# 研究揭示新型A类碳青霉烯酶全球分布特征

作者：writer 来源：科学网

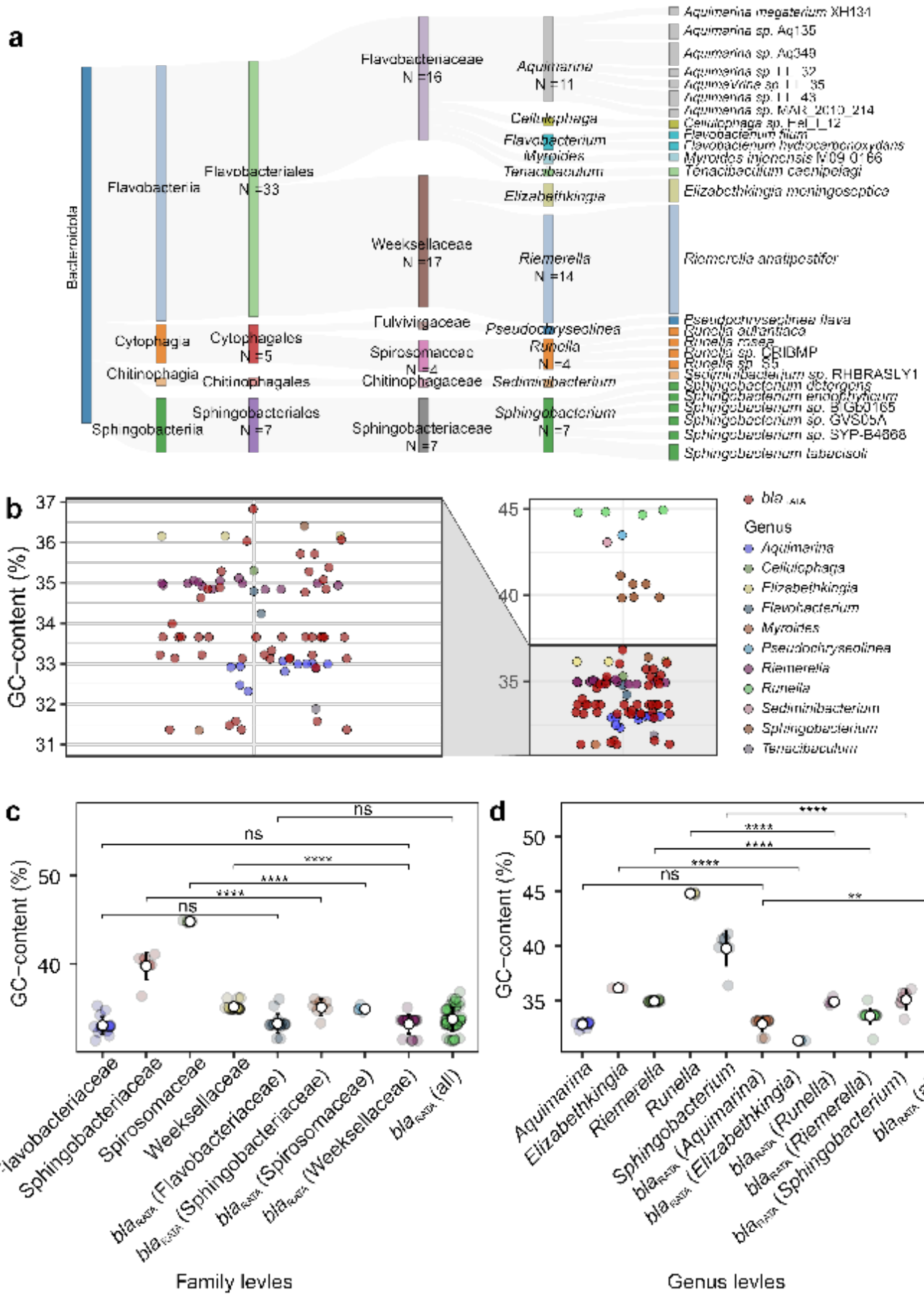
本文原地址：https://www.iikx.com/news/progress/27225.html

