

微生物对锑的代谢机制研究进展

李明顺 李洁 王革娇

华中农业大学生命科学技术学院/农业微生物学国家重点实验室, 武汉 430070

摘要 锑(Sb)是一种自然界普遍存在的剧毒重金属,随着工业生产的日趋发展,我国部分地区土壤、水体及农产品受到严重的锑污染。作为环境污染物,锑中毒会导致人类心肌衰竭,肝坏死等疾病。自然界中的某些生物,特别是微生物却可以在极高锑浓度下生长,甚至可以利用这种元素作为能源物质,因此,微生物在锑的地球物质循环中起着重要的作用。研究生物对锑的代谢机制,对于保护环境与人体健康具有重要的现实意义。本文对锑在环境中的分布、污染状况、微生物对锑的代谢以及生物修复等方面的研究现状进行了综述。同时建议今后应加强以下三方面的研究:(1)筛选更多抗锑微生物或氧化锑的微生物;(2)发掘更多锑抗性基因或氧化基因;(3)开发锑污染土壤及水体的微生物修复技术。

关键词 锑;微生物;代谢;外排;氧化

中图分类号 X 172 **文献标识码** A **文章编号** 1000-2421(2013)05-0015-05

锑(Sb)以极微量的含量广泛分布于土壤、湖泊和海洋等地球环境中。自然土壤中,锑含量范围一般在 0.3~8.4 mg/kg,而在肥沃和施肥多的土壤中,锑的含量较高^[1]。自然水体中,可溶态锑的含量一般要小于 1.0 $\mu\text{g/L}$,例如,地下水中锑含量为 $2.2 \pm 1.2 \text{ ng/L}$ ^[2],在海洋中大约为 200 ng/L ^[3]。

锑由于具有剧毒且在自然环境中普遍存在,美国环境保护组织(USEPA, 1979)和欧盟理事会(EU, 1976)等多家权威机构将其定为重要环境污染物。世界卫生组织已规定:饮用水中锑含量不得超过 5 $\mu\text{g/L}$ 。我国的锑矿储量位居世界第一,锑产量约占世界总量的 79.6%^[4],很多地区由于锑矿开采受到严重污染,尤其在湖南、贵州、广西等锑矿相对集中的南方省区^[5]。我国湖南锡矿山锑矿区土壤中锑的含量为 100.6~5 045.0 mg/kg ^[6],采矿废水、矿区周边河水及被污染井水中锑含量分别达 1.33~21.79、0.037~0.063 和 24.02~42.03 mg/L ,远超过世界各国饮用水锑含量的上限值^[7]。余玮等^[8]对湖南冷水江锑矿区调查也发现矿区土壤受锑污染严重,9个采样点锑含量超过全国土壤背景值 40~11 503倍。

锑和锑的化合物属于致突变、致癌变以及致畸形的物质,短间接接触可引起恶心、呕吐、腹泻;慢性

中毒则会导致眼角膜炎、结膜炎和胃炎等^[9-10],甚至会引起心肌衰竭,肝坏死和尿毒症等^[11-12]。在 20 世纪 90 年代中期人们就发现 Sb_2O_3 会阻碍胚胎发育诱发婴儿猝死综合症^[13]。据调查,湖南锡矿山锑矿区工人中,0.03%的工人已患上尘肺病^[7],在贵州省黔南地区长期生活在锑矿区的居民中也发现了许多慢性锑中毒患者^[14]。

虽然锑对于人类来说具有很高的毒性,但一些微生物、原生动物、藻类以及植物却能够在浓度极高的环境下生长,甚至可以利用这种元素作为能源物质,或者是将毒性较高的 Sb(III) 氧化为毒性较弱的 Sb(V) ,降低环境中锑的毒性。这些生物进化出了各自的代谢机制来适应锑环境的生存压力,它们在整个锑的地球物质循环过程中发挥着重要作用。本文对锑在环境中的含量、污染状况、微生物对锑的吸收、外排代谢等方面的研究现状进行了综述。

