



加快打造原始创新策源地，加快突破关键核心技术，努力抢占科技制高点，为把我国建设成为世界科技强国作出新的更大的贡献。

——习近平总书记在致中国科学院建院70周年贺信中作出的“两加快一努力”重要指示要求

[首页](#)[组织机构](#)[科学研究](#)[成果转化](#)[人才教育](#)[学部与院士](#)[科学普及](#)[党建与科学文化](#)[信息公开](#)[首页 > 科研进展](#)

## 城市环境所在植物特性调控叶际微生物组方面获进展

2023-04-11 来源：城市环境研究所

【字体：大 中 小】



语音播报



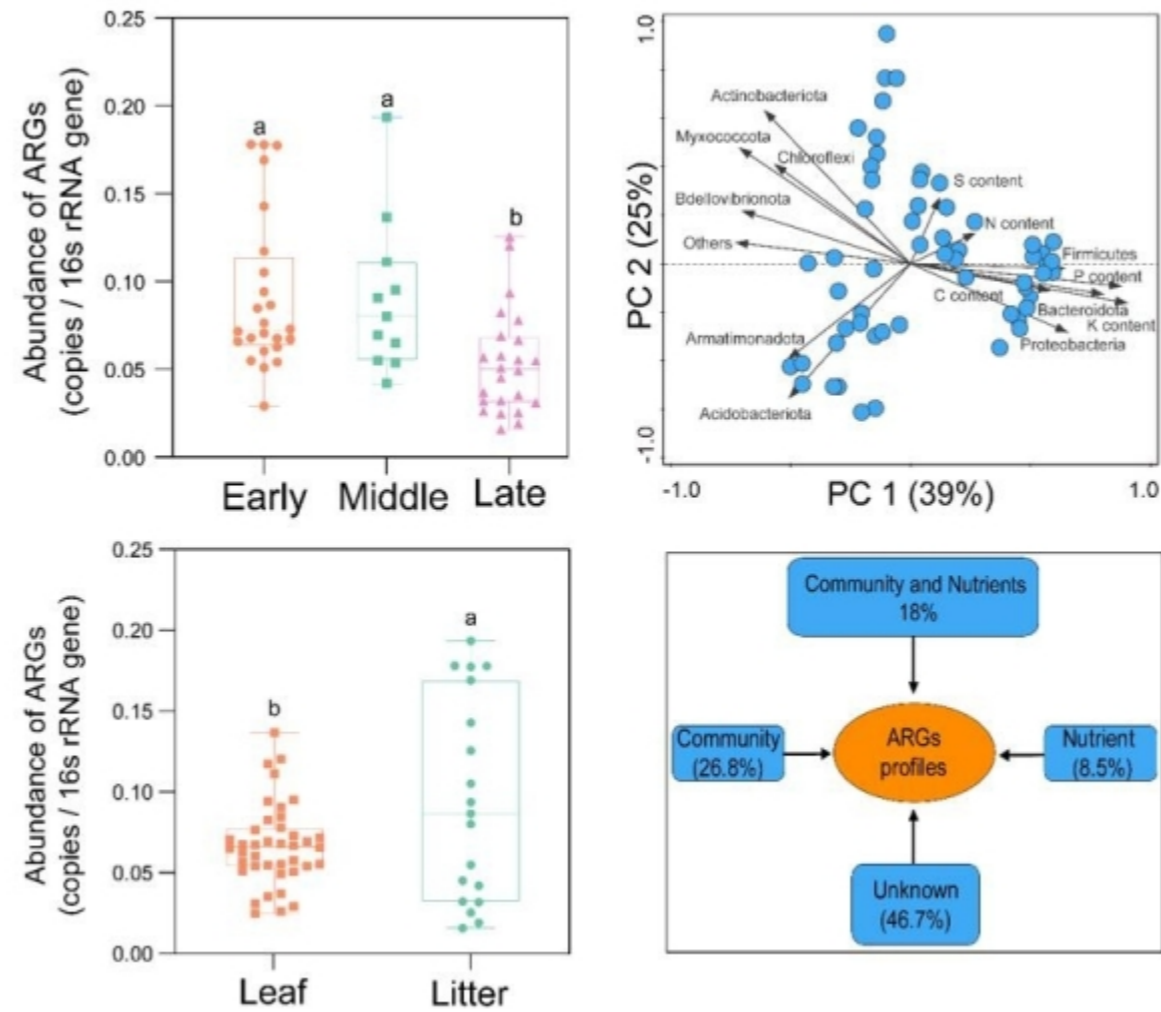
近日，中国科学院城市环境研究所朱永官团队以冰川退缩迹地自然发育的植被演替序列为研究对象，采用高通量测序和高通量荧光定量技术，探索植物群落演替过程中叶际抗生素抗性基因的变化模式。相关研究成果以*Phyllosphere antibiotic resistome in a natural primary vegetation across a successional sequence after glacier retreat*为题，发表在*Environment International*上。

抗生素抗性基因（ARGs）的传播已对人类健康构成威胁。尽管植物叶际代表了一个重要的微生物库，但人们对人类干扰较少的自然生境中ARGs的分布和驱动因素知之甚少。因此，科研人员收集了植被演替序列中的早期、中期和晚期的植物叶片样本，以探讨植物叶际ARGs在自然生境中分布概况。该研究测定了植物圈ARGs、细菌群落和叶片营养物含量，以评估它们对植物圈ARGs的贡献。研究确定了151种独特的ARGs，涵盖了几乎所有公认的主要抗生素类别。研究进一步发现，在植物群落演替过程中，由于植物群落生境的波动和植物个体的特定选择效应，植物叶际ARGs存在一些随机性和核心组。在植物群落演替过程中，由于植物叶际细菌多样性、群落复杂性和叶片营养成分的减少，ARGs丰度明显下降。而土壤和落叶之间的密切联系导致落叶中的ARGs丰度高于鲜叶。研究显示，自然环境中的植物叶际蕴藏着广泛的ARGs。这些植物圈ARGs分布由各种环境因素驱动，包括植物群落组成、宿主叶片特性和植物圈微生物组。

研究工作得到国家自然科学基金的支持。

[论文链接](#)





植物叶际抗生素抗性基因在植物群落发育过程中的分布

责任编辑：侯茜 打印 更多分享

附件下载: [Phyllosphere antibiotic resistome in a natural primary vegetation across a successional sequence after glacier retreat.pdf](#)

- » 上一篇: 版纳植物园发现中国龙脑香科植物新记录种——盈江柳安
- » 下一篇: 植物所揭示草原生产力对极端降水变化的非线性响应及其驱动机制



扫一扫在手机打开当前页



编辑部邮箱: [casweb@cashq.ac.cn](mailto:casweb@cashq.ac.cn)

