

搜索



(<http://www.apm.cas.cn>)

当前位置: [首页](#) >> [科研动态](#)

## 科研动态

### 精密测量院在洪湖湿地抗生素抗性基因研究中取得新进展

来源: 时间: 2020-09-10

抗生素在人类与动物疾病防治中发挥了巨大的作用。然而由于抗生素的大量使用,造成了环境中抗生素浓度的增加与污染。环境中的抗生素一方面会直接对生物体产生毒性效应,更严重的是,其能诱导环境微生物的抗性基因(ARGs),从而产生耐药细菌,进而通过食物链(网)的传递而威胁着人类健康。抗生素耐药已被世界卫生组织认为是21世纪人类面临的最大的公共卫生安全问题之一。由于ARGs存在于环境微生物中,在环境压力下,微生物可以通过选择群体、基因突变和重排以及/或ARG基因的水平转移来改变ARGs的含量。湖泊是抗生素与抗性基因污染的一个重要储存库,湖泊作为地球上最重要的水资源之一,有关湖泊抗生素与抗性基因污染现状已引起了全球的广泛关注,但是我们仍然缺乏全面的系统的数据来揭示湖泊中ARGs的形成与传播机制,尤其是针对长江中游典型农业活动干扰的湖泊。



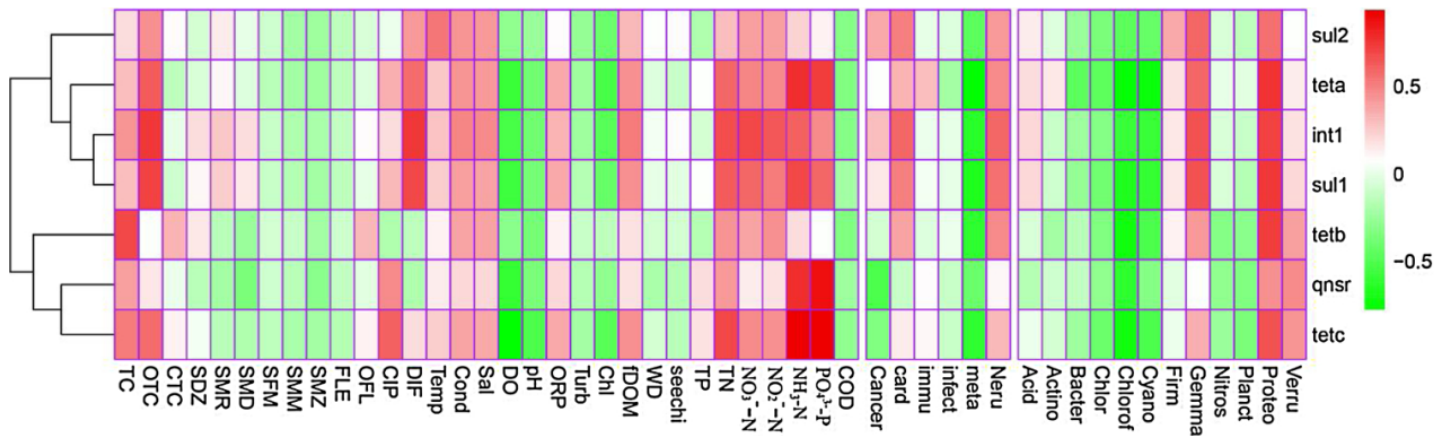
精密测量院研究员王智团队在前期对洪湖及周边水域抗生素污染(Wang et al., *Sci Total Environ*, 2017)与微生物群落特征研究(Han et al., *Genom Proteom Bioinf*, 2019)的基础上, 其团队联合华中科技大学宁康教授团队与中国环境科学研究院研究员卢少勇以洪湖及周边养殖塘与河流为研究对象, 通过夏季与冬季的采样分析, 探讨了ARGs与微生物群落、抗生素含量和常规水质间的关系。研究表明, 抗生素、营养盐和水体溶解氧分别与几乎所有的抗性基因呈显著正相关和负相关, 发现减少抗生素和富营养化水平可能可以有效降低ARGs的风险。结构方程分析表明, 微生物群落结构的变化对ARGs的变化有最直接的贡献, 当考虑到间接影响时, 环境因素解释了34%的抗性基因变化, 微生物群落解释了28%的变化, 而它们的交互作用解释了27%的变化。进一步分析表明, Firmicutes, Gemmatimonadetes, Proteobacteria等的丰度及其与ARGs呈显著正相关, 表明这些门可能携带抗性基因。本研究为我国典型农业活动干扰湖泊中ARGs的分布和传播提供了系统的理论依据, 并为控制这一新型污染物提供了新的思路。

相关研究近期发表在环境科学与工程领域期刊 *J Hazard Mater* 上(Wang et al., *JHM*, 2020), 研究得到中国科学院青年创新促进会、国家自然科学基金和湖北省自然科学基金等项目资助。

王智为中国科学院青年创新促进会会员, 湖北省杰出青年基金获得者, 担任环境类SCI期刊 *Chemosphere* 编委和 *Front Environ Sci* 评审编辑, 主要从事湿地新型污染物精密测量、生态效应与控制等方面的研究, 目前已在 *Water Res*、*J Hazard Mater* 等发表论文50余篇。

论文链接<https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S0304389420304155> (<https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S0304389420304155>)





洪湖及周边水域抗生素抗性基因与微生物群落、环境因子的相关性热图

下一篇：[精密测量院大力开展国家重大科技基础设施建设项目的野外重力测量工作 \(/t20200907\\_5687453.html\)](http://www.cas.cn/jq/202009/07_5687453.html)



微信  
公众号



中国科学院  
CHINESE ACADEMY OF SCIENCES

(<http://www.cas.cn>)

中国科学院精密测量科学与技术创新研究院

地址：武汉市武昌小洪山西30号 电话：027-87199543 邮政编码：430071

ICP备案号：鄂ICP备20009030-1号 鄂公网安备 42011102003884号