]

（1 中国科学院青岛生物能源与过程研究所，山东省青岛市崂山区松岭路 189 号，266101）

*Email: xujian@qibebt.ac.cn

摘要：环境菌群是地球上最多样与最复杂的微生物组之一，绝大部分尚难培养。环境微生物组的研究一直以来存在两大瓶颈：一是难以无损、快速地获取具有特定表型的单个细胞；二是难以获得高覆盖度的单细胞基因组数据。微生物组功能探测和资源挖掘的科学本质，是在单细胞精度回答菌群的 6W 问题：即正在执行哪些代谢功能（做什么- doing What）、是谁（谁- Who）、为何执行这些功能（为什么- Why）、是否产生“财富”（纯培养物- Wealth）、何时- When 以及何处- Where。拉曼组作为原位、免培养的单细胞代谢表型组检测技术，可以将胞内代谢物的分子光谱定量地翻译为细胞的底物代谢、产物合成、药敏性、环境应激等关键代谢活动，因此能实时解析微生物的代谢活性、底物利用与产物合成等功能信息。基于拉曼组技术衍生的“代谢功能”靶向的单细胞多组学技术体系，允许研究人员无需培养即可从环境样本中直接鉴定并分离出具有特定代谢功能的微生物细胞，从而有效克服了传统方法中目标细胞锚定和基因组数据获取的难题。为了规模化地回答 6W 问题，我们开发了 FlowRACS（提供高通量、免标记的单细胞代谢表型分析与分选）、RAMS（实现“所见即所得”的多模态活体单细胞分选与高覆盖度基因组测序）等在内的拉曼组单细胞代谢功能分析与分选新技术。我们将通过包括土壤微生物挖掘、海水原位光合固碳研究、污水中原位解磷微生物挖掘等案例展示该新技术平台广泛的应用场景。此拉曼组平台新技术支撑从环境样品直接出发，高通量地构建单细胞精度的“原位代谢表型组-培养组-基因组”菌株资源库和数据体系，赋能环境微生态机制研究与微生物资源挖掘迈向单细胞精度与功能靶向的新时代，推动“菌群细胞原位代谢功能，随时可检可分可养可用”的美好愿景。

关键词：单细胞代谢功能；微生物资源挖掘；拉曼组技术

协同菌群强化厌氧消化缓解氨氮抑制研究

吴恒

（1. 中国科学院成都生物研究所，成都 610213）

*通讯作者，E-mail：wuheng@cib.ac.cn

摘要：高总氨氮（TAN）抑制厌氧消化（AD），仅通过增强AD的一个阶段无法完全消除。本研究将耐TAN接种物加入Rhizopus混合菌群水解的底物中，同时增强水解产酸产甲烷。结果表明，在TAN抑制（6870.97mg/L）条件下，甲烷产量增加16.46倍，甚至超过没有TAN的AD系统的21.10%。模型底物实验证实氢营养型甲烷生成是主要途径，TAN抑制作用降低。此外，重建了以水解细菌JAAYGG01 sp.和DTU014 sp.、产酸细菌DTU015 sp.、DTU013 sp.和JAAYLO01 sp.、产甲烷古菌*Methanosarcina mazei*和unclassified_Methanocluus为主的协同代谢微生物群落，以抵抗TAN抑制。宏基因组学结合宏转录测序证实该微生物群落携带xynD和bglB调节底物水解，通过糖酵解、丁酸和丙酮酸代谢产生乙酸，具有高乙酸激酶活性，从而在高辅酶F420活性调控下主要通过氢营养型途径产甲烷，经由高效传质过程和群体感应协同促进。这种更清洁的策略比传统的AD获得更高的经济效益，在机器学习的指导下，可以将沼气厂的能源产量显著提高。

关键词：厌氧消化，氨氮抑制，宏基因组

中心代谢物遗传编码荧光生物传感器的开发与应用

康照琪，高超*

（微生物技术研究院,山东大学,青岛市,山东省,中国）

通讯作者：jieerbu@sdu.edu.cn

摘要：生物传感器是一种可将生化信号转换为易检测的电、光等信号的分析装置，已成为环境监测领域的重要工具。传统的全细胞生物传感器时空分辨率低导致应用受限，由信号识别元件与信号转导元件构成的遗传编码生物传感器可实现胞内/外待测物的实时、原位动态追踪，有助于突破环境污染物原位监测的技

术瓶颈。报告人长期围绕有机酸、氨基酸与辅因子等关键中心代谢物的动态感知，系统开展了识别元件发掘、信号转导策略构建与前沿应用拓展研究。建立了基于比较基因组学的胞外代谢物特异性转录调控因子鉴定方法，发现首个可特异识别L-2-羟基戊二酸（L-2-HG）的转录调控因子 LhgR；在此基础上，提出了以变构酶调控结构域作为模块化识别元件的新方法，将传感范围拓展至 L-苯丙氨酸、L-缬氨酸、L-异亮氨酸及 S-腺苷-L-甲硫氨酸等关键胞内代谢物。进一步建立基于荧光共振能量转移与环状重排荧光蛋白的传感器构建体系，开发出系列高性能遗传编码荧光生物传感器，实现了活细胞内目标代谢物的实时原位成像。此外，报告人建立基于遗传编码荧光生物传感器的线粒体代谢物转运蛋白原位挖掘应用体系，鉴定到人类细胞中首个 L-2-HG 线粒体转运蛋白 SLC1A1，阐明了其介导线粒体 L-2-HG 摄取而非外排的生物学功能。上述研究形成了“识别元件挖掘—传感器开发—多场景系统应用”的完整技术链条，使难以直接观测的代谢过程转化为可追踪、可量化的动态信号，为污染物的环境过程监测提供了创新的工具体系与方法学基础。

关键词：遗传编码荧光生物传感器；微生物代谢调控；活细胞成像

基于细胞外电子传递的微生物腐蚀机制

徐大可[1*]

（1. 材料科学与工程学院, 东北大学, 沈阳, 辽宁, 中国）

lizhong302@sina.com

摘要：微生物腐蚀（Microbiologically influenced corrosion）每年在全球造成数万亿美元的经济损失，其核心是微生物与金属表面间的电子交换过程。传统观点认为，微生物腐蚀主要通过代谢产物（如酸、H_2S）或 H_2 作为电子载体间接进行。然而，我们的研究颠覆了这一认知，证实了直接金属-微生物电子传递是许多电活性微生物（如 *Geobacter*、*Shewanella*）腐蚀不锈钢等工程材料的主要途径。通过遗传学手段，我们发现该过程依赖于微生物外膜上的多血红素 c 型细胞色素（如 OmcS、MtrC）以及导电菌毛（e-pili）。这些蛋白构成了跨越生物-非生物界面的电子通道，为远离金属表面的深层细胞提供“长距离”的电子供给途径。此外，

我们发现腐蚀产物磁铁矿（Fe_3O_4）能作为一种天然的“电子导体”，显著加速电子从金属向微生物的传递，形成加速腐蚀的正反馈循环。对于具有钝化膜的不锈钢，电活性生物膜甚至能通过 EET 过程破坏其表面致密的 Cr_2O_3 钝化膜，并改变其半导体特性，从而为局部点蚀的发生创造条件。我们的工作阐明了基于 EET 的微生物腐蚀核心机制，揭示了从细胞色素、导电菌毛到导电矿物、电子载体等多层次的电子传递网络。相关研究为开发基于生物电化学原理的新型腐蚀监测、预警与防护技术提供了坚实的理论基础。

关键词：细胞外电子传递；微生物腐蚀；细胞色素蛋白；电子载体；金属

Fe 单原子-纳米颗粒/N 掺杂碳耦合 *Pseudomonas inefficax* AH40 通过加速电子传递协同强化好氧反硝化

张沿城 [1,2]，洪培 [1]，李明会 [1]，庞钰 [1]，王琪 [3]，疏义林 [1]，汤智 [2]，吴丰昌 [2*]，赵晓丽 [2*]

（[1] 安徽师范大学生态与环境学院，芜湖 241002，中国；[2] 中国环境科学研究院环境基准标准与风险管控全国重点实验室，北京，100012，中国；[3] 香港教育大学科学与环境研究系，香港特别行政区 999077，中国）

摘要：好氧反硝化在含氮污染水体净化中发挥重要作用，但其脱氮效率常受到胞外电子传递效率不足的限制。本研究将分离获得的好氧反硝化菌 *Pseudomonas inefficax* AH40 与负载 Fe 单原子-纳米颗粒的 N 掺杂碳材料（FeSA-NP/CN）耦合，构建生物-非生物杂化反硝化体系，以强化其脱氮性能。结果表明，FeSA-NP/CN–AH40 体系显著加快了反硝化动力学过程。在 FeSA-NP/CN 投加量为 60 mg L^{-1}时，该体系在 10 h 内 NO_3^-–N 去除率达到 94.5%，较同期单独菌株体系提高 32.4%。机制分析表明，该强化作用主要归因于 FeSA-NP/CN 介导的电子捕获与传递过程，其电容行为（38.63 F g^{-1}）及可逆 Fe^{2+}/Fe^{3+}氧化还原循环为电子储存与转移提供了有效通道。FeSA-NP/CN 的引入促进了吩嗪-1-羧酸的产生（提高 30.2%），显著增强了细胞电子传递能力（ETSA 提高 110%），并伴随着反硝化还原酶活性的提升，包括 NAP、NIR、NOR 和 NOS 活性分别提高 17.06%、68.50%、12.12%和 51.45%。同时，转录组结果显示，与电子传递、中心碳代谢和氮转化相关的功能基因表达均明显上调。在实际污水处理厂尾水（C/N≈6:1）

验证实验中，FeSA-NP/CN–AH40 体系较单独菌株对照组表现出更优的污染物去除效果，TN、NO_3^-–N 和 TOC 去除率分别提高 12.81%、27.88%和 20.75%。综上，本研究提出了一种基于 FeSA-NP/CN 与好氧反硝化菌耦合的生物-非生物杂化脱氮策略，可通过加速电子传递有效提升低碳氮比尾水的脱氮效率，为高效生物强化脱氮技术开发提供了新的思路。

关键词：好氧反硝化菌；铁复合材料；强化脱氮；电子传递系统

Rpo转录因子调控色杆菌溶藻能力的蛋白质组学研究

靳元霈[1]，邵梦煊[1]，熊艺芯[1]，谢波[1*]

（1. 华中师范大学生命科学学院，武汉 430079）

*通讯作者，E-mail：xiebo@ccnu.edu.cn

摘要：RpoN和RpoS作为全局调控因子，在溶藻菌MERYL1-35中是否参与溶藻调控及其下游分子机制尚不清楚。本研究旨在明确二者对溶藻活性的调控功能，并解析其差异调控的下游途径。通过表型比较、蛋白质组学及靶向基因敲除，系统解析了二者的差异调控网络。

基因组分析显示，MERYL1-35含4,618个编码基因，其中1149个毒力相关基因富集于分泌系统、铁摄取及趋化等类别。溶藻实验表明，菌藻比50:1时野生型溶藻率为89.24%，ΔrpoN仅3.23%；25:1时野生型仅溶解约25%，而ΔrpoS达95.92%，证实RpoN正调控、RpoS负调控溶藻。

蛋白质组学显示，RpoN与RpoS对T6SS、趋化及次级代谢通路表现出相反的差异调控模式：ΔrpoN中T6SS簇I下调而簇II上调、趋化上调；ΔrpoS中T6SS簇I上调而簇II下调、趋化下调、次级代谢上调。基于此，对趋化簇1和簇2的cheA基因、T6SS簇1和簇2的tssM基因，以及次级代谢中受调控的两个核心基因分别构建突变体。溶藻测定显示，cheA敲除株及两组tssM敲除株溶藻率均显著下降；次级代谢两个核心基因突变株溶藻能力同样显著衰减，所有突变株回补后均恢复至野生型水平。上述结果证实，RpoN与RpoS通过差异性调控T6SS、趋化及次级代谢三条通路实现对溶藻活性的拮抗调节。

关键词：RpoN；RpoS；溶藻调控；蛋白质组学

除草剂促进土壤中抗生素抗性基因传播及机制研究

李曦 [1*]

（1 生态与环境学院,华东师范大学,上海,上海,中国）

1561710773@qq.com

摘要：除草剂是农业中使用最广泛的化学品之一。尽管人们已知除草剂会对非靶标生物造成危害，但其对土壤微生物群落组成和功能的影响仍不明确。在本研究中，我们发现，施用三种广泛使用的除草剂——草甘膦（glyphosate）、草铵膦（glufosinate）和麦草畏（dicamba），会提高土壤微生物组中抗生素抗性基因（ARGs）和可移动遗传元件（MGEs）的丰度，而对细菌群落的丰度、多样性和组成并未产生明显影响。从机制上看，这些结果可能是由于除草剂对耐受性更强基因型产生了正向选择作用，而这些基因型获得了多个此前已被充分表征的与除草剂耐受性和抗生素抗性相关基因中的突变。此外，除草剂暴露还增加了细胞膜通透性，并提高了多重耐药质粒的接合转移频率，从而促进了抗生素抗性基因在细菌之间的传播。在中国 11 个省份的农业土壤中，我们也观察到了类似的现象：与未施用除草剂的对照土壤相比，除草剂的施用以及土壤中草甘膦残留水平的升高，均与抗生素抗性基因和可移动遗传元件丰度的增加相关。综上所述，我们的研究表明，除草剂施用能够通过改变土壤微生物组的遗传组成，富集抗生素抗性基因和可移动遗传元件，从而可能加剧农业环境中的全球抗菌药物耐药性问题。

关键词：农用化学品；除草剂；抗生素抗性基因；水平基因转移

议题二：合成生物学与环境治理

从厨余垃圾中分离出的代谢互补型合成菌群协同去除甲硫醇及其他异味气体

张晨凡[1]，郑莉雪[1]，张全喜[3]，张月霞[1]，郑先云[1, 2, *]

（1. 山西大学环境科学研究所，太原 030006；2. 山西省环境气象预报评估技术创新中心，太原 030002；3. 山西大学环境与资源学院，太原 030006）

*通讯作者，E-mail：zhengxy@sxu.edu.cn

摘要：甲硫醇（MeSH）是一种典型的挥发性硫化物，对环境异味有显著贡献，并带来生态风险。本研究从厨余垃圾中分离出三株MeSH去除效率超过40%的细菌菌株，经分类鉴定分别为农杆菌卡瓦拉氏菌（*Agrobacterium cavarae*）、新金分枝杆菌（*Mycolicibacterium neoaurum*）和青岛假单胞菌（*Pseudomonas qingdaonensis*）。通过京都基因与基因组百科全书（KEGG）进行宏基因组注释发现，所有菌株均具备蛋氨酸和半胱氨酸代谢通路的关键酶，表明其具有降解MeSH的潜力。在二元共培养体系中，*A. cavarae* R1与*P. qingdaonensis* CF以5:1的比例组合表现出最佳降解性能，经过6天培养后，MeSH去除率达87.2%，H_2S去除率达98.7%，并实现了氨气（NH_3）的完全去除（100%）。在三元共培养体系中，*A. cavarae* R1/*M. neoaurum* CD/*P. qingdaonensis* CF在3:2:1和3:1:2两种比例下对三种目标恶臭物质均表现出优异的去除效率。其中，3:2:1比例的菌群对MeSH的降解率达到94.7%，而3:1:2比例的菌群对NH_3的去除效率达到91.7%。这些结果表明，使用复合微生物制剂控制废物管理系统中的异味是可行的。

关键词：甲硫醇生物降解，厨余垃圾，合成菌群，宏基因组，生物修复

Pilot-scale insights: Dynamics of successional patterns in microbial communities and remediation of petroleum-contaminated soils during bioaugmentation

Jiawei Jing (荆佳维) [1]，Peng Gao (高鹏) [2]，Hongtao Zou (邹洪涛) [1*]

（1. 沈阳农业大学土地与环境学院，土肥高效利用国家工程研究中心，沈阳 110866；

2. 沈阳农业大学工程学院，沈阳 110866）

*Corresponding author, E-mail: zht@syau.edu.cn

Abstract: Petroleum-contaminated soils pose serious global ecological and health risks. This pilot-scale study (120 days, 25 m^2) aimed to evaluate the field efficacy of a compound microbial agent, ECT (composed of *Ralstonia* sp. CP, *Rhizobium* sp. BX, and *Acinetobacter* sp. FL), for bioaugmented remediation of heavily petroleum-polluted soil (initial TPH: 45,178 $mg \cdot kg^{-1}$). ECT achieved an excellent TPH removal rate of 91.61%, with exogenous strains successfully colonizing the soil and maintaining high relative abundances (*Ralstonia* 42.1%, *Rhizobium* 10.0%, *Acinetobacter* 12.3% at day 120). High-throughput sequencing revealed a dynamic community succession, where introduced strains were associated with indigenous genera (*Sphingomonas*, *Thermomonas*, *Microbacterium*, and *Pseudoxanthomonas*), suggesting the formation of a degradation network. Post-remediation, soil quality improved significantly, with increases in total nitrogen (11%), total phosphorus (28%), available potassium (35%), and enzyme activities (dehydrogenase and polyphenol oxidase). Although the α-diversity declined temporarily, by the 120th day, ecosystem stability showed signs of recovery through reoccupation of the niche by native bacteria. Notably, colonized exogenous strains stabilized in abundance rather than proliferating indefinitely, suggesting ecosystem self-regulation under the conditions tested. Temperature was the most influential environmental factor governing community succession. These findings demonstrate the field potential of ECT at the pilot scale and provide community-level insights into microbial succession during bioaugmentation, offering a reference for pilot-scale bioremediation of petroleum-contaminated soils.

Keywords: Petroleum-contaminated soils, Pilot-scale, Bioaugmentation, Community succession, Microbial network

农业废弃物在石油烃污染土壤微生物修复中的作用研究进展

高鹏[2]，刘松岩[2]，李俊宏[2]，荆佳维[1*]

（1.沈阳农业大学土地与环境学院，沈阳 110866；2.沈阳农业大学工程学院，沈阳 110866）

*通讯作者，E-mail：jiawei95915@126.com

摘要：石油烃是土壤中常见的有机污染物，主要源于石油开采、炼制、运输及储运过程中的泄漏与排放。其在土壤中的长期残留可能影响土壤孔隙结构和理化性质，并通过食物链富集对人体健康产生潜在风险。微生物修复因成本相对较低、对土壤原有生态扰动较小而受到一定关注，但在实际应用中常面临土壤养分失衡、高浓度污染物抑制微生物活性以及外源功能菌定殖困难等问题。农业生产中产生的大量农业废弃物，包括作物秸秆、畜禽粪便及农产品加工副产物等，含有较为丰富的有机质和营养元素，部分材料还具有多孔结构，可通过调节土壤碳氮比、为微生物提供附着位点、改善土壤微环境等途径，在一定程度上有助于维持石油降解菌的代谢活性。本文综述了利用农业废弃物强化石油污染土壤微生物修复的研究进展，分析了不同类型农业废弃物的理化特性及其修复潜能，并从外源营养补给、微生物载体作用、土壤微生态改善和共代谢底物诱导等方面，探讨了农业废弃物促进石油烃微生物降解的相关机制。在此基础上，讨论了当前研究在分子机制解析深度、复合污染体系、室内外效果差异及长期生态安全性评价等方面有待进一步澄清的问题。本文旨在通过整理上述研究进展与机制探讨，分析现存的技术局限，为农业废弃物在石油污染土壤生物修复中的合理应用提供参考。

关键词：石油烃污染，微生物修复，土壤修复，农业废弃物，生物刺激

本土合成微生物群落促进石油污染河口湿地的生态恢复

林瑞琪[1]，张旭旺*

（1.大连理工大学化工海洋与生命学院，盘锦 124221）

*通讯作者，E-mail：zhangxw@dlut.edu.cn

摘要：河口湿地长期受到石油污染，加之高盐和潮汐作用，使得生物修复面

临巨大挑战。合成微生物群落（SynCom）作为一种新兴修复策略，其在河口环境中对根际微生物群落组装和植物-土壤反馈的生态影响尚不清楚。本研究将前期从辽河口沉积物中富集获得的原油降解合成菌群（WY）与本土盐生植物碱蓬联合，在灭菌和非灭菌条件下开展石油污染土壤的盆栽修复实验。系统测定了石油降解率、土壤理化性质、酶活性、植物生理指标、根际细菌群落结构及微生物功能潜力。结果表明，接种WY菌群显著提高了石油降解效率，并增加了土壤有效氮、有效磷含量及脲酶活性，改善了土壤养分状况。同时，WY接种促进了碱蓬生长，提高了叶绿素、可溶性糖和可溶性蛋白含量，降低了抗氧化酶活性，表明其有效缓解了石油胁迫引起的氧化损伤。在微生物生态层面，WY显著改变了根际细菌群落组成，富集了*Achromobacter*、*Marinobacterium*等具有烃降解潜力的属，并驱动群落组装过程从确定性过程向随机性过程转变，指示环境胁迫的缓解和生态恢复的推进。功能预测（PICRUSt2和FAPROTAX）显示，WY接种增强了烷烃氧化、醇醛氧化、氮呼吸和硫化合物呼吸等相关基因的丰度，提升了微生物的碳氮硫循环代谢潜力。偏最小二乘路径模型（PLS-PM）进一步揭示，接种WY后，修复过程从单纯的“污染物去除-环境改善-植物响应”线性路径，转变为包含石油降解、土壤性质、酶活性和植物生长之间多重互馈的复杂网络，体现了更强的生态耦合效应。综上，本土合成菌群WY不仅直接降解石油烃，更通过重塑根际微生物群落结构、优化种间互作关系和强化养分循环，促进了植物-土壤-微生物的正反馈，实现了污染去除与生态功能恢复。本研究为合成微生物群落在河口湿地石油污染修复中的生态应用提供了理论依据和实践参考。

关键词：合成微生物群落；石油污染；河口湿地；碱蓬；根际微生物组；生态恢复

消除浑浊红球菌 *Rhodococcus opacus* PD630 中邻苯二酚 1,2-双加氧酶的冗余，以实现从愈创木酚合成左旋多巴

蔡镇镇[1]，陈鑫杰[2]，谢尚县[1*]

（1. 华中科技大学生命科学与技术学院，武汉 430074；2. 华中科技大学化学与化工学院，武汉 430074）

E-mail：zhenzhen_cai@hust.edu.cn

摘要：木质素是地球上最丰富的可再生芳香族化合物资源，但其复杂的结构给降解与转化带来了严峻的挑战。邻苯二酚是木质素降解微生物通过“生物漏斗”途径代谢木质素解聚芳香族化合物时产生的重要中间产物，进一步可被邻苯二酚1,2-双加氧酶（C12O）和/或邻苯二酚2,3-双加氧酶（C23O）开环裂解。浑浊红球菌（*Rhodococcus opacus* PD630）被认为是木质素生物转化中颇具潜力的宿主菌株，然而该菌株中邻苯二酚1,2-双加氧酶基因（*catA*）的冗余情况尚不明确，制约着对其芳香族化合物降解途径的全面认识，也限制了该菌株在木质素资源化利用中的应用。本研究探讨了浑浊红球菌中 *catA* 基因复制子 *LPD06568*（*catA1*）和 *LPD06742*（*catA2*）表达的调控机制。通过比较二者编码酶的功能，发现 *catA2* 主要负责降解胞外过量积累的邻苯二酚。同时缺失 *catA1* 和 *catA2* 的菌株（*R. opacus* PD630 Δ*catA2*Δ*catA1*）表现出一定的邻苯二酚积累能力，但积累量显著低于理论量。通过蛋白序列比对与异源表达验证，三个蛋白（LPD13005、PcaHG 和 LPD00266）被证实具有邻苯二酚1,2-双加氧酶活性，但其编码基因并不受邻苯二酚诱导上调。此外，基于转录组数据分析，筛选出浑浊红球菌降解左旋多巴的关键蛋白为谷氨酸脱氢酶GluD。将突变型色氨酸合成酶 TmTyrS4 在同时缺失 *catA* 和 *glud*的浑浊红球菌菌株PQ901中异源表达，成功以木质素解聚产物之一的愈创木酚为底物合成了左旋多巴，产量为 15.8 mg/L。

关键词：木质素，邻苯二酚 1,2-双加氧酶，基因冗余，浑浊红球菌，左旋多巴

生物炭介导的多环芳烃污染土壤微生物协同修复研究进展

高鹏[2]，李俊宏[2]，刘松岩[2]，荆佳维[1*]

（1.沈阳农业大学土地与环境学院，沈阳 110866；2.沈阳农业大学工程学院，沈阳 110866）

*通讯作者，E-mail：jiawei95915@126.com

摘要：多环芳烃（Polycyclic Aromatic Hydrocarbons，PAHs）是土壤中常见的持久性有机污染物，具有生物累积性和毒性，对生态系统和人体健康构成潜在风险。传统物理修复成本较高且容易破坏土壤结构，化学氧化修复反应剧烈、可能引发二次污染，单一微生物修复则存在功能菌群易流失、抗逆性不足及高环

PAHs降解困难等问题，修复效果往往不够稳定。因此，开发绿色、高效的联合修复方法已成为土壤PAHs污染治理的现实需要。生物炭-微生物联合修复利用生物炭发达的孔隙结构和丰富的表面官能团，为PAHs降解菌提供栖息载体、保护屏障和营养底物，并通过"吸附-解吸-生物降解"的动态耦合过程促进污染物的降解与转化，同时兼具土壤改良和固碳等潜在生态效益，是近年来该领域研究较多的技术方向之一。本文综述了生物炭对土壤PAHs的吸附固定规律及其老化响应特征，从微生物庇护定殖、土壤微环境调控、吸附-降解动态耦合、微生物群落结构优化及生物炭-微生物-污染物老化互作五个方面，阐述了生物炭介导微生物降解PAHs的主要协同机制；分类梳理了生物炭直接混配菌剂、生物炭固定化微生物和改性生物炭-微生物复合三类修复体系的研究进展、技术特点和适用场景；并从田间工程化角度，分析了该技术面临的主要瓶颈。本文旨在梳理菌炭协同修复的内在机制、应用局限和发展困难，为后续工艺优化、场地规模化治理及相关生态评价体系的建立提供参考。

关键词：生物炭，微生物修复，多环芳烃，土壤污染，协同机制

木质纤维素差异化碳流代谢编程与高性能生物聚酯合成

赵一全，黄志仪，石家诚，修静怡，谢尚县*

（华中科技大学生 命科学与技术学院，武汉 430074）

*谢尚县，E-mail：shangxian_xie@hust.edu.cn

摘要：木质纤维素生物转化通常将化学性质迥异的碳组分汇入共同代谢池。这一过程不仅弱化了不同底物原有的结构与碳流特征，还可能引发底物竞争和代谢冲突。在性能导向型生物共聚酯合成中，这一矛盾尤为突出：生物聚酯的材料性能依赖差异化功能单体的精准掺入，而稳定、低成本的前体供给仍是核心瓶颈。本研究通过调控底物摄取、中心代谢入口和功能单体前体分配的关键节点，建立了差异化碳流的时空编程系统。该系统重塑了葡萄糖、木糖和木质素衍生芳香族化合物在不同阶段的碳流优先级，使不同碳源由相互竞争转变为协同互补。在生长阶段，不同碳流通过功能互补缓解代谢限制，提高碳转化效率；在聚酯合成阶段，这些碳流被重新定向，并协同汇聚至功能前体合成与共聚酯组装。在不额外添加结构前体底物，只利用木质纤维素来源的碳组分，共聚酯中功能单体含量即

可在10~80 mol%范围内调控，使材料性能由脆性向弹性转变。该系统摆脱了对高成本外源前体的依赖，并突破了功能单体掺入比例提升通常以牺牲聚酯产量为代价的限制。研究结果表明，木质纤维素的异质性并非必须消除的转化障碍，而是可被编程利用的代谢资源。通过释放不同碳组分特有的结构与代谢优势，底物差异可被转化为代谢互补与碳流协同，从而实现生物转化效率、聚酯产量与材料性能的协同提升。

关键词：木质纤维素，生物降解塑料，代谢编程

多环芳烃降解恶臭假单胞菌抗逆与生物封控基因回路设计

汪友明[1,2]，邹德勋[2*]，于波[1*]

（1. 中国科学院微生物研究所微生物生理与代谢工程研究室，北京 100101；2. 北京化工大学化学工程学院，北京 100029）

*通讯作者，E-mail：yub@im.ac.cn

摘要：多环芳烃（Polycyclic Aromatic Hydrocarbons, PAHs）是一类广泛存在于焦化、石化、煤炭加工及工业场地中的典型持久性有机污染物。恶臭假单胞菌B6-2作为PAHs高效降解菌株，天然携带完整的萘降解基因簇，可通过经典的萘代谢通路将萘逐级氧化生成水杨酸关键中间产物，具备优良的芳香烃底物转化能力，是开展PAHs降解机制研究与工程化改造的理想底盘菌株。本研究选用恶臭假单胞菌*Pseudomonas putida* BGR4作为底盘工程菌株，该菌株为恶臭假单胞菌B6-2的基因组删减衍生菌株，具备稳定的萘及多环芳烃降解能力。针对多环芳烃（PAHs）污染物微生物修复菌株环境适应性不足的问题，本研究以PAHs降解菌株恶臭假单胞菌BGR4为底盘，构建了抗逆性能强化工程菌株并基于水杨酸响应启动子搭建了生物封控基因回路，实现工程菌株的可控生长。首先挖掘菌株BGR4内源酸响应启动子，耦合大肠杆菌来源gadBC耐酸系统与嗜碱盐水球菌来源shkat耐热基因，显著提升菌株耐酸、耐热抗逆性能；基于NahR-Psal调控系统构建水杨酸响应“非门”遗传回路，耦合TetR-P_{LtetO}阻遏模块与EcoRI/Doc自杀模块，实现工程菌株的可控培养。本研究构建的提升PAHs降解恶臭假单胞菌抗逆性能和生物封控系统，为PAHs污染场地原位生物修复提供了理论基础与技术支撑。

关键词：多环芳烃；恶臭假单胞菌；遗传回路；生物封控；生物修复

特殊生境下环境污染物的微生物分解代谢

王伟伟

（1. 生命科学技术学院 微生物代谢全国重点实验室,上海交通大学,上海,上海,中国）

oudigouzai@163.com

摘要：工业废水及石化废水中含有高毒性的多环芳烃、杂环芳烃、卤代烷烃等有机污染物，对生态环境和人类健康构成严重威胁。在高温、高盐、高有机溶剂等特殊生境下，传统生物修复技术面临环境适应性差、复合污染降解效率低等难题。针对上述难题，现有研究主要通过以下两种策略进行突破：（1）从特殊生境中定向筛选并分离耐受性强、有机污染物降解效率高的微生物菌株资源，解析其逆境胁迫响应机制以及污染物降解代谢通路，有助于解决传统生物修复方法适应性差的问题；（2）天然菌株仅能降解单一或少数几种污染物，但实际场景多为复合污染物共存，基于基因编辑和代谢工程方法重塑微生物降解途径，构建广谱、高效的人工降解体系，突破天然菌株在处理复合污染问题上的功能限制。因此基于特殊生境污染物的微生物代谢机制与生物修复为目标，展开以下研究工作：1）系统挖掘获得多株具有耐高温、高盐和有机溶剂胁迫能力的污染物高效降解菌株；2）深入解析逆境下多环和杂环芳烃等难降解有机物降解的分子机制，提出“局部结构动态稳定中心”识别与强化的蛋白质热稳定性工程改造新策略；3）代谢重塑设计并构建高盐环境下复合污染降解的人工微生物细胞 VCOD-15。

关键词：特殊生境；环境污染物降解；微生物代谢；合成生物学

合成微生物物强化VOCs在生物滤塔内的传质

周琛阳[1]，李维华[1*]，王灿[1*]

（1. 天津大学环境科学与工程学院，天津 300350）

*李维华，E-mail：liweihua@tju.edu.cn

*王灿，E-mail：wangcan@tju.edu.cn

摘要：生物法净化法是工业VOCs治理中的常用方法，此方法以绿色、节能的特点被广泛应用于低浓度的上述污染废气处置当中。然而，常规生物净化过程中微生物很难捕获疏水性VOCs，导致废气中此类成份物质从此流程中向后段工

艺传递，增加了废气处置工艺复杂度和处置成本。本研究通过对生物滤塔中的优势菌属进行定向基因改造，使生物滤塔对疏水性VOCs的捕获能力得到强化，强化后工程菌对疏水性VOCs和恶臭气体捕获能力增加50%，以对甲苯为去除对象的疏水性VOCs净化能力达到83%。同时，针对氯苯，乙苯，苯乙烯，正己烷等典型VOCs该模式也表现出良好的捕获效果。为防止生物滤塔生物量因捕获过多碳源造成生物滤塔堵塞问题，本研究定向添加的诱导型启动子调控AHL信号因子的表达（调控基因：*aiio*），使其在表达后可以显著控制生物滤塔中胞外分泌物（EPS）的合成，降低生物滤塔总体生物量，维持生物滤塔的长期稳定运行。实现生物滤塔对工业VOCs不同成份物质的全面、绿色、节能、长效的治理。本研究通过基因编辑的方法为对环境优势菌进行功能性叠加，混合了微生物单一代谢物增强调控和微生物群体调控的双重优势，在复杂的环境微生物环境中探索合成微生物的发展方向与思路。

关键词：疏水 VOCs 捕获，基因合成，生物净化

全局转录因子改善微生物复杂表型的应用基础研究

骆健美[1*]

（1. 天津科技大学生物工程学院，天津 300457）

*骆健美，E-mail：luojianmei@tust.edu.cn

摘要：全局转录因子位于细胞内金字塔式转录调控网络顶端，能够系统调控多个下游基因，是改善微生物复杂表型的有效工具。本报告围绕全局转录因子在微生物胁迫耐受性、产电性能及生物浸出能力等复杂表型改善中的功能及其作用机制开展系统研究。在微生物耐酸适应性中，全局转录因子RpiR1通过上调katE和激活mrsB减少活性氧积累，并调节谷氨酰胺代谢，从而增强耐酸、生长和乳酸合成。RpiR1与乳酸结合的关键残基N182和R234突变会使蛋白丧失分别与乳酸和启动子的结合能力，研究为构建优良菌株提供靶点。在产电性能提高方面，全局转录因子RpoF在铜绿假单胞菌中作为应激响应枢纽，通过强化生物膜形成、上调吩嗪类物质合成以及正调控群体感应系统，显著提升MFCs的产电活性，在3%盐胁迫下功率密度提高322%；引入EsaI/EsaR动态调控系统，构建响应细胞密度和盐胁迫的开关库，在8%高盐条件下仍保持较高功率密度。在生物浸出方面，RpoF

作为全局转录因子，通过有机酸分泌、生物膜等多层次调控显著增强了铜绿假单胞菌的生物浸出效率。过表达RpoF后，锂浸出浓度较野生型提高65.38%。同时，RpoF也直接或间接调控了鞭毛合成、生物膜发育、c-di-GMP代谢及群体感应等相关基因的表达，促进提升生物浸出性能。综上，全局转录因子凭借其调控广谱性与可塑性，已成为改善微生物复杂表型的核心工具。该研究为菌株精准改造提供了关键靶点和动态调控策略。

关键词：全局转录因子，胁迫耐受性，产电性能，生物浸出，动态调控

基于CRISPR-Cas9技术的群体淬灭工程菌的构建及其在生物膜控制中的应用

季彦岑[1]，邵伸坤[1]，李维华[1*]

（1.天津大学 环境科学与工程学院，天津）

李维华* E-mail：liweihua@tju.edu.cn

*天津市津南区天津大学北洋园校区 59 教

摘要：生物膜形成可由群体感应（quorum sensing，QS）此种细菌间通过分泌和接收信号分子的通讯机制促进，而对群体感应系统运行的干扰，即群体淬灭（quorum quenching，QQ）则能有效控制生物膜的形成。直接淬灭信号分子的QQ酶和可持续产生QQ酶的群体淬灭细菌，已普遍用于控制生物反应器中生物膜的形成。但野生型QQ菌的群体淬灭能力无法根据实际需求发生变化，限制了其进一步应用。因此，基因工程技术为QQ菌种类的丰富和应用场景的扩大提供了新的可能。

本研究借助CRISPR-Cas9技术将QQ基因（aiiO）和荧光基因（GFP）导入大肠杆菌BW25113中构建了带有荧光标记、功能基因表达可受异丙基-β-D-硫代半乳糖苷（isopropyl-beta-D-thiogalactopyranoside，IPTG）调控的新型工程菌。在验证并探究工程菌的各项性能后，分析了其在实际活性污泥体系中对生物膜的形成及其各项特性的影响。具体结果如下：

（1）在验证工程菌合成的准确性后，其QQ活性和荧光性能也得到验证。在0.40 mM IPTG的诱导作用下，工程菌的QQ和荧光性能均得到了明显的提升，证

明IPTG-性能增强开关可成功调控其中目的基因的表达。

（2）1.00 mM被选为IPTG的最佳添加浓度，并确定IPTG的最佳诱导时间为10 h。此外，IPTG被证实在较恶劣的环境条件下仍能对工程菌的性能保有增强作用。传代实验验证了工程菌中插入的目的基因片段的遗传稳定性，而基因水平转移风险测定则消除了基因污染的环境威胁。通过在单菌体系和双菌体系中比较野生QQ菌（红球菌BH4）和工程菌的QQ能力，验证了IPTG-性能增强开关设计的实际应用意义。

（3）被引入更复杂的实际活性污泥中后，工程菌不仅减少了载体上生物膜的形成量，且对生物膜的活细胞占比、多糖含量、粘附性、环二鸟苷酸含量等特性均产生显著的负面影响；添加1.00 mM IPTG则明显增强了工程菌对生物膜形成的各项抑制作用。工程菌的接种显著提高了活性污泥生物膜的QQ活性，对其整体代谢能力也无负面影响。对活性污泥上清液化学需氧量的测定和群体淬灭工程菌的留存率分析充分说明了IPTG与工程菌的联用不会给环境带来额外的风险。

关键词：群体淬灭，生物膜形成控制，工程菌，活性污泥，环境风险

溶藻菌抑制有害水华蓝藻的基因功能与调控机制研究

靳元霈[1]，邵梦煊[1]，熊艺芯[1]，郭子怡[1]，吴祎驰[1]，石若煊[1]，王骞[1]，汪云浩[1]，谢波[1*]

（1. 华中师范大学生命科学学院，武汉 430079）

*通讯作者，E-mail：xiebo@ccnu.edu.cn

摘要：水体是地球生态系统的关键组成部分之一。水生态系统中含有大量不同的藻类和细菌，两者可形成有益或有害的种间相互作用。其中，溶藻菌作为能够抑制藻细胞生长或杀死藻细胞的细菌，在维持水体生态平衡、水体生态系统演替、有害水华的生消动态等方面具有重要的生态功能。因此，开展溶藻菌的资源挖掘和溶藻机制的探究，将对深入理解水体微生物的功能以及发展绿色环保控藻技术具有重要的研究意义。然而，目前我们对于溶藻菌的关键基因功能鉴定、表达调控等机制认识尚不够深入。本实验室前期分离到一株广谱性溶藻的色杆菌，对铜绿微囊藻等有害蓝藻具有较高的抑制能力。本研究中，我们以该菌株为主要材料，系统性开展了溶藻基因功能与调控机制的研究。研究通过基因组学等多组

学手段，探讨了该菌株基因组特征并挖掘出一批候选基因；通过遗传学手段鉴定出一些糖类水解酶、鞭毛合成、分泌系统和次生代谢产物相关基因对抑制蓝藻具有关键作用。研究同时发现，色杆菌的溶藻功能受到Rpo类转录因子以及其他微生物存在的调控作用，而相关基因的表达改造或者接种菌群的结构对色杆菌基因表达具有显著影响，并可进一步增强色杆菌的蓝藻抑制能力。本研究结果为深入探究水体微生物的种间关系形式、菌藻分子相互作用机制提供了有益借鉴，同时也为有害水华的生物学防控策略提供了理论参考。

关键词：溶藻菌；有害蓝藻水华；基因功能

Rhodococcus sp. AH-ZY2 在复杂 PAEs 污染土壤中的降解特性及生物修复潜力

李想 刘晨昇 潘宇涛 侯正雨 钟卫鸿*

（浙江工业大学，生物工程学院，浙江杭州，310032）

*E-mail: whzhong@zjut.edu.cn

摘要：邻苯二甲酸酯（PAEs）在农田土壤中广泛残留，其多组分复合污染对单一菌株修复构成挑战。本研究以课题组筛选获得的高效 PAEs 降解菌 *Rhodococcus* sp. AH-ZY2 显示对多种 PAEs 的良好降解能力为对象，系统评估其在模拟复合污染土壤中对 8 种混合 PAEs（DMP、DEP、DPrP、DBP、BBP、DEHP、DnOP、DiNP）的降解能力及其对作物种子早期萌发和作物生长 PAEs 毒性的缓解效应，并借助 16S rRNA 扩增子测序深入解析该菌株在根际土壤中的定殖能力及其对土著菌群结构的影响。

AH-ZY2 可将模拟灭菌土壤中短链 PAEs（DMP、DEP、DPrP、DBP、BBP）在 24~72 h 内接近完全降解，而长链组分（DEHP、DnOP、DiNP）降解滞后。但在模拟非灭菌土壤中，长链 PAEs 去除率显著优于灭菌土壤，表明 AH-ZY2 与土著菌存在代谢互补——外源菌水解酯键，土著菌矿化中间产物，协同突破降解瓶颈。在植物毒性缓解方面，AH-ZY2 显著提高了受迫作物的耐受阈值。玉米盆栽实验中，300 mg/kg 污染土壤下 AH-ZY2 处理组的第 7 天出苗率及株高均显著优于未加菌污染组，且该保护效应持续至成株期，表明菌株在关键萌发窗口期有效削减了 PAEs 毒性。土壤样品 16S rRNA 扩增子测序揭示了 AH-ZY2 在土壤微生

态中的独特定殖优势。PAEs 污染降低了土壤菌群 α 多样性，接种 AH-ZY2 后多样性进一步下降，反映外源优势菌压缩其他类群生态位；PCA 分析显示 T2 组样本紧密聚类且与对照组显著分离，表明群落扰动稳定可重复。属水平上多样性分析显示 *Rhodococcus* 属在 T2 组第 7 天相对丰度达 22%~33%，第 12 天仍维持 12%~26%，远超其他处理组。同时，土著降解菌属（如 *Pseudomonas* 和 *Cupriavidus*）仍保持一定丰度，说明 AH-ZY2 并非排挤所有土著，可能与部分功能菌协同。*Rhodococcus* sp. AH-ZY2 在多组分 PAEs 复合污染农田的生物修复中展现出独特的应用潜力，为后续基于该菌株的现场修复工程提供了坚实的微生态学依据。

关键词：邻苯二甲酸酯；红球菌；生物降解； 16S rRNA 扩增子；定殖优势

活体功能生物材料应用于金属腐蚀防护

李中

1. 材料科学与工程学院,东北大学,沈阳,辽宁,中国

lizhong@mail.neu.edu.cn

摘要：金属腐蚀长期威胁海洋装备与设施安全，传统涂层和缓蚀剂存在环境负担、界面失效及损伤后难以自主修复等问题。活体生物被膜具有自生长、自更新、界面黏附和可遗传编程等特征，为构建绿色、可持续的活体防护材料提供了新路径。本报告围绕天然有益生物膜的筛选、腐蚀抑制机制解析及工程化功能增强展开。研究发现，海洋细菌可通过胞外聚合物形成界面屏障并消耗溶解氧，显著抑制金属腐蚀。在此基础上，以大肠杆菌 Curli 淀粉样纤维为可编程骨架，融合金属结合结构域，增强生物膜在钢表面的稳定附着，并诱导形成以方解石为主的矿化屏障，实现超 90%的腐蚀抑制效率。进一步利用 SpyTag–SpyCatcher 体系定向组装贻贝足蛋白，构建兼具强黏附、自修复、环境耐受及抗微生物腐蚀能力的活体生物膜涂层。相关研究展示了从“利用天然有益微生物”到“设计可编程活体材料”的技术演进，为海洋装备和水环境金属设施的低碳、长效与智能防护提供新思路。

关键词：活体生物材料；合成生物学；生物被膜；腐蚀防护

交替红色杆菌H2中高分子量多环芳烃降解途径及关键酶研究

韩群，李德峰*（作者）

（中国科学院微生物研究所，北京 100101）

*通讯作者，E-mail：lidefeng@im.ac.cn

摘要：高分子量多环芳烃（HMW-PAHs）结构稳定、疏水性强、生物可利用性低，是土壤、沉积物和油泥污染治理中的难点污染物。微生物降解是实现PAHs绿色治理的重要途径，但其高效转化不仅依赖初始氧化酶对母体底物的活化，也依赖下游酶对高环中间体的连续识别与转化。本研究以HMW-PAHs降解菌交替红色杆菌H2为对象，围绕关键酶解析、人工通路构建和功能菌资源挖掘开展研究。研究发现，H2菌株携带完整的PAHs代谢基因簇，并含有7对功能分化明显的环羟基化双加氧酶。其中，PahA主要负责HMW-PAHs的初始氧化，其他酶分别参与低分子量PAHs及小分子芳香酸的转化。结构分析表明，PahA具有较大的催化口袋和开放的底物通道，有利于高环底物进入和结合。进一步解析了下游关键酶PahB和PahC的晶体结构，发现二者分别通过疏水、可塑或更开放、灵活的催化口袋适配大体积PAHs中间体，定点突变实验进一步明确了影响底物识别和催化活性的关键位点。在此基础上，本研究采用合成生物学策略，在大肠杆菌中重构PAHs上游代谢通路。结果表明，初始环羟基化和后续芳香酸羟化是影响整体转化效率的重要环节。进一步基于Genebank数据库中的细菌基因组开展系统检索，发现仅少量菌株同时携带PahA、PahB和PahC三类关键酶，表明潜在HMW-PAHs降解菌资源较为稀缺。本研究从天然降解菌挖掘、关键酶结构功能解析到人工代谢通路重构，深化了对HMW-PAHs多酶连续催化机制的认识，为高效降解酶筛选、工程菌设计及污染场地生物治理提供了理论基础和技术支撑。

关键词：高分子量多环芳烃，代谢途径重构，酶学机制

合成微生物组构建及协同降解2,4-二氯苯氧乙酸的厌氧代谢机制

李秀颖[1]，严俊[1*]

（1. 中国科学院沈阳应用生态研究所污染生态与环境生态工程研究中心）

*通讯作者，E-mail：junyan@iae.ac.cn

摘要：合成生物学与微生物组工程为复杂污染物的高效生物治理提供了新的理论和技术途径。然而，对于地下厌氧环境中结构稳定、难以完全矿化的卤代芳香污染物，如何通过功能微生物组设计实现多步代谢过程的协同仍缺乏深入认识。本研究以典型除草剂2,4-二氯苯氧乙酸（2,4-D）为目标污染物，构建了基于环境微生物驯化的功能微生物组，解析其多种功能菌群协同驱动污染物完全矿化的代谢机制。研究发现，2,4-D在厌氧条件下首先通过醚键断裂生成2,4-二氯苯酚，随后经历连续还原脱氯过程生成4-氯苯酚（4-CP）和苯酚，^{13}C同位素示踪证实苯酚可进一步转化为$^{13}CH_4$和$^{13}CO_2$，实现2,4-D的完全矿化。通过功能菌富集与基因组解析发现，有机卤呼吸菌*Dehalobacter*（*Dhb*）承担关键脱氯模块，实现了厌氧环境中难以发生的4-CP向苯酚的微生物转化。*Dhb*基因组中鉴定出40个潜在还原脱卤酶基因，其中多个与已知氯酚还原脱卤酶具有较高序列相似性，揭示其广泛的卤代污染物转化潜力。进一步的宏基因组分析表明，脱卤模块与苯酚互营模块、产甲烷模块之间形成紧密代谢协同关系。*Dhb*通过移除氯取代基，将难降解卤代芳香化合物转化为可被其他微生物利用的底物，促进*Syntrophorhabdus*等互营细菌及产甲烷菌完成后续碳流转化。该功能微生物组通过不同代谢模块间的互补，实现了单一微生物无法完成的复杂污染物完全降解过程。

关键词：微生物组，2,4-D，有机卤呼吸细菌，厌氧还原脱卤，互营代谢

Construction of a Programmable “Sense-Degrade-suicide” Smart Platform for Environmental Remediation

Sicheng Yan[1]，Jiali Wu[1]，Haiyang Hu[1]，Hongzhi Tang[1*]

（1. State Key Laboratory of Microbial Metabolism and School of Life Sciences and Biotechnology, Shanghai Jiao Tong University, Shanghai, China）

tanghongzhi@sjtu.edu.cn

Abstract: Synthetic biology enables engineering microorganisms for environmental pollutant detection, degradation, and biocontainment. However, crosstalk between functional modules often disrupts metabolic regulation and compromises system performance. Here we present a proof-of-concept orthogonal genetic circuit that sequentially couples biosensing, biodegradation, and biocontainment. Using salicylic acid (SA) and phenol as model pollutants, the engineered E. coli autonomously degrades target compounds within 16 hours, followed by effective cell killing within 20 hours. Circuits for different pollutants are maintained on separate plasmids; upon transformation, these circuits enable orthogonal target responses, selective degradation, and self-elimination. This work offers a practical strategy for synthetic biology-based environmental remediation and establishes a framework for designing interference-resistant metabolic networks in future environmental engineering applications.

