



研究成果

当前位置: 首页 > 研究成果

Water Research — 朱勃/陈功友团队揭示抗生素抗性基因在饮用水水库中的分布和传播

发布时间：2024-04-12

2024年4月4日，上海交通大学农业与生物学院朱勃长聘副教授和陈功友长聘教授联合团队在生态学/环境科学领域著名期刊Water Research在线发表了题为“Spread of Antibiotic Resistance Genes in Drinking Water Reservoirs: Insights from a Deep Metagenomic Study Using a Curated Database”的研究论文。该论文揭示了抗生素抗性基因在饮用水水库中的分布和传播。



Water Research
Available online 4 April 2024, 121572
In Press, Journal Pre-proof [What's this?](#)

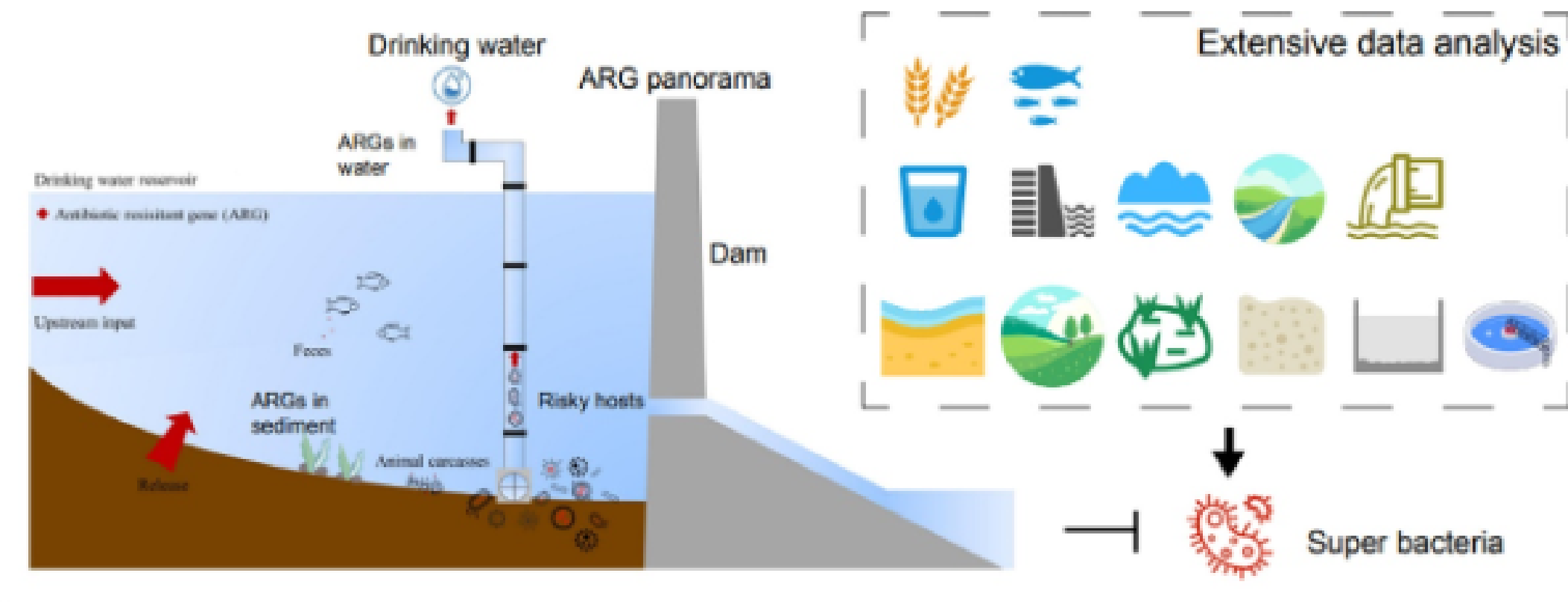


Spread of Antibiotic Resistance Genes in Drinking Water Reservoirs: Insights from a Deep Metagenomic Study Using a Curated Database

[Sai Wang](#)^{1,*,} [Wenhan Nie](#)^{1,7,*} , [Qing Gu](#)^{2,} [Xie Wang](#)^{3,} [Danping Yang](#)^{4,} [Hongyu Li](#)^{1,} [Peihong Wang](#)^{1,} [Weixue Liao](#)^{1,} [Jin Huang](#)^{1,} [Quan Yuan](#)^{5,} [Shengli Zhou](#)^{2,} [Iftikhar Ahmad](#)^{1,6,} [Kiga Kotaro](#)^{7,} [Gongyou Chen](#)^{1,} [Bo Zhu](#)¹

随着抗生素的广泛使用，抗生素抗性基因（ARGs）在各种环境中的检出率不断上升。ARGs的水平传播对全球公共卫生构成了严重威胁，据估计在2050年耐药菌感染将成为人类首要死因。由于饮用水水库采样通常受到限制，而饮用水中微生物抗性组常被报道与当地医院临床鉴定的感染性病原菌耐药性相似，因此，全面了解ARGs在饮用水水库中的分布特征、传播机制和影响因素，对于制定有效的水质管理策略和保障公共安全至关重要。

该研究利用自研数据库扩展了宏基因组中ARG的检测能力，利用深度宏基因组测序和大数据分析，对饮用水水库以及12种相关环境中的ARGs及其携带者进行了全面分析。研究发现，沉积物中的ARGs多样性高于水中的ARGs，可移动元件（MGEs）是ARGs分布的主要驱动力；鉴定了饮用水水库中关键的ARG携带者；在防止ARGs和多重耐药细菌传播层面，河流不是可靠的饮用水源，人类活动对水环境ARGs丰度和分布促进作用明显；并提出了建立饮用水水库可能是减缓水介导的ARGs传播的有效策略。



上海交通大学博士王赛和博士后聂文翰为论文共同第一作者，朱勃长聘副教授为通讯作者。该研究获得浙江省生态环境监测中心顾卿工程师和周胜利高级工程师的鼎力支持。该研究获得国家自然科学基金面上项目、浙江省生态环境科研和成果推广项目、上海市科委面上项目等支持。

原文链接：<https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0043135424004743>