1 微生物对锑的外排

迄今为止,在部分重度锑污染区已发现了对于 Sb(III) 具有较强耐受性的微生物^[14]。研究发现 Sb(III) 进入细菌体内是通过甘油通道蛋白 GlpF 运输,而 Sb(III) 的外排途径则有 3 大类蛋白家族的参与:(1)细菌体内的 ArsB 转运蛋白^[15]。*arsB* 基因,

收稿日期: 2013-06-20

基金项目: 国家自然科学基金项目(31170106)和国家“863”计划项目(2012AA101402-3)

李明顺,博士,副教授. 研究方向:环境微生物. E-mail: mshli7125@mail.hzau.edu.cn

通讯作者: 王革娇,博士,教授. 研究方向:环境微生物. E-mail: gejiao@mail.hzau.edu.cn

编码 1 个 12α 螺旋跨膜蛋白,为 *arsRDABC* 操纵子的一个成员^[16-17],同时调控微生物 As(III) 和 Sb(III) 的抗性^[18]。锑和砷抗性的 *ars* 操纵子在微生物的质粒上或染色体上^[19]。ArsR 作为转录调控因子调控 *ars* 操纵子^[20];ArsA 是 As(III) 激活的 ATPase,能够与 ArsB 形成复合泵以增强 As(III) 的外排能力^[21];ArsD 作为 As(III) 伴侣蛋白,将 As(III) 传递给 ArsA 并增强它们的亲和力和 ArsA 的催化活性^[22]。(2)甘油通道蛋白。研究发现大肠杆菌体内的甘油通道蛋白 GlpF 可同时运输 Sb(III) 的进入^[23];在啤酒酵母体内,Fpslp 和 Acr3 参与 Sb(III) 的外排运输^[24-25]。(3)ABC 转运蛋白家族。该蛋白家族的锑抗性相关研究多位于真核生物,比如啤酒酵母体内的 ABC 转运蛋白 YCF1 通过在液泡内积累 Sb-GSH 复合物起到锑抗性作用^[26]。另外,在 *Schizosaccharomyces pombe* 中还发现了锑敏感的螯合剂 PCS(phytochelatin)^[27]。

2 微生物对锑的氧化

锑的氧化使毒性较强的 Sb(III) 转化成毒性相对较弱的 Sb(V),有利于环境的锑解毒。Sb(III) 的氧化作为自然界非常重要的活动影响着环境中锑的循环代谢^[28]。然而,在自然条件下利用氧气作为电子受体来进行这种氧化非常缓慢^[29]。因此,研究微生物介导的锑氧化在锑循环和生物修复的应用上有较大的潜力。目前,对 Sb(III) 的氧化研究很少,对 Sb(III) 氧化菌的发现也鲜有报道,大概仅报道约 10 株 Sb(III) 氧化菌,其中 5 株由笔者所在课题组发现^[30]。Lehr 等^[31]发现砷氧化酶结构蛋白 AioAB 缺失表达的突变株土壤农杆菌 5A 仍能表现出 Sb(III) 氧化能力,否定了过去人们一贯认为的砷氧化和锑氧化是由相同基因作用的理论。我们研究发现 *Comamonas* sp. S44 中 1 种铁硫簇调控蛋白基因 *IscR* 的敲除影响了锑氧化表型,但是其作用机制仍不清晰^[32]。此外,鲜有文献对 Sb(III) 氧化相关基因的探究,说明其研究方法仍需进一步改进。

3 微生物对锑的甲基化

锑的甲基化形式包括: CH_3SbH_2 (MMS)、 $(\text{CH}_3)_2\text{SbH}$ (DMS) 和 $(\text{CH}_3)_3\text{Sb}$ (TMS),通常情况下,Sb(III) 比 Sb(V) 容易发生甲基化^[14]。在 20 世纪 90 年代开始陆续有报道指出细菌和真菌的甲基化作用^[33]。*Scopulariopsis brevicaulis* 可将酒石