Keywords: Construction of a Programmable “Sense-Degrade-suicide” Smart Platform for Environmental Remediation

菌糟固定化假单胞菌强化修复石油烃污染土壤的降解效能与微生态机制

荆佳维[1*]，高鹏[2]

（1. 沈阳农业大学土地与环境学院，沈阳 110866；2. 沈阳农业大学工程学院，沈阳 110866）

*通讯作者，E-mail：jiawei95915@126.com

摘要：石油烃污染土壤的生物修复常因功能菌定殖困难与疏水性底物传质限制而效率低下。本研究以农业废弃物菌糟为载体，通过吸附固定化技术负载石油降解菌 *Pseudomonas* sp. BZ，构建了固定化菌剂（IM）。以总石油烃（TPH）浓

度为20484.71 mg/kg的实际污染土壤为对象，设置自然衰减（NA）、游离菌（FB）、灭菌菌糟（SMS）、菌糟+游离菌（SMS-FB）及固定化菌剂（IM）五组处理，进行了120天的修复实验，系统监测了TPH去除、土壤理化性质、酶活性及细菌群落演替。结果表明，IM处理120天后TPH去除率高达79.25%，显著优于SMS-FB（57.88%）、FB（44.91%）、SMS（24.41%）及NA（16.25%）。固定化处理显著提升了土壤电导率、总氮及总磷水平，并增强了脱氢酶、纤维素酶与过氧化氢酶活性，其中脱氢酶活性峰值达34.56 U/g。高通量测序显示，IM组中*Pseudomonas*丰度由初始0.09%跃升至10.29%，同时*Chitinophaga*（2.83%）、*Lysobacter*（4.72%）、*Sphingomonas*（2.67%）等菌群显著富集，群落结构由初始的寡营养型重塑为以降解功能为核心的协同网络。机制分析表明，菌糟载体表面富含羟基、羧基，通过氢键与物理吸附实现高载菌量；其亲水亲油特性可有效富集石油烃于菌剂表面，克服传质限制；同时，载体缓释的碳、氮、磷及Mg、Fe等微量元素，持续激活包括*AlkB*在内的关键烷烃降解酶系，并诱导纤维素酶驱动共代谢，从而实现了“界面富集—营养驱动—酶促降解—群落协同”的多级联动机理。本研究为农业废弃物资源化利用及石油烃污染土壤的原位绿色修复提供了理论依据与数据基础。

关键词：石油烃污染土壤，菌糟，固定化微生物，生物修复，微生物群落

基于生化双膜工艺的油田采出水处理与资源化

李志鹏[a,b*]，潘永强[a,b]，徐闯[a,b]，汪卫东[a,b]

([a]中国石油化工集团有限公司胜利油田分公司，山东省东营市东营区西三路306号，257100; [b]中国石油化工股份有限公司微生物采油重点实验室，山东 东营 257000)

Email: 935955347@qq.com

摘要：针对胜利油田油井采出水处理负荷过大但锅炉用水短缺的问题，对油井采出水进行生化双膜工艺处理，处理后的产水用于锅炉给水，浓水用于低渗油田回注。开展了规模为200 $m^3.d^{-1}$的中试实验，重点研究了超滤进水悬浮物与超滤膜污染的关系，考察了反渗透进水压力、进水温度对产水率、膜通量和透盐率的影响。结果表明：生化处理后的油田采出水中的悬浮物含量与膜污染速度无关，跨膜压差ΔP的增加速度为0.0000462 $MPa.d^{-1}$；增大反渗透进水压力会导致产水

率增加、膜通量增加、透盐率降低；升高进水温度会导致产水率增加、膜通量增加、透盐率升高；生化处理后的采出水含油量为 0.63 mg.L-1，超滤后悬浮物为 0.2 $mg.L^{-1}$，反渗透后产水电导率为 81~245 $\mu S.cm^{-1}$，可满足锅炉给水 SY/T 0097-2016 设计规范中对含油量、悬浮物和矿化度等指标的进水要求。

表 1 工艺节点水质变化

工艺节点	含油量 /($mg.L^{-1}$)	悬浮物 /($mg.L^{-1}$)	矿化度 /($mg.L^{-1}$)	硬度/($mg.L^{-1}$)	pH
来水	127	50	18100	1440	7.55
生化	0.63	19.92			7.32
超滤	0.2	0.2			7.31
反渗透	0	0	81	0.36	6.86
锅炉给水	≤2	≤2	≤7000	≤0.1	7.5~11

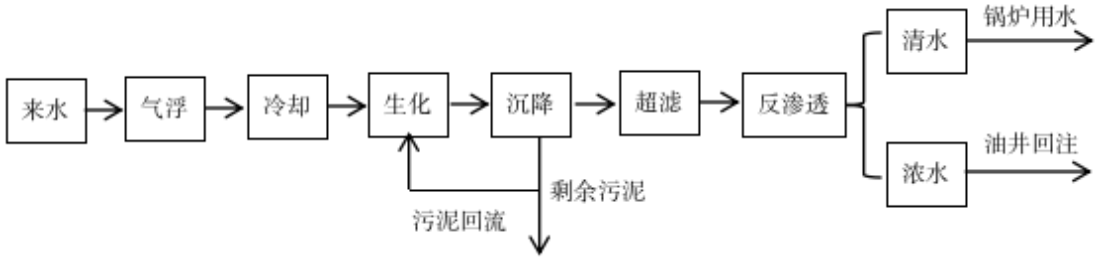


图1 工艺流程

关键词：采出水；生化；双膜；跨膜压差；浓差极化

参考文献：

1. 潘永强 等.基于生化双膜工艺的油田采出水处理与资源化[J].环境工程学报, 2021.

2. 潘永强 等. MBBR-超滤工艺在低渗透油田回注水中的应用[J]. 石油与天然气化工，2019，48(4): 111-116.

议题三：新污染物微生物降解与转化

氟代新污染物的微生物异化与同化修复机制研究

谢永超 [1*]

(南京大学, 环境学院)

yongchaoxie@nju.edu.cn

摘要：全氟和多氟烷基物质（PFAS）因具有极强的碳-氟（C-F）键结构，在环境中展现出稳定性与持久性，伴随生物蓄积性与多类健康风险，已成为全球性新污染物治理难题。本研究围绕微生物对 PFAS 的两种控制策略：生物异化修复与同化修复策略，系统介绍了相关机制探索进展。在生物异化修复方面，研究聚焦于断裂 C-F 键的难点，筛选出土壤微生物假单胞菌菌株 273（*Pseudomonas* sp. strain 273），该菌株能以长链氟代烷烃为唯一碳源生长，并释放超 90%的氟离子，证实其生物脱氟能力。通过比较转录组学与基因序列分析，鉴定出关键功能酶—烷烃加氧酶（alkane monooxygenase），并挖掘出其他携带相似基因的脱氟菌株，为氟代有机物的生物降解提供了新途径。在同化修复方面，研究发现环境中存在显著的氟元素不守恒现象，提示 PFAS 除被降解外，还可能被微生物同化利用。实验证实，菌株 273 在氟代有机物培养条件下，能够合成含氟长链脂肪酸及含氟磷脂，通过共价结合将有机氟整合至细胞脂质中，揭示了 PFAS 经生物合成代谢进入细胞结构的全新途径。该过程可在环境浓度下发生，表明微生物对 PFAS 具有主动富集作用，为利用生物吸附去除 PFAS 提供了新思路。

关键词：PFAS；生物修复；生物脱氟；氟化脂质

聚氨酯塑料生物降解与生态学效应

李周坤 [1*]

1. 生命科学学院,南京农业大学,南京,江苏,中国

zkl@njau.edu.cn

摘要：围着废弃塑料所造成的资源浪与环境污染等问题我国政府相继出台系列政策以实现废弃塑料的合理处置和生物资源化利用。本报告以以聚氨酯为代表

的废弃塑料的合理处置为核心，重点探讨以黏细菌和帚枝霉两类微生物为表达的聚氨酯塑料降解微生物的作用机制及其生态学效应。从土壤塑料导致的病原传播风险的角度，发现了黏细菌兼具塑料降解和捕食病原菌双重特性，对聚氨酯塑料的降解阻止了病原传播路径，黏细菌以菌丝为高速公路实现快速迁移进而增加了塑料降解效率，最终为塑料土壤病原菌传播风险提供了候选的解决方案。同时相对于 PET 类塑料，聚氨酯塑料结构更为复杂，其生物降解与利用存在瓶颈，本报告聚焦一种兼具酯酶和氨基甲酸酯键水解酶双重功能的角质酶，从资源挖掘-机制解析-分子改造-降解利用的角度对该酶进行系统探讨。

关键词：黏细菌；聚氨酯塑料；病原菌传播；塑料际

手性农药对映体的细菌立体选择性代谢与转化

吴祥为 [1*]

（1. 资源与环境学院,安徽农业大学,合肥,安徽省,中国）

wxw@ahau.edu.cn

摘要：手性农药在环境中常以外消旋形式施用，其不同对映体在生物活性、生态毒性及环境持久性上存在显著差异，但微生物降解过程中的对映体选择性机制尚不明确。本研究以典型手性三唑硫酮类杀菌剂丙硫菌唑（PTC）为对象，从两株高效降解菌 *Mycobacterium* sp. Y-3 和 *Sphingomonas* sp. AJ-1 入手，揭示了细菌立体选择性代谢 PTC 对映体的分子机制。在菌株 Y-3 中，克隆并鉴定了四个 SAM 依赖性甲基转移酶（Pmt13、Pmt58、Pmt76、Pmt80），它们催化 PTC 的 C=S 甲基化生成低毒产物 PTM。其中，Pmt13 优先转化(*R*)-PTC，与菌株整体选择性一致；Pmt58 则优先转化(*S*)-PTC。分子动力学模拟和 SPR 实验表明，Pmt13 活性腔中 Thr116、Phe148 等残基与(R)-PTC 形成更稳定的疏水相互作用和更优的甲基转移空间取向，结合亲和力高出(*S*)-PTC 5.58 倍；而 Pmt58 则通过 Phe78、Tyr189 等残基优先稳定(S)-PTC。在菌株 AJ-1 中，发现三个甲基转移酶（ProS18、ProS32、ProS38）协同介导对映体选择性转化。基因敲除与回补证实 ProS38 是菌株优先代谢高毒对映体(S)-PTC 的关键酶。结构模拟显示，ProS38 中 Phe11 与(*S*)-PTC 形成 π-π 堆积，使其硫原子精准指向 SAM 甲基；而(*R*)-PTC 因 Trp16 空间位阻导致反应距离增大。通过定点突变，我们获得催化效率提升 4.66 倍的突

变体，并进一步将高活性突变体 F11W 固定于 Cu-MOF，制得的固定化酶在实际农药废水中对 PTC 去除率是游离酶的 16 倍以上，且表现出优异的重复使用性。上述研究揭示了同一菌株中多个甲基转移酶以不同对映体偏好协同代谢手性农药的分子机制，为手性农药污染的环境修复提供了新型酶资源和理论依据。

关键词：手性农药；手性选择性转化；甲基转移酶；分子机制

Meyerozyma guilliermondii Wyslmt 菌株对敌草快的微生物降解：转化产物鉴定及降解途径的阐明

王芳媛 [1]

（1. 农药研究室,黑龙江省农业科学院植物保护研究所,哈尔滨,黑龙江,中国）

w18245147075@163.com

Abstract： The continuous and extensive use of pesticides has negative impacts on the environment and human health. Microbial remediation is an eco-friendly and economically efficient technology, which is of great significance. In this investigation, the degradation of the herbicide Diquat by yeast Wyslmt was studied in medium under different conditions. The degradation rate of Diquat showed a pattern of first increasing and then decreasing with the increase of the inoculation amount of Wyslmt, temperature, pH and the initial concentration of Diquat. The biodegradation transformation products (BTPs) formed by the microbial degradation of Diquat in the culture medium solution were isolated and identified by ultra-high-performance liquid chromatography coupled with time-of-fight mass spectrometry (UPLC-QTOF-MS). The main pathway of microbial degradation was C–C bond broken, hydroxylation and demethylation. These results lay the foundation for further environmental risk assessment and provide a reference for the bioremediation evaluation of bipyridine herbicides.

农药的持续和广泛使用对环境和人类健康造成了负面影响。微生物修复是一种环保且经济高效的治理技术，具有重要意义。本研究探讨了在不同条件下，酵母菌 Wyslmt 在培养基中对除草剂敌草快的降解作用。结果表明，随着 Wyslmt 接种量、温度、pH 值以及敌草快初始浓度的增加，其降解率呈现先上升后下降的趋势。通过超高效液相色谱-飞行时间质谱联用技术（UPLC-QTOF-MS），对培养

液中微生物降解敌草快所产生的生物降解转化产物（BTPs）进行了分离与鉴定。基于质谱信息，确定了三种主要的转化产物。微生物降解的主要途径包括 C–C 键断裂、羟基化和脱甲基化反应。这些结果为后续的环境风险评估奠定了基础，并为联吡啶类除草剂的生物修复评价提供了参考。

关键词：敌草快；Meyerozyma guilliermondii Wyslmt；生物降解；转化产物

新型*Cupidesulfovibrio* sp. SA-9对磺胺甲恶唑的厌氧生物降解途径及机制研究

刘军委[1]，杨昕玥[1]，吴祥为[1*]，何健[2]

（1. 安徽农业大学资源与环境学院农产品质量安全危险因素与风险控制安徽省重点实验室，合肥，230036；2. 南京农业大学生命科学学院农业农村部农业环境微生物学重点实验室，南京，210095）

*通讯作者，E-mail：wxw@ahau.edu.cn

摘要：The widespread use of sulfamethoxazole (SMX) has raised significant concerns regarding environmental residue pollution and the emergence of bacterial antibiotic resistance. Anaerobes play crucial roles in the biogeochemical element cycle and the degradation of organic pollutants; however, the pure-cultured anaerobes involved in SMX anaerobic degradation and their underlying mechanisms remain largely unknown. In this study, a novel anaerobic bacterium, *Cupidesulfovibrio* sp. strain SA-9, was isolated and characterized for its ability to degrade SMX. Strain SA-9 preferentially utilized lactate or pyruvate as electron donors and sulfate, nitrate, or carbonate as electron acceptors to drive SMX degradation. The degradation half-life ($T_{1/2}$) values of SMX at concentrations ranging from 10 to 800 μM were between 6.0 and 17.2 d under optimal conditions which included pH 7.0–8.0, 30–37 ℃, sulfate as the electron acceptor, and pyruvate as the electron donor. Strain SA-9 degraded SMX via isoxazole ring cleavage, acetylation, and hydroxylation, and the ECOSAR-predicted results and bacterial growth inhibition assays indicated that these pathways was detoxifying. Multi-omics analysis and heterologous expression revealed that strain SA-9 degraded SMX via a reductive transformation pathway fueled by electron donors oxidized through the TCA cycle, with electrons transferred through a chain involving

flavin-dependent SMX degradation. Furthermore, the degradation $T_{1/2}$ values of SMX at 10 and 50 μM were 1.7 and 1.8 d in actual wastewater. Strain SA-9 significantly enhanced SMX removal and mitigated the dissemination risk of ARGs *sul1* and *sul2* in actual wastewater. This study elucidates the anaerobic microbial resistance mechanism to SMX and highlights the potential of strain SA-9 for the bioremediation of SMX-contaminated water.

关键词：Sulfamethoxazole; *Cupidesulfovibrio* sp. SA-9; Anaerobic degradation; Resistance mechanism; Bioaugmentation

磺胺甲恶唑厌氧微生物降解机制及生物强化

刘军委[1]，杨昕玥[1]，高涛[1]，张玥涵[1]，潘丹丹[1]，何健[2]，吴祥为[1*]

（1. 安徽农业大学资源与环境学院，合肥 230036；2. 南京农业大学生命科学学院，南京 210095）

*通讯作者，E-mail：liujunwei@ahau.edu.cn；wxw@ahau.edu.cn

摘要：针对磺胺甲恶唑（SMX）长期滥用引发的残留污染及耐药性扩散问题，本研究从活性污泥中富集驯化获得一株高效厌氧降解菌株 *Cupidesulfovibrio* sp. SA-9。该菌株能以硝酸盐、硫酸盐和碳酸盐为电子受体，丙酮酸盐和乳酸盐为电子供体，对 10–800 μM SMX 的半衰期为 6.0–17.2 天。降解途径涉及异恶唑环还原开环、羟基化及苯环氨基乙酰化，且全过程为脱毒反应。SMX 经 ABC 转运蛋白进入胞内，ATP 合酶利用质子动力势合成 ATP 以驱动代谢，电子传递链还原酶协同 FDTS/Fd 介导电子传递，完成降解。菌株 SA-9 在实际废水中对 SMX 残留修复效果显著，并能有效抑制磺胺抗性基因 *sul1/2* 的传播。本研究首次阐明厌氧微生物降解 SMX 的分子机制，其生物强化应用潜力显著，为厌氧/微氧环境中磺胺类抗生素的原位修复提供了理论依据与技术支撑。

关键词：磺胺甲恶唑、厌氧微生物降解、*Cupidesulfovibrio* sp. SA-9、降解机制，生物强化

原位生成的 Fe-S 化物与有机卤呼吸细菌的协同整合，用于地下水中四氯化碳的完全脱氯

毋宁宁[1]，贾博宇[1]，申睿[1]，汪善全[1,*]

（[1]中山大学，环境科学与工程学院，广州，510006）

wangshanquan@mail.sysu.edu.cn

摘要：四氯化碳（CCl_4）作为典型的 DNAPL（重质非水相液体）污染物，在地下水中持久存在，对生态环境和人体健康构成严重威胁。然而，已知的有机卤呼吸细菌（OHRB）缺乏直接脱氯 CCl_4的酶活性，而零价态铁等非生物材料虽能还原 CCl_4，但往往停滞于三氯甲烷（CF）和二氯甲烷（DCM）等毒性更强的中间产物，无法实现完全脱毒。因此，开发一种经济高效的 CCl_4完全脱氯策略仍是环境修复领域的重大挑战。

针对这一难题，本研究提出并验证了一种非生物-生物协同整合策略，即利用地下水中天然丰富的铁/硫资源原位生成铁硫化物（Fe_mS_n），再与靶向 OHRB 功能菌群串联，实现 CCl_4的梯级完全脱氯。Fe_mS_n的生成分为两条路径：（1）非生物合成，采用油封 $NaBH_4$/$Na_2S_2O_4$浆料注入富铁土壤；（2）生物合成，利用异化铁还原菌（DIRB，*Geobacter metallireducens*）与硫酸盐还原菌（SRB，*Desulfovibrio vulgaris*）共培养原位驱动。

XPS、XAFS 及 DFT 计算等表征结果表明，非生物生成的 Fe_mS_n具有短程有序的 FeS/FeS_2异质界面结构。该界面显著增强了 CCl_4的界面吸附能力，并构建了以直接电子转移为主导的反应通道，同时有效抑制了析氢副反应（HER）。动力学实验显示，Fe_mS_n在 5 天内将 CCl_4完全转化为 TriCM，动力学常数 K=0.915 day^{-1}，比仅用 $NaBH_4$处理的对照组（K=0.246 day^{-1}）提升近 4 倍。淬灭实验和氘同位素动力学效应（KIE=1.12）进一步证实，反应以直接电子转移为主，而非原子态氢路径。

在生物段，含 CF 脱氯菌 *Desulfitobacterium* 和 DCM 发酵菌 *Dehalobacterium* 的 OHRB 共培养物，经 30 天将 CF 经 DCM 逐步降解为甲烷，氯去除速率达 2.86 μM Cl^-/天。16S rRNA 定量显示，共培养体系中 *Desulfitobacterium* 丰度较纯培养提升 7.7 倍，表明代谢交叉互养可以促进脱氯效率。在此基础上，研究构建了“非

生物 Fe_mS_n脱氯-产甲烷/发酵菌群生态位预调-OHRB 生物降解”三阶段串联工艺，实现了 CCl_4的完全脱氯与矿化。

综上，本研究利用地下水中天然铁硫资源原位构建反应性 Fe_mS_n，并与 OHRB 功能菌群有机耦合，为 CCl_4污染地下水修复提供了一种经济高效、可持续的协同策略，并为理解非生物-生物界面电子传递机制提供了新见解。

关键词：四氯甲烷、生物修复、有机卤呼吸细菌、非生物/生物脱氯、地下水修复

微生物三维电极系统在富含脂类制药废水厌氧消化中的机制与宏基因组学研究

周思宁[1]，周宁莉[1*]，吕慧[1*]

（1. 中山大学环境科学与工程学院，广州 510080）

*吕慧，E-mail：lvhui3@mail.sysu.edu.cn

摘要：由于高有机负荷、长链脂肪酸（LCFAs）的抑制作用，以及共存硫酸盐导致系统稳定性下降和甲烷产率降低，富含脂类的制药废水处理仍面临挑战。本研究通过将具有硫靶向富集能力的Fe/C填料引入传统二维电极系统，构建了一种三维电极生物反应器（3D-EBR），旨在提高处理效率。结果表明，3D-EBR对可溶性化学需氧量的去除率达到了85.4%，分别比传统厌氧系统和二维电极系统提高了31.7%和11.8%。此外，3D-EBR促进了硫物种在Fe/C填料上的沉积（如FeS和SO_2），加速了脂肪酸降解，并增强了电子传递能力和能量代谢。微生物群落分析显示，各反应器系统之间存在显著的结构差异，其中3D-EBR显著富集了产氢型和产乙酸型甲烷菌。宏基因组分析结果表明，在3D-EBR系统中，参与β-氧化和硫酸盐还原的基因显著富集。基于基因组的分箱分析进一步鉴定出多种能够将长链脂肪酸降解与硫酸盐还原耦合的硫酸盐还原菌，凸显了它们在共生性脂质转化和硫循环中的重要作用。总体而言，这些发现为3D-EBR高效性能提供了新的机制学和宏基因组学见解，并突显了其作为有效策略应对含脂工业废水厌氧处理局限性的潜力。

关键词：制药废水，电化学系统，铁碳填料，宏基因组学

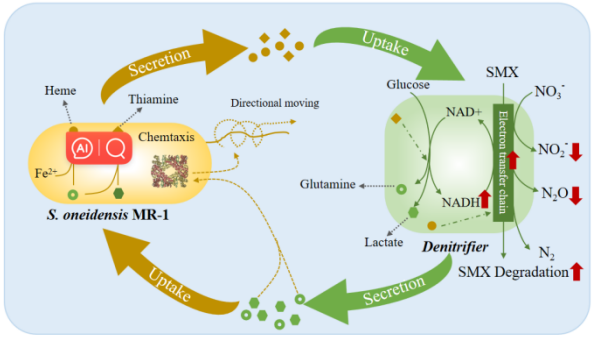
基于微生物种间互作强化硝酸盐与磺胺甲噁唑共去除的机理研究

赵春霞，段旭，刘超，黄海宁，吴美柔，张学萌，陈银广

(污染控制与资源化研究国家重点实验室，同济大学环境科学与工程学院，上海 200092)

yinguangchen@tongji.edu.cn

摘要：在环境中，抗生素经常与其他污染物(如硝酸盐)共存，它们的同时生物去除引起了广泛的关注。我们发现反硝化微生物（如脱氮副球菌）能够实现磺胺甲恶唑(SMX)和硝酸盐的共去除，但是共去除效率受到微生物电子代谢（NADH 产生、电子传递和消耗）的限制。研究表明，当脱氮副球菌与希瓦氏菌共培养时，SMX 去除率从 48.9%提高到了 94.2%，硝酸盐去除也有所增加，同时亚硝酸盐与 N_2O 的积累明显降低。



进一步研究表明，当脱氮副球菌与希瓦氏菌共培养时，脱氮副球菌直接去除污染物，希瓦氏菌通过强化脱氮副球菌对葡萄糖和铁的摄入能力从而强化了反硝化菌的电子代谢，从而协助脱氮副球菌提高对硝酸盐与 SMX 的去除能力。通过蛋白组学进一步解析希瓦氏菌强化反硝化菌电子代谢的深层机理，结果表明，希瓦氏菌与反硝化菌之间存在频繁的 *cross-feeding*。反硝化菌向希瓦氏菌提供谷氨酰胺和乳酸用于合成硫胺素和血红素并释放胞外公共空间；脱氮副球菌获得硫胺素用于合成丙酮酸脱氢酶和酮戊二酸脱氢酶的合成，促进 NADH 生成； 血红素也在胞外功能 sigma 因子的调控下被输入到反硝化菌胞内，促进复合物 I、III 和细胞色素 c，反硝化相关酶等参与电子传递的蛋白质的合成，从而促进电子转移效率。此外，希瓦氏菌合成黄素分泌到胞外 EPS 中也促进了胞外电子传递。最后，反硝化微生物反硝化菌产生的乳酸和谷氨酰胺促使希瓦氏菌向反硝化菌定向

移动，帮助两种细菌有效地获得所需物质，确保了反硝化菌希瓦氏菌之间代谢物交换的高效率。这将为今后环境中多污染物的协同去除提供新的思路。

关键词：磺胺甲噁唑；反硝化；微生物互作；电子代谢；cross-feeding

有机卤呼吸的解耦揭示*Dehalobacter*属中的发酵型谱系

金慧娟[1]，刘冠池[2]，严俊[1]，Frank E. Löffler[3]，杨毅[1*]

（1.中国科学院沈阳应用生态研究所，辽宁 沈阳 110016; 2.中国科学院大学，北京 100049; 3.美国田纳西大学诺克斯维尔分校生物系统工程与土壤科学系）

*通讯作者，E-mail：yangyi@iae.ac.cn

摘要：二氯甲烷（dichloromethane, DCM）是一种典型卤代有机污染物，已被列入我国首批重点管控新污染物清单。DCM广泛用于工业清洗剂和溶剂，全球年产量超过100万吨，是重要的人为源卤代挥发性有机物。同时，DCM也可由海洋生物、植物、真菌及土壤微生物等天然过程产生。由于环境释放持续存在，DCM广泛分布于大气、水体和土壤环境，并被国际癌症研究机构列为2A类致癌物。近年来，生物降解技术因其高效和环境友好特性，在氯代污染物治理中受到广泛关注。自1980年以来，多种能够以DCM为唯一碳源的好氧菌株（如*Hyphomicrobium*）被报道，而厌氧DCM降解研究相对有限，目前仅有纯培养菌株*Dehalobacterium formicoaceticum* DMC被报道。*Dehalobacter*属长期被认为是典型的专性有机卤化物呼吸菌，近年来发现部分成员具有氯仿还原脱卤和DCM矿化能力。然而，该谱系中是否存在脱离有机卤化物呼吸、采用专性C1发酵代谢策略的成员及其遗传基础仍不明确。本研究发现新的*Dehalobacter*谱系“Candidatus Dehalobacter formatiformans”菌株J1，其专性利用DCM进行发酵代谢，将DCM转化为乙酸和甲酸，产物摩尔比稳定为4:1。该代谢能力使J1在沉积物来源富集体系中成为优势种群（>80%），并在无外源电子供体条件下维持生长。基因组分析发现，J1含有两个由10个基因组成的亚甲基氯（methylene chloride, *mec*）代谢基因簇，均与显著截短的还原脱卤酶基因相邻，并被转座酶元件包围，提示其可能代表*Dehalobacter*中与DCM代谢相关的保守移动遗传结构。此外，J1缺失完整的从头钴胺素合成途径，依赖外源钴胺素维持DCM代谢活性，体现了其对微生物群落互作的代谢依赖性。本研究重新定义了*Dehalobacter*属的代谢功能边界，揭示

了卤代C1化合物驱动微生物能量代谢的新模式，为解析厌氧DCM转化的生态过程和分子机制提供了重要依据。

关键词：新污染物；二氯甲烷；微生物降解；代谢机制；生物修复

铁改性磁性虾壳生物炭固定化红球菌 TG-1 强化联苯降解及其机制解析

翟迎

(1. 化学化工学院,天津理工大学,天津市,天津市,中国)

1545873692@qq.com

摘要：Biphenyl is a typical hydrophobic persistent organic pollutant widely discharged from industrial production. It exhibits strong toxicity, high bioaccumulation potential, and a long environmental persistence, posing serious threats to aquatic ecosystems and human health. Microbial degradation represents a green and cost-effective approach for biphenyl pollution remediation; however, free degrading cells often suffer from poor stability and low pollutant bioavailability in complex water matrices. In this study, a newly isolated strain *Rhodococcus* sp. TG-1 demonstrated high efficiency in biphenyl degradation. Transcriptome analysis was performed to reveal its molecular response mechanisms under biphenyl stress, and seven key degradation gene clusters were identified. To further enhance the degradation performance, iron-modified magnetic shrimp shell biochar was prepared and used to immobilize strain TG-1. The immobilized TG-1 system achieved a biphenyl removal efficiency of 98.9% in wastewater, exhibiting significantly improved stability and reusability compared to free cells. This study, combining functional strain screening, transcriptomic mechanism elucidation, and biochar-based immobilization technology, provides a promising strategy for biphenyl bioremediation.

联苯是工业生产中广泛排放的典型疏水性持久性有机污染物，具有强毒性、高生物富集潜力和长期环境持久性，对水生生态系统和人体健康构成严重威胁。微生物降解是治理联苯污染的一种绿色且经济高效的途径，然而，游离降解细胞在复杂水体基质中往往稳定性差、污染物生物可利用性低。本研究分离到一株具有高效联苯降解能力的新菌株——红球菌（*Rhodococcus* sp.）TG-1。通过转录组

分析揭示了其在联苯胁迫下的分子响应机制，并鉴定出 7 个关键降解基因簇。为进一步提升降解性能，制备了铁改性磁性虾壳生物炭，并用于固定化菌株 TG-1。固定化 TG-1 系统在废水中对联苯的去除效率达到 98.9%，与游离细胞相比，稳定性和可重复使用性均显著提高。本研究将功能菌株筛选、转录组机制解析与生物炭基固定化技术相结合，为联苯生物修复提供了一种有前景的策略。

关键词：联苯；生物降解；红球菌；改性生物炭

Identification of a bacterial NCS1 family transporter enabling high-affinity uptake of the antidiabetic drug metformin

许芷菁

（1. 上海交通大学生命科学技术学院, 上海交通大学, 上海）

ZhijingXu@sjtu.edu.cn

Abstract: Metformin is a widely prescribed drug and emerging pollutant. While its biodegradation requires bacterial uptake, the transport systems involved have remained unknown. Here, we characterize MetT, a metformin transporter from *Aminobacter* sp. strain NyZ550. We demonstrate that MetT is essential for growth on metformin and functions with a high affinity (K_m ~15 μM)—orders of magnitude stronger than human OCT1. Structural and mutational analyses suggest a substrate-binding mechanism based on cation–π interactions. This study identifies the first bacterial metformin transporter and expands the functional diversity of the NCS1 family.

Keywords: biodegradation; metformin; nucleobase cation symporter 1; transport

二氯甲烷有机高盐废水厌氧生物处理过程失稳机制与外源 VB12 调控策略

谭翼潇[1,2,*]，刘洁仪[2]，朱亮[1,2,*]

(1. 浙江大学长三角智慧绿洲创新中心，未来环境实验室，314102; 2. 浙江大学，环境与资源学院，310058)

通讯作者：谭翼潇，0625C83@zju.edu.cn; 朱亮 felix79cn@zju.edu.cn

摘要：二氯甲烷（dichloromethane, DCM）是化工、制药、精细化工等行业广泛使用的氯代有机溶剂，常随废水排放进入处理系统。此类废水同时含有较高盐度，形成典型的二氯甲烷有机高盐废水，其中 DCM 与盐度的复合胁迫常导致产甲烷受抑、中间产物积累和体系失稳，严重制约其工程应用。论文围绕二氯甲烷有机高盐废水复合胁迫下厌氧体系失稳机制开展研究。

首先，揭示了盐度和 DCM 胁迫对厌氧体系产甲烷过程的双重抑制机理。DCM 凭借结构相似性和较高亲电活性与甲基转移过程竞争钴胺素活性中心；盐度胁迫加剧 Na^+外排压力，使细胞更多依赖等高能耗离子转运系统。二者双重抑制机理共同造成产甲烷功能受限，导致甲烷产量下降、乙酸积累和系统失稳。

其次，通过添加 VB12 至 DCM 驯化培养的降解菌群的批次实验，阐明外源 VB12 强化盐度胁迫下厌氧 DCM 降解的作用机制，并识别出新耐盐 DCM 降解类群。添加 VB12 后，DCM 最大降解速率由 7.7 ± 2.0 μM/d 恢复至 15.1 ± 1.3 μM/d，促进下游乙酸消耗和甲烷生成。通过宏基因组学分析识别出携带相对完整且结构保守 *mec* 基因簇的 D_MAG.168 类群，该类群可能代表 Dehalobacteriaceae 中新的耐盐 DCM 降解类群，与产甲烷菌、同型产乙酸菌和发酵菌形成协作网络，共同维持降解菌群功能稳定。添加 VB12 后，二氯甲烷分解代谢基因簇中调控基因 *mecA* 和离子稳态相关基因 *mecJ* 丰度升高 57%和 34%，表明 VB12 强化作用不依赖于降解菌数量扩增，而主要通过缓解钴胺素辅因子限制、提高现有催化体系的功能效率实现。

进一步采用外源添加 VB12 强化策略至高有机负荷反应器体系实验，明确了外源 VB12 直接投加作用下厌氧菌群有机负荷响应特征。研究发现，在二氯甲烷有机高盐废水中，VB12 在低负荷阶段可促进 DCM 降解和产甲烷过程；随着负

荷升高，VB12 并未持续改善体系稳定性，反而加剧了 VFAs 积累和体系失稳。宏基因组、宏转录组和 MAG 分析显示，VB12 添加后虽然 DCM 降解和产甲烷功能模块的转录表达有所恢复，但同时糖酵解、有机酸代谢与盐度适应相关的多功能厌氧代谢网络对 VB12 产生广谱响应，最终导致 VFAs 的形成与后续消耗失衡。

关键词：二氯甲烷；高盐有机废水；厌氧生物处理；维生素 B12；宏基因组与宏转录组分析；失稳机制

两株双酚 A 型环氧树脂降解菌(*Klebsiella pneumoniae* 和 *Serratia sp.*)的降解特性及机制分析

张士丽[1],郑先云[2*]

（1. 山西大学环境与资源学院，太原市 030006；2. 山西大学环境科学研究所，太原市 030006）

*通讯作者，E-mail：zhengxy@sxu.edu.cn

摘要：双酚 A 型环氧树脂 (BADGE)是由双酚 A (BPA)和环氧氯丙烷在氢氧化钠存在下反应生成的广泛应用于涂料、电子封装、复合材料及食品包装等领域的高分子材料。然而，BADGE 及其衍生物在生产、使用和废弃过程中会释放到环境中，并在水体、土壤和沉积物中持续积累，对土壤和水体造成长期污染。本研究旨在从活性污泥中筛选高效降解 BADGE 的微生物资源，并初步阐明其降解机制。通过从活性污泥中通过富集培养、分离纯化、经降解实验筛选出 5 株高效菌株,降解率为 25.2%-30.5%。通过生理生化分析及 16S rDNA 测序比对，这 5 株菌株鉴定为 *Klebsiella pneumoniae* 和 *Serratia sp.*。液相色谱-质谱联用（LC-MS）和傅里叶变换红外光谱（FTIR）分析表明，BADGE 的降解始于环氧基团开环水解生成 BADGE·2H_2O，以及醚键断裂生成对烯丙基苯酚；值得注意的是，仅在 *Serratia sp.*降解液中检测到对苯二甲酸，表明两菌株可能存在不同的降解路径。此外，环氧化物水解酶活性测定结果显示，两类菌株均具有较强的酶活响应，其中，*Klebsiella pneumoniae* 在降解初期酶活水平更高。宏基因组学分析进一步揭示，*Klebsiella pneumoniae* 在外源物质降解代谢通路上富集的基因的数量以及占

比均高于 *Serratia sp.*，这可能是 *Klebsiella pneumoniae* 的降解率更高的原因。本研究为 BADGE 的生物降解提供了新的菌种资源，并从产物、官能团和基因层面系统解析了其降解机制。

关键词：双酚 A 型环氧树脂，微生物修复，*Klebsiella pneumoniae*，*Serratia sp.*，降解机制

Enterobacter asburiae A103促进邻苯二甲酸酯胁迫下苜蓿生长的研究

周卉[1]，李郁林[1]，刘宇辰[1]，卢磊[1*]，王伟东[1*]

（1. 东北林业大学生命科学学院，哈尔滨 150040）

*卢磊，E-mail：llu@nefu.edu.cn，*王伟东，E-mail：wdwang@nefu.edu.cn

摘要：邻苯二甲酸酯（PAEs）作为广泛存在于农业土壤中的新兴有机污染物，可显著干扰植物生长发育并潜在威胁生态与人体健康。根际促生菌（PGPR）在增强植物抗逆性方面具有重要作用，但其在PAEs胁迫下的调控机制仍不清楚。本研究以前期分离筛选到的根际促生菌 *Enterobacter asburiae* A103为对象，探究其在邻苯二甲酸二（2-乙基己基）酯（DEHP）和邻苯二甲酸二乙酯（DEP）胁迫下对苜蓿生长及根际微生态的影响。结果表明，该菌株可耐受PAEs胁迫但不具备降解能力，在胁迫条件下仍保持解磷、吲哚乙酸及铁载体产生能力。在DEHP和DEP复合胁迫条件下，接种A103显著提高苜蓿生物量、株高及叶绿素含量，并改善可溶性糖与蛋白水平，同时降低丙二醛含量，缓解氧化胁迫。此外，菌株A103接种显著提升了土壤中脲酶、磷酸酶及过氧化氢酶活性，改善土壤养分循环与氧化还原环境，为植物生长提供更有利的根际条件。高通量测序结果显示，接种菌株A103对根际土壤细菌α多样性影响不显著，但可显著重塑根际微生物群落结构，并富集*Pseudarthrobacter*、*Mycobacterium*、*Luteimonas*和*Hydrogenophaga*等具有潜在PAEs降解与促生功能的有益菌群。代谢组分析结果表明，PAEs胁迫显著抑制脂肪酸代谢及抗氧化相关通路，而菌株A103接种能够恢复相关代谢水平，重建受损代谢网络，从而增强苜蓿的抗逆能力。总体来看，A103通过调控微生物群落与植物代谢协同缓解PAEs胁迫，为利用有益微生物协同植物修复PAEs污染土壤提

供理论依据。

关键词：邻苯二甲酸酯；根际促生菌；*Enterobacter*；根际微生物群落；苜蓿

塑料废弃物的生物降解探究——从昆虫幼虫到复合微生物菌系

赵鑫 [1*]

（1. 资源与土木工程学院, 东北大学, 沈阳, 辽宁, 中国）

zhaoxin@mail.neu.edu.cn

摘要：塑料废弃物在自然环境大量堆存，由于难以自然降解引发的潜在生态环境污染风险日益严峻。传统的物理、化学处理手段存在能耗高、易产生二次污染等局限，基于生物和微生物作用的塑料降解技术成为当前的研究热点。本报告首先介绍了前期基于黄粉虫和大麦虫取食和降解泡沫塑料的过程与微生物机制，分析昆虫消化道功能微生物的演替和降解的贡献，揭示其中的潜在功能细菌和真菌。第二部分，介绍基于昆虫幼虫消化道的微生物菌群结构分析，挖掘其中的功能微生物，并尝试探究纯培养和复合微生物菌群对塑料的降解过程与机制。第三部分，介绍基于塑料废弃物降解研究产生的微塑料在食物链中传递产生的潜在环境和健康风险。本报告深度展望昆虫肠道微生物资源的挖掘、高效复合降解菌剂构建、生物降解工艺耦合等发展方向，为开发绿色高效的塑料废弃物生物处置技术提供理论参考。

关键词：塑料废弃物；生物降解；昆虫幼虫；复合菌系；环境微塑料

新型增塑剂乙酰柠檬酸三丁酯（ATBC）的完全降解：去乙酰化途径的发现与合成菌群的构建

王晓磊[1]，康晓熙[1]，田婧[1]，王俊[1]，鞠峰[1,2]*

（环境微生物组与生物技术实验室，西湖大学[1]工学院 &[2]生命科学学院，浙江杭州 310030）

*通讯作者，E-mail：jufeng@westlake.edu.cn

摘要：乙酰柠檬酸三丁酯（ATBC）作为一种广泛使用的新型增塑剂，其内分泌干扰效应及环境中的频繁检出已引起高度关注，然而目前关于ATBC的微生物降解机制，尤其是酶促途径，仍缺乏系统解析。本研究以垃圾填埋场塑料际微生物群落为对象，发现堆塑层、渗滤液及其经好氧处理产生的活性污泥均可降解邻苯二甲酸二丁酯（DBP）、邻苯二甲酸二(2-乙基己基)酯（DEHP）、邻苯二甲酸二异癸酯（DIDP）及ATBC等多种增塑剂，其中对ATBC的降解率可达90%以上，是ATBC降解的关键驱动者，并从渗滤液中分离鉴定出一株ATBC高效降解菌株*Ochrobactrum* sp. TZL-10。基因组与转录组联合分析显示，该菌株通过一条全新途径启动ATBC降解，区别于已报道的侧链丁醇裂解途径：TZL-10首先经去乙酰化反应启动ATBC水解，生成柠檬酸三丁酯（TBC）和乙酸。然而，TZL-10无法进一步降解TBC，乙酸则进入三羧酸循环和乙醛酸旁路，为菌株生长提供碳源与能量。多组学分析与分子对接结果表明，三个候选基因（*orf2_193*、*orf2_417*和*orf2_1306*）所编码的蛋白均属于水解酶家族，并注释为酯酶相关蛋白，且与底物具有较高的结合能，很可能是催化该去乙酰化步骤的关键基因。为实现ATBC的完全降解，本研究引入可高效矿化TBC的菌株*Rhodococcus* sp. TZL-4，构建两菌株共培养的合成菌群，10天内ATBC去除率达97.3%，TBC去除率达85.9%，从而实现了ATBC的完全降解。综上，本研究不仅揭示了一条基于去乙酰化的新型ATBC降解途径，还通过合成菌群的理性设计，为污染物彻底去除提供了新策略，对同类污染物的生物修复及微生物组工程发展具有积极推动作用。

关键词：乙酰柠檬酸三丁酯（ATBC）增塑剂；多组学；生物转化；分子对接；分子机制；合成微生物群落（SynComs）

海洋养殖区微塑料降解菌的筛选及高效降解功能菌群的构建

刘雨萱[1]，王新红[2]，田蕴[1*]

（[1]厦门大学生命科学学院；[2]厦门大学环境与生态学院，厦门，361102）

*Corresponding author e-mail: tianyun@xmu.edu.cn

摘要：微塑料污染已成为海洋养殖环境中日益突出的生态问题。养殖过程中大量使用的渔具、浮球、网箱及包装材料，使聚丙烯（polypropylene，PP）和聚苯乙烯（polystyrene，PS）在近岸养殖区不断累积。由于二者分子结构稳定，在自然环境中的生物降解速率较低。微生物降解塑料通常涉及表面定殖、生物膜形成、表面氧化、聚合物断链及低分子产物利用等连续过程。单一菌株往往难以完成全部降解环节，而复合菌群可通过代谢互补和功能分工提高降解效率和稳定性。本研究以海洋养殖区原位暴露的 PP 和 PS 薄膜为材料，通过表面生物膜回收、连续传代富集、细菌分离鉴定及降解性能评价，筛选潜在 PP/PS 降解菌并构建人工复合菌群。研究目前共分离获得 118 株可培养细菌，建立了潜在微塑料降解菌株资源库。经过多轮连续传代，PP 和 PS 富集菌群的群落结构逐渐分化，优势类群主要属于 *Pseudomonadota*、*Bacteroidota* 和 *Actinomycetota*。通过测定菌群生长量（OD_{600}）、电子传递系统活性（ETSA）和塑料薄膜失重率发现，部分富集菌群能够在以 PP 或 PS 为主要碳源的培养体系中维持生长和代谢活性，并表现出一定的塑料降解潜力。进一步筛选发现，部分候选菌株对不同塑料或相关底物具有一定的利用偏好。根据候选菌株的功能特征构建人工复合菌群后，其降解效果较部分单菌有所提高，提示菌株之间可能存在代谢互补和协同作用。本研究丰富了海洋养殖区潜在 PP/PS 降解微生物资源，为高效、稳定的微塑料降解功能菌群构建提供了实验基础。

关键词：海洋养殖区；微塑料；聚丙烯；聚苯乙烯；降解菌；人工复合菌群

Inconvenient environmental and ecological risks of biofilm plastics: Surface interfacial behavior, heavy metal adsorption, and pathogen enrichment

肖云[1]，潘海霞[1,2]，赵鑫[1]*

（1. 东北大学资源与土木工程学院环境工程系，沈阳110819；2. 哈尔滨工业大学环境学院城市水资源与环境国家重点实验室，哈尔滨150090）

*通讯作者：赵鑫，E-mail：zhaoxin@mail.neu.edu.cn

Abstract： As pervasive environmental pollutants, plastic wastes not only exhibit intrinsic ecotoxicity but also undergo profound changes in environmental behavior and combined pollution effects due to biofilm colonization. However, the differential behavior of metal adsorption between biodegradable and conventional plastics, and the underlying mechanisms of biofilm-mediated heavy metal accumulation remain poorly understood. In this study, plastics of biodegradable polylactic acid (PLA), non-biodegradable polypropylene (PP) and polyethylene terephthalate (PET) were incubated in natural water to assess biofilm development, adsorption of cadmium (Cd) and copper (Cu), and potential ecological risks. Through 35-day *in-situ* or laboratory biofilm incubation, biofilms significantly altered surface morphology, roughness, hydrophobicity, and functional group composition, increasing specific surface area and introducing oxygen/nitrogen-containing active sites. Adsorption experiments demonstrated that biofilm-colonized plastics exhibited markedly enhanced adsorption capacities for Cd and copper Cu, but PLA did not show greater affinity for metal accumulation compared to conventional plastics. The adsorption processes followed pseudo-second-order kinetics and Langmuir isotherm models, and were jointly dominated by physical adsorption, chemical adsorption and biological adsorption. Furthermore, the results indicated that biomass accumulation was the primary determinant of enhanced metal adsorption (contributing over 90%), while changes in plastic surface properties played secondary indirect roles. Notably, zebrafish exposure experiments confirmed that biofilm-developed microplastics increased intestinal metal accumulation by 95.43%, significantly amplifying the vector effect. Additionally, heavy metal exposure reshaped biofilm microbial communities, enriching metal-tolerant and potentially pathogenic genera, such as *Ralstonia* and *Phenylobacterium*, suggesting that biofilm-developed plastics are carriers of chemical pollutants and

potential reservoirs of pathogenic microorganisms. These findings reveal the pivotal role of biofilm in mediating metal-plastic interactions and highlight the complex interplay between plastic type, biofouling, and contaminant adsorption behavior, offering essential insights for environmental risk assessments of plastic pollution in natural ecosystems.

