
宏基因组分析揭示病毒对抗性基因的抑制作用

作者：writer 来源：科学网

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/41301.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！

宏基因组分析揭示病毒对抗性基因的抑制作用。研究团队应用宏基因组/宏病毒组技术揭示了高耐药性海水养殖系统中病毒与抗性基因共存演化机制。尽管病毒（噬菌体）可携带抗性基因，且病毒同主导抗性基因传播的MGEs关联性很弱，噬菌体介导的抗性基因传递作用微弱，海水养殖系统中病毒与抗生素抗性基因是此起彼伏的调控规律。相关研究成果为应用噬菌体靶向治理耐药病原菌提供了新的理论依据。

图1.使用PLS-SEM对RAS水中ARG的影响因素进行路径分析

病毒作为最古老的微生物之一，广泛存在于空气、水、土壤、沉积物、植物、动物乃至人类肠道等多种环境中。关于水产养殖系统等受人类活动影响较显著的生态系统中赋存的病毒对抗性基因

影响的研究仍较为有限。本研究旨在为病毒与抗性基因之间的关系提供新的见解。本研究采用宏基因组分析技术系统考察了某典型循环水养殖系统（RAS）中的病毒、抗生素抗性基因（ARGs）及金属抗性基因（MRGs）分布特征。探讨了病毒与ARGs/MRGs之间的关联性，并证实病毒对抗性基因具有抑制作用。本研究旨在阐明病毒对抗性基因的影响，并为水环境新污染物提供新见解。

图2.病毒携带的ARG的丰度百分比柱图（a）和Circos图（b）

宏基因组学分析结果表明，该循环水养殖系统中病毒对包括ARGs和MRGs在内的抗性基因具有抑制作用。在RAS水体中，病毒占微生物群落总量的20.4% – 28.0%，而在RAS粪便残饵中病毒仅占0.1%。在所有RAS样本中，尾状病毒目（Caudovirales）是可注释的主要病毒目，而肌病毒科（Myoviridae）则是水样中可注释的主要病毒科。在属水平上，粪便残饵样本的病毒多样性高于水样，且具有更多独特的病毒属。在水样中，尾状病毒目与氨基糖苷类和利福霉素类抗性基因呈负相关，而在粪便残饵样本中，尾状病毒目和疱疹病毒目与11种ARGs呈负相关。在水样中，疱疹病毒目与汞、镉、铁、铬、镍、钴、硒和锌抗性基因呈负相关，而在粪便残饵样本中，尾状病毒目和疱疹病毒目与所有类型MRGs呈正相关。根据PLS-SEM分析，病毒可能对ARGs、MRGs和可移动元件（MGEs）具有抑制作用。这些发现为病毒的分布及其对ARGs和MRGs的潜在影响提供了新的见解。

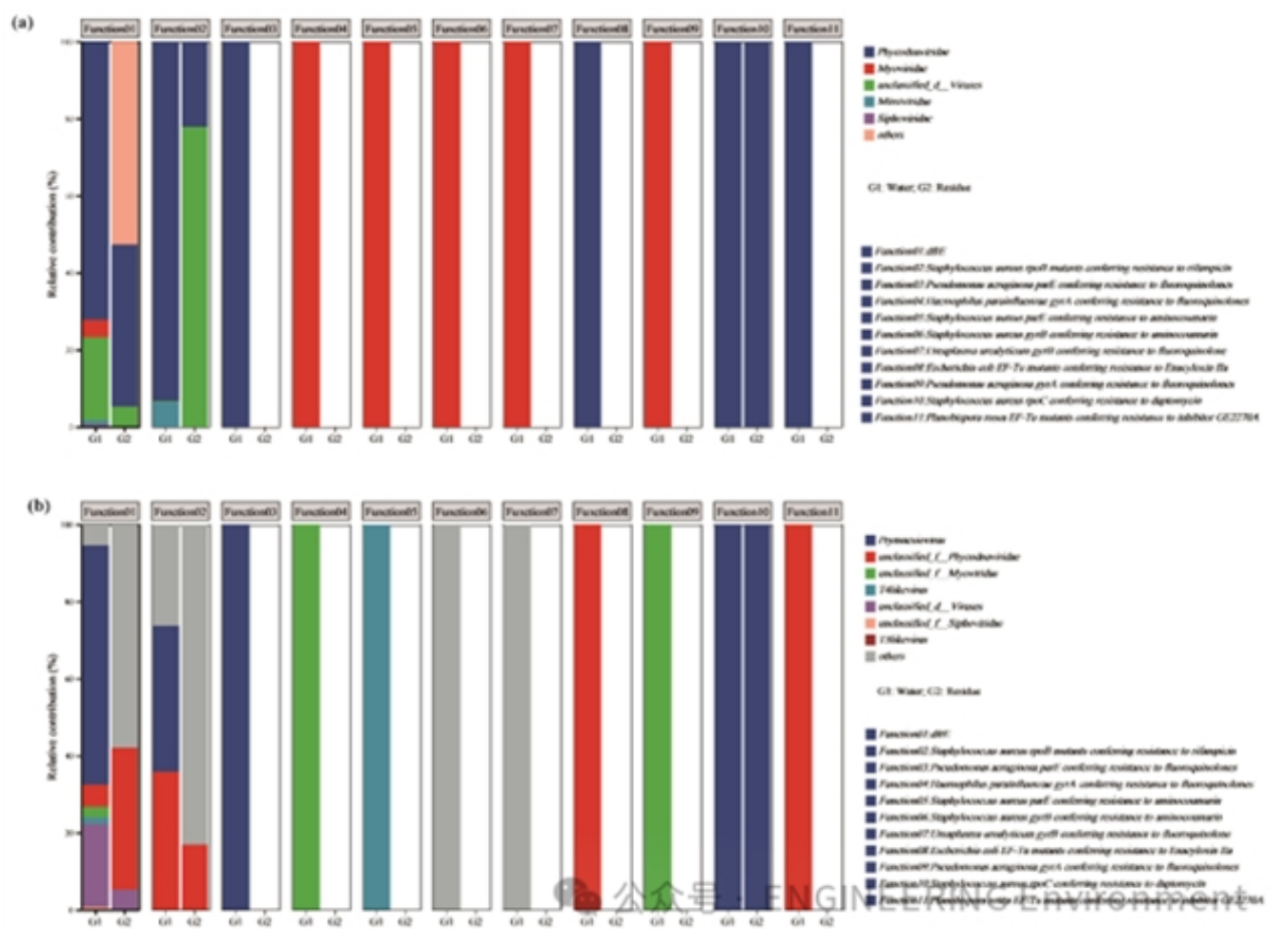


图3.病毒对家族（a）和属（b）级别的病毒携带的ARG的贡献

（来源：EngineeringJournals微信公众号）

相关论文信息：<https://journal.hep.com.cn/fese/EN/10.1007/s11783-026-2188-7>

特别声明：本文转载仅仅是出于传播信息的需要，并不意味着代表本网站观点或证实其内容的真实性；如其他媒体、网站或个人从本网站转载使用，须保留本网站注明的“来源”，并自负版权等法律责任；作者如果不希望被转载或者联系转载稿费事宜，请与我们联系。

作者：Brian J. Boman 来源：《工程·环境》

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