酸锑钾转化为 TMS^[34];Michalke 等^[35]从地下污泥中分离出 3 株可进行锑甲基化反应的古生菌,其中 *Clostridium collagenovorans* 和 *Desulfovibrio vulgaris* 可产生 TMS,*Methanobacterium formicicum* 可同时将无机锑化合物转化为 MMS 和 DMS。厌氧培养的革兰氏阳性菌 *Clostridium glycolicum* 可产生挥发性的甲基化合物 DMS 和 TMS^[36]。而好氧菌 *Pseudomonas fluorescens* 可产生三甲基溴锑^[37]。真核微生物 *Cryptococcus humicolus* 在加 Sb(V) 条件下,可以产生 DMS^[38]。锑和砷具有许多相似的生化性质,它们生物甲基化的过程也基本类似,都是从一甲基到二甲基,最后产生三甲基锑^[39],三甲基锑可进一步被氧化为 $(\text{CH}_3)_3\text{SbO}$ ^[40]。微量的砷可以刺激锑的甲基化反应,但是自然界中锑的生物甲基化并没有砷的广泛^[41]。

4 利什曼虫对锑的代谢

利什曼虫(*Leishmania*)是一种细胞内寄生虫,可引起人类皮肤和内脏组织的致命性感染^[42]。目前临床上多采用一些锑类药物进行治疗,其中最早出现的锑类药物为葡萄糖锑钠^[43]。但是随着药物使用得越来越广泛,这类寄生虫也逐步进化出了对锑的耐受性,因此,利什曼虫是目前锑代谢研究最为深入的对象^[44]。临床上已分离出许多对锑具有耐受性的利什曼虫突变种,它们主要的抗性机制表现为:当虫体将体内 Sb(V) 还原为 Sb(III) 或通过蛋白 AQP1 吸收 Sb(III) 时^[45],体内锥虫胱甘肽(TSH)或谷胱甘肽(GSH)合成量增加,并通过其巯基-SH 与 Sb(III) 结合形成 GS-Sb 结构的复合物^[46],然后 ABC 转运蛋白(ATP-binding cassette) PGPA 识别 GS-Sb,将其排到细胞组织外,再通过胞外分泌排出体外^[47]。整个抗性代谢中 TSH/GSH 和 ABC 转运蛋白有重要作用。GSH 是一种重要的抗氧化剂,参与细胞体内的许多解毒代谢过程;ABC 转运蛋白是一种 ATP 结合蛋白,它普遍存在于生物膜上介导物质的运输^[48]。Leprohon 等^[48]发现利什曼虫一般含有 42 个 ABC 转运蛋白,其中,PGPA 属于 ABC 转运蛋白家族中的 MGR 亚家族,为巯醇类金属(GS-X)的 ATP 转运蛋白,同型的还有 PGPB、PGPC、PGPD、PGPE,都是 GS-X 转运蛋白。

在利什曼虫体内,还发现了一些参与锑还原的酶,能将 Sb(V) 还原为 Sb(III)。LmACR2 蛋白可

催化 Sb(V) 的还原, 需要谷氧还原蛋白为辅因子^[49]。另外, 巯基依赖还原酶 TDR1 可在巨噬细胞内还原 Sb(V) 为 Sb(III), 该酶为四聚体蛋白, 含有一个谷胱甘肽 S 转移酶, 反应时利用谷胱甘肽作为还原剂^[50]。另外, 在人类肿瘤细胞内发现了一种锑外排蛋白 MRP1, 它可同时将 Sb(III) 和 Sb(V) 排出细胞外^[51]。

5 藻类对锑的生物富集和氧化

已报道海洋、江河、湖泊等水环境中的藻类对锑具有生物富集作用^[52]。富集在藻类的锑大部分在细胞质中, 并主要与一些富含半胱氨酸的蛋白质相结合^[53]。1 株分离自砷污染淡水湖中的小球藻, 在加 Sb(III) 培养后, 可在培养液中检测出 40% 的 Sb(V) 和 60% Sb(III), 说明该藻类可以通过锑的氧化作用来进行解毒, 该氧化反应可能与藻类的光合作用相偶联^[54]。