Keywords: Plastisphere; Biofilm; Heavy metals; Adsorption; Pathogen enrichment

从木质素到塑料：降解酶的跨底物演化机制

韩华雯[1]*，李祥锴[1,2]

（1.兰州大学草地微生物研究中心，兰州，730000；2. 兰州大学生命科学学院，兰州，730000）

*通讯作者，E-mail：hanhuawen@lzu.edu.cn

摘要：塑料污染已构成全球性生态威胁，废弃塑料的资源化利用是支撑我国“双碳”战略的关键路径。当前塑料降解酶研究主要集中于 PET 等聚酯类塑料，而占全球塑料产量 63%的 PE、PP、PVC、PS 等非水解性塑料的降解酶挖掘仍十分薄弱。人工智能及蛋白质大语言模型为塑料降解酶的挖掘提供了新手段，但其开发高度依赖已知塑料降解酶的序列信息。值得注意的是，塑料的大规模使用迄今尚不足百年，塑料与微生物之间较短的共进化周期导致其难以从头进化出特异性的塑料降解酶。大量研究发现微生物介导的塑料降解常常与木质纤维素降解酶体系相关联。高原鼠兔（*Ochotona curzoniae*）作为青藏高原上典型的植食性小型哺乳动物，其肠道微生物富含多样的木质纤维素降解酶系，使其成为挖掘新型 PVC 降解酶的重要资源库。本研究通过高原鼠兔 PVC-MPs 饲喂试验，发现其肠道微生物群可招募塑料降解菌，并基于自上而下策略富集获得一个 PVC 降解菌群，该菌群可将 PVC 解聚为长链烷烃，其中红球菌属（*Rhodococcus*）和雷夫松氏菌属（*Leifsonia*）分别为特化种和泛化种。多组学分析提出一条由卤代烷脱卤酶（HLD）启动的假定 PVC 降解通路。新型 *Rh*HLD 可从 PVC 薄膜中释放 11.5 mg L^{-1}氯离子，而 *Le*DyP 可催化 PVC 生成降解中间体。对 39 个宏基因组数据集的分析进一步证实，卤代烷脱卤酶和染料脱色过氧化物酶在野生鼠兔的肠道中普遍

存在。本研究揭示了食草动物肠道微生物群的 PVC 降解潜力，拓展了塑料生物修复的酶学工具库，并凸显了极端生态系统的生物勘探价值。

关键词：高原鼠兔；肠道菌群；聚氯乙烯；脱卤酶；过氧化物酶；降解酶演化

双酚 F 的微生物降解及 BpfR 介导的转录调控机制

陈若木，牛雨梦，李楠，陈凯*，蒋建东*

南京农业大学，生命科学学院,南京 210095

E-mail address: jiang_jjd@njau.edu.cn; chenkai@njau.edu.cn.

摘要：双酚 F（bisphenol F，BPF）是双酚 A 的重要替代物，广泛用于树脂、涂层和食品接触材料，其环境残留及潜在内分泌干扰效应受到持续关注。微生物降解是 BPF 环境归趋中的关键过程，但其代谢途径及调控机制尚未得到系统解析。本研究以河流沉积物中分离的 *Sphingobium yanoikuyae* DN12 为对象，解析其 BPF 降解与转录调控机制。DN12 能够以 BPF 为唯一碳源和能源，并携带两套高度相似的 *bpf1* 和 *bpf2* 降解基因簇。BpfAB、BpfC 和 BpfD 依次催化 BPF 转化为 DHBP、HPHB，最终生成 4-羟基苯甲酸和对苯二酚。进一步研究发现，TetR 家族转录抑制因子 BpfR 同时调控两套降解操纵子。敲除 *bpfR* 后，菌株 BPF 降解延滞期消失，*bpfA* 和 *bpfC* 的基础转录水平显著升高；回补 *bpfR* 后相应表型恢复。EMSA 和 DNase I 足迹分析表明，BpfR 可直接结合 P_{bpf1} 和 P_{bpf2} 启动子。BPF 及其早期中间体 DHBP 和 HPHB 可促进 BpfR-DNA 复合物解离并诱导降解基因表达，SPR 进一步证实三者可直接与 BpfR 结合，且亲和力依次降低。该研究揭示了“重复降解基因簇—共享转录抑制因子—多效应物响应”的调控模式，为理解环境细菌对新兴污染物的感知、代谢与调控提供了机制依据。

Harnessing a marine-derived *Rhodococcus* strain for cross-habitat bioaugmentation of malodorant skatole: Performance and ecological response

李根秀，刘嘉慧，赵玉杨，马桥*

大连海事大学环境科学与工程学院，大连116026

*Corresponding author, E-mail：*xiaoma0556@dlmu.edu.cn

Abstract: Skatole, primarily generated via the anaerobic metabolism of tryptophan, is a pervasive nitrogenous heterocyclic malodorant. While ubiquitous in various environments, its microbial remediation in saline ecosystems remains poorly documented. In this study, a skatole-degrading microbial consortium was enriched from marine sediments. High-throughput sequencing revealed distinct successional dynamics during domestication, with *Pseudomonas* becoming predominant (89.23%) and *Rhodococcus* persisting as a potential functional taxon (1.98%). An efficient isolate, *Rhodococcus* sp. SJ-2, was successfully obtained from the consortium. SJ-2 could completely remove 100 mg/L of skatole within 24 h in 2216E medium and 60 h in marine mineral culture medium, with optimal activity at 30-35°C and pH 6.0-9.0. It also maintained skatole-removing activity across a broad salinity range of 0–45‰ NaCl. 3-Methyloxindole was identified as a detectable intermediate, and the enzymes involved in skatole degradation were inducible. Genomic analysis revealed a 5.77 Mb circular chromosome and two plasmids, but no previously reported *skaA* homologs, suggesting an as-yet-uncharacterized oxidative system. Bioaugmentation experiments in freshwater and marine sediment microcosms demonstrated that SJ-2 inoculation accelerated skatole removal, shortening the complete removal time to 6 h and 12 h, respectively. Amplicon sequencing showed that bioaugmentation was associated with an increased relative abundance of *Rhodococcus* and with predicted functional shifts related to aromatic compound degradation. These findings identify *Rhodococcus* sp. SJ-2 as a promising marine-derived candidate for skatole removal in saline odor-control settings and provide a useful foundation for future studies on the molecular basis of skatole catabolism.

Keywords: Skatole, Marine bacteria, *Rhodococcus,* Biodegradation, Bioaugmentation

The marine antifouling agent Irgarol 1051 promotes the horizontal transfer of extracellular antibiotic resistance genes through natural transformation

蔡礼兵，张连辉，赵玉杨，张佳鑫，马桥*

（大连海事大学环境科学与工程学院，大连 116026）

*通讯作者，E-mail：xiaoma0556@dlmu.edu.cn

Abstract： In recent years, marine resources have undergone rapid exploitation, accompanied by vigorous development in marine engineering, shipping, and fisheries. However, marine biofouling, which arises during ship transportation, aquaculture, or other fishery activities, not only incurs substantial economic losses but also poses risks of severe accidents. To mitigate the adverse effects of biofouling, the most widely adopted and effective strategy involves the application of antifouling coatings onto the surfaces of submerged hulls or facilities. Irgarol 1051, a common marine antifouling triazine biocide, triggers bacterial stress responses and cross-resistance at sub-inhibitory concentrations. Its environmental persistence may further facilitate the horizontal transfer of antibiotic resistance genes (ARGs). Here, we systematically investigated the impacts of relevant concentrations (0.001-1.0 mg/L) of Irgarol 1051 on the plasmid-mediated ARG transfer via natural transformation in *Acinetobacter baylyi* ADP1. This study indicates that sub-inhibitory concentrations of Irgarol 1051 (0.1-1 mg/L) increase transformation frequency by 1.47-to 1.78-fold, thereby exacerbating the environmental risk associated with ARGs. At the mechanistic level, physiological and biochemical analyses indicate that Irgarol 1051 induces reactive oxygen species (ROS) and excessive production of reduced glutathione(GSH) (increases of 1.11-fold and 3.88-fold, respectively, at a concentration of 1 mg/L), increases cell membrane permeability by up to 2.75-fold, and upregulates ATP levels (increases of 1.75-fold at a concentration of 1 mg/L), thereby providing energy for DNA uptake.Furthermore, molecular docking analysis demonstrates that Irgarol 1051 binds effectively to ComA with a binding free energy of -6.2 kcal/mol, implicating ComA as the principal molecular target underpinning the elevated natural transformation frequency. These findings suggest that relevant concentrations of Irgarol 1051 may accelerate ARG dissemination by inducing oxidative stress, membrane remodelling, and energy-dependent metabolic pathways. Given the widespread application of marine

antifouling agents to combat global biofouling, this study underscores the urgent need to regulate non-antibiotic antimicrobial agents to curb resistance evolution.

Keywords: Irgarol 1051; Antibiotic resistance genes; Horizontal gene transfer; Natural transformation; Reactive oxygen species

Absolute Quantitative Amplicon Sequencing Reveals Distinct Concentration- and Time-Dependent Responses of Sediment Microbial Communities to 6PPD and 6PPD-Q

陈安东，张佳鑫，马桥*

（大连海事大学环境科学与工程学院，大连 116026）

*通讯作者，E-mail：xiaoma0556@dlmu.edu.cn

Abstract: 6PPD is a widely used industrial rubber antiozonant which is widely distributed in the environment and can be transformed into various derivatives, including 6PPD-Q, under the influence of multiple environmental factors. However, studies investigating the effects of 6PPD and 6PPD-Q on environmental microorganisms have rarely employed absolute quantitative amplicon sequencing, and this may therefore limit our understanding of actual changes in microbial communities. In this study, low (10 μg/L) and high (10 mg/L) concentrations of 6PPD and 6PPD-Q were applied. Water-phase physicochemical parameters, enzyme activities, and absolute quantitative 16S rRNA gene amplicon sequencing were combined to compare the absolute abundance, diversity, composition, and predicted functional potential of river sediment microbial communities on Days 1 (D1) and 32 (D32) of exposure. The results showed that both 6PPD and 6PPD-Q rapidly disturbed sediment microbial communities, with their effects exhibiting clear compound-, concentration-, and time-dependent patterns. Changes in total community abundance showed that 6PPD and 6PPD-Q treatments stimulated an increase in total microbial abundance on D1 but shifted to significant inhibitory effects on D32. Physicochemical and enzyme activity measurements indicated that 6PPD and 6PPD-Q rapidly altered water-phase COD, NH_4^+-N, and related enzyme activities on D1, although most of these changes weakened by D32. Diversity analysis showed that high-concentration 6PPD significantly reduced multiple α-diversity indices and altered microbial community composition on D1.

Although the differences in diversity weakened on D32, PERMANOVA still detected significant differences among treatments. Regarding community composition, high-concentration 6PPD induced selective community restructuring on D1, whereas low-concentration 6PPD-Q caused broader genus-level enrichment. On D32, high-concentration 6PPD resulted in widespread declines across multiple taxa and exerted a stronger effect on community composition than 6PPD-Q. *Pseudomonas*, *Brevundimonas*, and *Nocardioides* may serve as potentially sensitive responsive taxa. In terms of microbial functions, absolute-abundance-based FAPROTAX predictions showed enhanced functional potentials related to denitrification, sulfur oxidation, and aromatic compound/hydrocarbon degradation under high-concentration 6PPD treatment on D1, whereas low-concentration 6PPD-Q induced broader functional enrichment. On D32, functional potentials associated with carbon degradation, nitrogen and sulfur cycling, and aromatic compound transformation generally decreased under high-concentration 6PPD treatment. These findings demonstrate that the microbial ecological effects of 6PPD and 6PPD-Q cannot be evaluated solely on the basis of a single sampling time or relative abundance data. This study provides an absolute quantitative basis for identifying time-dependent ecological risks of 6PPD and 6PPD-Q in sediments and screening microbial indicator taxa.

Keywords: 6PPD, 6PPD-Q, Emerging contaminants, River sediment, Absolute quantification 16S-seq, Microbial community

Study on the Effects of Indole and Skatole on Marine Sediment Systems

刘嘉慧，马桥*

（大连海事大学环境科学与工程学院）

*通讯作者，E-mail：xiaoma0556@dlmu.edu.cn

Abstract: Indole and skatole, as typical nitrogenous heterocyclic compounds, are widely distributed in marine sediments and have potentially significant impacts on benthic ecosystems and biogeochemical cycles. To elucidate their biological effects in sediment systems, this study utilized marine sludge sediments to investigate the impacts of indole (IND), skatole (SKA), and their mixture (MIX) on marine microbial enzyme

activities and community structures. Acute exposure (Day 1) triggered significant oxidative stress, leading to elevated catalase (CAT) and neutral protease (NPT) activities across all treatment groups. Conversely, microbial metabolic vitality, reflected by dehydrogenase (DHA) and fluorescein diacetate (FDA) hydrolysis activities, was significantly inhibited. By Day 15, substrate depletion caused a general decline in NPT activity; IND significantly impaired microbial health (evidenced by reduced CAT and NPT activities). Although metabolic activity showed signs of recovery on Day 15, it remained lower than the control group, indicating a persistent inhibitory effect of these compounds on the sediment microbial community. After 15 days, microbial diversity in the IND and MIX groups sharply declined, whereas the SKA group recovered to control levels, demonstrating a tolerance to skatole. Principal Component Analysis (PCA) revealed significant spatial separation, with the MIX group completely isolated from the others, proving that the mixture exerts synergistic effects exceeding those of the individual compounds. At the phylum level, indole inhibited Bacteroidetes and Chloroflexi while promoting the growth of Proteobacteria. LEfSe cladograms showed that on Day 15, the significantly distinct biomarker genera for the IND, SKA, and MIX groups were *Amphritea*, *Pseudomonas*, and *Marinobacterium*, respectively. The control (CK) group primarily consisted of classes like Acidobacteria, whereas the treatment groups exhibited a specific enrichment of Gammaproteobacteria. Furthermore, when screened using the corresponding pollutant as the sole carbon source across all experimental groups, we isolated 1 degrading strain from the IND group, 6 from the SKA group, and 2 from the MIX group. This study uncovers the directional succession and functional resistance mechanisms of benthic microorganisms in response to complex organic pollution.

Keywords: Indole, skatole, microbial degradation, community structure

吲哚厌氧生物降解途径及功能基因初探

赵玉杨，蔡礼兵，张连辉，孟楠，马桥*，

（大连海事大学环境科学与工程学院，大连 116026）

*通讯作者，E-mail：xiaoma0556@dlmu.edu.cn

摘要：吲哚是粪便、污泥及废水处理系统中普遍存在的含氮杂环污染物，然

而介导其厌氧转化的关键酶系及功能微生物群落尚不清晰。本研究通过长期驯化构建了稳定的厌氧污泥菌群，整合产物分析、宏转录组及宏基因组学技术，系统解析了吲哚厌氧生物降解过程及机制。经120天驯化后，该菌群可稳定降解100 mg/L吲哚，但采用相同策略时却无法有效去除粪臭素，表明厌氧微生物群落对吲哚具有显著的底物特异性适应。代谢产物分析检测到羟吲哚、二羟基吲哚、靛红及邻氨基苯甲酸等关键中间产物，证实了其降解途径包含吡咯环氧化及后续的邻氨基苯甲酸生成步骤。宏转录组测序结果显示，外源添加吲哚诱导了16,660个差异表达基因，其中氧化还原反应、水解酶活性、辅因子依赖型代谢、芳香族-CoA转化及产甲烷过程相关通路显著上调。功能注释表明，黄嘌呤脱氢酶样钼依赖氧化还原酶与靛红水解酶可能是催化吲哚初始转化的关键功能基因，而*abmG-like*、*bcrC*及*oah*基因的表达则暗示了邻氨基苯甲酸的活化及其下游苯甲酰-CoA代谢途径的存在。基于宏基因组组装基因组（MAGs）的分析进一步揭示，上述功能在拟杆菌门（Bacteroidota）、绿弯菌门（Chloroflexota）、脱硫杆菌门（Desulfobacterota）及甲烷杆菌门（Methanobacteriota）中呈模块化分布。

关键词：吲哚；厌氧降解；代谢途径；转录组学；功能基因

微塑料生物膜与水体氮元素循环

唐景春[1*]

（1. 南开大学 环境科学与工程学院 天津 300350）

E-mail：tangjch@nankai.edu.cn

摘要：作为一种新兴污染物，微塑料（MPs）能够通过吸附多种污染物改变其环境效应，还可在水体中形成以微生物为核心的生物膜结构。微塑料生物膜作为地表水中重要的微界面，在污染物转移与氮转化调控过程中发挥着突出的生态作用。然而，目前关于微塑料生物膜生态效应的研究多集中于单一污染因子或静态实验条件，对于复杂环境压力下微塑料生物膜如何影响氮转化过程、功能基因传播以及微塑料自身环境归趋仍缺乏系统认识。本研究围绕“微塑料生物膜介导的水体氮转化调控机制”这一核心科学问题，构建抗生素胁迫、DOM光化学作用以及实际水环境水深梯度等多情景实验体系，结合宏基因组学、分子光谱分析及功能基因解析技术，系统揭示复杂环境条件下微塑料生物膜结构演化、微生物功

能重构及氮转化调控机制。

针对抗生素胁迫条件下微塑料生物膜的生态效应，构建环丙沙星（CIP）、四环素（TC）与 PVC 生物膜共暴露体系，探究抗生素对氮转化过程及抗生素抗性基因（ARGs）传播的影响。结果表明，成熟 PVC 生物膜能够形成稳定微环境，促进氮转化功能微生物富集。在无抗生素条件下，PVC 生物膜显著增强硝氮和氨氮去除能力，硝氮去除速率常数达到 0.17，而 CIP 胁迫降低了氮转化效率，硝氮去除速率常数下降至 0.08。进一步发现，微塑料生物膜中氮转化基因与 ARGs 之间存在显著协同关系，*Hydrogenophaga*、*Rhodococcus* 和 *Ignavibacterium* 等微生物可同时携带氮转化基因和抗性基因，表明微塑料生物膜可能成为抗性基因传播与氮转化耦合的重要生态载体。此外，针对 DOM 输入对微塑料生物膜脱氮功能的影响，比较微塑料源 DOM（MD）与天然 DOM（ND）在光照条件下对生物膜形成、DOM 转化及反硝化过程的调控作用。研究发现，MD 具有较高比例的低分子量和富氢脂肪族组分，生物可利用性优于 ND。光照促进 MD 光氧化裂解，产生$^1O_2$、•OH 和 O_2•$^-$等活性氧物种，增强电子供给能力，从而促进异养反硝化过程。PLA-MD 光照体系形成更致密的三维生物膜结构，并实现最高硝酸盐去除效率（74.53%）。然而，光敏化过程抑制 *nosZ* 基因表达，导致 N_2O 释放风险增加，揭示了微塑料促进脱氮过程中潜在的温室气体排放效应。最后，通过实际地表水垂直剖面实验，解析不同水深梯度下微塑料生物膜老化过程与氮转化功能的时空演变规律。结果表明，深水环境促进低氧微环境形成，有利于反硝化功能基因（*nirS*、*nirK*、*norB*、*nosZ*）富集，并促进 *Acidovorax*、*Comamonas* 和 *Dechloromonas* 等兼具微塑料降解和反硝化能力的关键微生物定殖。同时，PLA 和 PVC 表现出不同老化响应特征，微塑料氧化降解过程与氮转化功能之间存在潜在协同关系。

本研究揭示了微塑料生物膜作为新型生态微界面，在复杂环境条件下调控水体氮转化的作用机制。研究表明，微塑料生物膜能够通过富集功能微生物、调节电子供给过程以及促进微塑料老化降解影响氮转化过程，同时伴随抗性基因传播和 N_2O 排放等潜在生态风险。本研究深化了对微塑料生态功能的认识，为微塑料污染背景下水体氮转化变化及生态风险评估提供理论依据。

关键词：微塑料；微塑料生物膜；氮转化；环境因子调控；环境风险

Absolute Quantitative Amplicon Sequencing Reveals Distinct Concentration- and Time-Dependent Responses of Sediment Microbial Communities to 6PPD and 6PPD-Q

陈安东，张佳鑫，马桥*

（大连海事大学环境科学与工程学院，大连 116026）

*通讯作者，E-mail：xiaoma0556@dlmu.edu.cn

Abstract: 6PPD is a widely used industrial rubber antiozonant which is widely distributed in the environment and can be transformed into various derivatives, including 6PPD-Q, under the influence of multiple environmental factors. However, studies investigating the effects of 6PPD and 6PPD-Q on environmental microorganisms have rarely employed absolute quantitative amplicon sequencing, and this may therefore limit our understanding of actual changes in microbial communities. In this study, low (10 μg/L) and high (10 mg/L) concentrations of 6PPD and 6PPD-Q were applied. Water-phase physicochemical parameters, enzyme activities, and absolute quantitative 16S rRNA gene amplicon sequencing were combined to compare the absolute abundance, diversity, composition, and predicted functional potential of river sediment microbial communities on Days 1 (D1) and 32 (D32) of exposure. The results showed that both 6PPD and 6PPD-Q rapidly disturbed sediment microbial communities, with their effects exhibiting clear compound-, concentration-, and time-dependent patterns. Changes in total community abundance showed that 6PPD and 6PPD-Q treatments stimulated an increase in total microbial abundance on D1 but shifted to significant inhibitory effects on D32. Physicochemical and enzyme activity measurements indicated that 6PPD and 6PPD-Q rapidly altered water-phase COD, NH_4^+-N, and related enzyme activities on D1, although most of these changes weakened by D32. Diversity analysis showed that high-concentration 6PPD significantly reduced multiple α-diversity indices and altered microbial community composition on D1. Although the differences in diversity weakened on D32, PERMANOVA still detected significant differences among treatments. Regarding community composition, high-concentration 6PPD induced selective community restructuring on D1, whereas low-concentration 6PPD-Q caused broader genus-level enrichment. On D32, high-concentration 6PPD resulted in widespread declines across multiple taxa and exerted a stronger effect on community composition than 6PPD-Q. *Pseudomonas*,

Brevundimonas, and *Nocardioides* may serve as potentially sensitive responsive taxa. In terms of microbial functions, absolute-abundance-based FAPROTAX predictions showed enhanced functional potentials related to denitrification, sulfur oxidation, and aromatic compound/hydrocarbon degradation under high-concentration 6PPD treatment on D1, whereas low-concentration 6PPD-Q induced broader functional enrichment. On D32, functional potentials associated with carbon degradation, nitrogen and sulfur cycling, and aromatic compound transformation generally decreased under high-concentration 6PPD treatment. These findings demonstrate that the microbial ecological effects of 6PPD and 6PPD-Q cannot be evaluated solely on the basis of a single sampling time or relative abundance data. This study provides an absolute quantitative basis for identifying time-dependent ecological risks of 6PPD and 6PPD-Q in sediments and screening microbial indicator taxa.

Keywords: 6PPD, 6PPD-Q, Emerging contaminants, River sediment, Absolute quantification 16S-seq, Microbial community

Rational Design of an Atrazine-Degrading Synthetic Microbial Consortium and Its Metabolic Interactions for Remediation of Black Soils in Northeast China

彭敬蕊，高敏，杨珂，陈若木，牛雨梦，蒋建东，陈凯*

（南京农业大学生命科学学院，南京，210095）

*通讯作者，E-mail: chenkai@njau.edu.cn

Abstract: Intensive herbicide application in the black soil region of Northeast China has resulted in atrazine residues that pose potential risks to soil ecological functions and food safety. Microbial remediation offers a promising solution; however, its practical application is often constrained by the poor environmental adaptability of exogenous degraders and the limited colonization capacity and unstable remediation efficiency of individual strains. In this study, indigenous microbial resources from the black soil region were explored to isolate atrazine-degrading bacteria and rationally design a synthetic microbial consortium (SynCom). An efficient atrazine-degrading strain, identified as *Paenarthrobacter* sp. Y72, was isolated. Strain Y72 was capable of utilizing atrazine for growth and completely degraded 60 mg/L atrazine within 10 h. By

integrating directed enrichment of soil microbial communities, amplicon sequencing, and genome-scale metabolic modeling, *Nocardioides* sp. Y248 was subsequently identified as a potential synergistic partner of strain Y72. A two-member SynCom, Y72&Y248, was then constructed. Compared with the Y72 monoculture at an equivalent initial biomass, the SynCom increased the atrazine degradation rate by 31.2% within 19.5 h, demonstrating that Y248 substantially enhanced the degradation performance of the system. Metabolic interaction analysis using SuperCC suggested that the two strains may promote substrate conversion and cellular growth through the exchange of key metabolites and functional complementation, thereby improving the overall metabolic efficiency and stability of the consortium. This study establishes a rational framework for constructing an atrazine-degrading SynCom by integrating indigenous degrader isolation, microbial community enrichment, and metabolic model-guided assembly. The results reveal the potential metabolic basis underlying the synergistic interaction between Y72 and Y248 and provide valuable microbial resources, theoretical insights, and technical support for the targeted bioremediation of atrazine-contaminated black soils in Northeast China.

Keywords: Atrazine; Biodegradation; Synthetic microbiome; Genome-scale metabolic model; Metabolic interactions

红树林来源厌氧富集菌群中细菌与古菌协同降解 17β-雌二醇的机制

张珊[1]，胡忠[1, 2*]

（1. 汕头大学医学院，汕头 515063；2. 汕头大学理学院，汕头 515063）

*通讯作者，E-mail：hzh@stu.edu.cn

摘要：红树林底层沉积物是环境雌激素的重要长期储库，也是适应雌激素胁迫并具有其转化能力微生物的重要栖息地。然而，微生物厌氧降解雌激素的分子机制仍不不清晰。本研究从红树林底层沉积物中获得了5个能够高效降解17β-雌二醇（17β-estradiol，E2）的厌氧富集菌群，其E2降解率为39.4%–88.0%。基于共现网络分析、基因组解析宏基因组学及酶学实验，揭示了HN4富集菌群中细菌与古菌协同参与E2厌氧降解过程。研究鉴定出两条E2降解起始途径：一条由细菌和

古菌来源的EmtABCD催化、依赖钴胺素的甲基化反应，将E2转化为9(11)-脱氢睾酮；另一条由细菌17β-羟类固醇脱氢酶（17β-HSD）催化，将E2氧化为雌酮（E1）。两条途径最终均汇聚至3aα-H-4α(3′-丙酸基)-7aβ-甲基六氢-1,5-茚二酮（HIP）环裂解代谢途径。进一步的宏基因组分析表明，E2降解产生的代谢产物可被古菌利用并进一步驱动产甲烷代谢。上述结果表明，红树林沉积物中雌激素的厌氧降解是一个由细菌与古菌共同驱动的协同代谢过程，并进一步确定了电子受体可利用性和钴胺素供给是影响该过程的关键调控因素。本研究揭示了雌激素厌氧降解过程中一种此前未被充分认识的厌氧代谢机制，为蓝碳海岸生态系统对环境污染的生物修复提供了新的理论依据。

关键词：雌二醇降解，厌氧代谢，红树林，协同，多组学

电子源视角下电活性微生物驱动新污染物降解的策略探讨

梁银秀[1*]，许玫英[1]

（1. 广东省科学院微生物研究所）

lyx0414@163.com

摘要：新污染物（ECs）及其转化产物在痕量浓度下即可对水生生物产生低剂量毒性效应，严重威胁水生态安全与公共健康。污水处理厂是众多 ECs 的聚集场所，而传统工艺难以将其高效降解，导致大量 ECs 随尾水进入受纳地表水体。面对日益严格的排放管控，亟需开发高效、广谱的降解技术，以应对污水处理厂及其受纳水体中的 ECs 污染。ECs 降解本质上是由电子转移驱动的氧化还原过程，以过氧化氢（H_2O_2）为核心活性物种的原位降解策略备受关注。然而，该策略的核心瓶颈在于如何实现持续、稳定的电子供给，从而原位产生足够浓度的 H_2O_2。电活性微生物（EAMs）具有卓越的胞外电子传递能力，且广泛分布于污水处理厂与天然地表水体，为解决这一瓶颈提供了独特契机。本研究从“电子源”视角出发，提出因地制宜的 EAMs 利用新模式。在污水处理厂中，有机物构成丰富的电子储库。我们提出通过构建高效的合成微生物组，将更多有机物（以化学需氧量 COD 计）定向转化为 EAMs 可利用的碳源，充分释放电子，进而驱动 O_2 原位还原，持续生成 H_2O_2 及羟基自由基（•OH），实现广谱 ECs 的高效降解。针对碳源匮乏且需长期修复的尾水受纳地表水体，我们另辟蹊径，引入光生电子

作为可持续的替代电子源。在此模式下，EAMs 捕获光生电子，驱动 H_2O_2 和•OH 的生成，并协同具有强氧化性的光生空穴，共同降解 ECs；同时，电子还能支撑 EAMs 自身的生长代谢，赋予系统自持长效的修复潜力。本研究聚焦于如何实现持续、稳定的电子供给以原位产生足量 H_2O_2 这一核心难题，旨在探究发展一种可降解多类型 ECs 的普适性技术路径，为 EAMs 在环境修复中的精准化与可持续应用提供全新策略参考。

关键词：新污染物；电活性微生物；电子源；过氧化氢

冻融循环及不同微塑料对农田土壤酶活性及微生物群落的影响

周卉1，路晴1，卢磊1*，王伟东1*

（1. 东北林业大学生命科学学院，哈尔滨 150040）

*卢磊，E-mail：lulei82@126.com；*王伟东，E-mail：wdwang@nefu.edu.cn

摘要：自然环境中的塑料在光照、温度变化和机械磨损等作用下逐渐老化，形成微塑料（MPs），并在土壤中逐渐累积。微塑料老化会改变自身理化性质，影响土壤结构及微生物功能；可降解塑料MPs的生态效应可能与传统MPs显著不同。寒区冻融循环（FTCs）既作为环境扰动直接改变土壤性质与微生物群落，也通过机械应力加速MPs老化。冻融循环和微塑料正日益被认为是影响寒区生态系统土壤微生物过程的重要环境因素，但二者对细菌和真菌群落的影响仍知之甚少。本研究以东北农业土壤为对象，添加不同粒径（50、150和500 μm）的传统聚乙烯（PE）微塑料和可降解聚己二酸-对苯二甲酸丁二醇酯（PBAT）微塑料，并进行冻融循环处理。结果表明，冻融循环加速了较小粒径（50和150 μm）微塑料的老化，表现为表面损伤增加、结晶度降低和亲水性增强。冻融循环还显著改变了土壤酶活性和微生物群落结构，且细菌与真菌的响应存在明显差异。冻融循环是细菌群落组装的主要驱动因素，富集了耐逆类群，尤其是Bacillota和*Paenisporosarcina*。相比之下，真菌群落对冻融循环扰动具有较强抵抗力，但对可降解微塑料的响应更为强烈，其中PBAT500处理引起最大的真菌群落变化，表现为耐寒类群如*Pseudogymnoascus*和*Thelebolus*的富集。尽管微塑料对细菌整体

组成影响有限，但显著改变了微生物互作模式，PE和PBAT微塑料均降低了细菌和真菌共现网络的复杂性，并增加了正相关关联的比例，表明生态连通性减弱。上述发现为理解冻融过程与微塑料如何在季节性冻土农田生态系统中共同调控土壤微生物生态提供了新见解。

关键词：冻融循环；微塑料；老化；土壤酶活性；微生物群落

铜-核苷酸金属有机框架固定化漆酶及降解双酚 S 的研究

路晴1，张伟婷1，韩志伟1，卢磊1*

（1. 东北林业大学生命科学学院，哈尔滨 150040）

*卢磊，E-mail：lulei82@126.com

摘要：双酚S（BPS）作为双酚A（BPA）的替代品被广泛使用，但其本身也被确认为一种具有显著生物毒性的内分泌干扰物。与BPA相比，BPS具有更高的化学稳定性，且目前关于其生物降解的研究仍相对有限。鉴于微生物酶在生物降解过程中的关键作用，酶促修复已成为高效去除有机污染物的有效策略。其中，漆酶被广泛应用于多种污染物（尤其是酚类化合物）的生物修复领域。漆酶是一种含铜的多酚氧化酶，具有广泛的底物特异性，能够氧化多种酚类和芳香胺类物质。然而，漆酶的实际应用常受其相对较低的稳定性和较差的可重复利用性所限制。将其固定于固体载体上是提升酶稳定性、便于回收的有效方法。本研究利用铜-核苷酸金属有机框架（MOFs）固定化细菌漆酶，构建了一种高效降解BPS的策略。将来自地衣芽孢杆菌（*Bacillus licheniformis*）的漆酶基因在大肠杆菌（*Escherichia coli*）中进行异源表达，所得胞外酶活达373.8 U/L。纯化后的重组漆酶固定化于由铜离子与核苷酸（包括CMP和GMP）自组装构建的MOFs中。经固定化条件优化后，所得固定化漆酶（Lac@Cu/CGMP）的催化性能显著增强，相对酶活为106.5%（相较于游离酶）。同时，Lac@Cu/CGMP的热稳定性明显提高，70 ℃下半衰期延长至3.4 h，高于游离漆酶的2.9 h。在1 h内，Lac@Cu/CGMP可降解94%的BPS，且重复使用5次后仍保持较高的降解效率。采用LC-MS鉴定降解产物并推测了可能的降解途径。BPS的降解过程涉及羟基化、脱氧及S–C键断裂等反应。综上，铜-核苷酸金属有机框架为漆酶固定化提供了简便高效的平台，在BPS污染环境修复中展现出良好的应用前景。

关键词：细菌漆酶；固定化酶；金属有机框架；双酚；降解

PVC 微塑料粒径与浓度对污泥高温厌氧消化及抗性基因传播的影响

熊壮，包本涛，苟敏*，汤岳琴

（四川大学建筑与环境学院，四川 成都 610065）

*通讯作者，E-mail：goumin@scu.edu.cn

摘要：聚氯乙烯（PVC）微塑料在污泥中的持续累积可能影响厌氧消化性能及抗生素抗性基因（ARGs）的传播，但其在高温连续厌氧消化过程中的粒径效应尚不明确。本研究设置4套55 ℃连续厌氧消化反应器，包括1套空白对照和3套PVC处理组（粒径分别为600 μm、100 μm和400 nm），PVC投加浓度分别设定为环境平均浓度（15 mg/g TS）和极端排放场景浓度（150 mg/g TS），考察污泥消化性能、微生物群落结构、ARGs及移动遗传元件（MGEs）的响应。结果表明，600 μm和400 nm PVC对消化性能总体影响较小，而150 mg/g TS的100 μm PVC表现出显著抑制效应：甲烷产量降至对照组的83.53%，同时伴随STOC升高、VFAs积累及pH下降。在此抑制条件下，尝试将SRT由12 d延长至18 d以缓解抑制，但甲烷产量进一步降至77.43%，VFAs增至543.17 mg/L，表明延长SRT未能缓解，反而加剧了水解酸化与产甲烷过程的失衡。微生物群落分析显示，高浓度100 μm PVC显著改变群落结构，使水解产酸及互营氧化相关菌群（*Lentimicrobium*、*Syntrophorhabdus* 等）减少，同时富集 *Coprothermobacter* 、*Soehngenia* 和 *Acetomicrobium*等菌群。在ARGs方面，高浓度100 μm PVC降低了ARGs总丰度但改变了其组成；SRT延长至18 d后，三种粒径PVC均促进ARGs富集，其中100 μm PVC作用最为明显（总丰度升至0.218 copies/cell），同时transposase、IS91和integrase等MGEs显著富集，且ARGs与MGEs丰度呈显著正相关，提示水平基因转移是重要传播机制。研究证实了PVC微塑料对污泥高温消化性能及ARGs传播的影响具有粒径与浓度双重依赖性，且延长SRT未能缓解其负面效应，该结果可为污泥安全处置提供科学参考。

关键词：PVC 微塑料；粒径；浓度；高温厌氧消化；抗生素抗性基因

淡水底栖摇蚊介导 HDPE 微塑料转化及肠道沙雷氏菌降解作用研究

郑先云[1*]，薛静[1]，张士丽[1]，张晨凡[1]，张全喜[1*]

（1. 环境科学研究所,山西大学,太原,山西,中国）

zhengxy@sxu.edu.cn；zhangqx@sxu.edu.cn

摘要：聚乙烯（PE）微塑料化学稳定性强、环境滞留周期久，是备受全球关注的新型污染物。摇蚊作为淡水典型底栖生物，极易摄食沉积物中的微塑料并诱发机体生理损伤。现有研究证实昆虫肠道菌群拥有塑料降解潜能，而水生底栖昆虫肠道微生物长期适应底泥复杂环境，其参与微塑料降解过程的能力仍缺乏系统研究。本研究以红裸须摇蚊幼虫为对象，探究高密度聚乙烯微塑料在虫体内的摄取、滞留、理化转化、肠道菌群重塑及宿主生理响应规律。结果表明，幼虫对微塑料的摄取存在显著粒径差异，小颗粒吸收效率更高、肠道停留时间更长，更易发生降解转化；HDPE 在肠道内同步经历机械破碎与化学改性，颗粒尺寸、表面理化性质均出现明显改变。微塑料胁迫大幅重塑肠道微生物群落，塑料降解过程与宿主脂代谢、氨基酸代谢及免疫通路紧密关联，*Serratia* 属是同步介导聚乙烯降解、扰乱宿主代谢的核心功能菌群。进一步从 HDPE 暴露摇蚊肠道分离得到 18 株细菌，经牛津杯法初筛获得 4 株潜在降解菌株。生理生化检测显示四株均为革兰氏阴性可运动菌株，具备接触酶、氧化酶活性，可利用柠檬酸盐与葡萄糖；16S rDNA 测序鉴定其全部为 *Serratia fonticola*。为期 60 天单一碳源降解试验结合失重、SEM、TOC 检测证明，菌株可在 PE 膜表面形成生物膜，破坏塑料表层结构并提升体系总有机碳含量。GC-MS 分析显示，F6、F8 菌株可高效分解聚乙烯，生成烷烃、醇、羧酸等小分子降解产物。本研究证实摇蚊肠道 *Serratia fonticola* 具备聚乙烯降解能力，为淡水微塑料污染生物修复提供优质功能菌种，同时为构建昆虫 - 微生物共生原位修复体系提供理论与实验支撑。

关键词：摇蚊幼虫；肠道微生物；聚乙烯微塑料；摄入及停留；生物降解；功能菌株筛选

红球菌 Y-18 对 DEET 的生物降解途径与机制探究

赵妍，王经伟*，贾权，汤熙萌，马桥

（1. 大连海事大学环境科学与工程学院，大连 116026）

*通讯作者，E-mail：wangjingwei@dlmu.edu.cn.