*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！*

**研究揭示新型A类碳青霉烯酶全球分布特征**
。近日，国家农业（水禽）产业技术体系岗位专家、四川农业大学教授程安春团队与西南大学合作，在国际学术期刊Science of the Total Environment上发表论文。该研究首次报道了一种新型的A类碳青霉烯酶RATA，并揭示了其在全球范围内的分布特征及其全球传播潜力。

碳青霉烯类抗生素是治疗由多重耐药细菌引起的严重感染的最后手段。然而，随着碳青霉烯耐药基因的全球扩散，严重制约了该类抗生素的有效性。程安春团队从鸭疫里默氏菌基因组鉴定出一种新型碳青霉烯酶RATA，该酶与已知的β-内酰胺酶的氨基酸序列相似性低于52%。RATA酶能够水解包括青霉素、广谱头孢菌素、单环β-内酰胺类、头霉素和碳青霉烯类在内的多种β-内酰胺类抗生素，并且其活性可以被β-内酰胺酶抑制剂所抑制。

研究团队进一步通过生物信息学分析并发现了46个blaRATA类基因，编码27种变体，涉及21个不同物种，包括病原体、宿主相关细菌和环境分离菌。尤其值得关注的是：携带blaRATA基因的菌株已在全球范围分布，并且主要源自海洋环境。此外，blaRATA基因主要位于黄杆菌科细菌的染色体上，与黄杆菌科内菌种具有相似的GC含量，表明黄杆菌科可能是blaRATA基因的主要储库
。


a
Bacteroidota
Flavobacteriia
Cytophagia
Chitinophagia
Sphingobacteriia
Flavobacteriales N =33
Cytophagales N =5
Chitinophagales
Sphingobacteriales N =7
Flavobacteriaceae N =16
Weeksellaceae N =17
Fulvivirgaceae
Spirosomaceae N =4
Chitinophagaceae
Sphingobacteriaceae N =7
Aquimarina N =11
Cellulophaga
Flavobacterium
Myroides
Tenacibaculum
Elizabethkingia
Riemerella N =14
Pseudochryseolinea
Runella N =4
Sediminibacterium
Sphingobacterium N =7
Aquimarina megaterium XH134
Aquimarina sp. Aq135
Aquimarina sp. Aq349
Aquimarina sp. MAR_2010_214
Cellulophaga sp. Fel_I_12
Flavobacterium filum
Flavobacterium hydrocarbonoxydans
Myroides injenensis M09 0166
Tenacibaculum caenipelagi
Elizabethkingia meningoseptica
Riemerella anatipestifer
Pseudochryseolinea flava
Runella aurantiaca
Runella rosea
Runella sp. CRIBMP
Runella sp. S5
Sediminibacterium sp. RHBRASLY1
Sphingobacterium detergens
Sphingobacterium endophyticum
Sphingobacterium sp. BIGb0165
Sphingobacterium sp. GVS05A
Sphingobacterium sp. SYP-B4868
Sphingobacterium tabacisoli
b
GC−content (%)
bla RATA
Genus
Aquimarina
Cellulophaga
Elizabethkingia
Flavobacterium
Myroides
Pseudochryseolinea
Riemerella
Runella
Sediminibacterium
Sphingobacterium
Tenacibaculum
c
GC−content (%)
ns
****
Flavobacteriaceae
Sphingobacteriaceae
Spirosomaceae
Weeksellaceae
bla RATA (Flavobacteriaceae)
bla RATA (Sphingobacteriaceae)
bla RATA (Spirosomaceae)
bla RATA (Weeksellaceae)
bla RATA (all)
Family levles
d
GC−content (%)
****
**
Aquimarina
Elizabethkingia
Riemerella
Runella
Sphingobacterium
bla RATA (Aquimarina)
bla RATA (Elizabethkingia)
bla RATA (Runella)
bla RATA (Riemerella)
bla RATA (Sphingobacterium)
bla RATA (all)
Genus levles

blaRATA的潜在起源分析 四川农大供图

研究表明RATA是一种新的染色体编码的A类碳青霉烯酶，而海洋环境中的黄杆菌科可能是blaRATA基因的主要储库。研究还发现RATA-2变体能够在鸭疫里默氏菌的不同菌株间通过自然转化进行水平转移。

该研究得到了国家自然科学基金、中国农业研究系统药物创新团队和国家现代农业产业技术体系的支持。

相关论文信息：https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2024.172873

作者：张晴丹 来源：中国科学报

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转发