6 锑污染的生物修复

当前, 对锑的超富集植物的研究刚刚起步, 仅有数种潜在的锑富集植物被报道。研究报道生长在锑矿上的香叶蓍 (*Achillea ageratum*)、长叶车前草 (*Plantago lanceolata*)、狗筋麦瓶草 (*Silene vulgaris*) 等 3 种植物, 均可大量富集锑, 其中香叶蓍基生叶和花中锑含量分别为 1 367 和 1 105 mg/kg; 长叶车前草根部长锑的含量为 1 150 mg/kg; 狗筋麦瓶草茎部长锑含量为 1 164 mg/kg^[55]。Tschan 等^[56]研究了 6 种植物(印度芥菜、向日葵、多年生黑麦草、苜蓿、小麦和玉米)对锑的吸收富集能力, 发现在 Sb(V) 处理质量浓度为 160 mg/L 时, 生长在琼脂介质上的苜蓿其地上部锑的含量高达 2 151 mg/kg (以干物质计)。研究发现, 砷的超富集植物白玉凤尾蕨 (*Pteris cretica albolineata*) 是锑的耐性植物, 而且蕨类植物对锑的耐性、富集机制可能与高效的活性氧化物清除系统和液泡区隔化这两种作用有关^[57]。

利用微生物技术净化锑污染的研究还鲜有报道。笔者所在课题组尝试了利用生物锰氧化物氧化水体中 Sb(III) 的研究, 取得了一定的效果^[58]。

7 展望

我国锑储量巨大, 矿山开采等人类活动已造成我国矿区周边土壤受到严重的锑污染, 对人体健康

构成很大威胁。目前有关利什曼虫体内锑的吸收、外排、代谢及抗性研究已逐步开展, 但关于微生物体内锑代谢机制的研究工作还尚显不足。根据锑的相关研究现状, 建议今后首先从锑矿土壤样品中大量筛选抗锑和氧化锑的微生物, 并结合基因组学和蛋白质组学高通量筛选抗锑和锑氧化相关基因。从细胞生物学、分子生物学、微生物代谢组学等各个学科入手, 深入开展锑的吸收、转运、外排及代谢机制研究, 系统探究锑在生物圈中的迁移转化规律。此外, 研究开发锑污染土壤及水体的微生物修复技术, 或利用锑抗性、锑氧化微生物与植物进行联合修复, 均能为环境锑污染的修复提供新的思路和手段。

参 考 文 献

- [1] BENTLEY R, CHASTEEN T G. Microbial methylation of metalloids: arsenic, antimony, and bismuth[J]. *Microbiology and Molecular Biology Reviews*, 2002, 66: 250-271.
- [2] SHOTYK W, KRACHLER M, CHEN B. Contamination of Canadian and European bottled water with antimony from PET containers[J]. *Journal of Environmental Monitoring*, 2006, 8: 288-292.
- [3] SUNDAR S, CHAKRAVARTY J. Antimony toxicity[J]. *International Journal of Environmental Research and Public Health*, 2010, 7: 4267-4277.
- [4] 袁爱萍, 唐艳霞, 黄玉龙, 等. 氢化物-原子荧光法测定锑精矿中痕量砷、汞的研究[J]. *光谱学与光谱分析*, 2006, 26(8): 1553-1556.
- [5] 蓝唯源, 宋书巧, 吴浩东, 等. 土壤三价锑污染对甜芥菜生长及品质的影响研究[J]. *环境科学与技术*, 2009, 32(2): 20-23.
- [6] 何孟常, 季海冰, 赵承易, 等. 锑矿区土壤和植物中重金属污染初探[J]. *北京师范大学学报*, 2002, 38(3): 417-420.
- [7] HE M C, YANG J R. Effects of different forms of antimony on rice during the period of germination and growth and antimony concentration in rice tissue[J]. *Science of the Total Environment*, 1999, 243: 149-155.
- [8] 余玮, 揭雨成, 邢虎成, 等. 湖南冷水江锑矿区苧麻对重金属的吸收和富集特性[J]. *农业环境科学学报*, 2010, 29(1): 91-96.
- [9] WESTERHOFF P, PRAPAIPONG P, SHOCK E, et al. Antimony leaching from polyethylene terephthalate (PET) plastic for bottled drinking water[J]. *Water Research*, 2008, 42: 551-556.
- [10] MAHER W A. Antimony in the environment—the new global puzzle[J]. *Environmental Chemistry*, 2009, 6: 93-94.
- [11] 李航彬, 杨志辉, 袁平夫, 等. 湘中锑矿区土壤重金属锑的污染特征[J]. *环境科学与技术*, 2011, 34(1): 70-74.
- [12] 戈招凤, 韦朝阳. 锑环境健康效应的研究进展[J]. *环境与健康杂志*, 2011, 28: 649-653.
- [13] FILELLA M, BELZILE N, LETT M C. Antimony in the environment: a review focused on natural waters. III. *Microbiota*