摘要：*N*,*N*-二乙基-间甲苯酰胺（避蚊胺，DEET）是全球范围内应用最广的驱虫剂之一，在全球水体中经常被检测到，浓度范围为ng·L⁻¹至mg·L⁻¹，对敏感物种构成一定生态风险。常规水处理对其去除效率有限，而目前已知的DEET降解菌株极为有限，一定程度上制约了生物修复技术的可靠应用。本研究从大连星海公园排污口处土壤中，通过选择性富集，驯化分离获得一株高效DEET降解菌Y-18，经16S rRNA基因鉴定为红球菌属（*Rhodococcus* sp.）。菌株Y-18可以在无机盐培养基中，于24小时内完全降解100 mg·L⁻¹ DEET（30°C，pH=7），400 mg·L⁻¹ DEET亦可在36小时内完全去除，且在20–40°C及pH 6–8范围内都保持高降解效率。酶活性分析表明SOD、CAT及GSH可协同清除氧化胁迫，维持细胞膜完整性。转录组分析显示下游的苯甲酸降解途径基因显著上调，而静息细胞降解实验揭示该菌株在上游途径中的关键基因呈组成型表达，提示菌株Y-18对DEET的降解存在独特的调控机制，有待深入探索。本研究为DEET污染水体的生物修复提供了优良菌种资源和理论依据，同时为进一步挖掘红球菌属的降解功能基因和应用潜力奠定了基础。

关键词：DEET，避蚊胺，红球菌属，生物降解

中国滨海湿地 PFAS 分布特征及对还原脱卤微生物影响研究

朱星语[1]，张冬冬[1*]

（1. 浙江大学海洋学院，浙江 550001）

*通讯作者，E-mail：zhangdongzju@zju.edu.cn

摘要：全氟及多氟烷基化合物（PFAS）因其持久性、生物累积性及广泛的工业应用，受到重点关注。潮间带作为陆地与海洋的交汇地带，是陆源卤代有机污染物（HOPs）向海洋输送的重要屏障与汇。有机卤呼吸细菌（OHRB）介导的还

原脱卤在环境中 HOPs 的解毒和自然衰减中起到关键作用。因此，在大尺度上全面了解 PFAS 的赋存特征及其对还原脱卤微生物群落的影响具有重要意义。

本研究采集了中国沿海 128 个潮间带沉积物样品，系统解析了 PFAS 水平、主要污染源和环境生态风险，并结合高通量测序与微宇宙培养技术，深入探究了 PFAS 对推定 OHRB 类群的影响。结果显示，沉积物中∑PFAS 浓度为 0.049–2.58 ng/g，以传统长链 PFAS 为主。除全氟辛烷磺酸（PFOS）呈现高环境生态风险外，其余单体均无显著风险。基于扩增子数据的 Spearman 秩相关分析揭示，潜在兼性 OHRB 类群的相对丰度和多样性与环境总有机卤素含量呈显著正相关（p <0.05），而专性 OHRB（如 *Dehalococcoidia*）未表现出此相关性。

尽管新型替代物氯代多氟醚基磺酸（Cl-PFESAs）的生态环境风险较低，但其与沉积物中优势微生物类群（如 *Desulfobacterota* 和 *Anaerolineae*）的相对丰度及多样性显著负相关（p <0.05）。共现网络分析进一步表明，Cl-PFESAs 浓度与元素生物地球化学循环相关的功能模块丰度显著相关（p <0.05），但未显著影响与有机卤化物利用潜在相关模块。微宇宙培养实验结合宏基因组学分析证实，潮间带沉积物中兼性 OHRB 在 HOPs 还原脱卤中具有关键作用。Cl-PFESA 并未抑制潮间带微生物介导的还原脱卤活性。本研究阐明了中国潮间带沉积物中 PFAS 的空间分布特征及其对还原脱卤微生物群落的潜在生态影响，为复合 PFAS 污染时潮间带 HOPs 的生物修复策略提供了理论依据。

关键词：全氟及多氟烷基化合物（PFAS）；潮间带沉积物；分布特征；还原脱卤；还原脱卤培养物

Arthrobacter sp. Strain NyZ413 对槟榔碱分解代谢的研究

向锟琦，殷超凡，顾怡超，周宁一*

（上海交通大学生命科学技术学院，上海 200240）

*通讯作者，E-mail：ningyi.zhou@sjtu.edu.cn

摘要：槟榔碱是成瘾性植物槟榔的核心活性生物碱，具有明确遗传毒性与细胞毒性，被国际癌症研究机构列为 2B 类致癌物。槟榔碱对多种水生生物具有毒性，在环境中会危害生态系统。当前我国多处城市污水中均频繁检出槟榔碱及其

代谢产物，其水生生态风险日益凸显，但现有研究多集中于动物体内代谢与毒理机制，尚无槟榔碱微生物降解相关报道，其环境归趋与生物修复技术存在研究空白。

本研究从海南槟榔种植园土壤中分离得到一株可高效降解槟榔碱的节杆菌 *Arthrobacter* sp. NyZ413。该菌株能以槟榔碱为唯一碳源生长，最适降解条件为 30℃、pH 7.0，可耐受高达 20 mM 的高浓度槟榔碱。结合高效液相色谱与液质联用技术，本研究鉴定出槟榔次碱、去甲槟榔次碱为降解关键中间产物，证实该菌株的降解通路区别于动物体内的 N - 甲基哌啶酸代谢路径。基因组与转录组分析表明，槟榔碱上游降解基因为诱导型表达，功能基因簇定位于菌株 246 kb 的巨型质粒上，推测其采用 CoA 依赖型的杂环活化降解机制。斑马鱼胚胎毒性实验证实，该菌株可完全消除 0.1~3 mM 槟榔碱的胚胎致死与致畸效应，生物安全性良好。

本研究首次报道槟榔碱降解功能菌株及其完整代谢通路，填补了槟榔碱环境微生物降解领域的研究空白，为槟榔碱污染水体的生物修复提供了优质菌种资源与理论基础。

关键词：生物降解，槟榔，槟榔碱

苯并[*a*]蒽厌氧降解菌的分离筛选及菌株 6Yb5 的分类与转化特征

赵焕宇，殷爽，马安逸，张倩，陈超*，于基成，刘秋*

（大连民族大学生命科学学院，大连 116600）

*通讯作者，E-mail：chaochen@dlnu.edu.cn; liuqiu@dlnu.edu.cn

摘要：苯并[a]蒽（benzo[a]anthracene，BaA）是环境中常见的高分子量多环芳烃，疏水性强、环境持久性高，在厌氧条件下的生物降解效率较低，相关菌种资源和转化特征仍缺乏系统研究。本研究以制药厂厌氧活性污泥为样品，采用3种培养基进行厌氧富集和分离培养，结合16S rRNA基因测序开展菌株分类鉴定，并以BaA为唯一碳源筛选具有降解能力的菌株；进一步通过1～7 d时间序列培养和GC-MS全扫描分析代表菌株的生长、BaA去除及候选中间产物变化，同时采用

全长16S rRNA基因测序和全基因组比较分析评价菌株6Yb5的分类地位。共分离获得可培养厌氧细菌227株，分属31个属、73个种，其中57株表现出BaA降解能力。经初筛和复测，最终确认13株菌在设定培养条件下的BaA去除率达到100%。从中选取8株分属不同种的代表菌株开展动态培养，共检出6种与BaA转化相关的候选中间产物，表明不同菌株在BaA去除过程和产物组成上存在差异。菌株6Yb5具有稳定的BaA降解表型，其16S rRNA基因序列与最相近模式菌株的相似度为92.23%，与相关菌株的平均核苷酸一致性均低于95%，数字DNA-DNA杂交值为18.7%～32.5%，支持其代表一个潜在的新分类单元。6Yb5基因组全长3,007,729 bp，G+C含量为56.06%，共预测2,890个编码基因。其培养体系中共检出11种与BaA转化相关的候选中间产物，其中5种与前述代表菌株一致，另有6种仅在6Yb5体系中检出，显示该菌株具有不同于其他高效降解菌的产物谱特征。本研究建立了较为丰富的BaA厌氧降解菌株资源，获得了具有稳定降解能力和潜在新分类地位的菌株6Yb5，并为后续解析高环多环芳烃的厌氧生物转化过程及其功能基础提供了菌种和实验依据。

关键词：苯并[a]蒽，厌氧生物降解，菌株资源，候选中间产物，潜在新分类单元

不同温度下 PE 微塑料浓度变化对污泥连续厌氧消化性能及抗性基因的影响

向鹏，陈瑶，苟敏*，汤岳琴

（四川大学建筑与环境学院，四川 成都 610065）

*通讯作者，E-mail：goumin@scu.edu.cn

摘要：聚乙烯微塑料（PE-MPs）在污泥中的持续累积可能影响厌氧消化性能及抗生素抗性基因（ARGs）的传播，但不同温度体系中微塑料浓度变化对系统响应特征的影响尚不明确。本研究构建8套连续厌氧消化反应器，在138 d运行周期内，考察中温（37 ℃）和高温（55 ℃）条件下PE-MPs从极端浓度（100 mg/g TS）降至环境浓度（10 mg/g TS）对消化性能及ARGs的影响。结果表明，100 mg/g TS的PE-MPs在两种温度体系中均短期内提高了总固体（TS）和挥发性固体（VS）

的去除率，但同时也抑制了甲烷生成。高温体系中，平均甲烷产量较对照组下降12.20%；当PE-MPs浓度降至10 mg/g TS后，甲烷产量较高浓度阶段回升7.04%，但仍低于对照组。中温体系中，100 mg/g TS阶段的平均甲烷产量下降5.52%，浓度降低后抑制效应反而加剧，平均降幅达13.30%（较高浓度阶段），表明中温连续厌氧消化系统对长期PE-MPs胁迫更为敏感。微生物群落分析显示，中温样品的Chao1和Shannon指数总体高于高温样品，且污泥相与PE-MPs表面优势菌群组成存在明显差异，表明PE-MPs表面具有选择性微生物定殖作用。相关性分析表明，高温污泥中的*Coprothermobacter*与甲烷产量呈显著正相关（$p < 0.05$）。抗性组分析显示，PE-MPs表面的优势ARGs类型包括multidrug、tetracycline、MLS、aminoglycoside和sulfonamide类，其丰度总体随PE-MPs浓度降低而下降；transposase和IS91是PE-MPs表面的主要MGEs。污泥相抗性组表现出明显的温度依赖性：高温体系中trimethoprim和quinolone类ARGs增加，中温体系中fosfomycin和MLS类ARGs富集，且Tn916和ISCR等MGEs与多类ARGs显著相关（$p < 0.05$），提示水平基因转移可能参与ARGs的传播。本研究表明，高浓度PE-MPs暴露后，即使浓度降至环境水平，中温厌氧消化系统的产甲烷抑制仍不可逆，且微塑料表面生物膜是ARGs富集的关键热区。研究结果可为污泥消化工艺调控及生物安全管控提供理论依据。

关键词：聚乙烯微塑料；连续厌氧消化；温度；浓度；抗生素抗性基因

议题四：人工智能驱动的环境微生物组学

基于深度学习的病原微生物组多尺度功能解析与风险识别

董傲[1]，罗高扬[2]，张国庆[2]，臧泽林[2]，原发杰[2]，李子青[2]，鞠峰[1,2*]

（1. 西湖大学生命科学学院，杭州 310030；2. 西湖大学工学院，杭州 310030）

*通讯作者，E-mail：jufeng@westlake.edu.cn

摘要：微生物组蕴含丰富遗传信息，但大量序列因快速演化且缺乏同源信息难以解析其功能。如何从微生物序列中学习可迁移的信息，进而预测未知功能、表型及健康风险，是微生物组研究的重要挑战。为此，本研究建立了面向基因组、蛋白质和病毒序列的深度表征学习与预测体系。

首先，针对病原细菌识别依赖已知毒力基因、难以评估新型病原风险的问题，构建了基于基因组上下文建模的CUMA-PathoBac框架。该框架通过大规模细菌基因组预训练，学习基因组结构、多基因组合模式及其潜在生物学关联，实现病原性预测、宿主范围推断和分类鉴定的统一建模，突破了传统方法对毒力基因和局部序列相似性的依赖。模型对不同长度基因组片段、新测序菌株及缺乏经典标志基因的基因组分析中均表现出良好泛化能力，且在绝大多数宿主类别中宿主范围预测的F1-score均高于0.9。在包含399株临床新分离病原与非病原菌株的独立数据集中，在致病性预测中F1-score达到0.612。进一步应用于环境宏基因组和公共基因组资源分析，CUMA-PathoBac揭示了不同微生物谱系、生态环境和地理区域中病原潜力的系统性差异。

进一步，针对未知蛋白序列功能难以准确注释的问题，开发了基于深度学习的FunGeneTyper功能解析框架。该框架利用蛋白质语言模型、微调与迁移学习，实现细菌抗生素耐药基因和毒力因子的高精度分类，在标准测试集中达到Accuracy>0.99和F1-score>0.97。在远缘同源新型抗生素耐药基因发现任务中，FunGeneTyper在人类肠道、污水和土壤微生物组中的F1-score分别达到0.6948、0.6072和0.5445，显著超过现有序列比对和结构域注释方法，拓展了未知功能基因发现能力。针对RNA病毒高度变异的特点，基于其特有的RNA聚合酶（RdRp）功能基因，建立轻量级模型Rider，结合蛋白语言模型和Transformer，识别高度分

化及短片段RNA病毒。利用仅3,500万参数的轻量级预训练模型实现超44倍速度提升，应用于超10,000个宏转录组数据集，发现3,016条遗漏的RNA病毒候选序列。

综上，本研究构建了覆盖基因组、蛋白质和病毒序列的深度表征学习方法体系，为未知功能解析、病原风险识别、病原监测及One Health评估提供了新工具。

关键词：微生物组，DNA 和蛋白质序列，计算生物学，深度学习，功能预测，风险评估

Deciphering Pharmaceutical Resistance in Sulfur-driven Autotrophic Denitrification: An Integrated Multi-Omics and Artificial Intelligence-Driven Structural Biology Approach

黄冬琪[1]，周思宁[1]，贾妍艳[2]，颜玉坚[1]，吕慧[1*]

（1. 中山大学环境科学与工程学院，广州 510000；2. 中山大学生态学院，深圳 518000）

*通讯作者，E-mail：lvhui3@mail.sysu.edu.cn

Abstract：Sulfur-driven autotrophic denitrification (SdAD) is a promising low-carbon technology for nitrogen removal; however, its stability and adaptive mechanisms under pharmaceutical stress remain poorly understood. In this study, ibuprofen (IBU) was used as a representative pharmaceutical to investigate the response of an SdAD system. Throughout the 210-day operational period, the system demonstrated exceptional functional robustness, maintaining high sulfide (97.46 ± 3.18%) and inorganic nitrogen (99.17 ± 4.34%) removal efficiencies across IBU concentrations ranging from environmentally relevant levels to elevated shock loads (100-2000 μg/L). Underpinning this macroscopic stability, community-level analyses revealed that instead of succumbing to inhibition, the SdAD microbiome actively reorganized its composition and topological structure to accommodate the selective pressure. This adaptation was characterized by enhanced microbial diversity and stress-induced network modularity (particularly at 100-500 μg/L), alongside strengthened cooperative interactions between sulfur-oxidizing bacteria and denitrifiers. To unravel

the specific molecular drivers of this resilience, we integrated AlphaFold-based structural modeling with machine learning-coupled molecular docking. This enabled us to resolve the three-dimensional structure of sulfide: quinone oxidoreductase (SQR) and perform the first structure-function analysis of SQR within an SdAD context under pharmaceutical stress, revealing that arginine residues serve as key interaction hotspots for IBU binding. Consistent with this binding mechanism, multi-omics data further corroborated a systemic adjustment involving the coordinated regulation of sulfur oxidation genes and the transcriptional upregulation of arginine biosynthesis pathways. Overall, these findings shed light on how the SdAD community mitigates pharmaceutical toxicity through a multi-tiered strategy involving ecological network reorganization and metabolic compensation. Methodologically, this work highlights the value of integrating artificial intelligence-driven structural biology with multi-omics analyses to decode the mechanisms of contaminant resistance in biological wastewater treatment systems.

Keywords： Sulfur-driven autotrophic denitrification; Ibuprofen; Microbial interactions; AlphaFold; Machine learning

河流中抗生素耐药性传播的关键驱动因素：废水输入、环境选择还是生态作用？

高方舟[1*]

（1. 华南师范大学环境学院，广州 510006）

*通讯作者，E-mail：fangzhou.gao@m.scnu.edu.cn

摘要：河流是连接自然生态系统与人类活动的重要纽带，也是抗生素耐药性（AMR）传播的关键环境。然而，目前仍不清楚废水排放、化学污染物和微生物生态过程在河流AMR传播中的相对贡献。本研究围绕河流环境中AMR传播驱动机制，综合采用大尺度野外调查、受控介观生态系统实验和全国尺度宏基因组分析，系统评估了废水输入、环境选择和微生物群落结构对河流抗生素抗性基因（ARGs）传播的影响。

基于珠江和湘江流域多季节调查，研究发现我国河流中ARGs广泛存在，受城市和畜禽养殖活动影响的河段具有更高的耐药水平。源解析分析表明，污水处理厂是河流ARGs最主要的来源，其贡献与河流耐药水平密切相关。进一步研究发现，河流ARGs具有明显季节变化。在常规年份，丰水期由于河流径流增加，来自土壤等低耐药背景微生物的输入增加，ARGs相对丰度降低；而洪水期间，由于污水溢流和面源污染增强，废水来源微生物比例显著增加，导致河流耐药水平明显升高，说明废水输入是驱动河流耐药传播的直接因素。

针对环境选择作用，研究结合湘江重金属污染调查和淡水介观生态系统实验，评估了抗生素、重金属等化学污染物对AMR的影响。结果表明，在多数自然河流中，化学污染物浓度与ARGs丰度之间不存在稳定相关关系，而废水来源仍是决定河流耐药水平的主要因素。介观实验进一步发现，单一化学污染物即使在较高暴露浓度下，对耐药组组成和丰度的影响总体有限；相比之下，多种化学物质共同作用可产生协同效应，增强耐药性的变化，提示环境相关浓度的单一污染物可能不是河流AMR传播的主要驱动力，而复合污染值得进一步关注。

为探究微生物生态过程对AMR传播的影响，本研究进一步整合全国两千余个宏基因组数据开展分析。结果显示，微生物群落组成与耐药组组成具有高度一致性，微生物多样性与耐药基因多样性呈显著正相关，且更多ARGs在高多样性群落中具有更高丰度。这表明，较高的微生物多样性并不一定抑制耐药性传播，而可能通过提供更多潜在宿主促进ARGs的长期维持。

综上，本研究认为，在寡营养、动态变化的河流生态系统中，废水输入是驱动抗生素耐药性传播的主导因素，而环境选择作用总体弱于传统认识；同时，微生物多样性通过扩大ARGs宿主范围促进其持续存在。研究深化了对河流环境AMR传播机制的认识，为流域耐药污染防控和水环境健康风险管理提供了重要科学依据。

关键词：河流、抗生素耐药性、抗生素抗性基因、废水输入、环境选择、微生物多样性

基于深度学习预测肺炎克雷伯菌噬菌体编码的多糖解聚酶

欧竑宇

（上海交通大学生命科学技术学院微生物代谢国家重点实验室）

hyou@sjtu.edu.cn

【研究目的】肺炎克雷伯菌是临床常见的革兰阴性耐药病原菌。噬菌体编码的多糖解聚酶可降解肺炎克雷伯菌的荚膜多糖，展现出良好的抗菌潜力。目前已有一些生物信息学软件可用于预测噬菌体多糖解聚酶，但这些工具普遍存在预测效率低、泛化能力弱、无法预测解聚酶特异性靶向等问题。本研究采用预训练蛋白质语言模型和 Transformer 架构，研发肺炎克雷伯菌噬菌体多糖解聚酶及其靶向宿主荚膜分型的预测方法 DposFinder。【方法】DposFinder 结合预训练蛋白质语言模型 ESM-2 提取蛋白质序列的通用特征，通过下游的一维卷积层与 Transformer 层进一步学习并提取多糖解聚酶特异性序列特征，基于该特征计算出目标蛋白的解聚酶概率估计值。DposFinder 还利用注意力分数提取解聚酶的特征子序列，并与已知解聚酶比对预测其靶向的肺炎克雷伯菌荚膜分型。在解聚酶独立测试集上，DposFinder 预测 AUC 达到 0.991，优于现有的解聚酶预测工具 DePP 和 SpikeHunter。实验结果表明，在 9 个新测序的肺炎克雷伯菌噬菌体中，DposFinder 成功预测了 10 个多糖解聚酶，并准确预测了其中 9 个解聚酶靶向的荚膜分型。此外，DposFinder 对公开数据库中超过 44 万个噬菌体基因组进行了多糖解聚酶的大规模预测，共识别出 10 万余条潜在的解聚酶序列。【结果】深度学习模型 DposFinder 能够高效预测噬菌体解聚酶，并基于注意力机制预测其靶向的肺炎克雷伯菌荚膜分型。DposFinder 还提供了一个噬菌体多糖解聚酶分析平台（https://tool-mml.sjtu.edu.cn/DposFinder/），将有助于实验人员进行解聚酶的发现、鉴定及功能分析，为耐药菌感染的治疗提供新的策略。

关键词：肺炎克雷伯菌；噬菌体多糖解聚酶；深度学习；生物信息学软件

参考文献：

1. Shen Y#, Lun H#, Zhang Y, Wang Z, Tai C, Chen X*, Song J*, He P*, **Ou HY*** (2026) DposFinder: an interpretable transformer model for predicting phage-derived polysaccharide depolymerases and their host capsular serotypes. *Genome*

Medicine, 18(1):75.

2. Zhang Y, Guan J, Li C, Wang Z, Deng Z, Gasser RB, Song J*, **Ou HY*** (2023) DeepSecE: a deep learning-based framework for multi-class prediction of secreted proteins in Gram-negative bacteria. *Research*, 6:0258.

链霉菌 G1 挥发物通过微生物组重塑与宿主防御增强抑制苹果轮纹病

郭胜志[1]，程齐[1]，沈锡辉[1*]

（1. 西北农林科技大学生命科学学院，陕西杨凌 712100，中国）

*通讯作者，E-mail：xihuishen@nwafu.edu.cn

摘要：苹果轮纹病由 *Botryosphaeria dothidea* 引起，是苹果贮藏与运输过程中重要的采后病害。微生物挥发性有机物能够在无直接接触条件下抑制病原菌，但其是否同时影响果实病斑微生物组和宿主防御仍不清楚。本研究整合挥发物抑菌试验、GC–MS挥发组分析、病斑边缘微生物组测序、功能菌分离验证及苹果转录组分析，系统解析 *Streptomyces albidoflavus* G1挥发物对苹果轮纹病的抑制机制。结果表明，G1挥发物显著抑制病原菌生长，降低病原积累和病斑扩展，并减轻果实失重和硬度下降。石竹烯、法尼醇、葎草烯、肉桂酸和苯乙醇等代表性挥发物可抑制真菌生长、生物膜形成并破坏菌丝膜完整性。病原侵染背景下，G1挥发物显著提高病斑边缘假单胞菌相关丰度；分离获得的 *Pseudomonas* sp. aNRL1 抑菌率达98.4%，并使苹果病斑面积减少78%。苹果转录组进一步显示，G1挥发物可恢复油菜素内酯信号，调节MAPK相关反应，并促进脂质代谢及角质层和蜡质合成。综上，G1挥发物通过直接抑制病原菌、重塑病斑微生物组和激活苹果防御屏障协同抑制苹果轮纹病。

关键词：苹果轮纹病，微生物挥发性有机物，苹果微生物组，微生态防控

铜绿丽金龟及其肠道共生微生物协同降解生物质的机制研究

李学文[1]，栾军波[1*]

（1. 沈阳农业大学植物保护学院，沈阳，110866）

*通讯作者，Email: jbluan@syau.edu.cn

摘要：昆虫及其肠道共生微生物在协同降解生物质方面发挥重要作用，系统探究内部机制对农业生物质资源化利用具有重要研究价值。金龟子是一类重要的降解生物质的昆虫，肠道中富含大量微生物资源，但目前仍未见有对铜绿丽金龟肠道微生物的相关研究。

本研究以铜绿丽金龟为试验材料，整合高通量组学测序、秸秆理化性质表征及功能酶活测定等多种技术手段，系统探究其玉米秸秆降解能力、肠道微生物群落组成及昆虫-微生物协同降解机制。

结果表明，铜绿丽金龟可高效降解玉米秸秆，铜绿丽金龟取食后，秸秆中纤维素与半纤维素含量显著降低。经抗生素处理后，铜绿丽金龟对秸秆的降解能力显著降低，表面肠道微生物在宿主降解秸秆的过程中发挥重要作用。通过转录组与宏基因组测序发现，铜绿丽金龟及其肠道微生物均编码多种碳水化合物活性酶，但铜绿丽金龟体内缺少编码用以降解木质素与果胶的关键酶系，肠道微生物编码完整的木质纤维素降解酶系，可用以弥补宿主在生物质降解酶系中的功能缺陷。通过比较多种取食生物质昆虫基因组发现，昆虫体内均缺少完整的木质纤维素酶系，必须依赖共生微生物的协助降解生物质。通过扩增子及宏基因组测序技术，对比分析不同发育阶段、不同食物条件及近缘物种的菌群差异，明确了铜绿丽金龟肠道核心微生物组成。利用传统分离培养技术，成功从铜绿丽金龟不同发育阶段肠道中分离出 500 余株菌株，部分菌株为首次从昆虫中分离得到，其中部分菌株表现出较强的木质纤维素酶活性及秸秆降解能力。

本研究初步揭示了铜绿丽金龟及其肠道微生物的协同降解秸秆的机制，有助于推动铜绿丽金龟肠道微生物的开发与利用，为深入研究昆虫及其肠道共生微生物降解植物生物质的机制研究奠定基础。

关键词：铜绿丽金龟；肠道共生微生物；秸秆生物降解

应用一类整合子作为畜禽养殖中抗菌药耐药风险的通用指示指标

姚成程[1]，刘子述[1*]，钱勋 1*

（1. 西北农林科技大学资源环境学院，杨凌 712100）

*通讯作者，E-mail：liuzishu@nwafu.edu.cn & qianxun@nwafu.edu.cn

摘要：畜禽养殖环境是抗菌药耐药性的主要储库，而目前可用于抗菌药耐药风险监测的定量遗传指标数量有限。其中，一类整合子被认为是有潜力的候选指标，因其被广泛认为能够促进抗生素抗性基因在不同环境中的传播。然而，其是否适合直接表征畜禽养殖相关耐药风险，目前仍缺乏充分论证。在本研究中，我们整合了4,017个畜禽来源宏基因组、9,625个分离株基因组以及约120万个临床基因组，系统评估了一类整合子的抗生素抗性基因捕获特征及其潜在传播机制。分析依托我们自行构建的“一类整合酶数据库”进行，该数据库较现有公共数据库扩充了67%，包含242条非冗余整合酶蛋白序列。结果显示，*intI1*丰度呈现明显的地域和宿主依赖性分布特征，与全球畜禽养殖相关AMR风险格局高度一致。畜禽来源的一类整合子主要携带结构紧凑且保守的抗性基因盒阵列，其耐药谱以畜禽养殖中广泛使用的抗生素类别为主导，主要为氨基糖苷类（44.6%）、甲氧苄啶类（33.9%）、苯丙醇类（9.4%）和消毒剂类（5.8%），且与临床环境中的耐药谱高度吻合。侧翼序列分析进一步揭示，几乎所有携带抗性基因的一类整合子均定位于质粒上，其高效传播由质粒与辅助转座子（包括Tn402家族、ISCR家族和IS110家族）协同驱动，赋予其显著的传播潜力。基于上述发现，我们构建了一个机器学习框架，实现了对全球*intI1*丰度及相关AMR风险的预测（$R^2 = 0.93$），并识别出亚洲、撒哈拉以南非洲和南美洲在过去二十年间为持续性高风险热点区域。综上所述，本研究验证了*intI1*可作为畜禽养殖相关AMR风险的稳健定量替代指标，并为将基于整合子的指标纳入“一体健康”导向的AMR监测与预警体系提供了数据驱动的基础。

关键词：一类整合子；抗生素抗性基因；遗传指示因子；抗菌药耐药风险；一体健康

议题五：环境微生物与元素循环

产甲烷菌驱动乙烯还原为乙烷：厌氧碳氢循环中的解毒机制

李晓翠[1]，严俊[1*]，杨毅[1*]

（中国科学院沈阳应用生态研究所，污染生态与环境工程研究中心，沈阳，辽宁）

通讯作者：junyan@iae.cac.cn； yangyi@iae.ac.cn

摘要：乙烯（C_2H_4）是碳氢生物地球化学循环及氯代烯烃还原脱氯过程的关键中间产物。在厌氧环境中，乙烯可进一步还原为乙烷（C_2H_6），但驱动该过程的核心微生物类群长期不明，其在元素循环中的生态功能亦被严重低估。本研究从沈阳细河沉积物中富集获得稳定转化的微生物菌群，可将乙烯近乎化学计量地转化为乙烷（摩尔回收率>98%），经多次转接后还原速率持续提升。16S rRNA 扩增子测序显示，随转接进行，群落结构发生显著趋同演化：甲烷八叠球菌属（*Methanosarcina*）从初始低于1%富集至42%以上，甲烷鬃菌属（*Methanosaeta*）、甲烷泡菌属（*Methanofollis*）、甲烷粒菌属（*Methanocorpusculum*）及甲烷杆菌属（*Methanobacterium*）等产甲烷古菌亦同步显著增殖，提示多种产甲烷菌共同参与该还原过程，宏基因组分析进一步证实了多个产甲烷菌基因组的高度富集。产甲烷特异性抑制剂溴乙烷磺酸盐（BES）可完全抑制乙烯还原与产甲烷活性，证实产甲烷菌为该过程的核心功能群。浓度梯度实验表明，高浓度乙烯（≥0.8%，v/v）对产甲烷及乙烯还原均产生显著抑制，而乙烯被还原为乙烷后该抑制得以解除，提示乙烯还原是产甲烷菌解除底物毒害的重要策略。碳源切换与群落分析进一步揭示，梭菌属（*Clostridium*）通过乳酸发酵持续供给还原力，与产甲烷菌群形成紧密互营关系。BES 处理下，*Methanosaeta*、*Methanofollis* 等敏感类群被显著抑制的同时乙烯还原丧失，而 *Methanosarcina* 虽存留却无法单独维持还原，提示该过程依赖多类产甲烷菌的协同代谢。本研究系统证明多种产甲烷古菌共同介导乙烯厌氧还原为乙烷。该过程在解除乙烯毒害的同时改变了碳素在 C_2 烃类间的分配流向，是厌氧碳氢元素循环中先前被忽视的重要环节，也为评估氯代烃污染场地的自然衰减潜力提供了新的微生物指示依据。

关键词：乙烯还原 乙烷 产甲烷菌 互营代谢 碳氢元素循环

结构与功能研究提示 DnfC 是 Dirammox 途径中的一种潜在的谷氨酰胺酰胺转移酶

王晓康，秦亚玲，李洁，田琳琳，成英，刘双江，李德峰*

（微生物研究所，中国科学院，北京市，中国）

lidefeng@im.ac.cn

摘要：氨氧化是微生物氮循环中的关键过程。除经典硝化作用和厌氧氨氧化外，近年来在产碱杆菌中发现了一条新的异养氨氧化途径——直接氨氧化（Dirammox）。在该过程中，氨先同化为谷氨酰胺，经 DnfABC 多酶系统转化为羟胺（NH2OH）并最终生成氮气（N2）。目前，DnfA 已被证明可催化羟胺氧化为 N2，DnfB 可能参与电子传递，而 DnfC 的功能仍存在争议。本研究通过 2.2 Å 晶体结构解析、定点突变和酶活测定，发现 DnfC 具有一个对 NH2OH **生成至关重要的保守催化口袋**。谷氨酰胺水解是必要步骤，但不足以支持 NH2OH 生成；L-GlnγHXM 水解并非必需。结果提示 DnfC 更可能作为潜在的谷氨酰胺酰胺转移酶参与 Dirammox 上游反应。

关键词：异养硝化；直接氨氧化（Dirammox）；N_2形成；产碱杆菌属；酰胺转移酶；DnfC

碳源复杂度驱动脱卤菌群互作网络重塑与脱氯-产甲烷协同的机制

李亚如[1]，王一鸣[2]，赵宗山[1*]

（1. 青岛大学环境与地理科学学院，青岛 266071； 2. 中国科学院重庆绿色智能技术研究院，重庆 400714）

*通讯作者，E-mail：zhaozs@qdu.edu.cn

摘要：微生物还原脱卤是卤素循环的关键环节，也直接参与有机碳的矿化与转化，深刻影响碳库的动态平衡，但其协同机制尚不清晰。本研究以长江三峡水库沉积物中富集的厌氧脱卤菌群为对象，系统考察了六种小分子有机酸（乙酸、乳酸、丙酸、丁酸、甲酸、丙酮酸）在单一、双组分及三组分组合条件下，对该菌群还原三氯乙烯（TCE）和产甲烷过程的影响，揭示碳源复杂度调控微生物互

作的生态机制。结果表明，多组分碳源显著提升脱卤速率，其中乳酸-甲酸-丙酮酸（LFPa）组合速率最高，达 85.51 μmol Cl^-/L·天。产甲烷速率则呈现强烈的碳源依赖性，单一甲酸组最高（90.25 μmol/L·天），而乙酸-丙酸组合显著抑制产甲烷过程（7.05 μmol/L·天）。宏基因组分析获得 90 个中高质量 MAGs，包括 *Dehalococcoides mccartyi*、*Desulfovibrio desulfuricans* 及 *Methanobacterium formicicum* 等。结合宏转录组结果揭示三条主要碳转化路径：乳酸→丙酮酸→乙酰辅酶 A、丙酸→乙酰辅酶 A、丁酸→乙酰辅酶 A。微生物共现网络分析显示碳源复杂度增加通过调控上述碳代谢途径，使微生物互作从竞争主导转向平衡状态（正相关比例收敛至约 48–49%），尤其是在 LFPa 组合条件下，脱卤与产甲烷可形成“协同窗口”，挑战了二者竞争的经典观点。本研究为碳-卤代谢耦合提供了机制性见解，为污染场地生物修复提供可预测的碳源优化方案，兼顾脱卤效率与微生物系统稳定性。

关键词：碳循环、卤素循环、厌氧脱卤菌群、碳源转化途径、生物修复

外膜蛋白有助于假单胞菌不含典型信号肽的过氧化物酶分泌机制解析

梁丛颖[1]，朱雯萍[1]，林璐[1*]

（1. 海洋研究院 山东大学，青岛，山东 266237）

*通讯作者，E-mail：linlu2019@sdu.edu.cn

摘要：脂蛋白和 OmpW 是革兰氏阴性菌外膜的两种主要成分，在蛋白质分泌、折叠和定位等多种生理过程中发挥重要作用。它们通常协助分泌蛋白处于折叠状态，或在分泌过程中形成孔道，有助于蛋白通过。然而，外膜蛋白如何促进缺乏经典信号肽的蛋白质分泌，目前仍不清楚。本研究证明，这些蛋白有助于假单胞菌（*Pseudomonas putida*）中不含典型信号肽的 B 型染料脱色过氧化物酶（$DypB_{2985}$）的分泌。含有 Sec 信号肽的脂蛋白 Lpp_{1528} 通过 Sec 途径转运到周质，并锚定在外膜的内叶。Lpp_{1528} 识别 $DypB_{2985}$ 的 C 端疏水区域，促进其与 Sec 途径的转运蛋白相结合，实现跨内膜转运至周质空间。随后，这两个蛋白在周质发生解离。外膜蛋白 $OmpW_{4836}$ 识别周质中 $DypB_{2985}$ 的 N 端疏水区域，并介导其包裹到外膜囊泡（OMVs）中，进而分泌到细胞外。本研究揭示了 Sec 途径与 OMVs

协同介导不含典型信号肽的过氧化物酶的分泌，其中外膜蛋白作为分子接头，介导这一分步分泌过程。该拓展了我们对非经典蛋白质分泌机制和细菌生存策略的理解。此外，所发现的 OMVs 分选机制为进一步开发 OMVs 作为多功能生物技术平台提供了机理支撑。

关键词：蛋白分泌，B-型染料脱色过氧化物酶，外膜蛋白，Sec 途径，外膜囊泡

气候变化背景下文化遗产保护研究的新尝试

胡鹏飞[1*]，顾继东[2]

（1 宁波大学，宁波 315211；2 广东以色列理工学院，汕头 515063）

通讯作者 E-mail: hupengfei@nbu.edu.cn

摘要：在全球环境变化与人类活动加剧的背景下，世界文化遗产地正承受日益增加的环境压力。基于构建的遗产环境负担指数（HEB），对全球遗产地环境风险进行评估。结果表明，HEB 呈显著右偏分布，少数遗产地承担了主要的污染负担，其中氮污染是推动遗产环境压力及其高风险尾部扩张的重要因素。进一步研究表明，人类活动产生的大量活性氮（Nr）沉降不仅通过酸沉降等化学过程促进石材和混凝土的溶蚀，还通过微生物作用显著加速文化遗产劣化。沉降的 NH_x 和 NO_y 改变石质文物表面微生物群落结构，促进氮循环相关代谢与生物酸产生，导致硝酸盐累积、钙质矿物溶解及孔隙度增加，并在微生物侵入作用下进一步破坏材料内部结构。研究从宏观污染压力识别到微观微生物作用机制揭示了活性氮驱动的文化遗产劣化过程，为理解全球文化遗产退化机制及制定针对性的保护与环境治理策略提供了新的科学依据。

关键词：气候变化；遗产保护；微生物劣化

运城盐湖土地利用类型对土壤微生物群落结构及碳氮硫循环的影响研究

杨海鑫[1,2]，张全喜[1,2,*]，郑先云[2]，郭东罡[1]

（1 山西大学环境与资源学院，太原，030006；2 山西大学环境科学研究所，太原，030006）

通讯作者 E-mail: qxzhang@sxu.edu.cn

摘要：土地利用变化通过改变植被覆盖、养分输入及干扰强度等直接影响微生物的栖息地条件，进而重塑微生物群落结构与功能。然而，目前关于内陆封闭盐碱湖泊湿地不同土地利用类型下微生物群落构建机制及其元素循环功能的比较研究仍显不足。本研究以运城盐湖湿地为对象，选取草地（GL）、农田（FL）和湖堤（EM）三种典型土地利用类型，利用高通量测序技术（16S、ITS 及宏基因组）系统分析了表层土壤（0-20 cm）微生物群落结构及碳（C）、氮（N）、硫（S）循环状况。结果表明：土壤盐分梯度与养分有效性是驱动微生物群落结构与元素循环空间变异的主要因素。细菌群落构建主要受环境异质性选择（确定性过程）驱动，而真菌群落结构则主要由漂变（随机过程）主导。盐分适中且养分丰富的草地生态系统具有更高的微生物共现网络复杂度与元素循环潜力（如甲烷降解）。相比之下，极端高盐胁迫下的湖堤生态系统形成了独特的跨界合作模式（细菌-真菌互作比例升高），并对微生物元素循环施加了选择性压力。参与 C、N、S 循环的微生物类群多样性较高，进一步反映了微生物在维持湿地元素循环中的关键作用。本研究揭示了内陆盐碱湖泊湿地微生物在不同土地利用类型下的适应性策略及其驱动的元素地球化学循环机制，为理解极端环境中微生物生态功能提供了重要的区域案例。

关键词：运城盐湖；土壤微生物；碳氮硫循环

卤代甲烷还原脱卤强化汞甲基化过程

申睿[1]，汪善全[1*]

（1. 中山大学环境科学与工程学院，广州 510006）

*通讯作者，E-mail：wangshanquan@mail.sysu.edu.cn

摘要：微生物汞甲基化是全球汞循环中的关键过程，可将无机汞转化为具有神经毒性的甲基汞并通过食物链进行生物累积和放大，对生态系统和人类健康构成严重威胁。该过程由*hgcAB*基因簇编码的HgcA和HgcB蛋白介导。然而，汞甲基化是一种共代谢过程，并不支持细胞生长；但*hgcAB*基因却广泛分布于各类环境中，甚至在汞含量极低的生境中亦有检出。因此这一现象引出了一个问题，即是否存在驱动该功能起源、进化与维持的其他底物。

本研究发现，卤代甲烷可以作为代谢底物维持汞甲基化微生物的活性，并可能驱动了*hgcAB*的演化。经证实，两株汞甲基化模式菌（*Pseudodesulfovibrio mercurii* ND132和*Geobacter sulfurreducens* PCA）均可进行卤代甲烷（如四氯甲烷和三溴甲烷）脱卤。异源表达的HgcAB在大肠杆菌中同时催化了四氯甲烷脱氯和汞甲基化。四氯甲烷脱氯能够支持细胞生长，其最大反应速率（*V*max）比汞甲基化高出500倍以上。此外，卤代甲烷单独存在即可维持一个合成微生物群落的汞甲基化活性，无需任何外源碳源、电子供体或电子受体。全球宏基因组分析了2,786个海洋和陆地样品，结果显示*hgcAB*丰度与卤代甲烷浓度呈显著正相关；携带*hgcAB*基因的环境样品所构建的微宇宙实验均表现出四氯甲烷脱氯活性，进一步支持了自然环境中卤代甲烷转化和汞甲基化的耦合关系。

本研究揭示了一个此前未被认识的耦合机制，即有机卤化物循环与汞循环之间通过微生物代谢过程直接关联。其中卤代甲烷的代谢可促进自然环境中的汞甲基化；在汞与卤代甲烷共污染的区域，甲基汞相关的生态风险可能被显著低估。考虑到卤代甲烷在早期地球上大量存在，本研究还提出卤代甲烷可能构成了驱动*hgcAB*起源与演化的一个主要选择压力。

关键词：卤代甲烷，微生物脱卤，汞甲基化

盐湖湿地中的抗生素耐药性基因及其与微生物碳、氮和硫代谢功能的关联

杨海鑫[1,2]，张全喜[1,2*]

（1 山西大学环境与资源学院，太原，030006；2 山西大学环境科学研究所，太原，030006）

通讯作者 E-mail: qxzhang@sxu.edu.cn

摘要：抗生素耐药基因（ARGs）在环境介质中的广泛分布和持久存在已成为一种严重的公共卫生威胁。然而，目前对高盐度湿地生态系统中 ARG 谱及其与微生物介导的元素循环潜在关联的认识仍然有限。在此，我们采用高通量测序技术，对中国运城盐湖湿地的目标 ARGs 进行了系统分析，研究了其空间分布、调控因子以及与元素代谢的关联。四环素类和磺胺类 ARGs 占主导地位，其空间分布呈现“湖堤 > 北岸 > 南岸”的异质性模式。氟喹诺酮类和大环内酯类 ARGs 的分布因其异构体不同而存在差异。微生物群落的组装主要受确定性过程（环境异质性选择）调控。随机森林分析将 SO42-识别为主要的非生物驱动因子，并将细菌群落组成识别为与 ARGs 相关的关键生物因子。在高盐度应激条件下，抗性性状在理论上与核心代谢功能耦合，以平衡能量消耗与生存。本研究发现 ARGs 与元素循环基因之间存在显著相关性。具体而言，四环素类抗生素耐药基因（ARGs）与碳降解和固碳基因呈正相关，而磺胺类抗生素耐药基因则与特定的碳和氮循环基因呈负相关。PLS-PM 分析揭示了一条连贯的连锁反应：环境因素与微生物群落组成相关，而微生物群落组成又与抗性基因谱相关。在此连锁反应中，磺胺类抗性基因与碳代谢潜力呈正相关，而总体栖息地条件则与较低的氮和硫代谢潜力相关。本研究为理解极端高盐度环境中抗性基因的生态风险提供了相关证据。

关键词：抗生素耐药基因；盐碱湿地；元素循环；微生物群落；级联效应

运城盐湖不同盐度水体中微生物碳循环机制研究

刘佳

（环境与资源学院,山西大学,太原,山西省,中国）

摘要：木质纤维素的高效转化依赖多类微生物协同参与，但群落中通常只有部分成员能够分泌胞外酶并直接启动降解，大量非降解成员则依赖降解产物生长。传统观点将这类非降解者视为利用公共资源的“搭便车者”，但难以解释其为何能够在天然降解菌群中长期存在，及其生态意义。

报告首先介绍天然木质纤维素降解菌群中不同降解者如何协同降解木质纤维素中的多糖组分，以及非降解者提供限制性营养因子，反向促进降解者的生长和功能维持，从而形成双向资源交换。重点围绕：1. 降解菌如何有效限制可利用碳源的过度释放，使群落在资源共享与竞争约束之间维持动态平衡；2. 血红素类重要辅因子在木质纤维素降解菌群中的受控分享过程，及该过程对微生物环境适应和种间互作关系的影响。

本报告旨在说明，复杂底物利用所产生的功能分工不仅形成碳源层面的相互依赖，还可进一步延伸至营养因子和代谢辅因子层面。多层次资源交换由此推动群落成员由单纯竞争或公共资源利用转向代谢依赖与互惠共存，并共同维持天然有机碳转化过程的稳定性，为理解微生物群落的组织原则及稳定合成菌群设计提供理论依据。

关键词：盐度梯度；微生物群落结构；碳循环机制；宏基因组；分离培养

轮胎磨损微塑料生物膜和水铁矿共暴露下对微生物驱动氮转化的影响

郑志杰[1,2]，唐景春[2*]

（1. 长江大学，城市建设学院，荆州，434023；2. 南开大学，环境科学与工程学院，天津，300350）

通讯作者 E-mail：tangjch@nankai.edu.cn

摘要：普遍存在于地表水中的轮胎磨损微塑料（T-MPs）通过影响关键酶活性和功能基因编码来影响功能微生物，而对生物驱动的氮转化造成影响。水铁矿

在水体中对微塑料有很强的亲和力并通过促进微生物的聚集和电子传递来影响氮转化。然而形成生物膜的 T-MPs 和水铁矿在水中不可避免的会相互作用，共暴露下对氮转化影响的研究还缺乏。本文通过六周在水体中 T-MPs 和水铁矿的孵育，探究了氮转化过程受到的影响，以及体系中微生物群落的响应。此外，通过宏基因组探究了氮转化酶与功能基因受到的调控作用。T-MPs 在形成生物膜的过程中对水铁矿有吸附作用，且水铁矿在生物膜形成过程中起到了促进的作用。共暴露对反硝化过程起到了联合促进作用，共暴露下，12 h 的硝酸盐去除效率与单一水铁矿和 T-MPs 比较提高了 32.37%和 25.74%，亚硝酸盐的积累与去除以及氧化亚氮更高浓度的产生说明共暴露对反硝化过程起到了联合促进作用，刺激了氮转化进程。此外，共暴露条件下水体中特有物种数目达到 101，α 多样性指数也表征出丰富的微生物群落，特别是功能微生物 *Firmicutes* 以及 *Thauera* 的富集，这些微生物群落的改变使氮转化功能得到了强化。水铁矿在体系中促进了完全反硝化过程，强化了氮转化微生物在 T-MPs 生物膜中的作用。T-MPs 生物膜和水铁矿的共暴露中硝化和反硝化过程的促进与酶和功能基因（*napA*, *nrtC*, *nirB*, *nosZ*）丰度的增加密切相关。与周围水体相比较，T-MPs 生物膜中与硝酸盐和亚硝酸盐还原相关的基因（*narG*，*narI*）展现出更高丰度。这项研究对 T-MPs 与水铁矿共暴露的相互作用对氮转化的影响提供了重要见解并对反硝化过程的稳定性有重要意义。

关键词：微塑料生物膜，轮胎磨损微塑料，氮转化，宏基因组

滨海湿地氮循环中被忽视的氧化古菌属 Nitrosomaritimum

赵泽[1]，鞠峰[2*]

（1. 西湖大学工学院，杭州 310030；2. 西湖大学生命科学学院，杭州 310030）

*通讯作者，E-mail：jufeng@westlake.edu.cn

摘要：氨氧化古菌（AOA）广泛分布于海洋、土壤等各种自然环境中，是全球氮循环和碳循环的重要驱动者。海洋AOA主要由*Nitrosopumilaceae*科成员构成，但当前研究对于滨海湿地这一陆海交互带中AOA的多样性、组成与生态功能仍缺乏系统认知，尤其是缺氧沉积物中优势AOA类群尚未得到充分解析。此外，潮间带湿地具有显著的盐度、氧气等环境因子梯度，是氮素转化的热点区域，也为

AOA类群的生态位分化提供了多样化的环境条件。

首先，本研究采集江苏盐城湿地潮间带沉积物和地下水样品，综合运用宏基因组学、宏转录组学、系统发育基因组学等方法，发现了一个在潮间带沉积物中占主导地位的AOA新属，命名为*Candidatus* Nitrosomaritimum (*Nm*)。该属广泛分布于全球河口-海岸带环境及海洋沉积物。环境因子关联分析表明，盐度和溶解氧梯度是驱动该属亚系间生态位分化的关键因素。功能潜力分析表明，该属具有尿素利用潜力，并编码Phn磷酸盐转运系统以促进磷酸盐摄取，同时携带假定的氧化亚氮还原酶基因*nosZ*，可能介导胞内产氧氧氨氧化代谢中的氧化亚氮还原。

其次，尽管上述结果揭示了*Nm*属AOA的潜在生态重要性，但其环境分布和氨氧化代谢贡献仍可能因标记基因数据库中的系统分类偏差而被低估。为解答这一问题，本研究整合SILVA数据库的16S rRNA基因参考序列与GTDB数据库基因组的提取序列，构建*Nitrosopumilaceae*科AOA的系统发育树，结合GTDB基因组分类注释识别出*Nm*属的单系群，并纠正了约15%原先被归入*Nitrosopumilus* (*Np*)属的SILVA参考序列。既往分类偏差可能高估*Np*属的环境丰度，同时掩盖主要富集于缺氧沉积物中的*Nm*属AOA。

最后，本研究基于修正后的分类注释信息构建了用于解析微生物群落中*Nm*属相对丰度的16S rRNA基因分类器。同时，本研究设计并验证了用于特异性扩增*Nm*属*amoA*基因序列的定量PCR引物对AOAnm3bF-AOAnm3aR，并更新了适用于*amoA*基因扩增子数据的物种分类器。综合运用上述工具分析潮间带沉积物中的AOA，结果发现*Np*在氧气充足的表层海水中丰度较高，而 *Nm*属 在氧气不足、扩散受限的深层沉积物中仍具有较高丰度，表明二者在滨海湿地生境中具有明显的生态位分化。

综上，本研究实现了从*Nitrosomaritimum*属AOA的基因组发现、功能识别到分类学修正、环境定量和生态特征解析的系统衔接，揭示了该沉积物适应型AOA类群在滨海湿地氨氧化及氮循环中的潜在重要贡献。同时，本研究也为识别和定量因参考分类体系不完善而长期被掩盖的微生物未知谱系提供了可推广的研究框架。

关键词：滨海湿地，*Nitrosomaritimum*，氨氧化古菌，氮循环，宏基因组，扩

增子测序，定量 PCR，生态位分化

镉污染重塑水稻土微生物群落与功能

李云涛[1,2]，高岩[1,2*]，陈未[1,2]，张维国[1,2]，卢信[1,2]

