



新闻中心

您现在的位置: [首页](#) > [新闻中心](#) > [科研进展](#)

- [近期要闻](#)
- [头条新闻](#)
- [科研进展](#)

微生物所冯婕课题组揭示施加粪便可有机肥对耐药发展和传播的影响

2016-06-01 | 作者: | [【大】](#) [【中】](#) [【小】](#) [【打印】](#) [【关闭】](#)

抗生素被广泛应用于畜禽养殖业中以防病治病、提高饲料利用率和促进动物生长。我国是养殖大国, 养殖废弃物的产量非常惊人, 自2003年以来, 我国的年畜禽粪便排放量基本都在30亿吨左右。据世界粮农组织统计, 截止2011年, 全球耕种面积已有13, 962, 000平方公里。多数土地耕种时仍使用粪便可有机肥。仅我国商品粪便可有机肥年产量就达2, 200万吨, 农家粪肥使用量达152, 046万吨。

在粪便可有机肥被广泛使用的情况下, 有机肥对土壤、环境以及人类健康的影响却知之甚少; 同时, 从耐药发展的角度看, 已有研究仅表明, 施加粪便可有机肥会造成耐药基因的丰度增加并且可以在一定时间内持留, 然而造成这一现象的内在原因并没有得到解释。认识施加有机肥对全球耐药发展的关键是追踪耐药基因的宿主细菌的变化趋势。

因此, 微生物所冯婕课题组通过高通量测序、微宇宙构建、荧光定量PCR及相关性分析等技术方法, 发现导致施肥后土壤耐药基因持留细菌有两类: 一类为厚壁菌门中的梭菌科细菌, 另一类为γ变形菌门中的假单胞菌、不动杆菌及甲烷氧化菌。其中维持四环素类抗生素耐药基因较高丰度的原因是梭菌科细菌以孢子形态在土壤中长期存活, 而维持氨基糖苷类抗生素、磺胺类抗生素和酰胺醇类抗生素耐药基因较高丰度的原因是γ变形菌在粪便可营养的刺激下激增。

以上研究结果首次清晰地描述了两个不同群落混合后携带耐药基因细菌的变化规律, 更为重要的是, 这些携带耐药基因的细菌与病原微生物具有很近的系统进化关系, 有的甚至属于条件致病菌。这让人类重新思考粪肥施加对全球耐药发展的影响。

这些结果已于2016年4月27日在Environment Microbiology发表 (doi: 10.1111/1462-2920.13337), 题为“A multi-player game: Species of *Clostridium*, *Acinetobacter*, and *Pseudomonas* are responsible for the persistence of antibiotic resistance genes in manure-treated soils.”。中国科学院微生物研究所冯婕课题组的外青Sébastien O. Leclercq和助理研究员王超为该文章的共同第一作者。此研究得到了“973”项目(2015CB54202)的经费支持。

论文链接: <http://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1111/1462-2920.13337/abstract>。

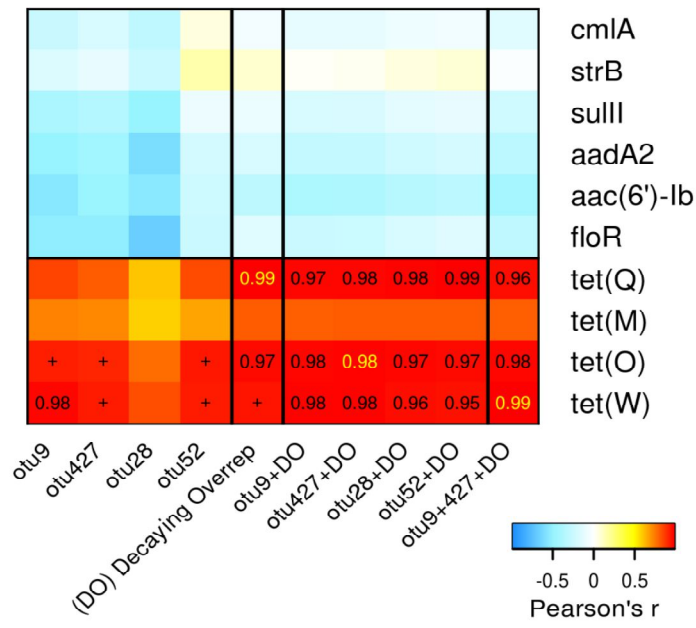


图1 耐药基因相对丰度变化与微生物群落相对丰度变化的相关性分析结果。



1996-2014 中国科学院微生物研究所 版权所有 备案序号: 京ICP备05064432号 文保网安备案号: 110402500054
 地址: 北京市朝阳区北辰西路1号院3号 邮编: 100101 电话: 86-10-64807462 传真: 86-10-64807468 Email: office@im.ac.cn