- relevant interactions[J]. *Earth-Science Reviews*, 2007, 80: 195-217.
- [14] 岑荣光, 李涛, 韦绍英, 等. 慢性铊中毒与肝纤维化相关性研究[J]. *标记免疫分析与临床*, 2007, 14(2): 106-107.
- [15] MENG Y L, LIU Z, ROSEN B P. As(III) and Sb(III) uptake by GlpF and efflux by ArsB in *Escherichia coli*[J]. *Journal of Biology*, 2004, 279: 18334-18341.
- [16] 蔡林, 王革娇. 抗砷微生物及其抗砷分子机制研究进展[J]. *微生物学通报*, 2009, 36(8): 1253-1259.
- [17] 赵凯, 黄银燕, 王倩, 等. 三价砷氧化细菌 *Acidovorax* sp. GW2 中 As(III) 氧化酶基因和调控序列的分离鉴定[J]. *华中农业大学学报*, 2011, 30(1): 23-29.
- [18] 王革娇, 黄银燕, 李洁. 吃砷霜的细菌——解析微生物的砷代谢[J]. *微生物学报*, 2011, 51(2): 154-160.
- [19] SILVER S, SCHOTTEL J, WEISS A. Bacterial resistance to toxic metals determined by extrachromosomal R factors[J]. *International Biodeterioration and Biodegradation*, 2001, 48: 263 - 281.
- [20] ROSEN B P, LIU Z J. Transport pathways for arsenic and selenium: a minireview[J]. *Environment International*, 2009, 35: 512-515.
- [21] DEY S, ROSEN B P. Dual mode of energy coupling by the oxyanion-translocating ArsB protein[J]. *Journal of Bacteriology*, 1995, 177: 385-389.
- [22] LIN Y F, WALMSLEY A R, ROSEN B P. An arsenic metallochaperone for an arsenic detoxification pump[J]. *Proceedings of the National academy of Sciences of the United States of America*, 2006, 103: 15617-15622.
- [23] SANDERS O I, RENSING C, KURODA M, et al. Antimonite is accumulated by the glycerol facilitator GlpF in *Escherichia coli*[J]. *Journal of Bacteriology*, 1997, 179: 3365-3367.
- [24] WYSOCKIL R, CHERY C C, WAWRZYCKA D, et al. The glycerol channel Fps1p mediates the uptake of arsenite and antimonite in *Saccharomyces cerevisiae*[J]. *Molecular Microbiology*, 2001, 40: 1391-1401.
- [25] BOBROWICZ P, ULASZEWSKI S. Arsenical-induced transcriptional activation of the yeast *Saccharomyces cerevisiae* ACR2 and ACR3 genes requires the presence of the ACR1 gene product[J]. *Cellular & Molecular Biology Letters*, 1998, 3: 13-20.
- [26] CHOSH M, SHEN J, ROSEN B P. Pathways of As(III) detoxification in *Saccharomyces cerevisiae*[J]. *Cell Biology*, 1999, 96: 5001-5006.
- [27] WYSOCKI R, CLEMENS S, AUGUSTYNIAK D, et al. Metalloid tolerance based on phytochelatin is not functionally equivalent to the arsenite transporter Acr3p[J]. *Biochemical and Biophysical Research Communications*, 2003, 304: 293-300.
- [28] NIES D H. Microbial heavy-metal resistance[J]. *Applied Microbiology and Biotechnology*, 1999, 51: 730-750.
- [29] LEUZ A K, JOHNSON C A. Oxidation of Sb(III) to Sb(V) by O₂ and H₂O₂ in aqueous solutions[J]. *Geochimica et Cosmochimica Acta*, 2005, 69: 1165-1172.
- [30] LI J, WANG Q, ZHANG S, et al. Phylogenetic and genome analyses of antimony-oxidizing bacteria isolated from antimony mined soil[J]. *International Biodeterioration and Biodegradation*, 2013, 76: 76-80.