（1. 江苏省农业科学院农业资源与环境研究所，南京 210014；2. 江苏省农业科学院农业农村部长江下游平原农业环境重点实验室，南京 210014）

*高岩，E-mail：ygao@jaas.ac.cn

摘要： 镉（Cd）污染已成为全球农业生态系统中备受关注的环境问题，然而其对土壤微生物群落结构及生态功能的影响尚缺乏系统认识。本研究以苏南地区典型稻田土壤为对象，系统探究了不同浓度镉污染对土壤细菌多样性、种间互作特征及微生物介导的元素循环功能基因的影响，并评估其潜在生态风险。研究区域土壤镉含量为0.076–9.55 mg/kg，共采集33份样品，划分为未污染对照（UC）和镉污染（CC）两组。采用细菌16S rRNA扩增子测序与高通量定量微生物元素循环基因芯片（QMEC）技术，分析了细菌群落组成、共现网络结构以及碳、氮、磷、硫循环相关功能基因的丰度变化。

结果表明，镉污染显著改变了土壤细菌的α多样性与β多样性。污染样品中变形菌门（*Proteobacteria*）和酸杆菌门（*Acidobacteria*）的相对丰度显著升高，随机森林模型进一步确认二者可作为土壤镉污染的生物指示类群。多数元素循环功能基因的丰度与土壤镉含量呈显著负相关，其中乙酰辅酶A合成、有机氮矿化、生物固氮及氧化亚氮还原相关基因对镉胁迫尤为敏感，提示镉污染可能导致微生物源碳、氮库的缩减及N_2O排放潜势的增强。共现网络分析显示，镉胁迫下细菌互作网络趋于稀疏化，但种间竞争关系增强，而关键连接物种（connectors）在维系网络稳定性中发挥重要作用。耐镉菌属如*Massilia*、*Burkholderia*、*Streptomyces*及*Methylobacterium*可维持种间互作的重要类群。其中，*Massilia*属在镉污染条件下显著富集，其丰度与土壤镉含量呈高度正相关，并可能通过尿素水解途径参与镉的固定过程，显示出较强的镉污染修复应用潜力。

综上，镉污染不仅改变了稻田土壤细菌群落结构，还削弱了与碳氮循环及温室气体调控相关的关键生态功能。研究结果凸显了镉污染稻田土壤养分管理与温室气体排放监测的重要性，同时也提示耐镉微生物在维持生态网络稳定及污染

修复中的潜在价值。本研究为解析镉污染下稻田土壤微生态功能退化机制提供了科学依据，也为发展基于微生物调控的土壤修复策略提供了新的视角。

关键词：稻田土壤，镉污染，元素循环基因，微生物互作

防污剂 DCOIT 对海洋沉积物微生物群落结构和功能影响研究

张连辉，蔡礼兵，赵玉杨，张佳鑫，马桥*

（大连海事大学环境科学与工程学院，大连 116026）

*通讯作者，E-mail：xiaoma0556@dlmu.edu.cn

摘要：防污剂DCOIT（4,5-二氯-2-正辛基-4-异噻唑啉-3-酮）在海洋防污系统中应用广泛，研究已经表明其对海洋生物具有一定毒性，但其对沉积物微生物群落的生态影响仍知之甚少。本研究系统探究了海洋沉积物体系在30天内暴露于DCOIT（浓度范围0–50 μg/g沉积物）环境下的响应机制。结果显示DCOIT可引发氧化应激和生物能量代谢障碍，导致微生物活性降低，并抑制参与有机物转化与氮元素代谢的关键酶促过程。扩增子测序表明微生物多样性持续下降且群落结构发生重组，但至第30天时总微生物丰度仍呈现补偿性增长。宏基因组分析表明DCOIT会干扰碳氮循环相关的功能特性，其中*Kordiimonas*、*Aliikangiella*和*Neptuniibacter*菌属可能是氮转化过程中的关键参与者，而*Marinobacter*则更密切关联于DCOIT的转化作用。DCOIT暴露还显著增强了微生物的适应性特征（包括趋化性、运动能力、群体感应及生物膜调控能力），并伴随多重药物外排系统及重金属抗性基因的增加。研究结果为异噻唑啉酮类生物杀灭剂的生态毒理学风险提供了新的见解，并揭示了DCOIT可能破坏沉积物生态系统功能及微生物栖息地健康的风险。鉴于其广泛应用，本研究强调未来需考虑DCOIT在海底环境中积累对微生物生态造成的影响。

关键词：DCOIT，海洋沉积物，绝对定量分析，微生物反应，生态毒理学风险

全球淡水、滨海湿地与海洋沉积物微生物组分化及其潜在碳-氮-硫循环特征

李安吉[1*]

（1. 天津大学，地球系统科学学院，天津，300072）

*通讯作者，E-mail：laj_790@tju.edu.cn

摘要：沉积物是微生物驱动碳、氮、硫转化的重要生物地球化学反应界面，但对淡水、滨海湿地与海洋沉积物微生物群落及其元素循环相关谱系在全球尺度上的分化规律仍缺乏系统认识。本研究基于MicrobeAtlas构建了包含12,964个样品和71,014个原核OTU的全球沉积物微生物组数据集，综合分析三类沉积物的群落多样性、组成分化、指示类群及碳-氮-硫循环潜力。结果显示，生态系统类型显著影响群落组成，解释了5.39%的Bray-Curtis变异；滨海湿地与海洋沉积物的分异程度低于淡水与另外两类沉积物的比较，但三类群落均显著不同。经数据库内样品级和项目级广义指示值分析，并结合纳入项目效应的组成型差异丰度模型验证，共识别出29条核心指示记录，其中淡水17条、滨海湿地11条、海洋1条。其中，淡水沉积物的代表性核心谱系包括*Methanosaeta*、*Dechloromonas*和*Thermoanaerobaculum*等属及Sulfuricellaceae科；滨海湿地沉积物则以*Sulfurovum*、*Thiohalophilus*、*Desulfosarcina*和*Microbulbifer*等硫转化相关属为特征；海洋仅保留一个Aerophobia内未分类科级谱系。项目级广义指示值分析识别出1,545条双生态系统共享关联，其中滨海湿地与淡水和海洋组合分别占859条和637条，远高于淡水-海洋组合，结合滨海湿地独有的核心指示类群，表明其兼具端元谱系联系与独立群落特征。在控制项目效应并经敏感性分析后，FAPROTAX的潜在功能类群推断显示，淡水沉积物中甲烷生成、CO_2/H_2型甲烷生成和无氧光能自养相关类群表现出较稳定的生态系统关联；滨海湿地和海洋沉积物共同呈现硫代硫酸盐呼吸相关类群偏高趋势，海洋沉积物还表现出较明显但稳健性相对较弱的硫呼吸类群背景。综上，全球三类沉积物微生物群落呈现显著但有限的结构分化，并伴随元素循环相关谱系的选择性重组；滨海湿地并非简单的淡水-海洋混合区，而是具有独立硫转化类群组合的生态过渡带。

关键词：MicrobeAtlas；沉积物微生物组；滨海湿地；Beta 多样性；指示类群；FAPROTAX；碳-氮-硫循环

“Candidatus. *Methanoperedenaceae*”介导的砷酸盐还原型厌氧甲烷氧化：碳-砷耦合循环的新机制

Georgina H. Joycea[1,a], 张学勤[2,3,a], Andy O. Leu1, Yosephine Gumulya[1], Jianhua Guo[2], Gene W. Tyson1, Shihu Hu[2,*], Simon J. McIlroy[1,*]

（1. Centre for Microbiome Research, School of Biomedical Sciences, Queensland University of Technology, Translational Research Institute, Brisbane, Australia；2. Australian Centre for Water and Environmental Biotechnology, The University of Queensland, Brisbane, Australia; 3.广东工业大学生态环境与海洋学院，510006）

*通讯作者， Shihu Hu: s.hu@uq.edu.au

摘要：本研究聚焦于淡水环境中一类代谢多样的厌氧甲烷氧化古菌（“*Ca.* Methanoperedenaceae”），发现其不仅能耦合甲烷氧化与硝酸盐、金属氧化物等电子受体的还原，还具备介导砷酸盐还原型厌氧甲烷氧化（As-AOM）的潜能。通过富集培养和多组学分析，我们首次在未培养模式种“*Ca.* Methanoperedens nitroreducens”中证实了砷酸盐还原与甲烷氧化的化学计量偶联，并鉴定出砷酸盐氧化还原酶为该菌独有且显著上调表达。这一发现不仅拓展了我们对厌氧甲烷氧化菌生理功能的认识，更揭示了微生物如何将碳循环（甲烷汇）与砷元素形态转化及迁移直接耦合，为理解淡水生态系统中砷释放的微生物机制提供了实证，也对评估气候变化背景下的温室气体减排与水质安全具有双重意义。

关键词：甲烷；砷酸盐；厌氧甲烷氧化；砷酸盐还原；砷酸盐氧化还原酶

微生物调控河岸带土壤生态系统中溶解性有机质迁移与转化的机制研究

邵伸坤[1]，季彦岑[1]，李维华[1]*

（1.天津大学 环境科学与工程学院，天津）

李维华* E-mail：liweihua@tju.edu.cn

*天津市津南区天津大学北洋园校区59教

摘要：河岸带是连接陆地与水生环境的重要过渡生态系统，在水体净化和生物地球化学循环中发挥关键作用。溶解性有机质（DOM）作为土壤有机质中迁移性较强的组分，不仅是碳、氮等元素循环的重要载体，也是参与微生物代谢和电

子传递过程的重要介质。然而，DOM在河岸带水平与垂直方向上的迁移规律及其微生物调控机制仍缺乏深入认识。本研究以水库河岸带生态系统为研究对象，探究了DOM从森林土壤向湿地土壤的迁移过程，以及其沿不同土壤深度变化的转化特征，并分析了微生物群落对DOM降解的影响。

研究结果表明，河岸湿地能够有效吸收来自森林土壤及邻近水体的陆源有机质，并通过微生物作用成为重要的有机质汇。尽管森林土壤和湿地土壤中DOM沿深度方向呈现相似变化趋势，但两种生态系统中DOM的化学组成和分子结构存在显著差异。森林土壤是DOM的重要来源，其中木质素衍生化合物为主要组分。在DOM向深层土壤及邻近水体迁移过程中，木质素结构逐渐氧化和降解，同时羧基官能团含量增加，表明芳香族有机质逐步向氧化程度更高、生物可利用性更强的组分转化。

微生物群落分析显示，Methylomirabilota和GAL15细菌在森林和湿地土壤中均随土壤深度增加而富集，可能参与深层低氧环境下的有机质转化过程。此外，湿地土壤中富集了更多参与厌氧元素循环的功能微生物，包括硫酸盐、硝酸盐和碳酸盐还原相关微生物。这些微生物能够利用Fe(III)、硫酸盐及碳酸盐相关化合物作为电子受体，促进微生物呼吸并增强有机质降解，体现了有机碳分解与微生物电子传递过程之间的耦合关系。

偏最小二乘路径模型（PLS-PM）分析表明，土壤理化性质是影响DOM转化的主要因素，但随着土壤深度增加，微生物代谢的重要性逐渐增强，表明微生物在深层土壤DOM转化过程中发挥关键调控作用。总体而言，本研究揭示了河岸带DOM迁移、微生物降解与元素循环之间的内在联系，强调了微生物电子受体利用和氧化还原过程在陆地–水生界面碳循环中的重要作用，为深入理解河岸生态系统的微生物驱动机制提供了新的认识。

关键词：河岸生态系统；溶解性有机物（DOM）；微生物降解；生物地球化学循环；微生物电子传递

厌氧烃降解数据库的构建与烃相关环境宏基因组分析应用

吕天华[1]，许文闻[1]，王绍靖[2*]，李国强[1*]，马挺[1*]

（1. 南开大学生命科学学院，天津 300071；2. 天津医科大学第二医院，天津 300211）

*通讯作者，E-mail：shaojingwang@tmu.edu.cn; gqli@nankai.edu.cn; tingma@nankai.edu.cn

摘要：厌氧烃降解是地下生态系统中一个关键的地球化学过程，但由于缺乏专用的序列数据库，该过程在分子水平上的特征解析仍十分有限。本研究构建了厌氧烃降解数据库（Anaerobic Hydrocarbon Degradation Database, AHDB），这是一个经过系统整理和注释的功能基因资源库，整合了19,213条非冗余代表性序列及81,456条同源序列，涵盖5条主要代谢途径（富马酸加成、羟基化、羧化、甲基化和烷烃活化）中涉及10类代表性底物的117种核心基因类型。在数据构建策略上，我们采用了多源数据收集和基于背景蛋白库的过滤流程，以最大限度降低假阳性注释。在此基础上，选取单参数序列相似性阈值（identity＞50%）作为最优筛选标准，在模拟数据集中取得了最优性能（灵敏度0.988，准确率0.984）。与现有公共数据库（KEGG、eggNOG、COG24、arCOG、CANT-HYD、AnHyDeg）的比较评估表明，AHDB在基因类型覆盖范围上最为广泛，包含18种其他数据库均未收录的独特基因类别，且在人工测试数据集中取得了最高的真阳性率（95.5%，对比KEGG的61.1%和eggNOG的57.6%）。在5,891个RefSeq基因组上的应用测试显示，AHDB无论在注释基因数量（58条，对比KEGG的28条和eggNOG的10条）还是计算效率（每个基因组中位运行时间74.00秒，对比KEGG的126.07秒和eggNOG的178.73秒）方面，均一致优于KEGG和eggNOG。值得注意的是，多数基因在基因组中的覆盖度低于1%（如*bcrA*为0.41%，*assA*为0.05%），而*bssA*的覆盖度达到1.97%。最后，利用AHDB对按石油暴露程度分组的67个环境样品进行注释，结果显示不同生境间烃降解基因谱存在显著分化，揭示了原油影响生境中固有的代谢异质性。综上所述，AHDB为宏基因组学和基因组学研究提供了一个稳健、高通量的功能注释工具，有助于新型烃降解基因的发现，并为生物修复和油藏微生物学相关研究提供了有力支撑。

关键词：数据库构建，厌氧碳氢化合物降解，参数筛选，功能注释，石油污染生境

异化铁还原介导产生自由基的微生物学机制

周少锋[1]，黄蕴琪[1]，许玫英[1*]

（1 广东省科学院微生物研究所，华南应用微生物国家重点实验室，广东省菌种保藏与应用重点实验室，广州 510070）

*通讯作者，E-mail：xumy@gdim.cn

摘要：铁的氧化还原循环是地球生态系统中关键的化学元素循环“枢纽”，而微生物介导的铁转化过程被认为是该循环的核心驱动力之一。近期研究表明，电活性微生物（Electroactive bacteria, EAB）可通过胞外电子传递（Extracellular electron transfer, EET）调控铁的价态转化，还可触发的活性氧基团（如 OH）的生成；然而，在潮间带等氧化还原波动环境中，该过程的微生物学机制仍缺乏系统认识。本研究以Shewanella decolorationis S12为研究对象，在实验室条件下模拟潮间带的缺氧-好氧交替过程，发现该菌能通过厌氧高效还原Fe(III)并在有氧过程中诱导活性氧基团 OH生成，同时促成生成高结晶度蓝铁矿的，使得反应体系中Fe(III)的生物可利用性逐步降低。通过构建核黄素合成缺失突变体与细胞色素c缺失突变体，表明EET过程（尤其是依赖细胞色素c的直接电子传递），在 OH生成中发挥关键作用。转录组分析揭示，在缺氧条件下，核黄素缺失突变体通过上调多种电子传递相关基因以补偿其电子穿梭能力的缺失，而细胞色素c缺失突变体则表现出明显不同的调控模式；在好氧条件下，该突变体强化了氧相关代谢途径，表明其更依赖氧作为末端电子受体。这些结果从分子层面支持了不同EET路径在潮间带体系的功能分化。本研究为理解电活性微生物介导的铁循环与ROS生成耦合机制提供了新的理论依据。

关键词：铁还原菌；胞外电子传递；活性氧基团；转录组

乙醇型DIET产甲烷共培养体系富集及菌群代谢特征分析

蒋海明[1*]

（1. 生命科学与技术学院,内蒙古科技大学,包头,内蒙古自治区,中国）

通讯作者：jhmhn@163.com

摘要：种间直接电子传递（DIET）借助导电菌毛、胞外细胞色素实现微生物直接电子交换，转化效率优于氢介导间接传质，是强化厌氧产甲烷的核心机制。

现有研究受 DIET 功能微生物资源短缺限制，难以完善电子传递理论并推进厌氧工艺应用。乙醇可诱导微生物合成导电介质，适用于 DIET 菌群定向富集。本研究以水稻田土、啤酒厂污泥、阿维菌素废水污泥为接种源，设置空白、椰壳活性炭、100 nm 磁性 Fe_3O_4 三组对照，融合理化监测、FISH、高通量测序与 KEGG 注释，富集乙醇驱动 DIET 共培养体系，解析菌群结构与传质分子机理，扩充 DIET 菌种资源并揭示导电材料调控作用。多周期富集试验表明，各组乙醇持续消耗、乙酸先积累再降解，体系 H_2 浓度极低，呈现典型 DIET 代谢特征；纳米 Fe_3O_4 可有效缩短产甲烷周期，椰壳活性炭仅在农药废水污泥体系存在增效作用。FISH 观测证实水稻田、啤酒厂富集物中细菌与产甲烷古菌紧密共生。测序结果显示 *Desulfovibrio*、*Desulfuromonas* 电活性细菌与乙酸营养型 *Methanothrix* 为优势菌群；KEGG 注释检 mtrABC、omcB、pilA 等胞外电子传递核心基因，从分子层面验证完整 DIET 通路存在。研究表明三类接种源均可构建稳定 DIET 产甲烷共培养体系，纳米 Fe_3O_4 为优良导电强化介质，厘清电活性细菌与乙酸产甲烷古菌协同传质机制，丰富 DIET 微生物资源库，为有机废弃物厌氧增效、短链醇生物产甲烷提供理论支撑。

关键词：种间直接电子传递；厌氧产甲烷；微生物群落；导电材料；乙醇

Quorum sensing system coordinates the establishment of a multilayered defense system under under cadmium stimulation

Yi Yuan, Defeng Xing*

State Key Laboratory of Urban Water Resource and Environment, School of Environment, Harbin Institute of Technology, Harbin 150090, China

*Corresponding author. School of Environment, State Key Laboratory of Urban Water Resource and Environment, Harbin Institute of Technology, No.73, Huanghe Road, Nangang District, Harbin, Heilongjiang Province 150090, China

E-mail address: dxing@hit.edu.cn; Tel: +86-451-86283123

Abstract: Contaminated aquatic environments often suffer from combined pollution of nitrate and heavy metals, however, the mechanisms by which microorganisms coordinate metabolic adjustments and defensive responses to adapt to

such stress remain poorly understood. This study employed a quorum sensing (QS) signal mutant strain of *Pseudomonas aeruginosa* to investigate the role of the QS system in response to Cd^{2+} stress. The results indicated that low concentration Cd^{2+} exposure promoted bacterial growth and denitrification processes, primarily due to changes in electron transfer processes and the redistribution of electrons towards the denitrification pathway. Simultaneously, bacteria alleviated Cd^{2+} toxicity through multiple mechanisms, including metal efflux, antioxidant defense, and extracellular polymeric substance synthesis. Further analysis revealed that the QS system coordinates responses across different defense pathways, enabling cells to form a multilayered adaptive system, whereas the absence of QS signals alters the coordination among different functional modules. This study unveils the crucial role of QS mediated defense mechanisms in the coexistence of heavy metals and nitrogen cycling, offering a new perspective on the adaptive strategies of microorganisms in polluted environments.

Keywords: *Pseudomonas aeruginosa*, quorum sensing, heavy metal resistance mechanisms, coordinated response, multilayer defense

电子受体调控苯系物厌氧降解菌群代谢功能的作用机制

吴志明

（生命科学学院，江西师范大学，南昌，江西省，中国）

wuzm2974@jxnu.edu.cn

摘要：以苯（Benzene）、甲苯（Toluene）、乙苯（Ethylbenzene）和二甲苯（Xylene）为代表的苯系物（BTEX）是一类易挥发的单环芳烃污染物，广泛分布于缺氧或厌氧环境中，具有高毒性和强致癌性，严重威胁着人类生命健康和生态系统的安全。微生物降解是地下水、沉积物和工业废水等厌氧环境中 BTEX 污染物消减的最重要方式之一，涉及多种微生物的代谢互作，是典型的微生物菌群互营代谢过程。以往的研究聚焦于 BTEX 降解菌株及其分解代谢基因的挖掘。然而，BTEX 厌氧降解功能菌群的组成、电子受体对其代谢潜力的影响以及菌群成员之间的互作机制仍未被阐明；仍存在高氧化还原电位条件下 BTEX 降解菌群的环境适应机制不清楚、低氧化还原电位条件下 BTEX 降解菌群代谢效率低和互营代谢机理不明晰等问题。因此，本研究通过厌氧微宇宙富集培养法获得了多组在不同氧

化还原条件下的 BTEX 降解菌群，采用高通量多组学测序分析（1）解析了电子受体调节厌氧菌群微生物互作关系并重塑菌群的 BTEX 降解功能的作用机制；联合 DNA-SIP 技术（2）阐明了硝酸盐还原型厌氧甲苯降解菌群灵活分解代谢芳烃化合物的机制；通过构建厌氧微生物电化学系统，（3）揭示了强化厌氧菌群降解甲苯耦合产甲烷的互营代谢机理。

关键词：苯系物；电子受体；厌氧菌群；互营代谢

Innovative Pathways for Nitrogen Conversion by Anammox Consortia: Unveiling the Processes and Mechanisms of Organic Nitrogen Metabolism

Xinxin Xua, Jintao Pana, Chao Panf, Leiyan Guoa, Yue Zhoua, Dongdong Xud, Wenda Chene, Baolan Hu a, b, c*, Ping Zhengb, Meng Zhang a, b, c*

a State Key Laboratory of Soil Pollution Control and Safety, College of Environmental & Resource Sciences, Zhejiang University, Hangzhou, China

b Zhejiang Key Laboratory of Water Pollution Control and Water Ecological Health, Hangzhou, China

c Hainan Institute of Zhejiang University, Sanya, China

d Australian Centre for Water and Environmental Biotechnology (ACWEB, formerly AWMC), The University of Queensland, St. Lucia, Queensland 4072, Australia

e Centre for Environmental Responsibility in Mining, The University of Queensland, Brisbane, Queensland 4072, Australia

f State Key Laboratory of Environmental Criteria and Risk Assessment, Chinese Research Academy of Environmental Sciences, Beijing, China

* Corresponding author: Baolan Hu, Meng Zhang

Tel: +86-0571-88981923; Fax: +86-0571-88981923

E-mail address: blhu@zju.edu.cn; zhangm_environment@zju.edu.cn

Abstract：Anammox is typically known as a bioprocess for the conversion of inorganic nitrogen, yet anammox bacteria (AnAOB) have been reported to metabolize certain organic compounds. This raises the question of whether AnAOB can metabolize organic nitrogen. To address this, we investigated the capacity of anammox consortia to convert a typical organic nitrogen compound, dimethylformamide (DMF). Within 1.0-7.0 mg/L, organic nitrogen was converted synchronously with nitrite, achieving a

specific organic nitrogen conversion activity of up to 0.60 mg-N/(g-VSS·d). The organic nitrogen conversion process could be well characterized by the Haldane model, showing concentration-dependent kinetics with an optimum at 3.0-5.0 mg/L. Mass balance analysis using isotope tracing demonstrated that anammox are closely associated with organic nitrogen conversion, contributing up to 96.1% and averaging 82.9%. Through profiling carbon- and nitrogen-related functional genes, a conceptual metabolic pathway was proposed. The anammox consortia initiated DMF degradation by upregulating core nitrogen and carbon metabolism in AnAOB, while, upon nitrite depletion, the companion denitrifying bacteria subsequently converted the intermediates. This integrated N-C metabolic loop provides a mechanistic insight into the organic nitrogen conversion capacity of anammox consortia. This study paves a new path for broadening the application scope of anammox in treating organic nitrogen-rich wastewater.

Keywords：Anammox consortia, organic nitrogen conversion, mass balance, key functional genes, metabolic pathway.

合成细菌群落重塑根际微生态与根系转录重编程缓解半夏连作障碍

程齐[1]，郭胜志[1]，王瑶[1*]，沈锡辉[1*]

（1. 西北农林科技大学生命科学学院，陕西 杨凌 712100）

*王瑶，wangyao@nwafu.edu.cn；沈锡辉，xihuishen@nwafu.edu.cn

摘要：半夏（*Pinellia ternata*）是我国大宗常用药用植物，长期连作导致的生长衰退、土传病害加剧等连作障碍问题，已成为制约其产业可持续发展的核心瓶颈。根际微生物群落结构失衡、自毒化感物质积累是连作障碍的主要诱因，功能明确的合成微生物菌群（SynCom）为定向调控根际微生态、缓解连作障碍提供了新途径，但其田间应用效果及深层作用机制仍缺乏系统解析。本研究在甘肃陇南半夏连作障碍田块开展田间小区试验，接种由*Sphingomonas* sp. JN21与*Peribacillus* sp. F16组成的功能型SynCom，结合植株表型测定、土壤理化性质与胞外酶活性分析、16S rRNA/ITS高通量测序、根际非靶向代谢组学及根系转录组

学技术，从植株表型-根际代谢-微生物群落多维度系统解析SynCom的调控效应与作用机制。田间表型结果显示，SynCom接种显著提升半夏出苗率、株高、植株鲜生物量与块茎鲜重；同时提高根际土壤有效磷含量，改变土壤胞外酶计量学特征，显著降低向量长度与向量角度，缓解土壤资源限制。微生物群落分析表明，SynCom未显著改变细菌α多样性，但显著提升根际真菌α多样性，且重塑细菌与真菌群落结构；SynCom处理组中鞘氨醇单胞菌、近芽孢杆菌等有益菌属显著富集，镰刀菌属病原真菌丰度显著降低。共发生网络与群落组装分析显示，SynCom增强了根际微生物网络的复杂度与结构稳定性，提升了群落扩散能力与随机组装过程的贡献。功能预测与代谢组结果证实，SynCom显著富集异生物质降解与苯甲酸降解通路，有效降低根际对羟基苯甲酸与丙二醛峰值。转录组联合分析发现，SynCom诱导半夏根系发生全局转录重编程，显著激活甘油脂代谢、α-亚麻酸代谢、茉莉酸信号及苯丙烷生物合成等防御与代谢通路，且根系转录组与根际代谢组存在显著协同变化特征。本研究证实双菌合成菌群可通过重塑根际微生物群落结构与功能、降解自毒化感物质、调控宿主代谢与防御通路，有效缓解半夏连作障碍，为药用植物连作障碍的微生物定向调控提供了理论依据与可落地的实践方案。

关键词：半夏，合成细菌菌群，连作障碍，根际微生物组，植物-微生物互作

NifL依赖与非依赖型固氮系统的演化及NifA氧敏感机制研究

沈开强[1]，曾艳[1]，郑艳宁[1*]

（1. 中国科学院微生物研究所，北京 100101）

*通讯作者，E-mail：zhengyn@im.ac.cn

摘要：生物固氮起源于早期缺氧地球环境，但随着大气氧含量升高，固氮酶的氧敏感性促使固氮微生物演化出多种氧保护机制。在变形菌门固氮菌中，NifA主要通过NifL非依赖型和NifL依赖型两种模式响应氧胁迫，但二者的演化关系及NifL非依赖型NifA的氧敏感机制仍不明确。本研究基于GTDB数据库对4302株含*nifHDK*基因的固氮菌进行系统发育分析，发现2407株含*nifA*，其中746株同时含*nifA*和*nifL*。系统发育分析表明，NifL非依赖型固氮菌主要分布于早期分化类群，

而NifL依赖型固氮菌集中于演化较晚的γ-变形菌纲，提示NifL-NifA系统可能是在地球氧化过程中形成的适应性氧保护机制。进一步建立基于NifA激活P*nifH*驱动RFP表达的氧响应评价体系，发现NifL非依赖型NifA在有氧条件下迅速失活，而NifL依赖型NifA保持较高活性。结构域置换实验表明，AAA^+结构域是决定NifA氧敏感性的关键区域，并参与NifL介导的抑制调控，而GAF结构域作用有限。蛋白纯化及光谱分析未检测到AAA^+结构域存在Fe-S簇特征吸收峰，排除Fe-S簇介导的氧感受机制。本研究揭示了NifA氧调控系统的演化规律，提出NifL-NifA系统是固氮菌适应氧化环境的重要进化创新，并鉴定AAA^+结构域为NifA内源氧敏感性的核心决定区域，为解析固氮系统氧响应机制提供了新的理论依据。

关键词： NifA，NifL，系统发育，氧敏感性，生物固氮

天津滨海湿地沉积物微生物氮循环功能潜力的基因组解析及其对盐度梯度的分异特征

石雅君[1*]，郭威[1]，唐伟平[1]，刘浩然[1]，李安吉[1]，文新月[1]，张旭[1]，王文宏[1]，王欣楚[1]，丁虎[1]，郎赟超[1]

（1.天津大学，地球系统科学学院）

*Email:marie.shiyj@hotmail.com

摘要：滨海湿地沉积物受陆源输入和海水影响共同作用，是微生物参与氮转化的重要场所。盐度变化能够影响沉积物微生物群落及氮循环过程，为了进一步研究氮转化路径在基因组层面对盐度梯度的响应差异及其主要微生物类群，本研究基于 18 个天津滨海湿地沉积物样品的宏基因组数据开展 MAG 分析。结果显示，71 个 MAG 携带高可信度氮循环相关功能基因组合，其中以异化硝酸盐还原成铵（DNRA）相关 MAG 最多，有机氮矿化和反硝化次之，而硝化相关 MAG 在高可信度判定下未检出。在门水平上，携带氮循环功能基因的 MAG 主要隶属于 *Pseudomonadota* 、 *Desulfobacterota* 、 *Bacteroidota*_A 、 *Chloroflexota* 和 *Planctomycetota*。沿盐度梯度分析发现，有机氮矿化相关 MAG 的相对丰度随盐度升高而增加，并通过逐站点剔除检验证明该趋势仍然一致；其他氮转化路径与盐度梯度未表现出同样明确的关联。盐度升高可能通过筛选耐盐或适盐的有机氮分解微生物，微生物群落可能更倾向于保留或富集具有有机氮分解能力的类群，

从而增强沉积物有机氮向铵态氮释放的潜力。这个过程会影响后续 NH_4^+的供应，并可能进一步影响硝化、反硝化和 DNRA 等过程的底物供给。本研究揭示了天津滨海湿地沉积物氮循环功能潜力沿盐度梯度的差异化分布，实际氮转化活性仍需结合转录水平或过程速率测定进一步验证。

关键词：宏基因组；DNRA；有机氮矿化；盐度梯度；氮代谢功能潜力；滨海沉积物

电厂温排水对港湾微生物群落组成和功能影响的季节性效应

周天跃，张化俊*

（宁波大学，海洋学院，浙江，宁波）

E-mail：zhanghuajun@nbu.edu.cn

摘要：气候变化引起的海水增温对海洋生态系统有显著影响；然而，电厂温排水引起的区域增温远高于当前海洋增温水平，将对近岸海洋生态系统稳定带来严峻威胁。当前，针对温排水影响下海洋生态系统的响应，特别是季节间的变化特征仍有待深入研究。因此，本研究于 2023 年 8 月（夏季）和 2024 年 1 月（冬季），在三门湾核电厂温排水引起的增温（HT）及邻近非增温水域（NT）采集表层海水样品，利用多组学测序系统评估不同季节温排水对微生物群落组成及结构、功能的影响，并评估微生物响应的温度阈值。夏季，HT 站点平均水温为 34.13 ℃，比 NT 高 3.65 ℃；冬季，HT 的平均水温为 17.15 ℃，比 NT 高 6.46 ℃。尽管冬季温排水造成的升温幅度更大，但 Pico 和 Nano 微生物群落组成及结构在夏季变化比冬季更显著。互作网络分析进一步表明，Nano 级网络较 Pico 级网络具有更高的稳定性。宏基因组分析发现，夏季 HT 组中与环境感知、运动能力及元素循环相关的通路显著富集，而冬季 HT 组中显著富集的相关功能通路数量较少。此外，夏季增温还可导致抗生素抗性基因（ARGs）的显著富集，如在夏季 HT 组中，*aph(6)-I*、*aac(3)-II* 及 *emrB-qacA* 等I类 ARGs 显著富集，而冬季 HT 组中未检测到显著富集的I类 ARGs；*Gaetbulibacter_B* 与多种 β-内酰胺类及多重耐药基因存在显著关联，提示其可能是该海域中 ARGs 的重要潜在宿主。温度阈值分析发现，夏季可识别出明确的温度转折点，该季节耐热型真核微生物的温度阈值为

31.5 ℃，敏感型真核微生物阈值则为 32.7 ℃；耐热型及敏感型原核微生物的温度阈值均为 32.7 ℃。综上，温排水对海洋微生物群落的影响不仅取决于升温幅度，还受到季节变化的显著调控。本研究为滨海温排水的季节差异化生态管理提供了科学依据，并支持将季节背景温度和微生物温度阈值纳入环境监测、生态风险评估及排放监管体系。

关键词：核电厂温排水；季节性响应；微生物群落；抗生素抗性基因；温度生态阈值。

长期增温下微小原甲藻藻际细菌群落结构与功能的响应特征

邓红梅，张化俊*

（宁波大学，海洋学院，浙江，宁波）

E-mail: zhanghuajun@nbu.edu.cn

摘要：浮游植物是海洋初级生产的重要来源，其生态功能的发挥与藻际细菌密切相关。海水增温不仅可直接调控浮游植物的生长，还能通过重塑藻菌相互作用影响近岸生态系统的稳定性。当前，长期增温对藻际细菌群落演替及功能影响仍缺乏系统研究。本研究以微小原甲藻（*Prorocentrum minimum*）为对象，分别在 20 ℃和 25 ℃下，开展了 367 d 长期培养，利用多组学测序解析藻际细菌群落结构和功能对增温的响应。显微观察发现，*P. minimum* 表面有大量细菌并形成局部聚集体，表明二者存在紧密的空间联系。扩增子和宏基因组测序表明，增温影响下藻际细菌具有显著的时间演替特征：初始时高低温组组成相近，经过群落过渡 97d 后，趋于稳定。红杆菌 *Marivita* 在整个培养周期内始终占据优势，是响应增温的主要类群；而 *Gimesia*、*Erythrobacter* 和 *Nioella* 则分别在不同阶段响应增温。宏基因组分析显示，功能差异主要出现在过渡和稳定期，碳水化合物、氨基酸以及辅因子与维生素代谢等功能在增温条件下显著富集；B 族维生素合成和潜在促藻生长相关基因的差异主要集中于过渡期，稳定期显著差异基因数量明显减少。基于宏基因组组装获得 66 个中高质量 MAGs 中，优势 MAGs 对增温表现出持续性或阶段性响应。宏转录组分析显示，增温组上调基因显著富集于双组分系

统、群体感应、碳代谢、原核生物碳固定和细菌分泌系统等通路，*Marivita* 的转录丰度亦高于低温组。综上，长期增温情况下藻际细菌会经历短暂的振荡期后趋于稳定，并与非增温组的差异变小，与高温适应相关功能基因的高表达有助于协助藻际细菌对增温环境的适应。本研究揭示了长期增温影响甲藻-细菌互作变化特征，为理解气候变暖背景下藻际微生物组的动态响应及藻菌互作功能变化提供了科学依据。

关键词：长期增温；微小原甲藻；藻际细菌；群落演替；群落功能。

微塑料源DOM的生物可利用性及其对海洋微生物群落的潜在影响

蔡小霞[1]，蔡述杰[2]，易沅壁[3]，郭卫东[1,*]

（1. 厦门大学海洋生物地球化学全国重点实验室/海洋与地球学院，厦门，361102
2. 广东省科学院微生物研究所环境微生物研究发展中心，广州，510070；3. 香港科技大学海洋科学系,香港，999077）

*通讯作者，E-mail：wdguo@xmu.edu.cn

摘要：自 1950 年代以来，随着塑料产量的持续增长和广泛使用，塑料已经深度参与地球系统的碳循环，成为地球碳循环的一个新兴组成部分。大量的塑料/微塑料不断通过河流、大气输送等途径进入海洋，导致这些非天然、人为源的含碳物质在全球海洋环境的分布不断增加。由于塑料/微塑料可以在海洋环境中持续浸出塑料源的溶解有机质（MP-DOM），塑料/微塑料的入海无疑会影响海洋碳循环及海洋微生物生态过程。本研究以 1 种传统的石油基微塑料聚对苯二甲酸乙二醇酯（PET）和 1 种生物可降解微塑料聚乳酸（PLA）为研究对象，基于光化学降解获取 MP-DOM 基质，通过接种厦门近海的天然微生物群落，开展了不同微塑料类型 MP-DOM 的微生物培养实验，结合 16S rRNA 基因测序、三维荧光光谱（EEMs）与傅里叶变换离子回旋共振质谱（FT-ICR MS）分析技术，从光谱及分子水平上揭示微生物降解前后 DOM 组成的变化，比较不同类型 MP-DOM 的生物可利用性及其转化差异。通过分析微生物培养实验过程中微生物丰度、群落结构的变化，并结合质谱分析数据，探究微生物生长及群落结构对不同类型 MP-DOM 的响应及两者的互作关系。

关键词：微塑料，溶解有机质，海水，分子组成，微生物群落

熟禾-根内根孢囊霉-花生壳生物炭系统协同修复镉-多环芳烃复合污染土壤：生理调控与机制

董静*，任效申，王文君

（环境与生态学院，太原理工大学，太原，山西，030024）

dongjing01@tyut.edu.cn

摘要：我国土壤环境中重金属污染与多环芳烃等有机污染物污染叠加现象突出，重金属镉具有较强的生物毒性，多环芳烃则在土壤中具有难降解、易累积的特性，二者形成的复合污染，对土壤环境健康的破坏程度远超过单一污染物的影响，给土壤生态系统带来更为严峻的威胁。植物-丛枝菌根真菌-生物炭联合修复体系是一种有效的土壤污染治理方法，但对联合修复体系中多因子间的协同作用机制仍缺乏深入解析。本研究构建了以草地早熟禾、丛枝菌根真菌根内根孢囊霉（*Rhizophagus intraradices*, RI）和花生壳生物炭组成的协同修复系统，并通过宏基因组学解析其根际微生态作用机制。结果表明，该体系显著缓解了草地早熟禾的氧化应激，表现为抗氧化酶活性增强及叶绿素含量恢复。在最优条件下，Cd 和 PAHs 的去除效率分别达到 83.6%和 82.0%。宏基因组分析显示，微生物群落的功能从底物降解转向结构维持，具体表现为糖基转移酶的特异性富集。机理上，该体系激活了由上调的 *phnAd* 和 *pcaG* 基因驱动的收敛型 PAHs 降解通路，以及由组成型 *cadA* 和可诱导型 *czcA* 介导的双效 Cd 外排系统。这些发现表明，植物-RI-生物炭协同作用通过根际固定、代谢重组和遗传适应增强了修复效果，从而成为应对复杂土壤污染的一种可持续策略。

关键词：丛枝菌根真菌；生物炭；协同修复；复合污染；宏基因组

细菌分布特征影响饮用水氯消毒过程中抗生素耐药性分布研究

汪淑雅[1]，庄严[1]，贾舒宇[1*]

（南京农业大学资环学院，南京 210095）

*通讯作者，E-mail：jiasy@njau.edu.cn

摘要：近年来，抗生素耐药性已成为威胁全球公共健康的重大挑战，饮用水作为人类重要的环境暴露介质，其安全性受到广泛关注。根据生活方式，饮用水中细菌可分为颗粒附着细菌（PAB）和游离细菌（FLB），但氯消毒对二者抗生素耐药性的影响及机制尚不明确。因此，本研究聚焦饮用水氯消毒这一过程，利用宏基因组学方法解析不同生活方式细菌中耐药基因（ARGs）的变化特征及其潜在的功能和宿主。结果表明，氯消毒后FLB中ARGs、移动遗传元件（MGEs）和毒力因子基因（VFGs）的总相对丰度显著升高，且多重耐药类ARGs贡献突出。氯消毒促进了FLB中ARGs与MGEs的共存，并显著提高致病菌比例，使其耐药基因组风险在丰度、移动性和致病性等方面均明显增加。与此同时，氯消毒增强了FLB中ARGs在细胞壁/膜/包膜生物发生、防御机制和转录等方面的潜在功能。假单胞菌和不动杆菌是多药耐药类ARGs的主要宿主，其丰度的增加导致了相应ARGs丰度的升高。此外，ARGs宿主改变及移动性和生物学功能增强可能共同促进ARGs在FLB中的增殖和传播，从而提升饮用水耐药性风险。本研究为认识氯消毒过程中耐药性演化及饮用水微生物安全管理提供了参考。

关键词：饮用水；氯消毒；抗生素耐药性；风险；影响因素

营养水平对湖泊沉积物温室气体产生的调控机制

Yuchun Yang

School of Ecology, Sun Yat-sen University, Shenzhen, Guangdong, China

yangych55@mail.sysu.edu.cn

摘要：淡水湖泊是全球重要的强效温室气体（GHGs）来源，但其温室气体排放如何响应营养水平的变化尚不明确。本研究通过全球宏基因组学分析与受控批量实验，证明湖泊沉积物中氧化亚氮（N_2O）的产生途径与营养状态密切相关，而甲烷（CH_4）的产生则呈现多因素驱动特征。在富营养沉积物中，氧化亚氮通过完全反硝化作用被高效去除，硝化作用为其主要产生途径；而在寡营养沉积物中，氧化亚氮主要通过不完全反硝化作用产生。通过采用创新的交叉接种实验模拟营养状态转变，我们进一步揭示，随着营养状态的变化，湖泊沉积物会在这些氧化亚氮产生途径之间发生系统性转换——在富营养化过程中，由反硝化驱动型转变为硝化主导型，而在寡营养化过程中则呈现相反模式。因此，通过抑制富营养湖泊的硝化作用以及限制寡营养湖泊的不完全反硝化作用，可有效减缓氧化亚

氮排放。我们的研究确立了营养状态是湖泊沉积物中氧化亚氮产生来源的关键驱动因子。

关键词：富营养化；温室气体；硝化；反硝化

高效脱氮菌群的构建

吕硕，冯滢，许运鹏，于基成，刘秋*
（大连民族大学生命科学学院，大连 116600，中国）
通讯作者 Email: liuqiu@dlnu.edu.cn

摘要：异养硝化-好氧反硝化（Heterotrophic nitrification-aerobic denitrification，HN-AD）菌可在单一好氧条件下实现多种形态无机氮的协同转换，但单菌体系在实际应用中常存在脱氮性能波动、环境适应性有限及中间产物易积累等问题。因此，为构建兼具多氮源去除能力与共培养稳定性的人工菌群，本研究以具有HN-AD功能潜力候选菌为对象，采用Super CC辅助结合脱氮能力进行组合菌群筛选，并根据胞外聚合物（EPS）、关键脱氮酶活性、ATP 含量、NADH/NAD^+ 及电子传递系统活性（ETSA）等指标，从胞外结构与胞内代谢2个层面，对菌群协同脱氮的机理进行初步分析。结果表明，菌株V1-6-14与V3-6-16组成的菌群在48 h内对氨氮、亚硝酸盐氮和硝酸盐氮的去除率分别约92.99%、99.66%和92.57%。在单一氮源及混合氮源条件下，组合菌群与2株单菌相比，该菌群表现较高的脱氮能力和较好的生长稳定性。共培养期间，菌群中V1-6-14和V3-6-16的相对丰度分别维持在75%–79%和21%–25%，表现出较好的协同稳定性。菌群的氨单加氧酶、羟胺氧化还原酶、硝酸盐还原酶和亚硝酸盐还原酶活性整体高于单菌培养，第一天分别为0.953 U/mg protein、0.586 U/mg protein、0.482 U/mg protein和0.188 U/mg protein。EPS含量增加，NADH/NAD^+比值、电子传递系统活性和ATP含量也呈较高水平。研究结果说明，构建的以菌株V1-6-14与V3-6-16为核心成员的HN-AD菌群具有良好的脱氮性能、结构稳定性及代谢协同性。菌株共培养促进了EPS分泌与胞外微环境形成，可能增强细胞附着聚集和体系稳定性，为菌株之间菌黏附、物质交换及协同脱氮提供更有利的外部条件。同时，较高的还原力、电子传递活性和能量供给为关键脱氮酶促反应提供代谢支持。可为高效脱氮菌群的定向构建提供实验依据。

关键词：异养硝化-好氧反硝化；菌群构建；生物脱氮；脱氮机制

原绿球藻通过光依赖性和捕食者诱导的醛类合成实现对海洋尾丝虫的特异性防御

林沛纯[1]，汪善全[1*]

(1. 环境科学与工程学院,中山大学,广东省,广东省,中国)

wangshanquan@mail.sysu.edu.cn

摘要：本论文首次报道了海洋中最丰富的初级生产者——原绿球藻（*Prochlorococcus*）MED4 株系，能够通过光依赖且捕食者诱导的方式合成甲醛等醛类物质，从而特异性抵御纤毛虫尾丝藻（*Uronema marinum*）的捕食。研究发现，当 MED4 被尾丝藻吞噬后，其细胞在食物泡内并未被有效消化，反而诱导合成了大量甲醛和乙醛，并在尾丝藻细胞内积累，最终导致捕食者细胞裂解。这一过程依赖于光合作用提供能量，光照强度越高，防御效果越显著；而在黑暗或添加 ATP 合成抑制剂条件下，MED4 的抗捕食能力则大幅下降。转录组与代谢组分析表明，编码甲醇脱氢酶（Mdh）和 6-羧基-5,6,7,8-四氢蝶呤合酶（QueD）的基因显著上调，分别介导甲醛和乙醛的合成。相比之下，另一种纤毛虫（*Pseudocohnilembus persalinus*）能有效酸化吞噬溶酶体并消化 MED4 细胞，且对甲醛的耐受性更高，因此不受此防御机制影响，揭示了该防御作用的特异性。全球海洋宏基因组数据也显示，原绿球藻与尾丝藻的分布呈显著的互斥模式，支持这一捕食防御关系在自然生态中的重要性。更重要的是，该研究还证实，向受尾丝藻感染的青魔鱼（*Chromis viridis*）水体中添加 MED4，可显著降低鱼鳃和肌肉组织中的寄生虫载量，显示了其作为水产养殖病害生物防治剂的潜力。这项发现不仅揭示了原绿球藻作为一种主动、可诱导的化学防御策略，为理解海洋微生物食物网中的能量流动与碳循环提供了全新视角，也对海洋渔业病害防控具有潜在应用价值。

关键词：原绿球藻；尾丝虫；醛类；抗捕食

固氮酶来源甲酸驱动氧化亚铁硫杆菌主导的酸性矿山排水系统碳氮耦合与跨物种代谢互作

姜明月[1]，刘畅[1,2]，刘晓奇[1,2]，郑艳宁[1*]

（1. 中国科学院微生物研究所，北京 100101；2. 中国科学院大学，北京，100049）

*通讯作者，E-mail：zhengyn@im.ac.cn

摘要：酸性矿山排水（AMD）环境具有极低pH、高铁、高重金属及可利用碳氮源匮乏等特征，是典型的极端贫营养生态系统。尽管如此，优势固氮菌*Acidithiobacillus ferrooxidans*仍能够长期维持生态优势，其适应机制尚未完全阐明。本研究结合群落组成分析、宏基因组功能重建、固氮酶异源表达、酶学分析、稳定同位素示踪等多层次证据，系统解析了*Af*来源钼固氮酶催化CO_2还原生成甲酸及其生态意义。结果表明，*Af*来源钼固氮酶在保持正常固氮活性的同时，表现出显著增强的CO_2还原能力，生成甲酸的能力明显高于传统钼固氮酶，更接近于铁固氮酶。宏基因组分析进一步发现，*Af*缺乏甲酰四氢叶酸连接酶（FTFL）介导的甲酸同化途径，因此固氮酶产生的甲酸难以进入自身一碳代谢网络。相反，伴生异养菌*Acidiphilium cryptum*携带完整的甲酸代谢相关基因，并能够快速利用外源甲酸。^{13}C同位素示踪、酶学分析等结果进一步支持*Af*与*A. cryptum*之间存在基于甲酸交换的跨物种代谢互作。本研究提出，固氮酶催化生成的甲酸并非单纯的副产物，而是连接碳循环、氮循环及微生物互作的重要代谢中间体。*Af*通过释放钼固氮酶来源甲酸促进伴生异养菌生长，形成基于甲酸交换的交叉营养策略，为AMD极端环境中微生物群落的资源利用与生态适应提供了新的机制解释。

关键词：酸性矿山排水，氧化亚铁硫杆菌，固氮酶，甲酸，碳氮协同固定

酸化改良对土壤汞微生物甲基化的影响

陈若馨[1]，刘玉荣[1*]

（1. 华中农业大学资源与环境学院，武汉 430070）

*通讯作者，E-mail：刘玉荣，yrliu@mail.hzau.edu.cn

摘要：土壤酸化是全球性的农业环境问题，且酸化土壤常伴随镉、砷、汞（Hg）

等重金属污染。调控酸化过程可改变土壤微生物活性，进而影响金属形态转换和元素循环。然而，在汞污染地区，酸化改良如何影响甲基汞的积累和元素循环过程尚不清楚。本研究以酸化稻田土壤为对象，开展微宇宙培养试验，设置单施生石灰（QL）、单施有机肥（OF）、单施生物炭（BC）及复合施用（QLOF、OFBC、QLBC）处理，通过测定 Hg 含量、土壤性质变化并结合宏基因组、宏转录组分析，探究土壤酸化改良对 MeHg 积累和碳氮硫循环的影响。结果表明，与无酸化改良措施（CK）相比，BC 的 MeHg 浓度降低46.7%，可能由于生物炭能有效吸附固定 Hg、提升土壤氧化还原电位，并下调了关键汞甲基化功能基因 *hgcA* 的总表达量、降低了汞甲基化微生物 *Desulfobacteriota* 的相对丰度及其 *hgcA* 基因的表达量，同时该处理能促进甲烷氧化和产甲烷代谢活性，从而降低温室效应的风险。OFBC 调控 MeHg 效果优于单施生物炭，MeHg 浓度相比于 CK 降低94.4%，但其相比于 CK 上调了反硝化过程的基因表达量，加剧了氮元素的流失。QLBC 虽有效中和土壤酸度，却使 MeHg 浓度较 CK 增加了70%，这是由于处理后，虽然土壤 *hgcA* 基因总表达量较 CK 下降，但 *Desulfobacteriota* 的 *hgcA* 表达量表现为上调，同时较 CK，该处理抑制了同化硝酸盐和硫酸盐还原、氨化过程相关基因的表达，导致养分易以无机形式流失。综上，单施生物炭及其与有机肥的联合施用均能有效缓解土壤酸化，且抑制甲基汞生成，同时改变元素循环。本研究系统评估不同酸化改良措施在应用中可能带来的影响，为酸化土壤改良、重金属污染治理和土壤养分保持提供了科学依据和有效策略。

关键词：甲基汞；酸化改良；生物炭；碳氮硫循环；宏转录组；宏基因组

Transcription Factor YeiE Mediates Sulfite Detoxification by Activating SulE, an SLAC1-homologous Sulfite Exporter

Yuxuan Liang, and Haichun Gao*
(Institute of Microbiology and College of Life Sciences, Zhejiang University, Hangzhou, Zhejiang, 310058, China)
*Corresponding authors:Haichun Gao；haichung@zju.edu.cn

Abstract： Sulfite is a reactive sulfur species that is generated during sulfur metabolism, and its intracellular accumulation is highly toxic to bacteria. Recent studies have identified the LysR-type transcriptional regulator YeiE as a conserved bacterial

sulfite sensor, yet the downstream effectors and evolutionary diversification of YeiE-dependent sulfite responses remain poorly understood. Here, we show that the model environmental bacterium Shewanella oneidensis employs a previously unrecognized sulfite detoxification pathway centered on YeiE and a sulfite exporter designated SulE. Phylogenetic and structural analyses revealed that SoYeiE belongs to a conserved sulfite-responsive LTTR lineage and retains the characteristic sulfite-binding pocket found in previously characterized YeiE homologs. Unexpectedly, canonical YeiE targets described in other bacteria, including CysJI and YeiH, are not involved in sulfite resistance in S. oneidensis. Instead, transcriptomic analysis identified SulE (SO_2906) as the most strongly induced YeiE-dependent target under sulfite stress. Functional and structural analyses demonstrated that SulE is a sulfite-selective SLAC1 family exporter that constitutes the principal effector of YeiE-mediated sulfite resistance. Biochemical analyses further showed that YeiE directly binds the sulE promoter and activates its transcription in response to sulfite. Comparative evolutionary analyses have revealed that SulE defines an aquatic-associated bacterial lineage distinct from fungal sulfite exporters within the SLAC1 family. Together, our findings establish the YeiE–SulE regulatory module as a previously unrecognized bacterial sulfite detoxification strategy and reveal that conserved sulfite sensing can be coupled with remarkably divergent downstream regulatory outputs during bacterial evolution.

