



Adobe Flash Player 已不再受支持

站内搜索

请输入关键字

GO

您现在的位置：首页 > 新闻动态 > 科研动态

城市环境研究所在人为活动对土壤抗性组的影响机制方面取得进展

朱永官院士团队 | 2022-10-27 | 【大 中 小】 【打印】 【关闭】

近日，中国科学院城市环境研究所朱永官院士团队苏建强研究组在环境健康领域期刊*Environment International*发表了题为“Metagenomic and viromic analysis reveal the anthropogenic impacts on the plasmid and phage borne transferable resistome in soil”的研究论文。该论文利用宏基因组和病毒组技术在reads和contigs水平系统解析了不同土地利用类型下土壤抗性组中高风险抗性基因及其驱动因子。

抗生素抗性基因（ARGs）在全球环境中分布广泛且历史悠久，土壤作为储存ARGs最重要的库之一，其不同环境中的ARGs组成和丰度已有大量研究，但对潜在健康风险抗性基因及其驱动因子的解析较为缺乏。本文构建了一个利用宏基因组数据探明环境高风险抗性基因及其载体的流程（图1），揭示了农业区是临床性ARGs的热区，质粒是介导人源ARGs向环境转移的主要载体，并且其中大多数为临床性ARGs。通过对病毒组的分析则表明土壤噬菌体基因组极少携带抗性基因，但可能通过转导促进ARGs的扩散。

中国科学院城市环境研究所博士生廖虎为该研究第一作者，苏建强研究员为通讯作者。本研究得到了国家重点研发计划（No. 2020YFC1806902），国家自然科学基金（No. 42021005）等项目的资助。

论文链接

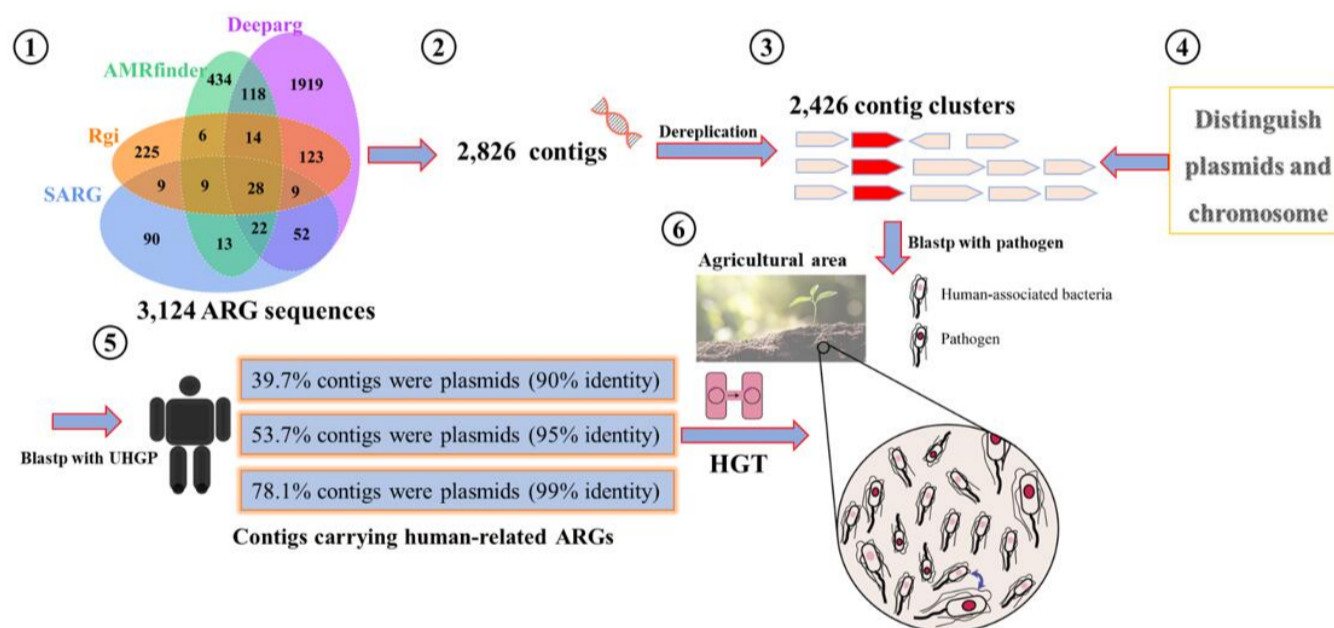


图1 高风险抗性基因及其载体的解析流程

>> 附件下载：

Metagenomic and viromic analysis reveal the anthropogenic impacts on the plasmid and phage borne transferable resistome in soil.pdf