



## 遗传发育所农业资源中心在环境病原菌风险

2019-06-24 来源：遗传发育所农业资源研究中心

人类细菌病原菌在环境中广泛存在。一些时常接触特殊生境的人群，如玩耍土壤和污水的儿童，能够快速、高通量地对特定环境的病原菌进行筛查预警以及全球主要生境的病原菌相对丰度状况具

针对生病个体的某一病征检测其微生物病原是近代医学微生物学的主要进展之一，但是这种检测的灵敏度和多样性。群落层次的高通量病原菌识别可以通过基于下一代测序技术的宏基因组学实现。然而，宏基因组学存在特异性差等问题。

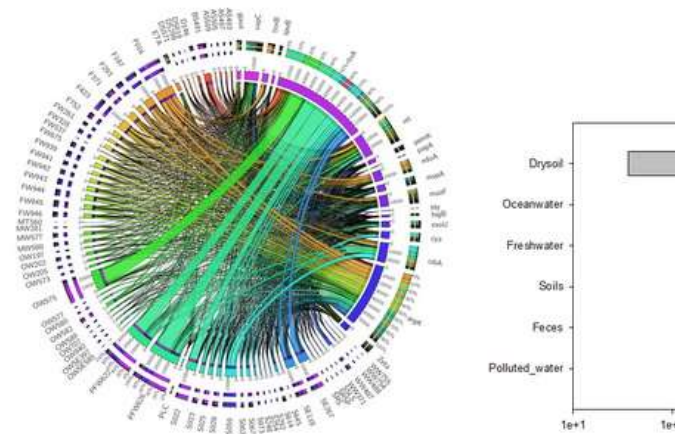
中国科学院遗传与发育生物学研究所农业资源研究中心研究员李小方在前人基础上建立了与传统本地BLAST方法结合，建立了基于宏基因组的细菌致病菌高通量扫描方法。毒素是细菌致病性的重要标志，本研究对宏基因组进行了毒素和基因组测试了此本地BLAST流程的特异性，评估了该方法假阳性概率。方法建立过程中，本研究扫描了来自公共数据库的69个宏基因组，这69个宏基因组代表了全球尺度上各种粪便、土壤、

分析结果表明，严重污染的淡水水体和粪便的致病因子含量最高，而受胁迫的干旱土壤/水体中致病因子含量较低，但总的来讲处于统一水平。胁迫环境下致病菌是否受到抑制尚有待进一步机理研究。生境中致病因子主要与Proteobacteria, Nitrospirae and Firmicutes等少数几个菌门关联。其中，来自Nitrospirae和Firmicutes致病菌也许尚有待发现。另外，统计发现最常见的致病因子是类

气单胞菌属孔毒素RTX和类假单胞菌ArgK毒素。前者是气单胞菌属、假单胞菌属、弧菌属和肠杆菌属、埃希氏杆菌属和分支杆菌属致病性的必要组成因子。

此项研究得到中科院率先行动“百人计划”和河北省杰出青年基金的资助。该论文近日以 pathogen-enriched environments 为题在 Environmental Sciences Europe 在线发表。

## 论文链接



代表性生境-细菌致病因子关联（左）与生境致病因子

上一篇：重庆研究院在三峡库区水华优势种演替模式遥感分析方面取得进展

下一篇：广州生物院推出新型高效体细胞重编程技术

© 1996 - 2019 中国科学院 版权所有 京ICP备05002857号 京公网安备110402500047号

联系我们 地址：北京市三里河路52号 邮编：100864