Key words: sulfite detoxification, YeiE, TehA, sulfite exporter

微量元素生态学：从微生物代谢到生态系统塑造

贾永锋[1,*]，李伟明[1]，席一梅[1]，李永斌[1]，张佳晰[1]，李晓军[1]，曾祥峰[1]，王少锋[2]

（1. 中国科学院沈阳应用生态研究所，沈阳，110016；2. 大连理工大学，环境学院，工业生态与环境工程教育部重点实验室，大连，116024）

*通讯作者，E-mail：yongfeng.jia@iae.ac.cn

摘要：微量元素，作为地球生命系统中长期被低估的关键因子，并非生态过程的被动参与者，而是通过其在关键金属酶和生物大分子中的结构与催化功能，构成了从分子代谢到全球生态过程的核心调控中枢。本报告首先阐述了微量元素在分子尺度上维持细胞内稳态、调控氧化还原平衡的关键作用；进而阐明了这些微观功能如何转化为宏观的资源选择压力，通过驱动物种的资源获取竞争、生态

位分化以及长期的适应性进化，塑造群落结构与生物多样性格局，并最终决定碳、氮、硫等关键元素在全球尺度的循环效率。然而，在全球变化背景下，暖化及其导致的极端气候事件正深刻重塑地球表层的物理化学环境。这种环境动荡显著降低微量元素的生物有效性，将其从背景因子推向制约全球生态系统功能的核心瓶颈。本文旨在构建一个整合微观分子机制、宏观生态过程与全球变化响应的统一理论框架，并指出未来研究亟需突破现有技术瓶颈，将微量元素限制纳入地球系统模型，从而为预测未来气候情景下的生态系统响应、制定适应性管理策略提供理论依据。

关键词：微量元素；金属酶；生物地球化学循环；生态过程；全球变化

氯甲基杆菌 JHJ 菌株的钴胺素生物合成特征

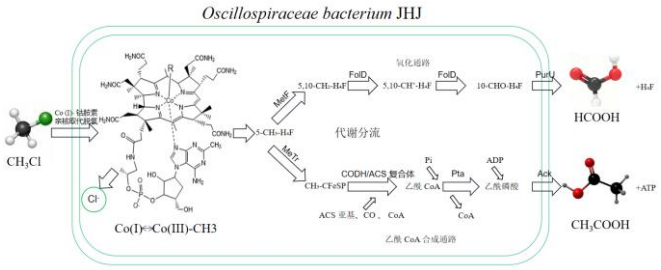
刘冠池[1,2]，严俊[1*]，金慧娟[1*]

（1. 中国科学院沈阳应用生态研究所，沈阳 110016；2. 中国科学院大学，北京 100049）

*通讯作者，E-mail：junyan@iae.ac.cn　jinhuijuan@iae.ac.cn

摘要：氯甲基杆菌 JHJ 菌株是一株可厌氧降解一氯甲烷的功能微生物，其代谢过程严格依赖钴胺素依赖型甲基转移酶催化，但该菌株的钴胺素自主合成能力与产物结构特征尚未明确。本研究以 JHJ 菌株为对象，搭建严格厌氧扩大培养体系，以一氯甲烷为底物连续培养 14 d，离心收集菌体；建立热氰化释放、C_{18} 固相萃取富集、HPLC-DAD 分步纯化的一体化胞内钴胺素制备工艺，获得高纯度目标产物，联合液相色谱 - 紫外、高分辨质谱、^{1}H 核磁共振多表征技术开展完整结构解析。HPLC-DAD 结果显示纯化样品主峰保留时间 6.80 min，紫外光谱在 278 nm、361 nm、550 nm 出现钴胺素特征吸收峰，初步判定产物归属钴胺素；高分辨一级质谱测得双电荷分子离子峰 m/z 679.78，精确分子量 1358.56 Da，与经典维生素 B_{12}仅相差 3 Da，二级质谱证实二者咕啉环、核苷酸侧链碎片高度一致，仅检出 m/z 150.08 的 2 - 甲基腺嘌呤特征阳离子碎片；^{1}H-NMR 谱图各化学位移区间信号匹配假钴胺素标准谱，同时验证完整咕啉环共轭骨架、核糖磷酸连接侧链无结构破损。证实 JHJ 菌株拥有完整钴胺素从头合成通路，无需外源添加钴胺素前体即可自主合成功能性 2 - 甲基腺嘌呤型假钴胺素。本研究首次证实转甲基微生物能够产生该类型钴胺素，填补该类降解菌辅因子研究空白，从

辅因子结构层面阐明一氯甲烷厌氧降解的分子基础，为厌氧卤代烃污染生物修复工艺优化、钴胺素合成生物学元件挖掘及厌氧微生物咕啉环合成进化机制研究提供关键实验依据。



关键词：氯甲基杆菌，假钴胺素，2-甲基腺嘌呤，结构解析

氮输入对河口近海砷生物转化的影响

曾祥峰 [1*]

(1. 污染生态与环境生态工程中心，中国科学院沈阳应用生态研究所，沈阳，辽宁，中国)

通讯作者：zengxf@iae.ac.cn

摘要：入海口作为海陆交互的重要过渡带，不仅是陆源砷等污染物进入海洋的天然过滤屏障，也是活性氮进入海洋生态系统的主要通道。尽管已有研究表明氮输入引起的反硝化可驱动砷氧化反应，但在高硫酸盐、强还原环境中，反硝化调控砷形态转化机制尚不明晰。我们近期发现，氮输入增加了微藻对砷的吸收积累并促进无机砷向有机砷的转化；反硝化与沉积物砷氧化具有耦合效应并影响砷的固液分配与形态转化；共存重金属可以抑制氧化亚氮还原酶(NosZ)活性从而促进 N_2O 产生排放；N_2O 升高又可以促进氧化 As(III)并改变其固相形态，As(III)促进 N_2O 还原。总之，氮输入对河口近海砷生物转化的具有显著影响；相关研究为理解河口近海砷-氮循环耦合过程，协同控制砷污染风险与 N_2O 排放，并为研发砷污染河口沉积物原位修复技术提供了重要科学依据。

关键词：砷形态；氮输入；氧化亚氮；生物地球化学循环；河口近海

土地利用变化下非生物保护与微生物碳代谢协同调控土壤有机碳积累

肖淑洁，山东省东营市东营区胜利油田石油工程技术研究院，xsjie98@126.com

高婕，北京市中国科学院生态环境研究中心，jiegao@rcees.ac.cn

马安周，北京市中国科学院生态环境研究中心，azma@rcees.ac.cn

汪卫东，山东省东营市东营区胜利油田石油工程技术研究院，

wangweidong168.slyt@sinopec.com

摘要：土壤有机碳（SOC）的积累与稳定性是陆地碳循环的核心环节，其受生物和非生物因素的共同调控，但二者在土地利用变化背景下的协同机制尚不明确。本研究选取温带农田、草地和森林生态系统，结合土壤团聚体分馏、固态 ^{13}C 核磁共振、高通量功能基因芯片及胞外酶谱分析，系统解析了非生物保护（物理隔离和矿物结合）对微生物碳代谢策略的影响及其与 SOC 积累的关联。结果显示，森林土壤 SOC 储量显著高于农田和草地（分别高 42%和 67%），且 $\delta^{13}C$-SOC 值更负（−26.3‰ vs. −24.1‰），表明其分解周转缓慢。森林土壤团聚体稳定性（MWD）、矿物结合态有机碳（MAOC）及活性铁铝氧化物含量显著升高，指示强烈的非生物保护。这种保护作用重塑了微生物功能谱：森林土壤中碳固定基因（*cbbL*、*accA*）丰度提高 2.5 倍，同时木质素降解酶与纤维素酶活性比值（PPO/BG）降低，限制了大分子有机质降解。相反，农田和草地受人为干扰，团聚体破坏、矿物表面特性改变，驱动微生物转向富营养策略，碳降解基因（*chi*、*glx*）上调，呼吸 CO_2 释放速率增加。进一步分析发现，关键功能指标——碳固定基因与降解基因丰度比（CFix/CDeg）及 PPO/BG 比值能够敏感反映非生物保护强度，并在保护作用与 SOC 积累之间发挥介导作用。整体上，非生物保护通过调控微生物碳代谢策略间接促进 SOC 积累，而该协同途径的强度随土地利用方式显著变化。本研究揭示了非生物保护与微生物功能在碳循环中的耦合关系，为预测不同生态系统管理下的土壤碳动态提供了机制性依据，也为理解人为干扰对元素循环的反馈作用补充了微生物学视角。

关键词：土壤有机碳；微生物功能；非生物保护

中国南方某铀矿区土壤重金属暴露下微生物群落响应机制

李亚茹[1]，赵彬涵[2,3]，闫冬[1*]

（1 中国疾病预防控制中心辐射防护与核安全医学所，北京 100088；2 中国科学院大学微生物研究所，北京 100101；3 中国科学院大学，北京 101408）

通讯作者 Email：yandong@nirp.chinacdc.cn

摘要：铀矿采冶及尾矿堆存导致的伴生重金属长期释放，对矿区土壤生态系统构成严重威胁。为阐明重金属胁迫下土壤微生物群落的响应机制，本研究以中国南方某退役铀矿区为对象，选取对照区（Control）、出矿口（ME）和矿井口（MSE）三类典型位点，结合 ICP-MS 重金属含量检测与 16S rRNA 高通量测序技术，系统解析了土壤重金属污染特征、潜在生态风险及微生物群落结构的耦合关系。结果表明：（1）重金属累积呈现显著空间异质性：ME 区以 Mn 高度富集为特征，MSE 区则呈现 Pb、Cd、Sb、Th 等多金属复合污染特征；潜在生态风险指数显示 MSE 区生态风险水平高于 ME 区与对照区。（2）微生物群落结构发生显著分异。α 多样性表现为 MSE＜Control＜ME；门水平上，变形菌门（*Proteobacteria*）丰度随污染加剧而上升，绿弯菌门（*Chloroflexi*）呈下降趋势。（3）群落组成与复杂程度发生适应性改变：LEfSe 分析表明酸杆菌门 Gp2、Gp1 和 Gp6 分别为对照区、MSE 区和 ME 区的核心生物标志物；共现网络显示 MSE 区菌群互作复杂度最高，而 ME 区网络规模最小且负相关边占比最高，表明微生物通过增强种间协同或竞争策略以适应不同胁迫环境。CCA 分析进一步证实 Mn、Sb、Pb、Cd 是驱动群落变异的关键因子。本研究揭示了铀矿区不同污染梯度下土壤微生物群落的适应策略，为矿区重金属污染的微生物生态风险评估与生物修复提供了理论依据。

关键词：铀矿区；重金属污染；土壤微生物群落；高通量测序；共现网络；生态响应

六氯环已烷对产甲烷菌代谢的阻遏机制

刘亚青[1*]

（1. 广西大学，轻工与食品工程学院，南宁 530004）

*通讯作者，E-mail：yaqing.liu@gxu.edu.cn

摘要：六氯环已烷（HCH）因其持久性、生物富集性、毒性及致癌致突变性被列为新污染物。其不同同分异构体可能对产甲烷菌产生特异性毒性效应，但相关抑制机理尚不清楚。本研究旨在阐明 α-、β-、γ-、δ-HCH 同分异构体对两种典型产甲烷菌——*Methanosarcina mazei* WH (M.WH) 和 *Methanospirillum hungatei* (*M. hungatei*) 生理代谢的影响机制。结果表明：M.WH 在 α-、β-、γ-HCH 暴露下产甲烷正常，但在 δ-HCH 中完全抑制；*M. hungatei* 在 α-、β-HCH 中产甲烷速率减缓，在 γ-、δ-HCH 中则完全抑制。γ-和 δ-HCH 均诱发两种菌的氧化应激并激活抗氧化防御。氧化还原失衡导致 *M. hungatei* 在 γ-/δ-HCH 胁迫下活性氧（ROS）显著积累并损伤细胞功能，而 *M.* WH 仅在 δ-HCH 胁迫下出现高水平 ROS。高浓度 ROS 干扰能量代谢，显著影响 ATP 酶活性和胞内 ATP 水平。ATP 酶活性测试显示，高 ROS 使其活性先快速升高后逐渐降低。其中，δ-HCH 诱导的剧烈氧化应激使两种菌的 ATP 酶活性迅速升高至峰值后急剧下降，最终导致细胞失活；γ-HCH 则仅使 *M. hungatei* 的 ATP 酶活性缓慢下降（未致失活），且不影响 *M.* WH 的活性。因此，不同产甲烷菌对 HCH 同分异构体的响应机制存在显著差异。

本研究揭示了 HCH 同分异构体抑制产甲烷菌代谢的具体路径及种间差异机制，为评估 HCH 的生态毒理风险提供了重要理论依据。

关键词：HCH，产甲烷菌，代谢活性

高原环境重塑微生物群落结构与氮代谢机制

陈悦[1,2,3]，朱明超[2,3]，李淑萍[2,3]，陆勇泽[1,3]，朱光灿[1,2,3*]

（1. 东南大学能源与环境学院，南京 211189；2. 西藏民族大学大学工学院，咸阳 712082；3. 西藏自治区水质安全与水环境健康重点实验室，咸阳 712082）

*通讯作者，E-mail：gc-zhu@seu.edu.cn

摘要：青藏高原城镇污水处理系统长期承受低气压、低温和低氧等多重环境约束，但维持其微生物功能的生态策略仍缺乏系统认识。本研究结合16S rRNA基因扩增子测序、绝对定量PCR和基因组分辨率宏基因组学分析，对青藏高原六座污水处理厂不同季节的活性污泥微生物组进行解析，并以一座低海拔污水处理厂作为参照。结果表明，高原环境并未导致氮循环潜力整体衰减，而是驱动了功能组织方式的结构性重构。高原ASV水平的季节周转主要受同质选择驱动，而MAG水平跨季节周转中异质选择的贡献率达到95.7%，表明相对稳定的分类框架可通过功能基因组生态位重分配响应季节变化。重建的764个非冗余MAGs中，46.8%在种水平未分类，揭示了高原污水处理系统中存在大量尚未表征的微生物多样性。16个归属于同一物种*Nitrospira A sp900170025*的基因组同时携带*amoA/B/C*和*nxrA/B*，显示硝化过程可能由传统AOB–NOB协作模式转向Comammox介导的单菌全程硝化。绝对定量基因丰度结果与此一致，高原春季Comammox *amoA*基因丰度为细菌型*amoA*的13.8倍。反硝化功能则表现出明显的末端限制，44%的反硝化相关基因组缺失*nosZ*，提示群落对N_2O的还原能力不足。NO解毒基因*hmp*在高原春季较平原秋季富集67倍，表明部分NO可能被重新氧化并返回氮循环，而未能实现彻底脱氮。此外，75个候选高原适应基因中有55个在高原系统富集，主要涉及高亲和力呼吸、氧化胁迫防御、DNA修复和蛋白质稳态。上述结果表明，硝化、反硝化及胁迫响应模块的协同重构是微生物群落适应高原污水处理环境的重要策略，同时揭示了高原潜在的N_2O排放风险。Comammox的优势及携带*nosZ*种群的不足，可作为优化高原污水脱氮和控制N_2O排放的潜在微生物靶点，但其实际过程贡献仍需通过活性测定和气体通量监测验证。

关键词：青藏高原污水处理，高原微生物适应，氮循环结构性重构，截断型反硝化，Comammox *Nitrospira*，氧化亚氮

议题六：地下水环境微生物生态与过程

原生高铬地下水的微生物生态效应：功能响应、抗性演化与跨界互作

赵忆[1*]，郭华明[1]

（1. 中国地质大学（北京）水资源与环境学院，北京 100083）

*通讯作者，E-mail：y.zhao@cugb.edu.cn

摘要：原生高铬地下水广泛分布于全球特定地质环境中，其环境与健康风险长期聚焦于化学毒性，而其对地下水微生物生态过程的影响仍缺乏系统认识。本研究基于中国黄土高原典型地质成因高Cr(VI)地下水系统，结合16S/18S rRNA高通量测序、HT-qPCR基因芯片、病原菌识别及生态网络分析，系统解析Cr(VI)驱动下地下水微生物群落、抗生素抗性组及跨界微生物互作机制。研究发现，原生高Cr(VI)地下水显著重塑地下水微生物群落结构与生态功能，形成以Cr(VI)还原菌和锰氧化菌为核心优势的功能生态簇，并与地下水深度、溶解氧和总溶解固体等关键水文地球化学因子协同驱动Cr(VI)的迁移转化过程。此外，高Cr(VI)地下水不仅是重要的抗生素抗性基因储库，同时伴随着潜在病原菌和移动遗传元件的富集。Cr(VI)与抗性组组成、移动遗传元件及病原菌呈显著关联，揭示了地质成因重金属对地下水抗性演化的潜在共选择作用。跨界微生物组分析发现，地下水原生生物对Cr(VI)同样表现出显著生态响应。高Cr(VI)条件下，原生生物群落组成、营养功能及生态模块发生显著的重构，并形成多个与Cr(VI)相关的特征类群。跨界网络分析进一步发现，原生生物是连接细菌群落与抗性组的重要生态枢纽，其捕食选择作用显著影响抗性基因及潜在病原菌的分布。高Cr(VI)环境下，原生生物介导的跨界互作进一步放大了地下水抗性基因的健康风险。本研究从功能响应、抗性组演化到跨界微生物互作三个层面，揭示了原生高铬地下水中微生物生态系统对长期地质胁迫的响应机制，为理解地下水生态过程及其潜在健康风险提供了新的生态学视角。（500-800字）

关键词：Cr(VI)，原生高铬地下水，抗生素抗性组，跨界微生物互作，One Health

生物炭对有机卤呼吸混合菌群复苏与性能的影响

党宏钰

（西北农林科技大学，资源与环境学院，陕西省杨凌农业高新技术产业示范区邰城路 3 号 712100）

hdang@nwafu.edu.cn

摘要：有机卤呼吸细菌生物强化驱动的地下水中氯乙烯厌氧还原脱氯过程，在有机卤呼吸细菌丰度与活性较低时可能停滞，导致脱氯不完全和子产物积累。热解碳质材料作为氯乙烯的吸附剂在地下水中的应用日益增多，可能增强有机卤呼吸细菌的性能。我们评估了在 350–900 °C 下热解制备的杨木生物炭，对一个初始初始活性低的厌氧脱氯菌群的乙烯生成和产甲烷的影响。在无生物炭的对照（不添加任何材料以及仅添加沙子）中，受胁迫的菌群积累顺式二氯乙烯且未产生乙烯，而在所有生物炭处理组中，四氯乙烯均被完全脱氯至乙烯。与对照相比，生物炭处理组中的卤呼吸细菌更多地表达了与生物膜形成、复苏、钴胺素转运与补救及菌毛形成相关的基因，表明这些过程参与了生物炭存在下有机卤呼吸细菌的复苏。非极性较弱的 350–500 °C 热解生物炭的乙烯生成速率（5.1–5.6 μmol/瓶/天）高于非极性较强的 700–900 °C 热解生物炭（3.2–3.7 μmol/瓶/天）。乙烯生成速率与生物炭孔径呈正相关，表明氯乙烯的孔填充和脱附滞后影响乙烯生成。这些结果确定了可通过调控来增强目标生物活性的材料性质，并为基于热解碳质材料的氯乙烯生物修复策略提供了依据。

关键词：有机卤呼吸；生物炭；还原脱氯

氯甲烷与氯乙烯复合污染场地生物修复原理与技术

汪善全[1*]

（1. 中山大学环境科学与工程学院，广州 510006）

*通讯作者，E-mail：wangshanquan@mail.sysu.edu.cn

摘要：氯代甲烷和氯代乙烯是地下水和土壤中典型的卤代有机污染物，常以复合污染形式共存于工业场地，因其高氧化还原电位、高密度、低溶解度和强土壤吸附性而成为环境修复领域的难点。本研究从机理解析和场地验证两个层面开展系统工作。在原理层面，我们发现环境中天然赋存的铁/硫物种可在还原条件

下原位转化为Fe_mS_n矿物（以FeS/FeS_2异质结为主体），该矿物相可通过增强污染物界面吸附和电子亲和力、抑制析氢副反应等机制，实现四氯化碳向氯仿的选择性还原，并进一步协同organohalide-respiring bacteria（OHRB）完成氯代甲烷的深度脱氯与矿化，最终生成甲烷等无毒产物。在场地应用层面，于某市电化厂甲烷车间开展了原位微生物修复中试，该场地地下水以氯代甲烷和氯代乙烯的复合污染为主要特征，同时存在高浓度硫酸盐。修复策略采用“环境调控—菌剂强化—动态监测”的阶段性方案：首先通过助剂注入营造厌氧还原环境并启动硫酸盐还原过程，促进Fe_mS_n的原位生成以实现氯代甲烷的优先化学转化；随后分批投加脱卤功能菌剂，推动氯代烃的顺序还原脱氯。经过2个月运行，氯代甲烷去除率达98.65%~99.84%，氯代乙烯去除率达82.55%~100%，多数井位终产物为乙烯和甲烷，实现了污染物的彻底脱毒。该工作系统展示了“天然矿物化学还原—微生物彻底无害化”的耦合修复技术路径，实现了从实验室机理解析到场地中试验证的完整闭环，为氯代烃复合污染场地的高效绿色修复提供了可推广的技术方案。

关键词：氯甲烷，氯乙烯，微生物脱氯，原位生物修复

畜禽养殖地下水中抗生素耐药性研究

高方舟[1*]

（1. 华南师范大学环境学院，广州 510006）

*通讯作者，E-mail：fangzhou.gao@m.scnu.edu.cn

摘要：畜禽养殖环境是抗生素污染和抗生素耐药性传播的重要来源，但养殖活动对地下水微生物耐药性的影响长期缺乏系统研究，尤其尚不清楚地下水中哪些抗生素抗性基因（ARGs）和耐药微生物具有较高的环境风险。本研究以广西博白县养殖区地下水为研究对象，综合采用宏基因组、宏转录组、细菌分离培养和全基因组测序等方法，系统解析地下水中耐药微生物及ARGs的组成、宿主特征和潜在风险。研究发现，养殖区地下水中抗生素和ARGs污染明显高于非养殖区，微生物群落多样性下降，不动杆菌属显著富集。宏基因组分析表明，不动杆菌是地下水中ARGs的重要宿主，携带丰富且多样的耐药基因；分离培养结果进一步证实，环境来源不动杆菌对四环素类、磺胺类和氟喹诺酮类抗生素普遍具有较高耐药性，表明地下水已成为耐药菌的重要环境储库。

针对传统0.22 μm过滤方法可能遗漏超小微生物的问题，本研究建立了0.22 μm与0.1 μm串联过滤策略。结果发现，地下水中存在丰富且具有转录活性的微型微生物群落，不动杆菌仍为优势类群，并包含鲍曼不动杆菌等临床重要病原菌。大量ARGs具有明确转录活性，说明地下水中的耐药基因不仅广泛存在，而且持续发挥生物学功能。进一步重建宏基因组组装基因组发现，多种不动杆菌是ARGs的重要宿主，并首次在Patescibacteriota超小型细菌中发现具有功能活性的大环内酯类耐药基因mef(B)，为超小型微生物参与ARGs传播提供了新的证据。培养实验进一步证实，部分能够穿过0.22 μm滤膜的微型微生物具有存活和生长能力，其中包括具有多重耐药性的鲍曼不动杆菌等潜在病原菌，提示地下水环境中可能存在被传统监测方法忽视的耐药风险。

本研究系统揭示了地下水环境中不动杆菌及ARGs的污染特征和生态风险，发现了传统方法忽略的微型耐药微生物及其功能活性，拓展了对地下水耐药基因传播机制的认识，为地下水环境风险评估和饮用水安全管理提供了重要科学依据。

关键词：畜禽养殖，抗生素耐药，不动杆菌，超小微生物

鞭毛马达开关机制 ZomB 作为一种与生境相关的性状，与环境细菌中的 Na+ 驱动定子协同进化

刘欣悦[1]，常云杰[2*]，高海春[1*]

（1. 浙江大学生命科学学院，杭州 310058；2. 浙江大学医学院，杭州 310058）

*通讯作者，E-mail：yjchang@zju.edu.cn；haichung@zju.edu.cn

摘要：鞭毛运动和趋化作用使细菌能够定位于有利的微环境——包括氧化还原界面、营养物质聚集区域以及矿物或颗粒表面——这些环境因素共同塑造了细菌的生态位。在 *Shewanella* 和 *Vibrio* 等水生及沉积环境细菌中，这种定向运动主要依赖 Na^+驱动的极性鞭毛马达。然而，该类马达的方向转换机制并不能完全由经典的 CheY-P/FliM 调控模型解释，该模型主要建立于土壤和宿主相关细菌（如 *E. coli* 和 *Salmonella*）的周生鞭毛系统中。此前研究通过遗传学证据表明，ZomB 参与极性鞭毛马达顺时针（clockwise, CW）旋转转换过程，但其结构基础及进化分布仍未知。在本研究中，我们证明 ZomB 与 CheY-P 在调控 CW 旋转过程中发挥非冗余作用；通过对天然状态下鞭毛马达进行原位冷冻电镜分析，

我们解析了三种不同构象状态，并发现一种特异存在于 CW 状态、且依赖 CheY-P 的结构密度；结合 AlphaFold3 辅助结构拟合，我们鉴定该密度为 ZomB，并发现其结合于 C-ring 附近，与 FliG 相邻。进一步地，通过对具有明确分离环境来源信息的广泛环境细菌基因组进行比较进化分析，我们发现 ZomB 与 Na^+驱动型定子 PomAB 特异性协同进化，而并不与 H^+驱动型定子 MotAB 呈现类似关联。因此，ZomB 代表了一种与生态环境相关的分子适应特征：它作为一个受 CheY-P 门控的鞭毛开关稳定因子，与细菌采用 Na+驱动运动策略以适应水生和沉积环境中的氧化还原梯度等生态挑战密切相关。

关键词：鞭毛马达转向，钠离子型定子，ZomB

地下水卤代有机污染的厌氧微生物修复

乔文静[1]，刘贵平[1]，叶淑君[2]，吴吉春[2*]，蒋建东[1*]

（1. 南京农业大学生命科学学院，南京 210014；2. 南京大学地球科学学院，南京 210023）

通讯作者，E-mail：jcwu@nju.edu.cn；jiang_jjd@njau.edu.cn

摘要：卤代有机物是我国化工污染场地典型有机污染物，具有高生物毒性与环境持久性，对生态系统和人体健康构成严重威胁。当前主流物化修复技术存在能耗高、靶向性差、次生风险大等弊端，原位厌氧微生物修复因环境友好且契合地下厌氧还原环境，成为最具前景的技术方向。然而，该技术工程化应用仍面临三大核心瓶颈：高效厌氧降解微生物资源缺乏、复合污染协同修复机制不清、复杂水文地质条件下精准修复难实现。

针对上述问题，本人近十余年聚焦地下水卤代有机污染厌氧微生物修复，以专性有机卤呼吸菌（即严格依赖还原脱卤呼吸进行能量代谢，实现卤代有机物降解）为核心，开展了从功能菌株发掘、降解机制解析到修复技术构建的系统性研究，取得了一系列学术成绩：（1）突破了厌氧微生物修复菌株资源缺乏的瓶颈，发掘了一批高效降解卤代有机物的功能菌群，为地下水污染修复提供了工程化应用的微生物资源；（2）鉴定了卤代有机物厌氧降解的关键功能基因，揭示了菌群互养共生网络，为定向优化修复菌剂性能奠定了理论基础；（3）构建了复合污染

和高分子量卤代有机物的“水力分区”和“厌氧-好氧”串联修复技术，建立了以功能菌为靶点的自然衰减评估方法。

以上研究成果不仅为我国地下水卤代有机污染绿色修复提供核心菌株、理论依据和技术储备，更形成了特色鲜明的“以新菌株发现为基础，以互作机制解析为核心，以精准调控技术为导向”的厌氧微生物修复研究体系。

关键词：地下水有机污染，地下水修复，微生物还原脱卤

溶解氧变化条件下地下水中典型NAPLs混合污染物的微生物降解

徐红霞*，闫子晗，吴吉春*

（南京大学地球科学与工程学院，南京，210023）

*通讯作者，E-mail：hxxu@nju.edu.cn; jcwu@nju.edu.cn

摘要：轻非水相液体(LNAPL)和重非水相液体(DNAPL)污染物常共存于实际污染场地中。由于两类污染物在理化性质、环境归趋及微生物代谢途径等方面存在显著差异，其共存时可能发生底物竞争、共代谢以及电子供体和电子受体竞争等相互作用，使混合污染体系中的生物降解过程更为复杂。现有研究主要关注单一类型 NAPL 污染物的生物降解特征及代谢机制，且多在相对稳定的好氧或厌氧环境中开展，对 LNAPL 和 DNAPL 混合污染在溶解氧变化条件下的微生物降解过程以及相应微生物群落结构和功能的演替规律仍缺乏系统认识。

本研究以甲苯和 1,2-二氯乙烷分别为代表性 LNAPL 和 DNAPL，开展室内微宇宙模拟实验，系统探究了溶解氧驱动的不同氧化还原条件下混合 NAPLs 的微生物降解过程及机理。结果表明，获得的功能菌群能够在有氧条件下稳定共降解甲苯与 1,2-二氯乙烷，且降解性能良好。微生物群落逐渐转变为以假单胞菌、潘多拉菌和分枝杆菌为主，具有甲苯和 1,2-二氯乙烷降解能力的 *Cupriavidus* 和 *Starkeya* 等菌属的相对丰度显著提升。此外，动态厌氧/微氧条件下的模拟降解实验结果表明，氧气含量和甲苯降解速率呈正相关，而其浓度增加则会抑制 1,2-二氯乙烷的厌氧脱氯反应。然而，功能菌群在溶解氧浓度高达 5000 μg/L 的条件下，仍可恢复对 1,2-二氯乙烷的厌氧降解能力，且其初始浓度越高，脱氯速率越快。

本研究结果表明，好氧及间歇性微氧化环境均可有效促进甲苯和 1,2-二氯乙烷的协同降解，可为类似 LNAPL-DNAPL 混合污染场地的原位生物修复策略制定提供科学依据。

关键词：地下水，有机污染，NAPL，氯代烃，单环芳烃

厌氧脱氯培养基组成对生物纳米钯合成及催化活性的影响

周颖，温丽莲*

（湖北大学环境资源学院，武汉 430000）

*通讯作者，E-mail：17661581225@163.com

摘要：三氯乙烯（TCE）作为典型的氯代有机污染物，具有致癌性、致畸性和神经毒性，对地下水环境造成严重威胁。生物纳米钯因其高催化活性和比表面积，在氯代烃还原脱氯领域展现出广阔应用前景。然而，厌氧脱氯培养基复杂组成对生物纳米钯合成特性及其催化活性的影响尚不明确，这限制了生物纳米钯耦合脱氯菌群体系在实际修复工程中的应用。本研究以 *Shewanella oneidensis* MR-1 为钯还原菌，探究微量元素培养基、盐溶液培养基及其混合培养基对生物纳米钯合成与催化活性的影响，并进一步探究不同浓度盐溶液培养基的作用效果，最后构建了生物纳米钯耦合脱氯菌群的还原脱氯体系。结果表明，微量元素培养基中生成的钯颗粒呈光滑球状、粒径均匀（0.2–1 μm），以 Pd(0)形式存在，对 TCE 表现出优异的催化脱氯活性，可在 47 小时内完全降解 TCE，降解速率达 12.89 μmol/(L·h)，终产物主要为乙烷。相反，盐溶液培养基中生成的钯颗粒呈聚集堆叠状态，粒径较小但分布不均，且未检测到 Pd(0)特征峰，对 TCE 降解表现出显著抑制作用，95 小时仅降解 7.2%的 TCE。混合培养基的脱氯能力介于两者之间，表明微量元素组分对催化活性具有促进作用，而盐溶液组分具有抑制作用，且抑制作用强于促进作用。通过稀释实验发现，经 10 倍至 10000 倍稀释后的盐溶液培养基均能生成具有催化活性的生物纳米钯，并可完全降解 TCE，催化脱氯速率随稀释倍数增加而提高，呈现 $10^{-4} > 10^{-3} > 10^{-2} > 10^{-1}$ 的浓度依赖关系，证实盐溶液培养基浓度是影响钯颗粒催化活性的关键因素。本研究为生物纳米钯耦合脱氯菌群还原脱氯机制研究提供了理论依据和实验支持，对地下水污染治理技术的发展具有重要意义。

关键词：厌氧还原脱氯，生物纳米钯，培养基组成，*Shewanella oneidensis* MR-1，三氯乙烯，催化活性

不同类型营养物质对厌氧脱氯菌群高效还原脱氯的影响

张瑶，温丽莲*

（湖北大学环境资源学院，武汉 430000）

*通讯作者，E-mail：2562068083@qq.com

摘要：三氯乙烯（TCE）是地下水中典型污染物，其代谢中间产物二氯乙烯（DCE）、氯乙烯（VC）均具备致畸、致癌、致突变毒性，严重威胁人体健康。原位微生物厌氧还原脱氯是降解 TCE 的核心技术途径。环境中存在多种脱氯微生物，但绝大多数菌属仅能将 TCE 部分还原为毒性更强的 DCE 或 VC；脱卤球菌属（*Dehalococcoides*）是唯一可将 TCE 完全还原为无毒乙烯（ETH）的微生物类群，该过程的核心功能酶为还原性脱卤酶。所有已纯化的还原性脱卤酶均依赖类咕啉作为辅因子；但 *Dehalococcoides* 无法自主从头合成类咕啉，必须依靠外源供给或群落内其他微生物获取该物质，才能满足自身生长代谢需求。不同电子供体、低位配体可选择性诱导微生物合成不同种类的类咕啉，但该过程对还原脱氯效率的调控作用鲜有报道。本研究以长期未外源添加维生素 B_{12}（VB_{12}）的脱氯菌群为对象，以 TCE 为电子受体，通过调控电子供体、生长因子开展批次试验。结果表明：长期无 VB_{12}供给的脱氯菌群中，乳酸作为电子供体时 TCE 完全降解速率最快；重新外源投加 VB_{12}可恢复菌群被抑制的脱氯活性。长期添加 VB_{12}的菌群体系内，以甲醇为电子供体时会大量产甲烷，0.31mmol/LTCE 可在 39 天内完全转化为 ETH；而长期无 VB_{12}体系中，甲醇为电子供体培养 79 天后体系仍残留 VC，且甲烷生成量极低。上述结果说明甲醇仅能促进长期含 VB_{12}菌群的脱氯反应。同时证明，原始脱氯菌群内天然存在的类咕啉合成微生物，无法为 *Dehalococcoides* 供给钴胺酰胺。本研究系统阐明各类营养物质对菌群类咕啉合成、还原脱氯全过程的调控规律，为微生物还原脱氯修复技术的优化提供理论支撑。

关键词：三氯乙烯，脱卤球菌，类咕啉，维生素 B_{12}

盐度梯度驱动下滨海地下水微生物适应策略与元素循环

支传顺

（水利与环境学院，济南大学，济南市，山东省，中国）

1542671163@qq.com

摘要：滨海地下水系统是海陆交互作用的重要地下界面，也是微生物驱动元素循环和环境演化的重要场所。受第四纪海侵作用影响，大量古海水长期保存于滨海含水层中，形成具有显著盐度梯度、复杂氧化还原条件和特殊生态压力的地下环境。然而，长期盐化过程如何驱动地下水微生物群落演替，并进一步影响元素循环过程仍缺乏系统认识。本报告围绕山东莱州湾南岸古海水入侵地下水系统，结合水化学分析、稳定同位素示踪、高通量宏基因组测序及基因组解析技术，系统揭示盐化地下水微生物生态响应及其功能机制。研究发现，盐度是控制地下水微生物群落结构演替的关键环境梯度，高盐条件显著改变细菌和古菌群落组成，并促进特定适盐微生物类群富集。进一步基于宏基因组和 MAGs 分析发现，长期盐化驱动地下水硫循环功能发生重组，高盐环境中硫酸盐还原相关功能增强，Desulfobacterota 等功能类群成为关键贡献者，同时发现部分未培养微生物谱系具有潜在硫代谢能力。此外，本研究进一步关注地下水微生物“暗物质”的生态作用，发现 CPR 细菌等基因组高度简化微生物能够通过保留能量转换、离子适应以及辅因子合成等关键功能，在高盐地下环境中维持生态存在，并可能通过微生物互作网络参与地下生态系统稳定。

关键词：滨海地下水；微生物生态重组；元素循环

含水层介质调控纳米铁-脱氯菌界面促进三氯乙烯生物-非生物耦合降解

王彬斌[1]*，范煜杰[1]，祝雨桐[1]，吴重宽[1]，成东[1]，何锋[2]

（1. 浙江工业大学环境学院，杭州 310014；2. 江南大学环境与生态学院，无锡 214122）

*通讯作者，E-mail：bbwang@zjut.edu.cn

摘要：三氯乙烯（TCE）在地下水中迁移性强、自然衰减缓慢，是典型的持久性氯代烃污染物。纳米零价铁（nZVI）及硫化纳米零价铁（S-nZVI）可快速还原 TCE，但 nZVI/S-nZVI 对脱氯菌的接触毒性限制了其与微生物协同修复。早期

有关铁基纳米材料与脱氯微生物相互作用的研究显示，实验室均一液相体系与实际污染场地修复中所观察到两者的促进或抑制效应并不一致，提示含水层介质可能是调控耦合过程的关键因素。本研究以产乙烯脱卤拟球菌 195 株（*Dhc*）为模型脱氯菌，在模拟地下水中设置无介质、石英砂、伊利石、高岭石和蒙脱石等多孔介质条件，构建单一生物、单一非生物及 Dhc-nZVI/S-nZVI 耦合体系，结合污染物降解动力学、产物分布、氢气利用、pH 和氧化还原电位、流式细胞术、透射电镜、电化学、Zeta 电位及功能基因表达分析，解析矿物-纳米铁颗粒-微生物界面的作用机制。结果表明，石英砂对单一体系影响较小，却使 Dhc/nZVI 体系 8 d TCE 降解率由 43.96%升至 95.48%，并使 Dhc/S-nZVI 体系对 TCE 降解的表观速率由 0.71 d^{-1} 增至 1.75 d^{-1}。此外，三种黏土矿物均有助于加快耦合降解，效果为蒙脱石>高岭石>伊利石。其中，蒙脱石介质分别使 Dhc/nZVI 和 Dhc/S-nZVI 体系对 TCE 降解的表观速率提高了 24 倍和 7 倍。含水层介质通过截留颗粒、调节表面负电性和维持较适宜的 pH 及低氧化还原电位，减少纳米铁颗粒与 *Dhc* 直接接触并提高氢气利用。与无介质耦合体系相比，蒙脱石使 nZVI 和 S-nZVI 体系中 *Dhc* 数量分别提高约 98%和 107%，并使 tceA 相对表达提高约 50%。同时，*Dhc* 对 nZVI/S-nZVI 颗粒表面 H_2 的利用，也降低了纳米铁颗粒界面电荷转移阻力、提高铁基颗粒腐蚀电流，促进电子传递。因此，含水层介质并非被动背景，而是通过重塑矿物-纳米铁-微生物界面，可将纳米铁生物胁迫转化为耦合增效。该认识可为砂质或黏土质 TCE 污染含水层的原位修复提供了理论和技术参考。

关键词：三氯乙烯；含水层介质；产乙烯脱卤拟球菌；纳米零价铁；生物-非生物耦合

地下水系统中PFAS-微生物相互作用：迁移、响应与功能演化

阎妮[1*]，马玉静[1]，胡海莹[1]

(1 中国海洋大学,环境科学与工程学院，青岛, 266100)