- [31] LEHR C R, KASHYAP D R, McDERMOTT T R. New insights into microbial oxidation of antimony and arsenic[J]. *Applied Environmental Microbiology*, 2007, 73: 2386-2389.
- [32] 李洁. 铊矿土壤铊氧化/抗性细菌的多样性及铊抗性基因功能[D]. 武汉: 华中农业大学生命科学技术学院, 2012.
- [33] JENKINS R O, FORSTER S N, CRAIG P J. Formation of methylantimony species by an aerobic prokaryote: *Flavobacterium* sp. [J]. *Archives of Microbiology*, 2002, 178: 274-278.
- [34] JENKINS R O, CRAIG P J, GOESSLER W, et al. Biomethylation of inorganic antimony compounds by an aerobic fungus: *Scopulariopsis brevicaulis* [J]. *Environmental Science and Technology*, 1998, 32(7): 882-885.
- [35] MICHALKE K, WICKENHEISER E B, MEHRING M, et al. Production of volatile derivatives of metal(loid)s by microflora involved in anaerobic digestion of sewage sludge[J]. *Applied Microbiology and Biotechnology*, 2000, 66: 2791-2796.
- [36] MEYER J, SCHMIDT A, MICHALKE K, et al. Volatilisation of metals and metalloids by the microbial population of an alluvial soil[J]. *Systematic and Applied Microbiology*, 2007, 30: 229-238.
- [37] GURLEYUK H, Van FLEET-STALDER V, CHASTEEN T G. Confirmation of the biomethylation of antimony compounds[J]. *Applied Organometallic Chemistry*, 1997, 11: 471-483.
- [38] SMITH L M, MAHER W A, CRAIG P J, et al. Speciation of antimony compounds in culture headspace gases of *Cryptococcus humicola* using solid phase microextraction and gas chromatography-mass spectrometry [J]. *Applied Organometallic Chemistry*, 2002, 16: 287-293.
- [39] WEHMEIER S, FELDMANN J. Investigation into antimony mobility in sewage sludge fermentation[J]. *Journal of Environmental Monitoring*, 2005, 7: 1194-1199.
- [40] CRAIG P J, FORSTER S A, JENKINS R O, et al. Use of mass spectroscopic techniques to elucidate the nature of the products of the oxidation of trimethylstibine in air[J]. *Applied Organometallic Chemistry*, 2001, 15: 527-532.
- [41] ANDREWES P, CULLEN W R, POLISHCHUK E. Arsenic and antimony biomethylation by *Scopulariopsis brevicaulis*: interaction of arsenic and antimony compounds[J]. *Environmental Science and Technology*, 2000, 34: 2249-2253.
- [42] LÉGARÉ D, HETTEMA E, OUELLETTE M. The P-glycoprotein-related gene family in *Leishmania* [J]. *Molecular and Biochemical Parasitology*, 1994, 68: 81-91.
- [43] HERWALDT B L. *Leishmaniasis* [J]. *Lancet*, 1999, 354: 1191-1199.
- [44] LIRA R, SUNDAR S, MAKHARIA A, et al. Evidence that the high incidence of treatment failures in Indian kala-azar is due to the emergence of antimony-resistant strains of *Leishmania donovani* [J]. *Journal of Infectious Diseases*, 1999, 180: 564-567.

