
单细胞拉曼结合靶向宏基因组揭示土壤活性抗生素耐药组

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/20190.html>

本文仅供学习交流之用，版权归原作者所有，请勿用于商业用途！

抗生素耐药性（AMR）在人类、环境和动植物间的传播，加剧全球“ One Health ” 的负担。土壤是“ One Health ” 的关键环节之一，所携带的抗生素耐药性可通过食物链等方式转移至人类而带来健康威胁。土壤中栖息着地球上最丰富多样的微生物，其中活性耐药菌在驱动土壤耐药性传播中具有关键作用。然而，由于高达99%的土壤微生物不可培养，针对土壤原位活性耐药菌的探索较少，土壤中抗生素耐药性风险的研究面临挑战，阻碍了AMR环境行为及阻控策略的发展。

虽然分子生物学技术提升了我们对土壤微生物组和抗性组的认识，但基因信息仅反映耐药潜力而非耐药表型，且不能区分胞外、死亡或休眠菌的DNA，因此难以解析具体发挥作用的耐药微生物，影响AMR健康风险的精确评估。基于培养的方法仅能关注少数可培养的指示菌，忽视了土壤中大量未培养菌的贡献。因此，亟需开发合适的技术手段，从表型和基因型两个层面全面解析土壤中重要的活性耐药菌。

中国科
学院院士、中
科院城市环境研究所研究员

朱永官团队在《美国国家科学院院刊》（PNAS）上，发表了题为Active antibiotic resistome in soils unraveled by single-cell isotope probing and targeted metagenomics的论文。该研究通过发展单细胞拉曼-稳定同位素标记和靶向宏基因组联用技术，示踪了土壤原位活性抗生素耐药菌，量化了其表型耐药水平，并结合单细胞靶向分选与测序揭示了土壤高活性耐药菌的抗性组和移动组。朱永官团队长期致力于环境耐药性研究，并在“ One Health ” 的背景下提出监测和防控抗生素耐药风险的方法理论框架。

该研究利用单细胞拉曼-重水同位素标记技术，针对土壤的复杂性以及对抗生素有效性的影响，通过优化抗生素剂量、孵育时间、采谱深度，建立了准确示踪土壤活性耐药菌的单细胞方法与判别标准，利用土壤原位环境的多种已知抗性菌和敏感菌，对方法在不同土壤和不同机制抗生素的普适性和准确性进行交互验证，将方法从简单的临床耐药菌的研究拓展至包含大量未培养菌的复杂土壤环境。