通讯作者 Email: yanni@ouc.edu.cn

摘要：全氟和多氟烷基化合物（PFAS）已在全球范围内广泛检出于土壤和地下水中，其与微生物之间的相互作用不仅影响 PFAS 的环境迁移行为，也可能改

变地下水生态功能，是开展 PFAS 污染风险评估与控制的重要科学问题。本研究围绕 PFAS–微生物双向相互作用开展系统研究，分别考察微生物对 PFAS 迁移行为的调控作用、PFAS 长期暴露对微生物群落的反馈效应，以及 PFAS 对地下水反硝化功能的影响。结果表明，生物膜能够显著增强全氟辛烷磺酸（PFOS）和 6:2 氟调磺酸（6:2 FTS）的迁移阻滞作用，其中胞外聚合物（EPS）是调控 PFAS 在水-固界面和水-气界面吸附分配的关键因素。在非饱和条件下，微生物对 6:2 FTS 迁移阻滞的贡献约占 42%，已接近空气-水界面（AWI）的贡献（约 58%）；土壤介质由于能够维持更高的微生物生物量，进一步增强了 PFAS 的阻滞作用。长期 PFAS 暴露则对微生物群落施加持续选择压力，驱动群落组成及优势菌群发生适应性重塑。进一步研究发现，PFOS 通过影响微生物生长及反硝化功能调控地下水反硝化过程，该效应具有明显的环境依赖性：在较低碳源浓度和较低初始生物量条件下表现为抑制作用，而增加碳源供给或提高初始生物量可显著缓解甚至消除这种抑制效应。本研究揭示了 PFAS 与地下水微生物之间由迁移调控、群落响应到功能演化构成的跨尺度双向相互作用过程，深化了对 PFAS 环境行为及其生态效应耦合机制的认识，为 PFAS 污染地下水的生态风险评估及生物修复策略优化提供了理论依据。

关键词：PFAS，地下水，微生物，界面过程，生态功能

基于微生物基因信息的地下水生物地球化学过程模拟

戴恒

（中国地质大学（武汉），地质微生物与环境全国重点实验室，湖北省，武汉市，430078）

E-mail：daiheng@cug.edu.cn

摘要：地下水中氮、碳等元素的迁移转化由微生物群落及其基因编码的代谢过程驱动，但传统反应性溶质运移模型通常将微生物简化为均一分布的催化剂或单一生物量变量，难以反映微生物组成、代谢能力及空间分布的动态变化。针对这一问题，本研究围绕地下水氮素转化，构建了由单菌、双菌到复杂微生物群落逐级扩展的实验与模拟体系。单菌阶段以施氏假单胞菌为模式菌，通过批实验和动态柱实验解析环境条件、水动力过程与功能基因响应之间的关系；双菌阶段引入巴西固氮螺菌，考察种间互作对硝酸盐还原及氮素去向的影响；群落阶段结合

测序、功能基因定量与代谢网络重构，表征多类功能微生物共同参与的生物地球化学反应。在模型方面，分别将基因组尺度代谢模型与动态流平衡分析耦合至反应运移模型，建立 DFBA-RTM；以功能基因丰度、底物浓度及热力学限制直接约束反应速率，建立基因中心模型；并构建融合环境因子和功能基因信息的深度学习模型，实现复杂过程的快速预测。结果表明，水流方向、微生物初始分布和地表水—地下水交互共同重塑功能基因的时空格局，并进一步控制硝酸盐还原强度及中间产物的迁移累积。随着体系由单菌扩展至双菌和群落，氮转化受到种间互作、代谢分工及途径竞争的共同调控，单一生物量参数已难以充分解释其动态响应。引入基因和代谢信息后，模型能够更好地再现不同点位氮素浓度变化及微生物非均质分布效应；基于实验数据建立的深度学习模型对独立非均质情景仍表现出较好的泛化能力。研究建立了贯通单菌机制、种间互作与群落功能的地下水生物地球化学模拟框架，为复杂地下水系统中微生物过程的定量表征及污染物迁移转化预测提供了新思路。

关键词：地下水；微生物群落；动态流平衡分析；反应性溶质运移模型

含水层非均质性控制下的石油烃污染地下水中微生物群落构建与稳定性

苏小四[1*]，王吉利[1]，张玉玲[1]

（1. 吉林大学水资源与环境研究所，长春130021；2.地下水资源与环境教育部重点实验室，长春 130021）

*通讯作者，E-mail：suxiaosi@jlu.edu.cn

摘要：含水层物理非均质性通过调控孔隙水交换与溶质运移，塑造微尺度流动及滞水微域，重塑地下水氧化还原格局与资源可利用性，进而驱动微生物群落构建与功能演替。本研究以东北某石油烃污染场地为对象，解析了含水层岩性差异对微生境生态位的塑造作用，阐明了非均质性对微生物群落结构及组装机制的调控规律。结果表明，受电子受体匮乏及介质强吸附限制，场地地下水石油烃自然衰减效能微弱。含水层非均质性控制了水化学组分的垂向分异：粉砂层因强吸附作用富集石油烃与铵态氮；中砂层呈强还原性并伴随碳组分累积；粗砂层因频繁水力交换维持较高氧化程度。微生物群落多样性及空间分布与垂向化学梯度显

著相关，证实了含水层岩性结构对微生物功能类群的生态筛选效应。微生物群落丰富度随深度递减，条件性敏感类群占主导（>90%），且粉砂层微生境对稀有类群具有庇护效应。含水层非均质性通过环境过滤与扩散阻隔协同调控群落构建：虽以随机性过程（以扩散限制为主，占60%以上）为主导，但确定性选择的贡献率随环境梯度增加提升至40%以上。此外，含水层岩性差异控制的水力连通-资源供给模式重构了高渗透源区与低渗透汇区之间的微生物募集关系，促使共发生网络由粉砂层的模块化协同向粗砂层的竞争性演替，并在中砂层达到功能与鲁棒性的最佳平衡。本研究揭示了微生境非均质性对群落的生态筛选与功能塑造机制，提出了基于水文地质条件的精准生物修复策略，为非均质地下水污染治理提供了理论支撑。

关键词：含水层非均质性；石油烃污染地下水；群落构建；原位生物修复

地下水中人源肠道病毒的迁移与衰减：吸附诱导的界面失活与聚集证据

张晓影[1,2]，王子僮[1,2]，秦家祺[3]，马克·L.·布鲁索[4]，贾思达[5]

穆罕默德·礼萨·索尔塔尼安[6]，戴振学[1,7]，苏维恒[3,*]，蓝天杉[1,2,*]，肯尼斯·C.·卡罗尔[8,*]

1. 吉林大学建设工程学院深地探测与成像全国重点实验室，吉林 长春 130026
2. 吉林大学地下环境智能模拟与预警研究所，吉林 长春 130026
3. 吉林大学生命科学学院艾滋病疫苗国家工程实验室，吉林 长春 130012
4. 亚利桑那大学环境科学系，美国 亚利桑那州 图森 85721
5. 重庆大学资源与安全学院，重庆 400044
6. 辛辛那提大学地球科学与环境工程系，美国 俄亥俄州 辛辛那提 45220
7. 青岛理工大学环境与市政工程学院，山东 青岛 266520
8. 新墨西哥州立大学植物与环境科学系，美国 新墨西哥州 拉斯克鲁塞斯 88003

联系人：张晓影，E-mail: xiaoyingzh@jlu.edu.cn

摘要：地下水中病毒迁移是导致水源性疾病暴发的重要途径，对公共健康构成显著风险。然而，控制病毒迁移与衰减的机制仍缺乏深入认识。本研究以人源肠道病毒柯萨奇病毒 A16 型（CV-A16）为研究对象，将实验研究与双标志物检测方法（$TCID_{50}$和 RT-qPCR）及分步建模策略相结合，定量解析病毒在非均质沉积物中迁移与衰减过程中的水相失活、界面失活和吸附作用。静态批次实验表明，

CV-A16 在水相中的失活显著较慢，感染性降低 90%需 106-191 d，而在饱和沉积物中约需 12 d。柱实验结果表明，动力学吸附-解吸是病毒衰减的主导机制；与此同时，固体表面相关的界面失活构成另一条重要途径，且其作用随病毒吸附增强，体现出吸附-失活耦合过程。进一步分析显示，从粗砂到粉砂，失活速率常数为 0.002-0.004 min^{-1}，表明细粒沉积物中病毒-固体界面反应性更强。此外，激光粒度分析获得的双峰粒径分布及透射电子显微镜观察到的病毒簇均表明，病毒在迁移过程中发生聚集；ζ电位变化进一步提示，该过程最可能发生于迁移早期至中期。本研究通过评估物理滞留与生物失活之间的相互作用，构建了一个机制框架，可提高地下环境中病毒迁移预测及病原体相关健康风险评价的准确性。

关键词：柯萨奇病毒 A16 型；地下水；病毒衰减；吸附-失活；聚集；双标志物检测

铁载体调控微生物还原铁氧化物及砷释放机制

李思梦[1, 2] 修伟[1, 3*] 方志鑫[1, 2] 郭华明[1, 2*]

（1. 地质微生物与环境全国重点实验室；2. 中国地质大学（北京）水资源与环境学院；3. 中国地质大学（北京）科学研究院）

通讯作者，E-mail：xwsuron@cugb.edu.cn; hmguo@cugb.edu.cn*

摘要：高砷（As）地下水是全球性的环境问题，其砷释放过程主要受微生物介导的 Fe(III)（氧）氢氧化物还原溶解控制。富含具有较强铁络合能力有机配体的溶解性有机质（DOM）能够改变这一过程，但其对 Fe(III)（氧）氢氧化物转化及伴随砷迁移行为的影响仍缺乏深入认识。本研究以异羟肟酸类铁载体去铁胺 B（DFOB）作为代表性的强铁络合有机配体，研究了其存在下 Shewanella oneidensis MR-1 对含砷针铁矿的微生物还原过程。结果表明，DFOB 显著促进了微生物 Fe(III) 还原，使初始还原速率最高提高 70%，总 Fe(II) 生成量较仅接种 MR-1 对照组增加 24%。这种促进作用主要归因于 DFOB 对 Fe(III) 的络合作用以及其增强了 Shewanella oneidensis MR-1 与针铁矿之间的电子传递。所有处理组均发生了砷释放，且砷释放量与反应铁总量（溶解铁和还原铁之和）呈显著正相关，表明 Fe–As 氧化还原循环之间存在耦合关系。尽管 DFOB 显著增强了 Fe(III) 还原，但并未进一步促进砷释放，MR-1-DFOB 处理组与 MR-1 单独

处理组表现出相近的砷迁移水平。这种受限的砷释放可能与 DFOB 促进生物成因 Fe(II) 向固相结合态铁及次生铁矿物重新分配有关，包括局部观察到的纳米磁铁矿、少量菱铁矿以及可能存在的低结晶度铁相。这些次生铁矿物可能通过吸附和共沉淀作用促进砷的固定。本研究表明，富含具有较强铁络合能力有机配体（如铁载体）的 DOM 能够促进具有砷固定能力的铁矿物相形成，揭示了一种此前尚未充分认识的 Fe–As 相互作用调控机制，为理解地下水中砷迁移行为提供了新的认识。

关键词：微生物 Fe(III) 还原；砷释放；铁载体；有机配体；微生物–矿物相互作用

议题七：环境微生物与固碳减排

硅灰石溶解驱动微生物固碳：产氢增效与重金属矿化

李伟明[1*]

(1.中国科学院沈阳应用生态研究所，110016，沈阳)

通讯作者 Email：liwm@iae.ac.cn

摘要：微生物矿化是自然固碳与人为碳减排交汇的重要过程，矿物风化释放的钙离子与微生物代谢耦合，可将 CO_2 转化为稳定碳酸盐矿物，在能源生产与污染修复领域已展现出应用价值。硅灰石风化兼具缓冲 pH 和释放钙离子两方面效应，是驱动矿物与微生物协同固碳的理想载体。本报告以硅灰石风化为切入点，介绍其在生物制氢和重金属固定两类过程中的差异化应用。

在暗发酵生物制氢体系中，硅灰石风化缓冲了发酵产酸导致的过度酸化，体系 pH 提升还促进了含氮有机物氨化，释放的氨进一步推动 pH 抬升，为 CO_2 的碳酸盐化固定创造条件，同时使发酵代谢由乳酸型转向乙酸型，产氢菌得到富集。最佳投加量下，迟滞期缩短近一半，产氢量提升约 33%。针对固碳与产氢最优投加量之间的矛盾，本研究发展了两阶段策略：先以最优浓度实现最大化产氢，再于发酵后调节 pH 诱导碳酸化，有效固定 CO_2，终产气氢含量提升至 58%以上，生命周期评价也验证了该策略具有更低的全球增温潜势。

在重金属矿化固定体系中，硅灰石释放的钙离子替代传统可溶性钙盐，与筛选菌株的碳酸酐酶活性结合，驱动非脲解型碳酸盐矿化，避免了脲解途径常伴生的氨氮污染。该体系对镉、锌的去除率均在 65%以上，同时截留大量碳酸盐结合碳。硅灰石缓慢持续释钙更利于生成热力学稳定的方解石，体系在多批次循环、连续流及海水基质中均保持稳定效能。

两项工作均以硅灰石风化这一矿物与微生物界面反应为核心驱动力，分别在能源产气和污染修复场景中实现了固碳与主功能的协同优化。

关键词：硅灰石；发酵制氢；重金属去除

枯竭油藏微生物碳封存与甲烷转化过程

刘一凡（liuyifan@ecust.edu.cn）[1]，Muhammad Javed[1]（javed@mail.ecust.edu.cn），牟伯中（bzmu@ecust.edu.cn）[1]*

（1 华东理工大学，中国上海）

bzmu@ecust.edu.cn

摘要：大规模碳捕集与封存是应对气候变化的关键举措，需将百万吨级 CO_2 注入深层地质构造。在此过程中，CO_2 与地下流体、矿物及本土微生物长期相互作用，其最终归宿取决于微生物转化、物理捕集以及稳定的矿物固定。这些耦合的生物地球化学过程使地质构造转化为动态生物反应器，其中矿物不仅调节氧化还原状态、促进电子传递、提供微量营养元素，还兼具 pH 缓冲与碳源功能。前期工作中，我们建立了宏组学方法以解析油藏中参与烃类降解和甲烷生成的微生物群落，并系统考察了零价金属、铁矿物及生物电化学装置等多种电子供体驱动微生物 CO_2 还原的转化路径、速率及 CO_2 注入效应。在此基础上，本研究聚焦橙色氢驱动的生物甲烷化，探索能源生产与碳控制的协同路径。利用水-橄榄石-CO_2 反应原位产橙色氢，在相似条件下其转化效率较外部绿氢提高约 12%。宏基因组分析表明，甲烷嗜热杆菌属（Methanothermobacter）是主要的氢营养型产甲烷菌。进一步的实验与模型验证确认，菱铁矿和菱镁矿等碳酸盐矿物的沉淀可构成稳定的非生物碳汇。该地质微生物方法揭示了矿物促进生物甲烷化的双重效益——既可实现可持续能源生产，又能达成长期碳封存，为迈向更清洁、更绿色的未来提供了新思路。

关键词： 油藏；CO_2 生物转化；生物甲烷

长期不同施肥对旱地红壤有机质特征的影响及微生物碳泵机制

周雨欣[1, 2]，白亚南[2*]，吴宇澄[1*]，骆永明[1]

（1. 中国科学院南京土壤研究所 土壤与农业可持续发展全国重点实验室，南京 211135；

2. 南京信息工程大学生态与应用气象学院，南京 210044）

*通讯作者，E-mail：baiyn@nuist.edu.cn，ycwu@issas.ac.cn

摘要：红壤是我国南方重要的农田土壤类型，具有酸性强、风化程度高和有

机质含量偏低等特点，提升其有机碳固存能力对改善土壤质量和优化农田施肥管理具有重要意义。本研究依托江西鹰潭红壤站长期定位施肥试验，选取常规化肥（CF）、微量元素配施化肥（CF-T）、厩肥配施化肥（PM）和厩肥、微量元素及磷钾肥配施（PM-T）4个处理，测定土壤有机碳（SOM）及组分、微生物碳利用效率（CUE）、氨基糖和木质素酚等生物标志物，并利用傅里叶变换离子回旋共振质谱（FT-ICR MS）解析SOM的分子组成，探讨长期施肥对红壤有机质积累及微生物碳泵（MCP）过程的影响。研究发现，长期施用有机肥显著提高了红壤SOM、颗粒态有机碳（POC）和矿物结合态有机碳（MAOC）含量，促进了活性碳库与稳定碳库的协同积累。SOM分子组成发生明显变化，缩合芳香族化合物、单宁及含氮、磷、硫有机分子的相对丰度增加，分子多样性和结构复杂性增强，反映出有机质向复杂化和稳定化方向演变。同时，有机肥提高了微生物CUE、氨基葡萄糖/胞壁酸（GlcN/MurA）比值、真菌残体碳含量及其在微生物残体碳中的相对贡献，增强了微生物碳泵介导的碳同化、残体形成与保存过程。综上，长期有机肥通过增加有机碳输入、提高微生物碳利用效率、促进微生物残体积累及其向稳定碳库转化，强化了红壤有机碳的稳定保存和土壤固碳能力。研究结果为认识长期有机肥培肥过程中微生物碳泵的作用及提升红壤农田固碳潜力提供了科学依据。

关键词：长期施肥；旱地红壤；土壤有机质；微生物碳泵；微生物碳利用效率

半干旱地区先锋物种-沙棘，其复合恢复模式对土壤质量及微生物群落的影响

文博 [1*]

（1. 环境与资源学院,山西大学,太原市,山西省,中国）

wenbo@sxu.edu.cn

摘要：露天煤矿开采严重破坏土壤和生态系统功能，制约了区域可持续发展。因此，以植被为主的恢复措施被广泛采用，作为促进土壤修复和生态系统恢复的有效方法。本研究在安太堡露天煤矿建立了八种恢复模式，均以沙棘为主，并结合油松，刺槐和柠条。2019 年和 2022 年系统调查了土壤的理化性质及微生物群

落特征，以评估恢复效果。结果表明，沙棘+柠条模式（SJ_NT）显著提高了土壤有效磷（AP）含量（平均差值=9.467 mg/kg，$p < 0.001$）和总氮（TN）含量（平均差值=211.333 mg/kg，$p = 0.002$），是唯一一种在长期恢复过程中持续提升 AP 含量的配置。土壤微生物群落表现出明显的时空动态变化。2022 年，SJ_NT 模型显示的真菌操作分类单元（OTU）丰富度最高（439）。在细菌门层面上，群落优势从放线菌门转向变形菌门，蓝细菌作为另一主要优势群组出现。功能预测进一步表明微生物代谢潜力增强，尤其是与碳代谢和氨基酸代谢相关的功能基因。核心微生物类群显著与土壤养分可利用性相关，表明其通过互补的代谢功能参与稳定群落结构。SJ_NT 恢复模型通过改善土壤养分状况、优化微生物群落结构以及增强功能活性，促进生态恢复，形成正向反馈机制。本研究为半干旱地区露天煤矿植被配置及生态修复提供了实用指导。

关键词：露天煤矿复垦；微生物群落结构；土壤养分；生态复垦

不同海拔梯度下土壤碳矿化特征及其关键影响因子探究

李彦林*，杨霜溶，陈杨洋

（重庆文理学院化学与环境工程学院，重金属废水资源利用重庆市重点实验室，重庆 402160）

*通讯作者，E-mail：ygzzfyhlyl@163.com

摘要：为探明高山丘陵区土壤碳矿化过程在不同海拔的变化特征及其关键影响因子，该研究以重庆涪陵分水岭土壤为研究对象，测定了5个不同海拔梯度（300、600、900、1 200、1 500 m）土壤碳矿化量及相关的土壤非生物因子（温度、pH、含水率、养分含量）和生物因子（土壤酶活性、土壤微生物数量），并对其变化规律及相关性进行了分析。结果显示：（1）不同海拔梯度土壤非生物因子温度随海拔升高而降低，pH和含水率无明显垂直分布差异，土壤总氮（TN）、速效氮（AN）、总磷（TP）、速效磷（AP）、总钾（TK）、速效钾（AK）含量均随海拔梯度的升高先增加后减小，在海拔600 m处达到峰值；（2）不同海拔梯度土壤生物因子脲酶、蔗糖酶活性与土壤养分表现出一样的变化趋势，而土壤过氧化氢酶活性随海拔梯度的变化差异不显著（$P>0.05$），土壤细菌、真菌数量随海拔梯度的升高先增加后减小，在海拔600 m处达到最大值，放线菌数量随海拔梯

度升高而增加，并在海拔1 500 m处达到最大值；（3）不同海拔梯度土壤碳矿化速率基本上呈现先升高后下降的变化规律，累积碳矿化量在海拔600 m最高，海拔梯度与土壤碳矿化量及土壤生态因子显著相关；（4）不同海拔梯度下土壤碳矿化量与土壤非生物因子TN、TP、TK、AN、AP以及生物因子细菌数量、真菌数量、脲酶和蔗糖酶活性极显著正相关。综上，涪陵分水岭地区不同海拔梯度下，土壤非生物因子和生物因子共同作用驱动土壤碳矿化过程，研究结果对长江流域不同海拔高山土壤有机碳循环及土壤植被恢复与管理具有重要意义。

关键词：海拔梯度；土壤碳矿化；土壤非生物因子；土壤生物因子；重庆分水岭

低温菌剂如何重塑寒区堆肥中微生物的碳氮代谢：堆肥腐熟度、氮素保留和温室气体排放

邴文荣，郭灿灿，孙川凯，王伟东*

（东北林业大学生命科学学院，东北盐碱地植被生态恢复教育部重点实验室，哈尔滨 150040）

*通讯作者，E-mail：wdwang@nefu.edu.cn；wwdcyy@126.com

摘要：中国东北是重要的粮食和畜牧业生产基地，每年产生大量玉米秸秆和牛粪。根据国家统计局的数据，2024年东北地区玉米秸秆产量约1.25亿吨，占全国总量的34%，牛粪年产量超过1.1亿吨。牛粪与玉米秸秆共堆肥可减少露天焚烧、废弃物堆积和养分流失，并促进养分回收、有机质稳定化及有机肥生产。然而，东北冬季低温会抑制微生物活性，影响堆体升温和秸秆木质纤维素降解。目前，微生物菌剂能否在提升堆肥品质的同时减少温室气体排放，仍有待进一步研究。本研究以玉米秸秆和牛粪为原料，设置未接种对照（CK）、两株低温木质纤维素降解单菌复配（N2J5）和低温木质纤维素降解复合菌系ES-1三个处理，开展60 d寒区堆肥试验，并结合理化指标、气体排放监测、16S rRNA扩增子测序、宏基因组分析等手段，解析不同低温菌剂对堆肥腐熟、氮素保留及碳氮代谢的调控机制。结果表明，N2J5和ES-1分别将高温期延长9 d和14 d，均促进C/N的下降和种子发芽指数的提高；两种接种处理在翻堆后均可回温，腐熟期种子发芽指数超过100%。堆肥结束时，ES-1处理C/N降至10.2，N2J5处理总氮较初始提高78.6%，表现出更

强的保氮能力。与CK相比，两种菌剂使NH_3累积排放降低44.2%-46.5%，N_2O排放降低5.1%-6.1%，但促进CO_2排放并诱导CH_4产生，使累积全球增温潜势增加。微生物群落分析显示，ES-1富集嗜热分解菌*Thermoclostridium*和*Caldicoprobacter*，而N2J5促进产甲烷古菌富集。宏基因组结果表明，两种接种处理均增强氮固定和异化硝酸盐还原相关基因，其中N2J5处理的*nifK*、*nifD*、*nifH*和*nrfA*丰度较高，增强其氮素保留潜力；ES-1处理具有较高的*pycB*、*cdhA-E*和*acsE*丰度及较低的*acnB*和*napA*丰度，反映其较强的有机质矿化潜力和较低的反硝化潜力；N2J5处理中mcrA-D,G等产甲烷基因的富集与较高CH_4排放相一致。这些结果表明，具有不同功能特性的低温菌剂驱动了不同的微生物碳氮代谢途径，在提高堆肥效率和增强氮素保留的同时产生了不同的影响，为寒冷地区堆肥系统中接种剂的选择策略提供了参考。

关键词：农业废弃物，寒区堆肥，微生物接种，氮素保留，全球增温潜势

水稻田中 N_2O-AMO 细菌的富集、分离及应用

石瀚方[1]，裴盛祥[1]，孙乐天[1]，李民扬[1]，孙则焜[1]，贾亮[1]，田蕴[1*]，郑伟[1*]

（1. 生命科学学院,厦门大学,厦门,福建省,中国）

tianyun@xmu.edu.cn；jedi@xmu.edu.cn

摘要：水稻田是甲烷（CH_4）和氧化亚氮（N_2O）这两种强效温室气体的重要人为排放源，因此深入解析将 CH_4 氧化与 N_2O 还原相偶联的微生物学机制为缓解全球气候变化提供了一条极具前景的途径。本研究以水稻土为接种源，成功搭建了两个不同营养条件的序批式富集培养体系——分别模拟施加与未施加铵态（NH_4^+）肥料的环境，且均以周期性的温室气体通入作为底物（CH_4 : N_2O=1:4）。在施肥组的反应器中，我们在长达 56 天的富集周期内，观察到了氮肥对 CH_4 氧化具有明显的阶段性“刺激-抑制-恢复”效应，而对 N_2O 的还原作用则表现为持续性的显著增强。

定量聚合酶链式反应（qPCR）和 16S rRNA 基因高通量测序结果表明，在不同的反应器中存在着显著的氮素驱动型生态位分化与群落演替现象。在施肥组中，变形菌门甲烷氧化菌（如甲基单胞菌属 *Methylomonas*）受到了强烈的抑制，这一现象反而减轻了 CH_4 氧化微生物间的竞争压力，从而为亚硝酸盐依赖型 NC10 门

pmoA 菌群的富集创造了最佳的生态位。与此同时，充足的氮素输入为系统提供了全面的反硝化底物，使得具备完整反硝化途径的微生物（*nosZ* I 型）相对于 nosZ II 型菌群具有显著的竞争优势。

值得注意的是，本研究从该富集系统中分离出了一系列分类学多样性丰富的、具有 CH_4 氧化耦合 N_2O 还原潜在功能的功能菌株。从中，我们成功筛选并鉴定出了一株关键的活性候选菌株，命名为 amoE10。虽然全基因组测序显示该菌株具有独特的基因组图谱且缺乏传统的甲烷单加氧酶基因，但通过在多种单碳底物和电子受体条件下的生长实验，结合 CH_4/N_2O 底物动力学实验以及稳定同位素示踪实验，明确证实了该菌株具有 CH_4 氧化与 N_2O 还原的双功能代谢能力。随后，将菌株 amoE10 重新接种回基于水稻土构建的微宇宙体系中，结果表明，该菌株能够显著增强水稻土中 CH_4 与 N_2O 的同步减排效果。

综上所述，本研究将氮素驱动的生态位分化、分离菌株 amoE10 独特的双功能代谢特征以及其在微宇宙体系中的成功应用有机结合，为同步减少农业温室气体排放提供了全新的微生物学视角与潜在的技术支撑。

关键词：水稻田土壤；甲烷氧化；氧化亚氮还原；温室气体减排；生物强化

Global viral auxiliary metabolic genes drive carbon sequestration under climate change

Authors: Keyu Yao1,2,†, Mingming Sun3,†, Dong Zhu4, Ville Petri Friman5 , José Luis Balcázar6, Eun Hea Jho7, Guanlin Li8, Xin Zhao8, Xin Jiang1,2, Jixian Ding1,2, Meiting Jiang1,2, Zhiyuan Ma1,2, Mao Ye1,2*, Yuting Liang9,2*, Jizhong Zhou10, Yongguan Zhu11

(1 National Engineering Research Center for Soil Nutrient Management and Pollution Remediation, Institute of Soil Science, Chinese Academy of Sciences, Nanjing, China; 2 University of Chinese Academy of Sciences, Beijing, China; 3 Soil Ecology Lab, Jiangsu Collaborative Innovation Center for Solid Organic Waste Resource Utilization & Jiangsu Key Laboratory for Solid Organic Waste Utilization, Nanjing Agricultural University, Nanjing, China; 4Key Laboratory of Urban Environment and Health, Ningbo Observation and Research Station, Institute of Urban Environment, Chinese Academy of Sciences, Xiamen, China; 5Department of Microbiology, University of Helsinki, Finland; 6Catalan Institute for Water Research (ICRA-CERCA), Girona, Spain; 7Department of Agricultural and Biological Chemistry, Chonnam National University, Gwangju, South Korea; 8School of Environment and Safety Engineering, Jiangsu University,

Zhenjiang, China; 9 State Key Laboratory of Soil and Sustainable Agriculture, Institute of Soil Science, Chinese Academy of Sciences, Nanjing, China; 10 Department of Microbiology and Plant Biology, University of Oklahoma, Norman, Oklahoma, USA; 11 State Key Laboratory of Urban and Regional Ecology, Research Centre for Eco-Environmental Sciences, Chinese Academy of Sciences, Beijing, China)

†These authors contributed equally: Keyu Yao, Mingming Sun

*e-mail:yemao@issas.ac.cn; ytliang@issas.ac.cn

Abstract： Soil viral communities play a pivotal role in terrestrial carbon cycling through their regulation of host metabolism. Despite this, the long-term coevolutionary dynamics between viruses and their hosts in response to climatic variations and its implications on carbon sequestration remain poorly understood. Here, we uncover a novel carbon compensation mechanism facilitated by viral auxiliary metabolic genes (AMGs). Employing a cross-climatic zone black soil chronosequence experiment spanning from cold temperate to subtropical zones over 16 years (2005–2021), integrated with the global virus database IMG/VR and multi-omics analyses, we observed a marked enrichment of carbon sequestration-associated AMGs (specifically GT2 and GT4) in viruses under high-temperature conditions. The abundance of these AMGs correlated positively with annual mean temperature and precipitation, exhibiting a 37.8% increase in gene expression post long-term evolution. Protein structure predictions and promoter annotation suggested efficient expression potential of AMGs within host bacteria. Host prediction modeling further indicated that the functional efficiency of AMGs for viral carbon sequestration surpassed 85%, corroborated by transcriptomic evidence. Viral transplantation experiments demonstrated a 26.7% enhancement in carbon sequestration by soil viruses. ^{13}C isotope labeling illuminated the role of viral AMGs in facilitating microbial conversion of carbon from both microbial and plant sources into recalcitrant organic matter. Our findings demonstrate that viral activities can counteract climate-driven carbon loss by modulating carbon cycling pathways, providing new insights into phage-host interactions and offering critical implications for predicting terrestrial carbon sequestration under global change.

Keywords: Virus; AMGs; Carbon sequestration; Soil transplant; Phage transportation

青藏高原高寒湿地有机质降解产甲烷特征及关键微生物类群研究

冯美玲[1]，赵洋[1]，林淼[1]，唐志强[1]，刘鹏飞[1]*

（泛第三级环境中心,兰州大学,兰州，730000）

*通讯作者，E-mail：fengml2024@lzu.edu.cn

摘要：青藏高原是对气候变化极为敏感的高海拔寒冷地区，其广泛分布的高寒湿地因此成为大气甲烷的重要排放源。初级发酵菌、互营细菌和产甲烷古菌是驱动厌氧有机物降解与产甲烷过程的关键微生物类群，然而驱动该区域湿地有机物厌氧降解与产甲烷过程的关键微生物类群及代谢途径尚不明确。为此，本研究选取高海拔唐古拉（TGL）和低海拔尕海（GH）两个高寒湿地，在5 ℃、15 ℃和25 ℃下开展厌氧微宇宙实验，并设置添加纤维素、产甲烷抑制剂BES及二者联合三种处理，同时结合挥发性脂肪酸测定、qPCR绝对定量及16S rRNA测序，以期系统解析有机物降解产甲烷的代谢途径与核心功能微生物。结果表明，Cel显著促进甲烷产生，而BES和CB则强烈抑制，表明纤维素是可被微生物利用的关键底物，且产甲烷过程对BES高度敏感。在代谢途径层面，TGL湿地中以乙酸为主导中间产物（15 ℃贡献68%）；相比之下，GH湿地中底物利用模式随温度发生显著切换，丙酸贡献由15℃的43%升至25 ℃的57%，另有25%-48%的甲烷来源于未测定前体，说明两个湿地存在不同的底物利用策略。就关键功能类群而言，TGL湿地核心功能群为水解发酵菌*Hungateiclostridiaceae*和*Spirochaetaceae*、互养菌*Smithellaceae*及产甲烷古菌*Methanosaetaceae*；GH湿地水解发酵菌组成相似，但互养菌以*Lachnospiraceae*为主，产甲烷古菌以*Methanosarcinaceae*为主，反映出功能群组成与代谢模式的协同分异。值得注意的是，两个湿地中均检测到尚未被充分认知的潜在功能微生物类群，其中TGL湿地中*Saccharimonadales*_unclassified、*Sporomusaceae* 和 *Saccharimonadaceae* 可能为潜在的初级发酵菌、*Hydrogenedensaceae*可能为潜在的互养细菌；GH湿地中S*accharimonadaceae*、*Anaerovoracaceae* 和 *Acidaminococcaceae* 可能为潜在的初级发酵菌，*Christensenellaceae*可能为潜在的互养细菌。总之，这些发现为理解高寒湿地甲烷产生的微生物驱动机制提供了关键实证，并为预测气候变暖背景下青藏高原湿地甲烷排放的动态变化奠定了理论基础。

关键词：青藏高原，高寒湿地，有机物降解，产甲烷

高寒草甸典型植物根系分泌物有机酸的分布特征及其对土壤反硝化功能基因丰度的影响

杨霜溶，李彦林*，李园圆

（重庆文理学院化学与环境工程学院，重金属废水资源利用重庆市重点实验室，重庆 402160）

*通讯作者，E-mail：ygzzfyhlyl@163.com

摘要：高寒草甸是青藏高原重要的生态屏障，也是土壤氧化亚氮（N_2O）排放的潜在热点区域，但其地下生物化学过程，尤其是根系分泌物介导的反硝化作用机制尚不清楚。因此，本研究以高寒草甸典型优势植株黑麦草（*Loliumperenne*）、狼毒（*Stellerachamaejasme*）、披碱草（*Elymusdahuricus*）、瞿麦（*Dianthussuperbus*）和歪头菜（*Viciaunijuga*）为研究对象，采用水培法和高效液相色谱质谱联用技术（LC-MS）分析了不同植物根系分泌物有机酸的组成与含量分布特征，并通过MPN计数法和实时荧光定量qPCR技术探究不同有机酸对土壤可培养反硝化功能细菌数量与功能基因（*nirS*、*nirK*和*nosZ* I）丰度的影响。结果表明，高寒草甸5种典型植物根系分泌的有机酸共32种，其中，12-羟基硬脂酸和16-羟基棕榈酸为主要组分；MPN分析显示土壤可培养反硝化细菌数量随有机酸浓度的升高而先升高后降低，整体呈现抑制作用，且随着培养时间的递增这种抑制作用并没有改变；qPCR分析显示不同有机酸对土壤反硝化功能基因丰度的调控存在异质性，但*nirS*、*nirK*和*nosZ* I基因丰度均随培养时间的延长而持续下降，且均在培养时间为20 d时达到最大值；三因素方差分析表明，有机酸类型、浓度和培养时间的交互作用显著影响反硝化细菌功能基因丰度；此外，有机酸分布特征改变了(*nirS*+*nirK*)/*nosZ* I比值，特别是12-羟基硬脂酸处理的(*nirS*+*nirK*)/*nosZ* I值在培养时间为100 d时显著低于空白，暗示根系分泌物可能通过改变反硝化功能基因的相对丰度，影响N_2O的产生与还原平衡。本研究揭示了高寒草甸植物根系分泌的有机酸驱动土壤反硝化过程的微生态机制，为理解高寒草甸生态系统氮循环及温室气体减排潜力提供了重要的理论依据。

关键词：高寒草甸，有机酸，反硝化细菌，反硝化功能基因

Cross-Domain Microbial Responses to Environmental Changes in a Reservoir

贾权，王经伟*，赵妍，王昊祺，马桥

（1. 大连海事大学环境科学与工程学院，大连 116026）

*通讯作者，E-mail：wangjingwei@dlmu.edu.cn.

Abstract：Reservoir ecosystems are increasingly influenced by eutrophication, seasonal hydrological variation and emerging contaminants, yet the combined responses of water quality, bacterial communities and microbial eukaryotes remain insufficiently understood. This study investigated interannual and seasonal ecological changes in a reservoir in northern China during 2024–2025. Surface- and middle-water samples were collected in summer and autumn. Physicochemical and nutrient variables, antibiotics and pesticides were measured, while bacterial and eukaryotic communities were characterized using 16S and 18S rRNA gene sequencing, respectively. Water-quality patterns were evaluated after Z-score standardization, trophic status was assessed using the comprehensive trophic level index (TLI), and microbial variation was examined using genus-level relative abundance, principal-coordinate analysis (PCoA) and redundancy analysis (RDA).The standardized environmental profiles revealed a reservoir-wide transition involving nutrients, pH, dissolved oxygen, conductivity, transparency, organic-matter indicators and compound-specific contaminant variation. The changes in antibiotics and pesticides were not uniformly directional, indicating that individual compounds provided more ecological information than an aggregated pollution trend. TLI results showed an overall strengthening of eutrophic conditions in 2025, although the magnitude of trophic change differed among seasons, water layers and monitoring sites.The bacterial community underwent a pronounced genus-level replacement. The 2024 assemblage was characterized mainly by *Flavobacterium*, *Pseudomonas*, *Acinetobacter* and *Nitrosarchaeum*, whereas *Aphanizomenon* became dominant in 2025, accompanied by increases in *Cyanobium*, *Mycobacterium* and *Sphingorhabdus*. In contrast, nitrification-associated *Nitrospira* and *Nitrosarchaeum* declined. The eukaryotic community also changed markedly, shifting from stronger representation of *Cryptomonas*, *Aulacoseira*, *Dinobryon* and *Chlamydomonas* toward higher contributions from *Cryptomonas*, *Obertrumia*, *Paraphysomonas* and *Sphaeroeca*.

These results indicate that the stronger cyanobacterial state was accompanied by coordinated replacement of algal, heterotrophic protistan and bacterial assemblages.PCoA clearly separated the 2024 and 2025 communities in both marker systems, demonstrating substantial interannual turnover. Bacterial profiles showed the stronger contraction in alpha diversity, whereas eukaryotic profiles exhibited pronounced seasonal reorganization. Integrated RDA models explained 50.02% of bacterial and 44.04% of eukaryotic community variation, with adjusted R^2 values of 0.415 and 0.359, respectively. Physicochemical and nutrient variables formed the dominant environmental driver group, while antibiotics and pesticides contributed additional compound-specific signals.

Keywords： Reservoir, Eutrophication, Microbial community, Emerging contaminants

Cross-domain but not single-domain microbial networks exhibit latitudinal organization and keystone-mediated stability in Chinese coastal sediments

Mingjie Yong[1]（雍明杰），Hongjun Li[2]（李宏俊），Ye Deng[3]（邓晔），Zhaojing Zhang[1*]（张照婧）

（1. 山东大学海洋研究院，青岛 266237；2. 国家海洋环境监测中心，大连 116023；3. 中科院生态环境研究中心，北京 100085；1*. 山东大学海洋研究院，青岛 266237）

第一作者，E-mail：1291304442@qq.com

*通讯作者，E-mail：zhaojing_z@sdu.edu.cn

Abstract: Cross-domain ecological associations between prokaryotes and microeukaryotes underpin the functioning and stability of marine sediment ecosystems, yet how these associations are organized across broad environmental gradients, and whether keystone taxa contribute to network robustness, remain poorly understood. Here, we constructed prokaryote–microeukaryote cross-domain co-occurrence networks—which may reflect potential ecological interactions—from sediment samples collected across seven coastal and estuarine ecosystems spanning a 22.2°N–36.2°N latitudinal gradient along the Chinese coast, integrating network analysis, mixed-effects modeling, partial least squares path modeling (PLS-PM), and machine learning. Single-domain networks showed no consistent latitudinal trends, whereas

cross-domain networks exhibited pronounced latitudinal structuring in topology, interaction patterns, and stability. Low-latitude networks displayed stronger nestedness (up to 21.22) and a higher proportion of positive associations (mean 55%), indicative of cooperative interaction architectures, whereas high-latitude networks showed greater network complexity and significantly enhanced robustness ($p = 0.044$). Microeukaryotes disproportionately occupied hub positions while prokaryotes predominantly functioned as connectors, together sustaining cross-domain connectance. Path modeling revealed that water temperature, total organic carbon, and chromium hierarchically regulated network robustness by reshaping keystone taxa abundance and network complexity, with machine learning further identifying a nonlinear threshold response of robustness to chromium. These findings demonstrate that cross-domain, rather than single-domain, ecological coupling is the organizing principle governing coastal sediment microbial networks across latitudinal gradients, offering a predictive basis for microbiome reorganization and ecosystem resilience under future environmental change.