- [45] DECUYPERE S, RIJAL S, YARDLEY V, et al. Gene expression analysis of the mechanism of natural Sb(V) resistance in *Leishmania donovani* isolates from Nepal[J]. Antimicrobial Agents and Chemotherapy, 2005, 49: 4616-4621.
- [46] HAIMEUR A, BROCHU C, GENEST P, et al. Amplification of the ABC transporter gene PGPA and increased trypanothione levels in potassium antimonyl tartrate Sb(III) resistant *Leishmania tarentolae*[J]. Molecular and Biochemical Parasitology, 2000, 108: 131-135.
- [47] PÉREZ-VICTORIA J M, DI PIETRO A, BARRON D, et al. Multidrug resistance phenotype mediated by the P-glycoprotein-like transporter in *Leishmania*: a search for reversal agents[J]. Current Drug Targets, 2002, 3: 311-333.
- [48] LERPROHON P, LÉGARÉ D, GIRARD I, et al. Modulation of *Leishmania* ABC protein gene expression through life stages and among drug-resistant parasites[J]. Eukaryotic Cell, 2006, 5: 1713-1725.
- [49] ZHOU Y, MESSIER N, OUELLETTE M, et al. *Leishmania* major LmACR2 is a pentavalent antimony reductase that confers sensitivity to the drug Pentostam[J]. Journal of Biological Chemistry, 2004, 279: 37445-37451.
- [50] DENTON H, MCGREGOR J C, COOMBS G H. Reduction of anti-leishmanial pentavalent antimonial drugs by a parasite-specific thiol-dependent reductase, TDR1[J]. Biochemical Journal, 2004, 381: 405-412.
- [51] COLE S P, SPARKS K E, FRASER K, et al. Pharmacological characterization of multidrug resistant MRP-transfected human tumor cells[J]. Cancer Research, 1994, 54: 5902-5910.
- [52] MANN H, FYFE W S. Biogeochemical cycling of the elements in some fresh water algae from gold and uranium mining districts[J]. Biorecovery, 1988, 1: 3-26.
- [53] MAEDA S, FUKUYAMA H, YOKOYAMA E, et al. Bioaccumulation of antimony by *Chlorella vulgaris* and the association mode of antimony in the cell [J]. Applied Organometallic Chemistry, 1997, 11: 393-396.
- [54] ELLWOOD M J, MAHER W A. Arsenic and antimony species in surface transects and depth profiles across a frontal zone; the Chatham Rise, New Zealand[J]. Deep-Sea Research Part I: Oceanographic Research Papers, 2002, 49: 19711.
- [55] BARONI F, BOSCAGLI A, PROTANO G, et al. Antimony accumulation in *Achillea ageratum*, *Plantago lanceolata* and *Silene vulgaris* growing in an old Sb-mining area[J]. Environmental Pollution, 2000, 109: 347-352.
- [56] TSCHAN M, ROBINSON B H, NODARI M, et al. Antimony uptake by different plant species from nutrient solution, agar and soil[J]. Environmental Chemistry, 2009, 6: 144-152.
- [57] FENG R W, WEI C Y, TU S X, et al. Simultaneous hyperaccumulation of arsenic and antimony in Cretan brake fern; evidence of plant uptake and subcellular distributions[J]. Microchemical Journal, 2011, 97: 38-43.
- [58] 王惠. *Lysinibacillus* sp. M14 产生的生物锰氧化物对金的吸附和锑的氧化[D]. 武汉: 华中农业大学生命科学院, 2012.

Research advances in microbial mechanism of antimony

LI Ming-shun LI Jie WANG Ge-jiao

College of Life Science and Technology, State Key Laboratory of Agricultural Microbiology, Huazhong Agricultural University, Wuhan 430070, China

Abstract Antimony (Sb) is a highly toxic heavy metal which widespreadly exists in nature. With the increasing development of industry, the soil, water and agricultural products are severely polluted by antimony in some regions of our country. As an environmental pollutant, antimony poisoning can lead to heart failure, human diseases such as liver necrosis. Some organisms in nature, especially the microorganisms can grow in the high concentration of antimony, and can even use the element as an energy material, so the microorganisms play an important role in the cycle of earth's materials. Study on metabolic mechanism of antimony has important practical significance to protect environment and human health. This study reviewed the researches of Sb distribution in the environment, the pollution status, microbial metabolism of antimony and bioremediation. At the same time it suggests that future researches should strengthen the following three aspects: (1) isolating more antimony resistance or antimony oxidizing microorganisms; (2) identifying more antimony resistant or oxidizing genes; (3) exploring microbial techniques to remediate Sb contaminated soil and water.

Key words antimony; microorganism; metabolism; efflux; oxidation

(责任编辑: 张志钰)