追踪污水中耐药基因传播有新方法

作者：writer 来源：科学网

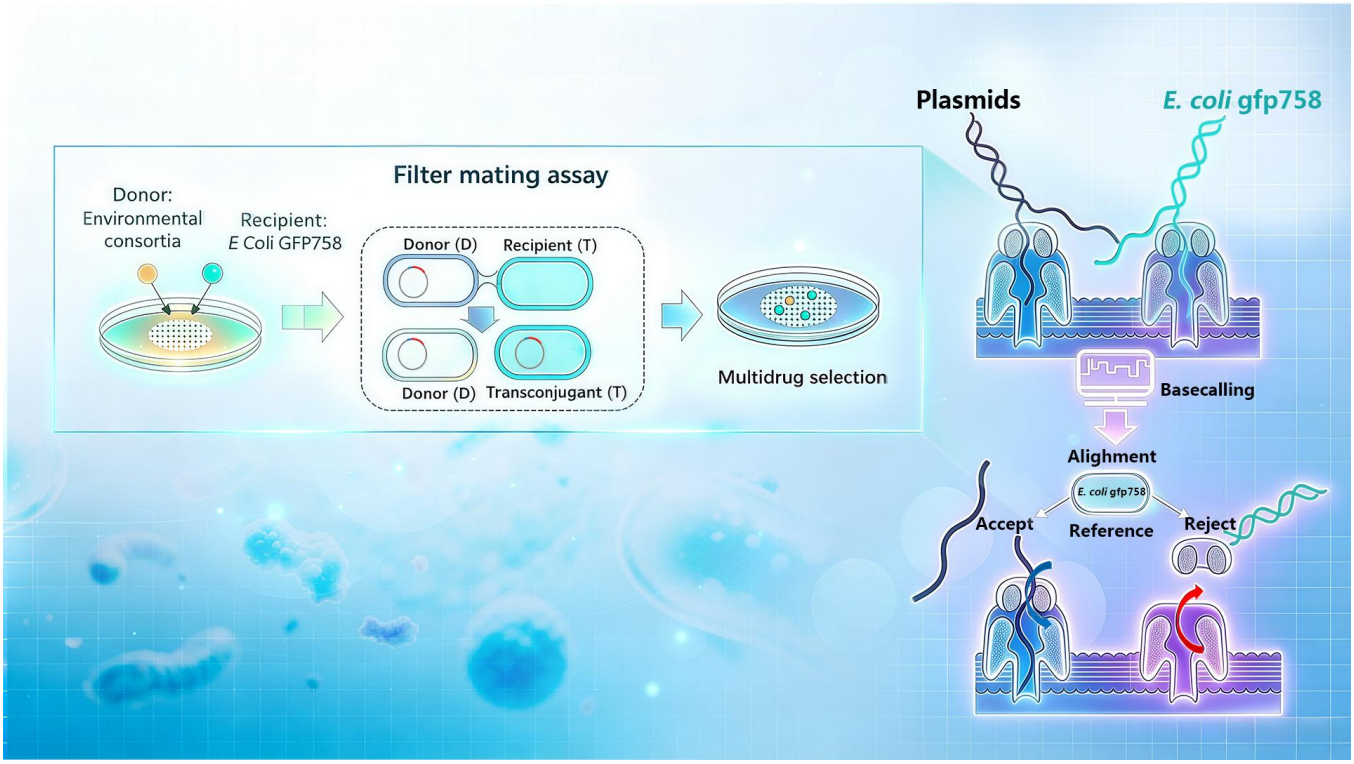
本文原地址：https://www.iikx.com/news/progress/42224.html

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！

追踪污水中耐药基因传播有新方法。近日，南方科技大学副教授夏雨团队与合作者在《自然—水》上发表最新研究成果。研究团队将滤膜接合法与纳米孔选择性测序技术相结合，无需单独提取质粒DNA，即可在总DNA中直接富集污水处理系统中的可接合耐药质粒，显著拓展了可捕获耐药接合质粒的识别范围，为追踪耐药基因的潜在传播提供了新方法。

污水处理厂汇集了来源多样的微生物，是耐药基因交换的热点场所。接合质粒能够携带耐药基因在细菌间转移，解析其组成与分布，是理解污水处理过程中耐药基因传播的重要基础。然而，常规质粒提取易因提取偏差和试剂盒偏好产生偏倚，低丰度质粒又常被海量染色体序列淹没，使得部分具有转移潜力的质粒难以被充分捕获识别。

为此，研究团队将滤膜接合的定向捕获能力与纳米孔选择性测序的实时读段筛选能力结合，建立滤膜接合与纳米孔选择性测序联用流程（FM-NSS）。他们以荧光标记的大肠杆菌作为受体，通过滤膜接合法捕获污水菌群中真实发生转移的接合质粒，再利用纳米孔选择性测序实时弹出受体细胞基因组读段，从而在总DNA中直接富集目标质粒，省去了单独提取质粒DNA的步骤。研究人员将该流程应用于深圳一座市政污水处理厂的进水、厌氧污泥、缺氧污泥和活性污泥样本，并结合质粒分型与抗性基因注释开展分析。



研究示意图。南方科技大学供图

研究获得约110万条质粒测序读段，组装得到622条非冗余质粒序列，平均长度为24.21 kb，最长达到202.80千碱基对（kb）；其中441条序列未被同一接合子池的常规质粒提取测序流程检出，在覆盖原有可检出序列的基础上进一步扩展了回收范围。

研究人员进一步分析发现，不同处理阶段的可捕获质粒在组成和功能上呈现差异。不仅识别出440条在四类样本中均检出的核心质粒序列，以及32条仅在活性污泥中检出的序列，活性污泥中的独特质粒谱与较高的预测微生物生长潜力相伴出现，还从质粒群体层面解析了移动性分型、不相容群与抗性基因的关联：375个质粒可依据复制子序列归入具体不相容群，关联网络显示MOBQ与多类抗性基因具有较广泛联系，IncP型质粒与OXA-58、TEM-176等β-内酰胺类抗性基因存在较强关联。

该研究把实验可捕获性与选择性测序衔接起来，在减少染色体背景对测序资源占用、省去单独提取质粒DNA环节的同时，识别出更多常规流程容易遗漏的质粒序列，为追踪污水处理系统中的可移动耐药遗传元件提供了更丰富的序列基础。需要说明的是，FM-NSS所获得的是经过筛选的可捕获质粒组分，其范围受滤膜接合条件、受体兼容性及筛选条件共同影响，不等同于污水环境中的全部质粒。（来源：中国科学报刁雯蕙）

相关论文信息：https://doi.org/10.1038/s44221-026-00695-w

作者：夏雨等 来源：《自然—水》

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