Keywords: Coastal sediments, Cross-domain ecological network, Latitudinal gradient, Keystone taxa, Network robustness, Environmental filtering

潮汐作用对盐沼湿地氧化亚氮排放的影响及其微生物学机制研究

李想晨辰，张满平*

（上海应用技术大学，城市建设与生态技术学部）

*通讯作者，zhang_manping@163.com

摘要：河口是径流与海水交汇的关键地带，河口盐沼湿地是氧化亚氮（N_2O）的重要产生和排放源头，但此生态系统中 N_2O 排放的内在机制仍不明确。潮汐作用导致的潮滩高程变化是盐沼湿地的显著特征,影响着氮循环微生物的代谢过程，且不同潮滩植物类型也会影响 N_2O 的排放动态。基于此，本研究综合采用宏基因组测序技术、定量聚合酶链式反应、稳定同位素示踪等方法，旨在揭示潮汐作用下长江口盐沼湿地 N_2O 排放的微生物驱动机制。主要研究结果如下：（1）异养反硝化（76.97%~91.80%）是 N_2O 产生的主导路径，羟胺氧化（2.39%~7.19%）和硝化细菌反硝化（5.79%~17.29%）也具有显著贡献。盐沼沉积物中 N_2O 消耗

比例为 44.46%~79.40%，且消耗作用十分显著，表明 N_2O 排放量仅占其总产生量的较小比例。（2）芦苇和互花米草生境的 N_2O 排放速率低于海三棱藨草和光滩，且沿潮滩高程梯度呈递减趋势。同时，涨潮期 N_2O 排放速率低于落潮期。（3）本研究注释出参与 N_2O 代谢的微生物属（如 *Nitrospira*、*Halomonas*、*Bacillus* 等），且氮循环相关功能基因（*amoA*、*nirS*、*nosZ* 等）丰度与氮转化速率呈极显著正相关，共同驱动了盐沼湿地中 N_2O 的动态波动。氮代谢功能基因绝对丰度范围为 3.22×10^4~6.10×10^8拷贝·g^{-1}，硝化作用和异化硝酸盐还原作用的潜在速率范围为 5.07~236.96 nmolN_2·g^{-1}·d^{-1}。氧化还原条件和碳氮底物可利用性是影响 N_2O 动态波动的关键环境因子。综上所述，本研究可为深入认识 N_2O 排放过程提供全新视角，也可为盐沼湿地中 N_2O 减排策略的制定及工程措施调控提供基础数据和科学依据，这对我国双碳战略目标的实现具有重要的现实意义。

关键词：氧化亚氮；盐沼湿地；潮汐作用；微生物氮循环；植物类型；环境因子

瘤胃中同型产乙酸菌与产甲烷菌甲酸电子流的竞争互作机制

符波[1]，李书亚[2]，付成凯[2]，林雲炜[2]，李秋爽[3]，王敏[3]

1无锡学院环境科学与工程学院，江苏无锡，214122；2江南大学环境与生态学院，江苏无锡，214105；3中国科学院亚热带农业生态研究所，湖南长沙，410125）

通讯作者Email: fubo@cwxu.edu.cn

摘要：反刍动物瘤胃微生物发酵过程中，甲烷生成不仅造成饲料能量损失，也是重要的温室气体来源。传统观点认为，同型产乙酸菌（homoacetogens）与产甲烷菌（methanogens）主要围绕 H_2/CO_2进行生态竞争，但近年来研究发现，甲酸可能是连接瘤胃发酵、甲烷生成和碳固定的重要电子载体。本研究结合瘤胃宏基因组分析与关键功能菌群共培养实验，系统解析同型产乙酸菌与产甲烷菌之间基于甲酸代谢的生态互作机制。

基于 304 个瘤胃宏基因组样品分析发现，同型产乙酸菌 Wood–Ljungdahl 途径关键功能基因 AcsB 与产甲烷菌甲烷生成标志基因 McrA 呈显著正相关（$R=0.34$，$p<0.001$），表明二者在瘤胃生态系统中具有稳定共存关系。甲酸转运蛋白 FocA

基因丰度与 AcsB 和 McrA 均呈显著正相关，其中 FocA 与 McrA 相关性更强（R=0.50，p<0.001），提示甲酸代谢可能是调控两类功能群电子流分配的关键环节。相比之下，甲酸生成相关基因 pfl 与 AcsB 呈负相关（R=-0.23，p<0.001），而与 McrA 无显著相关性，说明甲酸产生量并非决定功能群分布的主要因素，甲酸转运与竞争利用可能决定其最终代谢去向。

进一步利用模拟瘤胃关键功能菌群开展三菌互作实验，其中 *Clostridium butyricum* 作为初级发酵菌，*Methanobrevibacter olleyae* 作为产甲烷菌，*Clostridium bovifaecis* 作为同型产乙酸菌。结果显示，*C. butyricum* 产生的甲酸和 H_2为后续电子代谢提供底物。*M. olleyae* 加入后促进葡萄糖降解并增强甲烷生成，表明产甲烷菌通过消耗 H_2维持发酵热力学优势。然而，当 *C. bovifaecis* 与 *M. olleyae* 共同存在时，甲烷生成量由 1.38 mmol/L 降低至 0.156 mmol/L，下降约 89%，同时乙酸和丁酸产量显著增加，其中丁酸产量由 1.63 mmol/L 提高至 5.19 mmol/L。该结果表明，*C. bovifaecis* 能够通过甲酸依赖型 Wood–Ljungdahl 途径竞争利用甲酸，将原本流向甲烷生成的还原当量重新固定为挥发性脂肪酸。

本研究提出，瘤胃同型产乙酸菌与产甲烷菌并非简单竞争关系，而是围绕 H_2和甲酸形成动态竞争—互补的电子流网络。产甲烷菌通过降低 H_2分压促进初级发酵，而同型产乙酸菌通过截获甲酸构建替代电子汇，实现甲烷碳流向乙酸、丁酸等宿主营养物质的转移。该研究揭示了瘤胃微生物电子流分配的新机制，为利用同型产乙酸菌重塑瘤胃发酵模式、降低反刍动物甲烷排放提供理论依据。

关键词：瘤胃微生物；同型产乙酸菌；产甲烷菌；电子流向；甲酸分流

适度处理策略提升污泥厌氧消化的甲烷产生效率与纯度

陈璨

（1. 环境与资源学院, 浙江大学, 杭州, 浙江, 中国）

chencan1990@zju.edu.cn

摘要：剩余污泥厌氧消化常受种间电子传递效率低和末端产甲烷生态位不足限制，导致碳流难以高效转化为甲烷。本研究结合适度与处理、电子穿梭体调控、多物种代谢模型建模和定向生物强化，解析核黄素与功能菌剂协同重塑污泥厌氧代谢网络的机制。利用适度预处理加快可溶性营养成分向细菌胞外释放，改善有

机质转化潜力，利用两类电子穿梭体显著促进 VFAs 消耗、降低电荷转移阻力，并提高甲烷生成通量，但中后期仍存在 CO2 还原不足和产甲烷端效率受限。利用模型扰动进一步预测，补充 H2 并提高 Methanosarcina 和 Lacipirellula 等关键类群丰度可改善甲烷纯度。基于该预测的生物强化实验表明，5%和 10%菌剂组累计甲烷产量分别较 CK 提高 152.85%和 167.97%，甲烷体积分数稳定维持在约 70%以上。宏基因组功能与 GEM 结果共同表明，核黄素改善 EET 条件，功能菌剂补足产甲烷生态位并增强 C1 代谢、还原当量传递和交叉喂合，从而协同提升污泥厌氧消化效率与沼气品质。

关键词：污泥厌氧消化；群落代谢模型；产甲烷

DAMO 细菌 *M. sinica* RuBisCO 酶的活性及其进化溯源

于海飞，姚翔午，胡宝兰*

（浙江大学，环境与资源学院，杭州市，浙江省,中国）

通讯作者：blhu@zju.edu.cn

摘要：DAMO 细菌虽身处无氧生境却在细胞内部产氧而进行好氧代谢。本研究以 DAMO 细菌 M. sinica 编码的氧敏感酶 RuBisCO 为研究对象，对其催化活性与进化地位进行了初步探究。测量 M. sinica RuBisCO 催化速率为 13.76±4.17 s-1，远高于其他典型 RuBisCO。系统发育分析发现其位于细菌 IC 型与红藻 ID 型 RuBisCO 的过渡位置，可能通过水平基因转移从早期变形菌门细菌中获得，具有特殊进化地位。

关键词：DAMO 细菌；RuBisCO；进化

从氨氧化微生物生理生态新认知到噬菌体硝化抑制剂研制

王保战，秦玮，郑越，张萍，李懿，杨雨凡，张妍，高萍，赵鑫怡，贾梓娴，曾小琴，陈金浩，柳旭，David Stahl，Michael Wagner，蒋建东

（生命科学学院，南京农业大学，南京，江苏，中国）

通讯作者Email：bzwang@njau.edu.cn

摘要：氨氧化微生物驱动全球每年约 23 亿吨铵氮的氧化过程，深刻影响农田氮素去向与强效温室气体 N_2O 的排放。本报告从底物利用、极端生境适应与

生物调控三个维度，汇报我们近年来的核心进展。首先，通过纯培养生理生化实验，整合多组学、^{15}N 稳定同位素示踪与 NanoSIMS 技术，我们首次揭示农田土壤优势类群 beta-AOB 优先利用尿素而非游离铵作为氨氧化底物，打破了延续 130 年的经典认知。其生态意义在于：对于采取 r-策略的机会主义 beta-AOB 而言，在尿素施入后被土壤脲酶水解的数天到几天内，快速响应获得显著的生态位优势，可能导致更高的 N_2O 排放。其次，我们利用稳定同位素示踪恢复典型生境活性 AOA 基因组，发现能量中心由 A 型向 V 型 ATPase 的水平替代是 AOA 适应酸性土壤和深海高压的关键分子机制，异源表达实验证实该基因簇可显著增强大肠杆菌耐酸能力，为理解占全球耕地 40%的酸性土壤硝化机制提供了新框架。最后，我们系统解析了农田土壤中硝化微生物与病毒的互作网络，富集分离获得 10 余株靶向硝化微生物的噬菌体，复合噬菌体制剂在纯菌培养和土壤体系中均可抑制 40%–90%的硝化活性，为研发适用于农田生态系统的噬菌体型生物硝化抑制剂奠定了理论基础。上述发现从底物范式突破到分子机制解析，再到精准调控策略建立，初步构建了从基础认知到农田氮素管理生物学解决新范式的研究链条。

关键词：农田氮素循环；氨氧化微生物；N_2O 排放；噬菌体硝化抑制剂

无外加电子供体条件下餐厨垃圾厌氧产正己酸性能与动力学研究

张艳艳[1]，陶勇[1,*]

（1. 中国科学院成都生物研究所，成都 610213）

通讯作者E-mail：taoyong@cib.ac.cn

摘要：餐厨垃圾富含碳水化合物、蛋白质和脂质，是厌氧发酵生产正己酸的重要有机底物。然而，传统碳链延长过程通常依赖外加乙醇、乳酸等电子供体，不仅增加运行成本，也限制了其工程化应用。本研究以白酒窖泥为接种物，在不外加电子供体的条件下，采用批式厌氧发酵方式，系统考察pH、温度和接种比（I/S）对餐厨垃圾自生电子供体发酵产正己酸性能的影响，并在最佳运行条件下评估产物生成特征及正己酸动力学过程。

条件优化结果表明，pH、温度和I/S均显著影响发酵产物分布及正己酸生成性能。综合比较不同运行条件，pH 6.0、45℃和I/S=1:2最有利于碳链延长及正己

酸积累。在最佳运行条件下，发酵产物主要为正丁酸和正己酸，同时检测到少量正庚酸和正辛酸。正己酸浓度随发酵过程持续升高，在第27 d达到最大值12712.70±261.74 mg COD/L；正己酸最大产率和选择度分别达到406.72±7.63 mg COD/g VS和38.52±9.92%。发酵过程中正丁酸先快速积累，随后其浓度下降并伴随正己酸持续增加，表明部分正丁酸可作为电子受体进一步链延长生成正己酸。体系水解率始终高于60%，酸化率在后期达到约90%，说明餐厨垃圾水解酸化较为充分。然而，乙醇在发酵初期产生后迅速消耗，乳酸浓度始终较低，导致电子供体与电子受体供给不匹配，是正丁酸大量积累及进一步链延长受限的主要原因。微生物群落分析表明，发酵体系富集了多种潜在碳链延长功能菌，主要包括*Rummeliibacillus* (21.7%)、*Clostridium_sensu_stricto_12* (16.9%)、*unclassified_Veillonellales-Selenomonadale* (12.4%) 和*Clostridium_sensu_stricto_7* (10.5%)等。进一步采用一阶动力学模型、修正Gompertz模型、Monomolecular模型和Logistic模型对正己酸生成过程进行拟合，4种模型的决定系数均高于0.96。综合比较最大正己酸浓度、生产速率常数、延滞期及其与实测值的一致性，Monomolecular模型最适用于描述本研究条件下餐厨垃圾厌氧发酵产正己酸过程。研究结果表明，利用白酒窖泥接种、依靠餐厨垃圾内源电子供体实现正己酸生产具有可行性，并为后续通过强化乙醇或乳酸原位生成、优化电子供体/电子受体比例以提高正己酸产量提供了理论依据。

关键词：厌氧发酵，餐厨垃圾，正己酸，碳链延长

低温木质纤维素降解菌群构建、机制解析与田间应用

王敬红[1]，王伟东[1*]

（1. 东北林业大学生命科学学院，黑龙江哈尔滨 150040）

*通信作者，E-mail: wdwang@nefu.edu.cn

摘要：针对低温环境下木质纤维素降解效率低、资源化利用困难的问题，本研究以富集筛选的方式获得一组在低温条件下高效降解木质纤维素的复合菌系，并探究其降解机制及实际应用潜力。该复合菌系在 15℃下培养 30 d 对水稻秸秆的降解率为 61.43%，培养条件优化后（培养温度 10℃、初始 pH 7.2、装液量 80/100 mL），降解率提升至 64.04%。多组学分析表明，菌系通过纤维素降解、半纤维素

中的半乳糖和甘露糖单体以及木质素中的苯酚和肉桂酸单体的转化完成秸秆的降解。从菌系中筛选得到 9 个漆酶基因和 9 个染料脱色过氧化物酶基因，经 PCR 扩增、质粒重构后转入 E. coli BL21 进行异源表达，最终获得 6 种可溶性染料脱色过氧化物酶。从菌系中分离得到 17 株纯培养菌株，纤维素降解菌 9 株、半纤维素降解菌 4 株、木质素降解菌 4 株。最优重构菌群 NE-W（*Bacillus halotolerans*、*Bacillus subtilis* 和 *Rhodococcus* sp.）低温培养 30 d 对秸秆降解率达 40.56%。田间试验证实其具备良好的田间应用稳定性与应用潜力。本研究不仅完善了低温木质纤维素降解菌群的降解理论与分子机制体系，也为低温地区农林废弃物木质纤维素的高效资源化利用提供了优质菌种资源与可行的技术支撑。

关键词：木质纤维素；菌群重构；秸秆；低温

低温菌剂重塑寒区堆肥中的微生物碳氮代谢：堆肥成熟度、氮素保留与温室气体排放

邴文荣，郭灿灿，李文超，孙川凯，王伟东*

东北盐碱植被恢复与重建教育部重点实验室，东北林业大学生命科学学院，黑龙江,哈尔滨

*王伟东，E-mail: wdwang@nefu.edu.cn

摘要：寒区农业废弃物堆肥处理过程中，低温会抑制微生物活性，而微生物菌剂能否在提升堆肥质量的同时减少温室气体排放，仍有待进一步研究。本研究设置三个处理，分别是不接菌、接种低温玉米秸秆降解菌 *Sporosarcina psychrophila* N2 和 *Pseudomonas umsongensis* J5 混合(N2J5)以及低温玉米秸秆降解菌系 ES-1，探究其对堆肥进程及温室气体排放的影响。并结合 16S rRNA 扩增子测序和宏基因组学技术，以揭示微生物群落动态与碳氮代谢的关系。结果表明，N2J5 和 ES-1 均显著延长了堆肥高温期，加快了碳氮比下降速度，并提高了种子发芽率。这两种接种剂使累计氨气（NH_3）排放量减少了 44.2%-46.5%，一氧化二氮（N_2O）排放量减少了 5.1%–6.1%，但促进了二氧化碳（CO_2）排放，并诱导甲烷（CH_4）生成，导致总体全球变暖潜能值（GWP）高于对照组（CK）。微生物群落分析表明，N2J5 有利于甲烷生成菌的富集，而 ES-1 则促进嗜热分解菌的富集，尤其是 *Thermoclostridium* 和 *Caldicoprobacter*。宏基因组分析进一步表明，N2J5 增强了氮保留能力，表现为 nifK、nifD、nifH 和 nrfA 的丰度较高，而 ES-

1 中 napA 含量较低则提示硝化还原能力减弱。在碳代谢方面，ES-1 表现出 pycB、cdhA-E 和 acsE 的丰度较高，acnB 含量较低，表明有机物矿化能力增强；而 N2J5 则导致甲烷排放量升高，这与产甲烷菌 mcrA-D,G 的丰度增加相关。这些结果表明，具有不同功能特性的低温接种剂可驱动不同的微生物碳氮代谢途径，在堆肥效率与气候影响之间形成权衡。本研究结果为寒冷地区堆肥系统的接种剂选择提供了依据。

关键词：农业废弃物，寒冷地区堆肥，微生物接种，氮素保留，全球变暖潜能

议题八：环境病毒与宿主互作

细胞和病毒RNA聚合酶：对真核生物起源的演化启示

黄筠谊[1]，冯晓远[1*]，王晓君[1]，季雄[3]，周之超[1*]

（1. 深圳大学高等研究院，古菌生物学中心，合成生物学研究中心，深圳市海洋微生物组工程重点实验室，广东省高等学校海洋微生物组工程重点实验室，碳中和研究院，广东 深圳 518060；2. 深圳大学生命与海洋科学学院，广东 深圳 518060；3. 北京大学生命科学学院，北京大学-清华大学生命科学联合中心，北京RNA生物学先进研究中心，细胞增殖与分化教育部重点实验室，北京 100871）

*通讯作者，E-mail：zczhou2017@szu.edu.cn

摘要：核质大DNA病毒（NCLDVs）编码的多亚基RNA聚合酶（msRNAPs）挑战了传统的病毒演化观点。系统发育和结构研究表明，NCLDV RNAP的催化核心与真核生物的对应部分具有深厚的演化渊源，这暗示了塑造最后真核共同祖先（LECA）的古老基因转移，突显了NCLDVs在真核生物起源中的关键作用。NCLDV RNAP保留了细胞RNAP的基本架构，同时针对病毒基因调控进行了演化和适应。本综述总结了病毒和细胞RNAP之间的结构与功能差异，整合了病毒驱动的RNAP演化证据，并评估了新兴的病毒真核生物起源（viral eukaryogenesis）假说。将病毒视为演化合作者为RNAP的适应性提供了新的见解，并在不同的生物学背景下搭建了连接病毒学、演化生物学和合成生物学的桥梁。

关键词：RNA 聚合酶；核质大 DNA 病毒（NCLDVs）；真核生物起源；病毒真核生物起源；分子演化

镉污染土壤硫循环微生物动态演替及病毒的补偿增效机制研究

程中一[1,2]， Graeme Nicol[3], Christina Hazard[3]，施加春[1*]，何艳[1]，徐建明[1]

（1. 浙江大学环境与资源学院，杭州 310001；2. 江苏省农业科学院，南京 210000；3. 法国里昂第一大学，里昂 69622）

*通讯作者，E-mail：jcshi@zju.edu.cn

摘要：微生物硫（S）转化过程影响土壤中镉（Cd）的移动性与生物有效性。

病毒能够调控原核生物的代谢活动及其相关的生态过程，但在镉胁迫条件下，病毒对宿主代谢及适应性的影响尚未得到揭示。为此，本研究以水稻根际土壤为对象，探讨了硫循环微生物群落在钙镁硅土壤改良剂施用及不同水稻生育期下的响应特征，并分析了其功能潜势及与病毒之间的互作关系。结果表明，微生物群落结构及硫循环相关性状受土壤硫酸盐与有效镉浓度的显著影响。与未改良土壤相比，改良土壤在水稻灌浆期显著富集了镉抗性相关基因（czcB, czcC）及硫酸盐还原相关基因（cysC, sat, dsrB）。通过对水稻抽穗至成熟期67个细菌宏基因组组装基因组（MAG）的分析，发现这些基因组普遍具备耦合硫循环潜力与镉抗性的遗传基础。硫酸盐还原菌（SRB）可能通过水平基因转移获得了编码镉外排泵的ABC转运蛋白基因。根际土壤微生物与病毒群落结构在不同水稻生育期间呈现显著差异，但未受土壤改良剂施用的显著影响。病毒-宿主关联分析显示，在水稻成熟期，改良土壤中SRB的裂解性病毒丰度显著低于未改良土壤。此外，温带病毒携带的辅助代谢基因被发现，提示病毒可能介导调控硫还原过程。进一步的实验验证表明，病毒编码的ABC转运蛋白基因具有功能活性，能够在相对较高的镉胁迫水平（0.4 $mg \cdot L^{-1}$）下提升宿主的耐受性并促进其生长。本研究强调了土壤改良剂在增强微生物硫循环与镉抗性潜力方面的重要作用，并深化了关于病毒在镉污染稻田修复过程中对宿主适应性与功能维持所作贡献的科学认识。

关键词：镉污染土壤；硫循环微生物；病毒宿主互作；辅助代谢基因

染色体外遗传元件Borg的生态分布与进化起源

石凌栋[1*]

（1. 北京大学环境与能源学院，深圳 518055）

*通讯作者，E-mail：lingdong_shi@pku.edu.cn

摘要：Borg是厌氧甲烷氧化古菌 *Methanoperedens* 携带的线性染色体外遗传元件（ECE），其基因组巨大且编码众多代谢基因。然而，Borg仅在极少数地点被发现，其生态分布与进化起源均不清楚。本研究对NCBI公共数据库及新生成的宏基因组数据进行了系统检索与分析，在北美、欧洲、亚洲和大洋洲的地下水、饮用水系统、垃圾填埋场、湖泊河流、草地林地、红树林乃至海洋沉积物等多种生境中，共检出240个不同种类的Borg，极大拓展了Borg的生态分布。

这些Borg具有庞大的代谢基因库。其中，27个Borg编码甲烷氧化核心蛋白甲基辅酶M还原酶（MCR），7个编码异二硫化物还原酶（HDR，提供MCR所需底物）。值得注意的是，8个Borg编码了完整的16S、23S、5S rRNA基因簇，部分Borg还编码多达4个核糖体蛋白。这些翻译相关的功能基因模糊了宿主染色体与染色体外遗传元件之间的边界。

此外，本研究在Borg所在生态系统中发现了323个与Borg具有相似GC含量但基因组大小仅为其约10%的线性ECE。这些ECE的基因组组成与Borg具有显著差异，表明是一类全新元件，命名为mini-Borg。我们对Borg和mini-Borg的基因组进行人工校正，得到了105个完整或接近完整的ECE基因组，发现两者共享一组保守且编码顺序一致的核心基因，暗示Borg与mini-Borg可能同源。基因系统发育与多样性分析结果表明，Borg可能是在mini-Borg状的小基因组祖先骨架上，通过获取外源基因而增大、进化形成。这一古菌ECE的进化路径与真核及细菌巨型病毒一致，暗示“基因组巨大化”可能普遍存在于三域ECE中。

综上，本研究揭示了Borg的全球性分布，拓展了其功能基因谱，并提出其是由较小基因组祖先摄取外源基因进化而来的演化模型，为研究巨型ECE的起源及其对宿主代谢与生物地球化学过程的影响提供了新视角。

关键词：Borg，*Methanoperedens* 古菌，厌氧甲烷氧化，基因组巨大化

环境病毒暗物质的资源探索、科学发现及应用潜力

蹇华哗[1, 2*]

（1. 上海交通大学生命科学技术学院，微生物代谢全国重点实验室，上海 200240；2. 上海交通大学海南研究院，三亚 572024）

*通讯作者，E-mail：jiandy@sjtu.edu.cn

摘要：病毒作为地球生态系统中丰度最高的生物类群，在调控微生物群落代谢、驱动生物地球化学循环及宿主协同演化中发挥着核心作用。然而，当前环境中超 99%的病毒仍处于未被充分表征的“暗物质”状态，其物种多样性、基因组特征及生态学功能亟待系统解析。针对上述科学问题，本报告将重点梳理以深海等极端生境为代表的环境病毒暗物质研究进展，系统阐述深渊病毒群落特征、温和病毒生态格局、溶原-裂解转换调控机制及病毒裂解蛋白进化规律。

具体研究结果涵盖以下三个维度：在病毒资源发掘与生态格局方面，构建了深渊病毒基因组数据集，揭示了其极高的系统发育新颖性与深海环境特异性的溶原适应策略；同时，创建了全球海洋温和病毒与转座噬菌体基因组数据集，系统描绘了温和病毒的全球生物地理分布特征，修正了传统环境病毒研究中“重烈性、轻温和”的认知偏斜。在分子机制与演化规律方面，阐明了 DNA 磷硫酰化修饰调控深海丝状病毒溶原-裂解转换的分子机制，为破解宿主 *dnd* 系统演化悖论提供了关键证据；开发了一系列原噬菌体分析工具，揭示了原噬菌体在细菌基因组中的驯化模式，证实了非经典调控方式的原噬菌体在环境微生物中的普遍存在。在功能元件挖掘与应用方面，构建了目前国际上最大规模的原核病毒裂解蛋白数据集，深入阐明了其序列和结构多样性以及宏观进化规律。展望未来，本研究方向将持续聚焦“资源发掘—机制解析—应用重塑”三位一体的研究体系，致力于打通从环境病毒认知到病毒遗传元件改造的创新链条。研究成果不仅将深化对病毒相关的基础生命规律的认知，更期冀为国家“减抗替抗”战略提供源自环境病毒基因库的新型生物学解决方案。

关键词：环境病毒，病毒暗物质，温和病毒，溶原-裂解转换，病毒-宿主互作

揭秘古菌病毒圈：多样性、功能及病毒-宿主相互作用

赵洋[1]，刘鹏飞[1*]，陈林兴[2*]

（1. 兰州大学泛第三极环境中心；2. 中国科学技术大学环境学院）

*通讯作者，E-mail：liupf@lzu.edu.cn

摘要：古菌是生命的第三大域，对全球生物地球化学循环具有关键作用。然而，其病毒圈，尤其是整合在宿主基因组中的原病毒，仍未被探索。为填补这一空白，我们对目前已知的21个古菌门的所有基因组进行了大规模挖掘，以寻找其中的原病毒。我们在12个古菌门和84个科中鉴定出770个古菌前病毒，这些原病毒进一步聚类形成655个病毒操作分类单元（vOTUs）。其中，86.1%的vOTUs在物种水平上为新发现，69.3%无法在科水平上分类，显著扩展了已知的古菌病毒多样性。此外，系统发育基因组分析支持了16个潜在新病毒科的提出，进一步拓展了古菌病毒当前的分类格局。值得注意的是，所鉴定的原病毒中，有21.8%被

预测可能采用裂解性生活方式，表明这些原病毒在适宜条件下可能保留进入裂解循环的能力。宿主预测显示，在655个vOTU中，仅有14个可能具备跨谱系感染能力。我们检测到61个原病毒基因组编码了63个抗防御基因，例如抗CRISPR和抗RM基因，表明宿主与病毒之间存在持续的进化竞赛。然而，仅识别出10个辅助代谢基因（AMGs），表明原病毒通过AMGs对宿主代谢调控的影响非常有限。本研究构建了古菌原病毒的系统性全球基因组图谱，有助于加深我们对其分布和多样性的理解，并为未来研究病毒如何调控古菌代谢及生态系统功能奠定了基础。

关键词：古菌，原病毒，抗病毒系统，抗防御系统，辅助代谢基因

基于人工智能的病毒宿主预测

孙燕妮

（香港城市大学，中国香港）

yannisun@cityu.edu.hk

摘要：病毒等可移动遗传件，是地球上多样性最丰富、数量最庞大的生物实体。然而，与其它微生物相比，它们的研究仍严重不足，构成了微生物界“暗物质”的主要组成部分。随着宏基因组测序技术的发展，我们已经能够识别出大量推定属于病毒的序列。然而，序列污染、片段化以及参考基因组的缺乏，严重阻碍了我们对这些序列的深入解析，使得大规模生物学验证难以实现。

在本次分享中，我将介绍人工智能如何重塑微生物组研究——它能够精准识别、表征并评估病毒序列的质量。首先，我将介绍我们开发的的基于 AI 的病毒序列解析工具，包括应用基于 DNA 和蛋白质序列训练的基础模型，以应对序列污染检测、完整性评估和病毒宿主预测等关键挑战。这些工具集成在我们的病毒组网络服务器 PhaBOX 中（https://phage.ee.cityu.edu.hk/）。

然后，我将聚焦病毒宿主预测。在对比 RNA 病毒和 DNA 病毒宿主预测的不同的数据准备和目标，我们分别设计了不同的 AI 模型。在 DNA 病毒的宿主预测上，我们可以使用 meta-learning 提高到细菌菌株级别的宿主预测。

关键词：病毒；宏基因组；人工智能

深海无脊椎动物共生噬菌体与化能自养共生细菌互作

周昆

同济大学，邮编200092

通讯作者：kunzhou@tongji.edu.cn

摘要：共生关系深刻影响着深海“黑暗食物链”的能量传递效率与生命在极端环境中的适应性。深海无脊椎动物通过与多种微生物建立共生关系，形成了独特的共生生物群，以应对深海极端环境的生存压力。近几十年来，对共生细胞微生物的研究已揭示出多种重要功能，拓展了我们对深海共生生物群的认识。然而，作为共生体系中重要的非细胞组分，病毒的生态功能与互作机制仍认知有限，制约了对深海共生系统全面理解的深入。

本研究聚焦深海热液喷口生态系统中无脊椎动物共生噬菌体与其宿主——化能自养共生细菌之间的互作关系。综合运用生物信息学与多基因组学方法，系统解析了二者间的分子互作机制。研究结果表明，深海热液喷口环境中的共生噬菌体主要以裂解性感染方式特异性侵染共生变形菌，揭示了其在宿主选择上的特异性规律；进一步发现，共生噬菌体在调控化能自养共生细菌的能量代谢过程中发挥关键作用，并阐明了二者之间的协同进化机制。上述成果为理解深海热液生态系统中病毒与细菌的相互作用机制提供了新的科学依据，也为揭示“黑暗食物链”的能量传递规律与极端生命适应机制奠定了重要基础。

关键词：深海热液喷口、病毒-宿主相互作用、化能自养

滩涂生境病毒多样性及其生态驱动机制

屠奇超

（山东大学，海洋研究院）

Email: tuqichao@email.sdu.edu.cn

摘要：病毒是地球生态系统的重要组成部分，它们通过感染并裂解宿主进而调节生态系统底层元素地球化学循环。基于全国滩涂宏基因组数据，解析了中国滩涂病毒群落生物多样性及其驱动机制。首先，针对滩涂及复杂生境病毒基因组序列组装恢复问题，基于模拟数据和实际样品评估并优化了现行病毒群落分析方

法，建立了充分考虑滩涂复杂生境的分析流程。其次，针对青岛即墨滩涂时间序列样品，共恢复出 1911 个病毒 OTU，携带重要碳氮硫磷元素循环辅助代谢基因，且与宿主呈现类似的时间周转；病毒微观多样性与宏观多样性高度相关，确定性过程主导病毒时间多样性模式。同时，针对全国滩涂样品，恢复出 20102 个病毒 OTU，呈现极高的特异性，与现有其它生境极其不同；病毒功能基因丰度与对应环境因子强相关，表明其在元素生物地球化学循环中的作用；病毒-宿主丰度关系呈现谱系特异性，病毒群落组成与包括 DOM 在内的环境因素密切相关，主要受环境因子与地理距离调控，相关工作极大的扩展了滩涂病毒的多样性与生态学见解。最后，我们整合 2019 年以来所有滩涂宏基因组数据（时间序列、局部和全国空间序列、深度测序等），展开大规模宏基因组组装恢复滩涂中感染真核生物的巨病毒与感染原核生物的巨噬菌体基因组，共恢复出 149 个巨病毒和 88 个巨噬菌体，发现了一类与现有分枝均不同的 Imitervirales 巨病毒；巨病毒相比巨噬菌体具备更高的群落周转但更低的核酸水平多样性；大多数巨病毒和巨噬菌体功能基因未知，而采用大语言模型可对约 27%的位置基因进行注释；巨病毒与巨噬菌体总体功能基因组成类似，但在具体功能上（如碳、氮循环）极其不同，相关工作扩展了我们对滩涂巨型病毒群落的理理解。

关键词：滩涂；病毒；大 DNA 病毒；多样性；生态驱动机制

参考文献：

Mengzhi Ji, **Qichao Tu***. Towards Comprehensive Metagenomic Recovery and Data Mining of Complex Environmental DNA Viromes. Environmental DNA 7, no. 4: e70172. Mengzhi Ji, Yan Li, Jiayin Zhou, Wen Song, Yuqi Zhou, Kai Ma, Mengqi Wang, Xia Liu, Yueyue Li, Xiaofan Gong & **Qichao Tu***. Temporal turnover of viral biodiversity and functional potential in intertidal wetlands. npj Biofilms Microbiomes 10, 48 (2024).

Mengzhi Ji, Jiayin Zhou, Yan Li, Kai Ma, Wen Song, Yueyue Li, Jizhong Zhou & **Qichao Tu***. Biodiversity of mudflat intertidal viromes along the Chinese coasts. Nature Communications 15, 8611 (2024).

Mengzhi Ji, Yan Li, Mengqi Wang, Xia Liu, Xiaofan Gong, **Qichao Tu***. Unveiling the biodiversity of large DNA viruses in intertidal mudflats via metagenomics. Nature Communications (2026).

植物系统发育驱动红树林根际病毒多样性、生态功能及与宿主互作

李琦[1]

（1.河口海岸全国重点实验室,华东师范大学,上海,闵行区,中国）

qli@sklec.ecnu.edu.cn

摘要：红树林湿地是热带和亚热带海岸带广泛分布的蓝碳生态系统，其发达的根系为微生物群落提供了独特生境，是微生物活动的热点区域。病毒越来越被认为是土壤微生物动力学和生物地球化学循环的关键调节因子，但它们在植物根际的多样性和生态作用仍然知之甚少。本研究通过为期一年多的季度采样，对七种红树林植物根际病毒群落进行了系统研究。共鉴定 791 个病毒操作分类单位（vOTUs），其中仅 25 个 vOTUs 可以在科水平上分类，揭示红树林根际蕴藏着大量尚未被描述的新颖病毒类群。功能注释鉴定到 298 个辅助代谢基因（AMGs）参与生物地球化学循环，涉及碳代谢、硫代谢、磷获取和维生素生物合成。此外，广泛存在的宿主防御系统与相应的病毒抗防御策略并存，暗示二者之间存在持续的协同进化军备竞赛。值得注意的是，根际病毒群落在不同季节表现出稳定性，但在红树林物种间表现出显著分化，首次为植物与其根际病毒群落之间的系统发育共生关系（phylosymbiosis）提供了证据。这些发现揭示了植物系统发育与根际病毒生态之间的紧密关联，深化了我们对植物-微生物-病毒互作及其在滨海湿地生态系统功能中作用的理解。

关键词：红树林根际；病毒生态；病毒-宿主互作；系统共生

跨营养相互作用决定了黄河上游流域细菌群落组成、结构和生态策略的季节性动态

孙静宇[1]，刘鹏飞*[1]

（1. 泛第三级环境研究中心, 兰州大学, 兰州市, 甘肃省, 中国）

liupf@lzu.edu.cn

摘要：河流浮游细菌群落动态是水生生态系统功能的核心，但其季节演替机

制仍然知之甚少。为了解决这个问题，我们在黄河（兰州）进行了全年采样，并整合了高通量测序、宏病毒组学、ICAMP、跨营养网络和多模型方法。结果表明：冬季以黄酮科专科为主，其生态位缩小，16S rRNA 拷贝数升高；全年均质化选择盛行（冬季高峰 87.48%），夏季漂变增多（27.16%）。病毒正向效应在秋季达到峰值（70.06%），内部浮游细菌协同效应在冬季达到峰值（59.96%）；Comamonadaceae 和 Flavobacteriaceae 作为多季节网络枢纽。PLS-path 模型证实了水质、水文和跨营养相互作用是三重驱动因素，其中营养相互作用是环境因子调控群落的核心枢纽，将传统的关注焦点从非生物因素转向多营养生物相互作用。

关键词：河流；浮游细菌；季节动态；跨营养级相互作用

跨景观宏转录组重绘蝙蝠 RNA 病毒图谱：从未知谱系到关键宿主与重组毒株

许盼盼 [1]

（1. 病原生物学研究所, 北京协和医学院, 北京, 中国）

ppx724@163.com

摘要：蝙蝠携带高度多样且分化显著的 RNA 病毒，但受既往采样规模、地理覆盖及宿主范围限制，其真实病毒多样性、跨景观分布特征及宿主关联网络仍缺乏系统认识。为全面解析蝙蝠 RNA 病毒多样性并识别潜在重点监测对象，本研究在不同生态景观中开展大规模野外采样，共获得 5,498 份样本，覆盖 250 个采样点，并构建 341 个宏转录组文库。通过病毒序列挖掘、系统发育分析、宿主—病毒互作网络构建及冠状病毒全基因组重组分析，共获得 5,896 条 RNA 依赖的 RNA 聚合酶（RdRp）序列，其中 3,946 条代表潜在新病毒种，1,473 条和 1,135 条分别代表潜在新病毒科级和目级谱系，显著扩展了蝙蝠 RNA 病毒的已知多样性。宿主—病毒网络分析显示，菊头蝠属与冠状病毒科位于互作网络核心，是连接多类病毒与宿主的重要枢纽。进一步获得 110 条冠状病毒全基因组序列，覆盖 7 个亚属，并在 4 个沙贝病毒中检测到由多种方法一致支持的重组信号，提示其存在基因组区段谱系切换。综上，本研究通过跨景观大规模采样与宏转录组分析，贯通了未知病毒发现、关键宿主识别和全基因组重组监测，为构建蝙蝠相关病毒主动监测体系及优化重点宿主和病毒类群的监测策略提供了科学依据。

关键词：蝙蝠；RNA 病毒；宏转录组；宿主—病毒网络；病毒重组

青藏高原湿地和草地RNA病毒群落的生态分异及环境驱动机制研究

赵洋[1]，宁翔[1]，文榕[1]，刘鹏飞[1*]

（1. 兰州大学泛第三极环境中心，兰州 730000）

*通讯作者，E-mail：liupf@lzu.edu.cn

摘要：青藏高原土壤是全球重要的陆地碳库之一，对气候变化高度敏感。RNA病毒作为影响微生物群落动态和生态过程的重要生物因子，其在高寒生态系统中的多样性组成、生态分布格局及环境驱动机制仍缺乏系统认识。本研究基于青藏高原高寒草地和湿地79个土壤宏转录组样品，系统解析了土壤RNA病毒群落组成、生态分布特征及其环境响应机制。共鉴定出8,158个RNA病毒操作分类单元（vOTUs），可归属于45个RNA病毒门和100个科，其中6,318个（77.4%）为新发现，揭示了青藏高原土壤中丰富且尚未被充分认识的RNA病毒多样性。草地与湿地土壤RNA病毒群落表现出显著的生态系统特异性，不仅优势病毒科组成及相对丰度存在明显差异，还具有不同的特有病毒谱系、核心类群和指示物种。dbRDA和随机森林分析表明，海拔、年均温度（AMT）和电导率（EC）是驱动整体RNA病毒群落结构变化的关键环境因子。生态系统尺度分析进一步揭示，草地RNA病毒群落主要受海拔和AMT驱动，而湿地RNA病毒群落主要受年降水量（AP）、AMT和土壤含水量（MC）等气候和水文因子调控，表明不同生态系统中RNA病毒群落具有不同的环境响应模式。RNA病毒微多样性分析表明，草地土壤病毒群体具有更高的单核苷酸多态性（SNPs），而两种生态系统间核苷酸多样性（π）无显著差异。此外，约3.1%的病毒基因受到正向选择，且草地土壤中受正向选择的基因数量显著高于湿地，表明不同生态系统中RNA病毒具有不同的微进化模式和适应策略。本研究拓展了青藏高原土壤RNA病毒资源，阐明了其生态分布格局、微多样性特征及环境驱动机制，为理解高寒生态系统中RNA病毒的生态功能及其对全球变化的响应提供了理论依据。

关键词：青藏高原；土壤 RNA 病毒；高寒草地；高寒湿地；群落结构；微多样性；环境驱动机制

水质梯度下电缆细菌抗病毒防御与病毒群落重构的关联

蔡述杰[1]，董美君[1]，梁银秀[1]，林立洲[1]，邢佳[1]，曾庆璐[2]，贺志理[3]，许玫英[1*]

（1. 广东省科学院微生物研究所环境微生物研究发展中心，广州 510070；2. 香港科技大学海洋科学系与生命科学部，香港 511458；3. 南方海洋科学与工程广东省实验室海洋合成生态学研究中心，珠海 519082）

*通讯作者，E-mail：xumy@gdim.cn

摘要：环境梯度能够重塑微生物宿主及其相关病毒群落，但关键宿主类群的抗病毒防御如何与环境梯度下的病毒群落变化相联系，仍缺乏深入认识。本研究以中国南部珠江三角洲沉积物中的电缆细菌富集群落为研究对象，探究水质梯度下电缆细菌抗病毒防御与病毒群落重构之间的关联。通过宏基因组测序、综合生物信息学分析和多元统计分析，系统解析了病毒群落结构、原核生物抗病毒防御系统组成及病毒—宿主关联。结果表明，电缆细菌相关病毒群落的组成沿水质梯度发生显著更替，同时表现出明显的河流特异性。病毒生活史策略及病毒—宿主关系也随水质条件而变化：随着水质指数升高，检出的溶原性病毒操作分类单元（vOTU）比例增加，病毒—宿主核苷酸组成差异减小，病毒—宿主关系呈现更明显的溶原性倾向，表现出“Piggyback-the-Winner”模式特征。宿主抗病毒防御系统分析表明，电缆细菌的防御系统数量及经基因组大小标准化的防御系统密度均显著高于其他细菌类群，且其防御系统密度随水质指数降低而增加，呈现出更明显的水质梯度响应。进一步分析表明，电缆细菌的防御系统密度与整体病毒群落组成差异显著相关，且与溶原性病毒相对丰度呈负相关关系。本研究揭示了水质梯度下电缆细菌抗病毒防御与病毒群落重构之间的内在关联，表明关键宿主的抗病毒防御可能参与整体病毒群落构建。研究结果从关键微生物宿主抗病毒防御角度拓展了对水质退化过程中沉积物病毒—宿主互作及病毒群落构建的认识。

关键词：电缆细菌；原核生物抗病毒防御；病毒群落结构；病毒—宿主互作；水质梯度

人为活动重塑水生病毒群落结构与生态功能

李丹阳[1]，郝丽萍[1]，丁虎[1]，郎赟超[1]

（1. 天津大学地球系统科学学院，天津 300072）

摘要：人类社会活动所产生的生活污水、工业废水及对应的水质净化工程系统正在持续改变全球水生环境，但与自然水体相比，此类人为干扰水体中病毒群落的结构与生态功能有何差异尚不清晰。本研究挖掘了全球标准化病毒基因组数据集，比较了其中生活污水、工业废水、厌氧与好氧污水处理设施和自然水体病毒组的结构。发现在自然水体中，病毒群落呈现出由环境梯度驱动的规律性演替，以裂解型病毒为主导（87.1%–96.2%），优势病毒科为*Autographiviridae*（裂解型），病毒多样性与宿主多样性之间线性相关（$R^2 = 0.89–0.90$）。相比之下，人为干扰显著打破了这一演替规律，污废水和水质净化工程中温和型病毒比例分别增加至39.1%和27.7%，优势病毒科则转变为 *Inoviridae*（温和型）。在宿主关联上，自然水体高度集中于 *Proteobacteria* 等少数核心原核门类群；而在人为干扰水体中，病毒-宿主互作呈现出广谱的多纲类关联模式，显著富集了 *Actinomycetia*、*Clostridia* 以及 *Vampirovibrionia* 等多种厌氧与专一化原核宿主类群。在代谢功能上，自然水体中的碳循环辅助代谢基因（AMGs）广泛分布于多条代谢通路；而人为干扰水体环境中，碳中心代谢与光合AMGs几乎消失，功能高度聚焦于聚合物降解，其中GT2在两类生境中均富集，而PL1、GH43主要见于污废水，GH55则主要见于工程处理系统。综上可见，污废水排放和水质净化工程这类人为活动从病毒生活方式、与宿主的互作网络及代谢功能方面重塑了水生病毒群落的组织方式，形成了此类人为干扰水体“温和型病毒增加、宿主网络广谱、聚合物降解调控”的病毒生态模式。本研究提供了全球尺度的基因组学证据，为将人为干扰水体的病毒生态过程纳入全球生物地球化学循环模型提供了理论依据。

关键词：水生病毒组；生活污水；水质净化工程系统；病毒生活方式；病毒-宿主相互作用；辅助代谢基因

全国农业沟渠沉积物病毒组的区域分化与生态功能稳定性

刘浩然，石雅君，李安吉，丁虎，晏智锋*

（地球系统科学,天津大学,天津市,天津市,中国）

通讯作者：yanzf17@tju.edu.cn

摘要：农业沟渠沉积物是农业陆域物质向水体迁移和转化的重要场所，其中病毒群落在不同区域间是否发生更替，是否会同步改变病毒生活型和辅助代谢功能，目前尚缺乏全国尺度的认识。本研究整合全国 14 个区域、49 个采样点的 125 份农业沟渠沉积物宏基因组数据，系统比较病毒群落组成、预测生活型及辅助代谢功能的区域差异。经跨样品聚类和序列修复，1,487 条病毒序列被整合为 1,296 个病毒操作分类单元（vOTU），其中 595 个达到中等及以上质量。病毒群落组成具有显著的区域异质性，控制采样点效应后区域差异仍显著（p=0.001），且区域间组内离散度无显著差异，表明该差异由病毒分类单元的区域更替形成。共有 917 个 vOTU 获得一致的生活型预测，其中裂解型（496 个）和溶原型（421 个）在数量上无明显差异；不同区域可分类 vOTU 中的溶原型比例保持一致，说明病毒群落分类组成的变化未引起生活型结构同步分化。进一步检出 59 条碳相关候选辅助代谢基因，其中 55 条参与糖链合成、糖基转移或糖链修饰，分布于 45 个 vOTU。其中糖链合成与修饰功能覆盖 14 个区域中的 12 个，并在所有阳性区域中占据主导。经候选病毒数量标准化后，区域间携带相关基因的病毒比例无显著差异，采样点尺度和样品尺度检验结果一致。区域两两比较显示，vOTU 差异明显高于生活型组成和碳功能组成差异。综上，全国农业沟渠沉积物病毒群落表现出显著的分类异质性，而生活型结构及糖链合成与修饰功能在区域间保持一致，形成了“群落组成高度更替、生态策略与优势功能相对稳定”的空间格局。该发现拓展了对病毒分类多样性与功能稳定性关系的认识，并为评估农业水系中病毒—宿主互作及病毒参与有机碳形成、释放和利用的空间稳定性提供了全国尺度依据。

关键词：农业沟渠；沉积物病毒组；群落异质性；病毒生活型；辅助代谢基因；糖链修饰；功能一致性

根际噬菌体与土壤健康

王孝芳，韦中*

（南京农业大学，资源与环境科学学院，江苏省，南京，210095）

*通讯作者，E-mail: weizhong@njau.edu.cn

摘要：由土传病原菌引起的土壤生物障碍不仅导致粮食减产，还因病原菌携带高风险的抗生素抗性基因而威胁一体化健康（One health），成为农业、环境和公共卫生领域共同关注的问题。滥用农药和抗生素所带来的病原菌耐药性、土壤微生态失衡等环境健康风险加剧成为国际共识，亟需建立阻控土壤病原菌的新理论和新技术。如何生态靶向消减土壤病原菌，修复和提升土壤生态系统功能，是环境地球科学领域的国际前沿热点和国家重大战略需求。噬菌体是地球上丰度最高、种类最多的专性侵染细菌/古菌的病毒，其通过特异性与宿主细菌互作在调节地球生态系统物质循环和能量流动等方面发挥关键作用。因具有靶向性强、裂解效率高、对环境微生态扰动小等优势。以土壤青枯菌生物障碍为对象，基于宏基因组测序，解析了根际噬菌体组-病原青枯菌互作特征，并建立了全国青枯菌专性噬菌体资源库；从生态进化学角度阐明噬菌体侵染削弱宿主病原菌竞争致病能力、定向调控根际微生态的作用机制；最后提出通过优化噬菌体施用方法，提升噬菌体消减土壤生物障碍效率的策略，相关研究为建立完善噬菌体靶向消减土壤生物障碍的微生态疗法提供了理论和技术体系。

关键词：根际微生态，噬菌体，病原菌，实验进化学，进化权衡

斑马鱼对六价铬和苊共暴露的组织特异性反应

邱梓琦

（环境与资源学院, 山西大学, 太原, 山西省, 中国）

qiuziqi1@sxu.edu.cn

摘要：六价铬[Cr(VI)]和苊（Ace）可在受工业影响的水生环境中共存，但它们在共暴露条件下对靶器官的影响尚不明确。成年雄性斑马鱼分别单独或联合暴露于环境相关或高亚致死浓度的 Cr(VI)和 Ace 28 天。评估了脑和心脏组织中的组织病理学变化、氧化应激生物标志物、TUNEL 染色以及炎症和凋亡相关标志

物的表达。在最高共暴露浓度下，脑组织中丙二醛增加了 80.99%，而谷胱甘肽水平以及超氧化物歧化酶和过氧化氢酶活性分别降低了 38.62%、42.37%和35.73%。心脏对 Cr(VI)的反应相对较强：单独高剂量 Cr(VI)使心脏谷胱甘肽水平以及超氧化物歧化酶和过氧化氢酶活性分别降低了 21.31%、23.75%和 14.00%。几个共暴露组在氧化、炎症和凋亡方面的反应均强于相应的单一污染物组。在最高共暴露浓度下，心脏中白细胞介素-10 mRNA 和蛋白丰度均降低了 50%以上，而脑和心脏中 TUNEL 阳性信号增加了 11 至 14 倍。Bax、Bcl-2、Caspase-3、Caspase-9 和 p53 的表达变化与线粒体凋亡的可能参与一致。总体而言，不同组织之间的反应程度存在差异：心脏对高剂量 Cr(VI)的反应相对明显，而脑在多个终点上对高剂量 Ace 的反应更为敏感。这些发现支持在评估 Cr(VI)和 Ace 共暴露对水生生物的潜在影响时进行多器官评估。

关键词：六价铬；苊；斑马鱼

噬菌体编码金属抗性基因的多样性及机制

梁洁良*，李金天

（华南师范大学生命科学学院，广州 510631）

*通讯作者，E-mail：liangjl@m.scnu.edu.cn

摘要：病毒作为环境中丰度最高的生物体，其编码辅助基因（AVGs）可通过调控宿主代谢影响微生物群落功能，其中抗性基因在协助宿主应对环境胁迫方面具有重要潜力。然而，金属抗性基因（MRGs）在AVGs中的研究较少，其多样性、分布及生态功能认知十分有限。本研究以重金属污染土壤为主要研究对象，整合宏基因组数据挖掘及金属胁迫微宇宙实验，系统探究病毒编码MRGs的规律与机制。主要发现如下：（1）病毒MRG类型远超已有认知。基于全球宏基因组与病毒基因组数据集，共鉴定出28个病毒MRGs，涵盖19种基因类型、8种抗性过程，其中18种为首次报道；（2）病毒MRGs在多种生境广泛分布。全球443个样点宏基因组数据分析显示，土壤中金属污染的综合水平是决定病毒 MRGs 丰度的关键因素，具体表现为病毒 MRGs 在污染样点中具有更高的丰度；（3）功能验证与转录证据支持其提升宿主金属抗性的潜力。异源表达实验证实病毒来源的MRGs可增强宿主金属抗性；宿主预测显示携带MRGs的病毒宿主具有更高的

MRG数量及群落相对丰度；宏转录组分析表明64%的病毒MRGs具有转录活性；（4）病毒携带MRGs需高强度及长期金属胁迫。为期一年的微宇宙实验显示，仅在处理12个月后的高胁迫样本中检出16个病毒MRGs，同时溶原型病毒占比上升，提示该过程与病毒生活策略转变密切相关。本研究系统揭示了病毒MRGs的多样性、分布格局及功能潜力，并明确了长期高强度金属胁迫是病毒携带MRGs的重要驱动条件，为深入理解病毒在金属污染环境中的生态功能提供了初步证据。

关键词：重金属，抗性基因，病毒