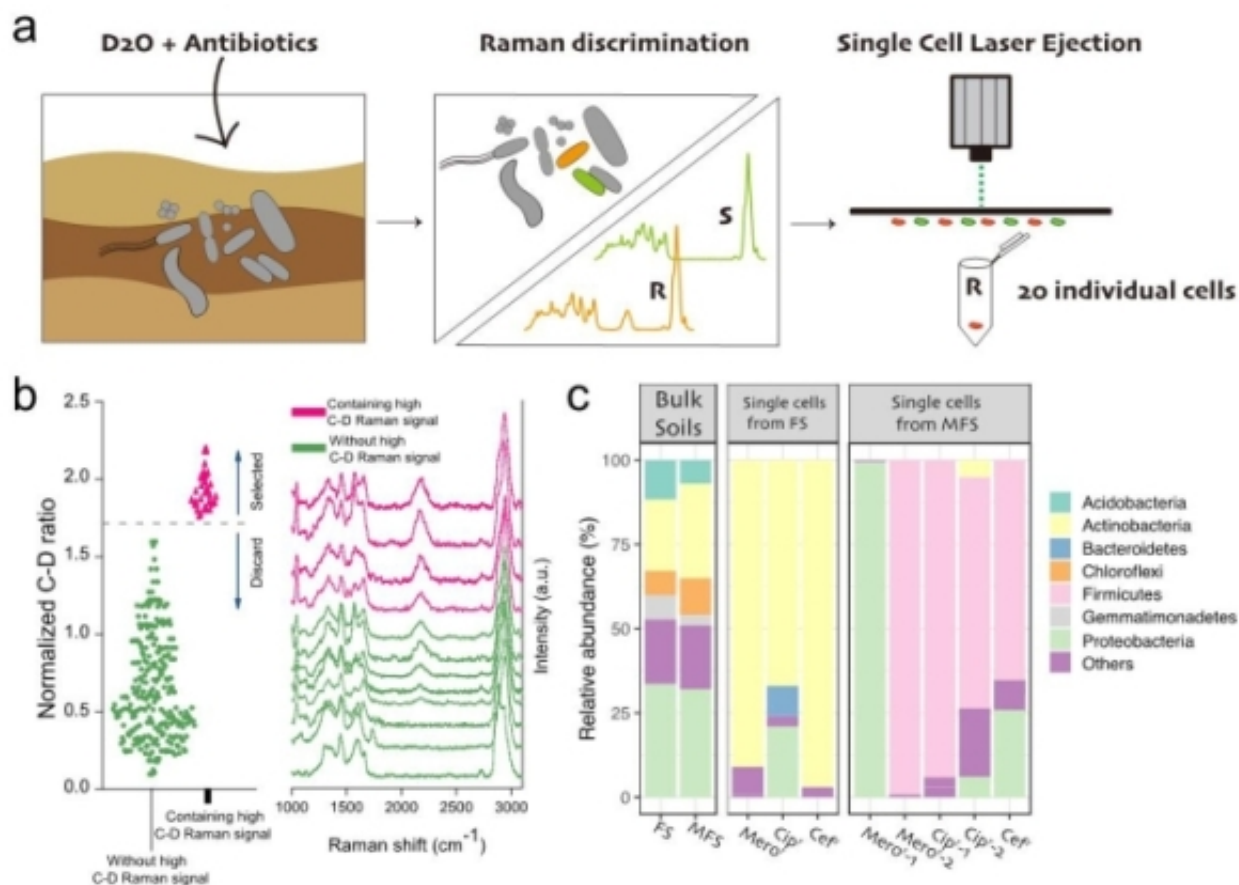
利用该方法，研究在单细胞水平和表型层面克服培养限制，直接示踪和定量了土壤原位活性耐药菌的丰度和活性水平，揭示了人类活动（如农业耕种和污染排放）显著增加土壤的表型耐药水平。由于高代谢活性耐药菌对AMR环境传播的重要作用，研究进一步提出将表型耐药水平作为环

境AMR风险评价的新指标，改进了长期以来AMR风险评价仅有基因信息而无耐药表型信息的境况。

该研究针对拉曼技术识别具有潜在健康风险的高度活跃土壤耐药菌，利用单细胞分选与靶向宏基因组测序技术，鉴定出多数高表型耐药菌属于之前难以研究的未培养菌以及一株新型的抗生素抗性病原菌，证明了土壤未培养菌是AMR的重要宿主。科研团队在单细胞水平破译了活性耐药菌携带的抗性基因、毒力因子、可移动遗传元件（包括质粒、插入序列和前噬菌体）。该工作将多种抗生素耐药表型和多种基因型关联，为剖析环境中大量未培养耐药菌提供了崭新的方法。

该工作发展的单细胞拉曼结合靶向宏基因组的方法，为复杂环境耐药研究提供了新手段，深化了科学家对土壤活性抗生素耐药性的认知。该方法可广泛用于其他生态系统，并对在“ One Health ”框架下推进环境耐药性的风险评估与制定防控策略具有重要价值。研究工作得到国家自然科学基金优秀青年科学基金项目、创新研究群体项目、面上项目，以及中科院基础前沿科学研究计划“从0到1”原始创新项目的支持。

[论文链接](#)



单细胞拉曼技术评估土壤表型耐药性并靶向分选和测序高活性耐药菌

研究团队单位：城市环境研究所

更多 科学进展 请访问 <https://www.iikx.com/news/progress/>

本文版权归原作者所有，请勿用于商业用途，[爱科学iikx.com](https://www.iikx.com)转发