

---

# 科学家绘成首张全球土壤抗生素抗性基因分布图

作者：writer 来源：科学网

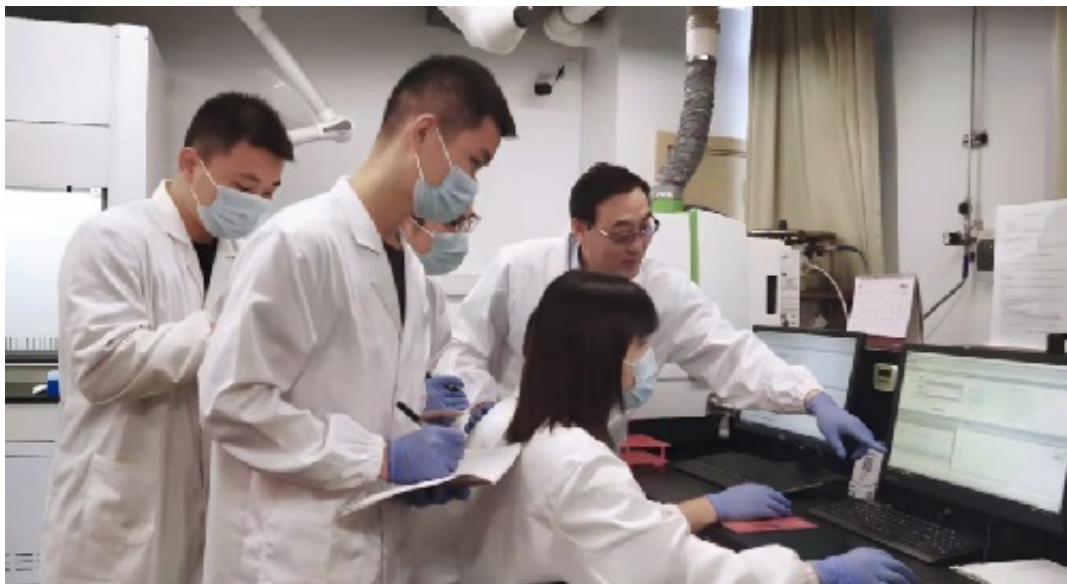
本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/20918.html>

*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！*

科学家绘成首张全球土壤抗生素抗性基因分布图。华东师范大学教授刘敏团队利用土壤宏基因组大数据，绘成首张全球土壤抗生素抗性基因分布图，识别了全球土壤微生物耐药性热点区域，揭示了全球土壤微生物耐药性的地理格局及其驱动机制，为落实世界卫生组织微生物耐药性全球行动计划、控制土壤抗生素抗性基因的传播扩散提供了决策支撑。11月16日，相关研究在《科学进展》发表。

抗生素的大量使用使微生物体内编码抗生素抗性的基因在环境中选择性富集，致病菌通过基因突变或者水平基因转移获得抗生素抗性基因后，导致抗生素失效、治疗时间延长、病死率升高，对人类与动物健康构成了严峻挑战，因此抗生素与抗生素抗性基因被视为新型污染物。

2011年，世界卫生组织发出遏制耐药——今天不采取行动，明天就无药可用的警告，并于2015年发起微生物耐药性全球行动计划，旨在通过多国跨部门的联合行动控制微生物耐药性的传播扩散。



刘敏在指导团队研究生 受访者供图

然而全球土壤抗生素抗性基因有着怎样的空间分布？什么因素驱动着土壤微生物耐药性的地理格局？目前尚不清楚，这严重制约了对大尺度土壤微生物耐药性的理解以及对土壤微生物耐药性的

---

有效控制。

刘敏团队基于土壤宏基因组大数据注释了全球土壤环境的抗生素抗性基因，发现全球农业土壤的抗生素抗性基因丰度显著高于非农业土壤，多重耐药抗性基因是主导的土壤抗生素抗性基因类型。

准确识别微生物宿主是理解土壤微生物耐药水平的关键，研究团队对携带抗生素抗性基因的基因序列进行了微生物注释，发现抗生素抗性基因主要由肠道微生物和病原菌携带。进一步分析表明，人类活动可能通过污泥农用和粪肥施用引入肠道微生物和病原菌增加土壤抗生素抗性基因丰度；土壤理化性质、温度和降水等地理要素也可通过调节病原菌和肠道微生物的生长繁殖间接驱动土壤微生物耐药性水平。

研究团队利用机器学习首次绘制了全球土壤抗生素抗性基因丰度分布图，发现全球土壤微生物耐药性热点区域主要位于美国东部、欧洲西部、南亚和东亚等人口密集、农牧业发达的地区。据此，研究团队提出，需要通过削减抗生素使用、减少污水灌溉与粪肥施用，重点控制上述人口密集、农牧业发达地区的土壤微生物耐药性水平。

新污染物，是一类对生态系统与公共健康具有潜在风险和危害的污染物，治理难度大、排放清单缺失以及环境数据匮乏。随着新污染物生产、使用和输入的不断加大，新污染物已成为当今人类面临的重大环境问题和巨大挑战。

今年5月24日，国务院正式颁发《新污染物治理行动方案》，并首次确定包含抗生素在内的14种优控新污染物。刘敏团队多年来一直聚焦新污染物的多尺度多介质机理与过程模拟，推进环境地理大数据研究。

这项研究工作基于大数据挖掘和环境地理学视角，引领了大尺度土壤微生物耐药性研究方向。刘敏说，研究成果对联合国可持续发展目标3——良好健康与福祉，具有重要现实意义，为落实世界卫生组织微生物耐药性全球行动计划和国务院《新污染物治理行动方案》提供了决策依据。（来源：中国科学报张双虎 黄辛）

相关论文信息：<https://doi.org/10.1126/sciadv.abq8015>

作者：刘敏等 来源：《科学进展》

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