遗传发育所农业资源中心在环境病原菌风险预警方面取得进展

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：https://www.iikx.com/news/progress/5688.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！

遗传发育所农业资源中心在环境病原菌风险预警方面取得进展。人类细菌病原菌在环境中广泛存在。一些时常接触特殊生境的人群，如玩耍土壤和污水的儿童、到处旅游的驴友等，会面临环境病原菌暴露的风险。如何快速、高通量地对特定环境的病原菌进行筛查预警以及全球主要生境的病原菌相对丰度状况是亟待探讨的问题。

针对生病个体的某一病征检测其微生物病原是近代医学微生物学的主要进展之一，但是迄今为止，人们还不了解在群落层次上不同生境微生物病原菌的丰度和多样性。群落层次的高通量病原菌识别可以通过基于下一代测序技术的宏基因组学实现。现有基于宏基因组的实现方法有多种，但存在无法实现高通量或者特异性差等问题。

中国科学院遗传与发育生物学研究所农业资源研究中心研究员李小方在前人基础上建立了一个以细菌致病菌毒素为核心的致病因子数据库，使用该数据库与传统本地BLAST方法结合，建立了基于宏基因组的细菌致病菌高通量扫描方法。毒素是细菌致病菌的必需组成部分。该研究通过已知和未知致病菌致病因子和基因组测试了此本地BLAST流程的特异性，评估了该方法假阳性概率。方法建立过程中，对毒素在各微生物分类层次的特异性进行了评估。在此基础上，该研究扫描了来自公共数据库的69个宏基因组，这69个宏基因组代表了全球尺度上各种粪便、土壤、淡水、海水、污水、沙漠和矿区土壤等多种环境。

分析结果表明，严重污染的淡水水体和粪便的致病因子含量最高，而受胁迫的干旱土壤/尾矿致病因子含量最低。常见的土壤和淡水致病因子丰度范围较广，但总的来讲处于统一水平。胁迫环境下致病菌是否受到抑制尚有待进一步机理研究。生境物种多样性与致病因子关联分析表明，数据库收录的毒素因子主要与Proteobacteria, Nitrospirae and Firmicutes等少数几个菌门关联。其中，来自Nitrospirae 的致病菌还很少，尤其是包含MvpA 和PLC致病因子的Nitrospirae致病菌也许尚有待发现。另外，统计发现最常见的致病因子是类气单胞菌属孔毒素RTX和类假单胞菌ArgK毒素。前者是气单胞菌属、假单胞菌属、弧菌属和军团杆菌等致病菌的要素，这些菌不少有致命性。后者是假单胞菌属、埃希氏杆菌属和分支杆菌属致病性的必要组成因子。

此项研究得到中科院率先行动“百人计划”和河北省杰出青年基金的资助。该论文近日以Metagenomic screening of microbiomes identifies pathogen-enriched environments 为题在Environmental Sciences Europe 在线发表。

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