



您当前的位置：首页 > 院所新闻 > 科研进展 > 正文

## 破译猪源大肠杆菌携带多重耐药基因的分子传播机制

文章来源：中国农业科学院哈尔滨兽医研究所 作者：刘思国 张艳禾 点击数： 次 发布时间：2014-07-18 【字体：大 中 小】

抗生素的滥用和过度使用造成对抗生素有耐药性和多重耐药性超级细菌的产生，这一现象已成为全球性医疗难题。为了探究细菌耐药性的分子机制，中国农业科学院哈尔滨兽医研究所动物细菌病研究团队开展了猪源大肠杆菌携带多重耐药基因分子机制的研究，并取得重要进展，为解析细菌多重耐药机制提供了理论依据，也为消除细菌耐药性提供了解决方案。最新研究成果发表在近期英国牛津大学出版社的《抗菌化学治疗》(Journal of Antimicrobial Chemotherapy)上。

细菌通过质粒将编码单个耐药基因进行整合是其产生多重耐药的机制之一。研究发现，cfr基因因为质粒携带的多重耐药基因之一，该基因编码的Cfr蛋白即23S rRNA的甲基化转移酶，能同时介导氯霉素类、恶唑烷酮类、林可胺类、截断侧耳素类和链阳菌素A类等五类化学结构不同的抗菌药物耐药。这些药物中既包含兽医临床一线抗感染药物(氟苯尼考、泰妙菌素、沃尼妙林)，也有人医临床治疗革兰氏阳性菌感染(耐甲氧西林金黄色葡萄球菌和耐万古霉素肠球菌)最有效和最后一道防线的药物(利奈唑胺)。因此，研究cfr基因在人源与动物源病原菌中的传播与扩散，对于保障人类健康、延缓现有抗菌药的使用寿命都有重要的公共卫生意义。

自2000年首次在松鼠葡萄球菌中发现cfr基因至今，该基因曾一度被认为专属于阳性菌的多重耐药基因。为了探索cfr基因是否存在于革兰氏阴性菌中，动物细菌病研究团队的张万江博士利用遗传学和分子生物学技术，在革兰氏阴性菌猪源大肠杆菌中发现携带cfr基因的多宿主、可转移IncA/C型质粒 pSCEC2。序列分析发现，pSCEC2质粒携带包括cfr基因等5个耐药基因，捕获该质粒的敏感菌可以抵抗人类临床上常用的8至9种抗菌药。

该研究揭示了携带cfr基因的IncA/C型质粒能够在不同种属革兰氏阴性菌间扩散；插入元件IS256可介导cfr基因在革兰氏阳性菌和革兰氏阴性菌间发生跨种传播。(通讯员 张晓鹏)

(论文链接：<http://jac.oxfordjournals.org/content/69/2/385.long>)

### 相关文章

- > 哈尔滨兽医所在H5N1禽流感疫苗研究方面不断取得新突破
- > 中国农科院陈化兰团队研究表明：H7N9病毒侵入人体发生突变可获高效人际传播能力
- > 猪圆环病毒2型灭活疫苗的推广与应用研究通过验收
- > 全院多个研究所国家自然科学基金立项取得突破
- > 动物生物制品国家工程研究中心能力建设项目获国家财政支持

