

# 功能宏基因组学揭示极地土壤中 新的抗生素抗性组

谢秀琴<sup>1, #</sup>, 程伟彬<sup>2, 3, #</sup>, 李昭宏<sup>1</sup>, 何荣<sup>1</sup>, 原珂<sup>1, 4</sup>, 张庆华<sup>5</sup>,  
杨瑞强<sup>5</sup>, 明荔莉<sup>6</sup>, 余珂<sup>7</sup>, 栾天罡<sup>4, 8</sup>, 陈保卫<sup>1, 4, \*</sup>

<sup>1</sup>中山大学海洋科学学院, 广东省海洋资源与海岸工程重点实验室

<sup>2</sup>暨南大学附属广东省第二总医院医疗保健人工智能应用研究所

<sup>3</sup>卫生科学学院, 澳门城市大学, 中国澳门特别行政区

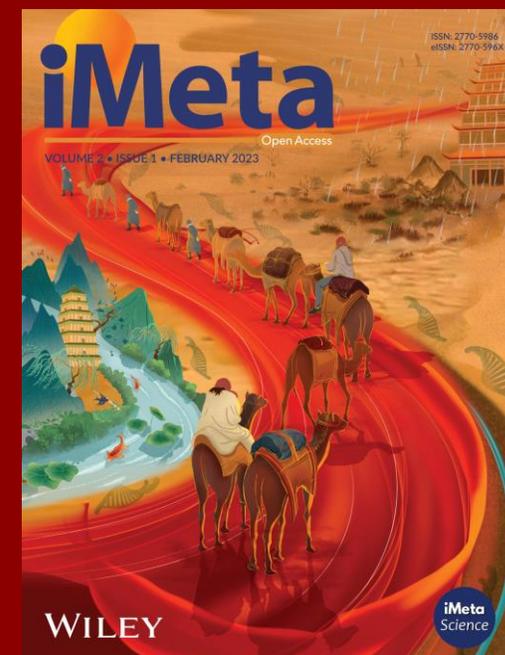
<sup>4</sup>广东省化学与精细化工实验室揭阳中心

<sup>5</sup>中国科学院生态环境科学研究中心, 环境化学与生态毒理学国家重点实验室

<sup>6</sup>珠海拱北海关技术中心

<sup>7</sup>北京大学深圳研究生院环境与能源学院生态环境与资源效率研究实验室

<sup>8</sup>中山大学生命科学学院生物防治国家重点实验室



Xiuqin Xie, Weibin Cheng, Zhaohong Li, Rong He, Ke Yuan, Qinghua Zhang, Ruiqiang Yang, et al. 2025. Functional Metagenomics Reveals Novel Antibiotic Resistomes in Polar Soils. *iMeta* 4: e70069. <https://doi.org/10.1002/imt2.70069>

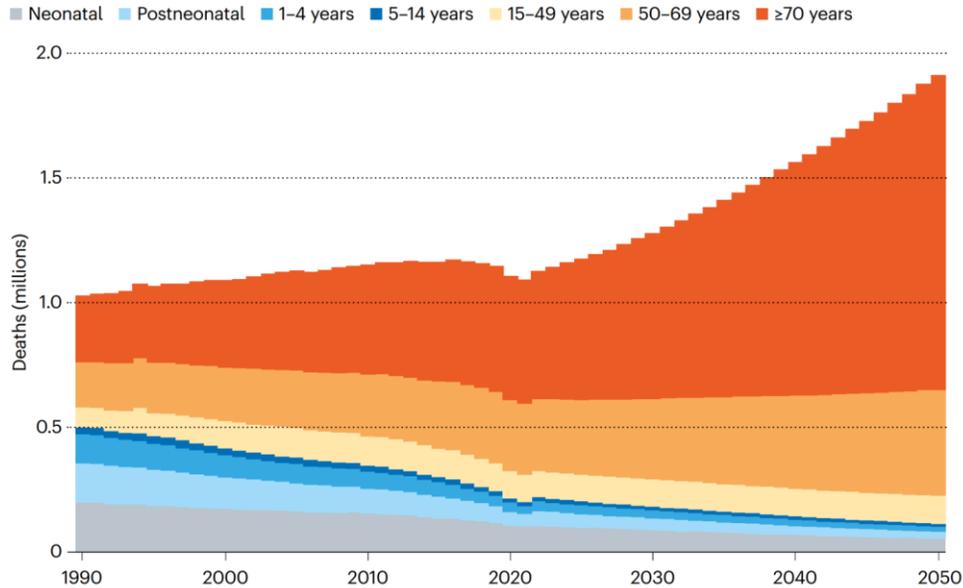


# 研究背景

## 抗生素耐药性的危害

### RESISTANCE CRISIS

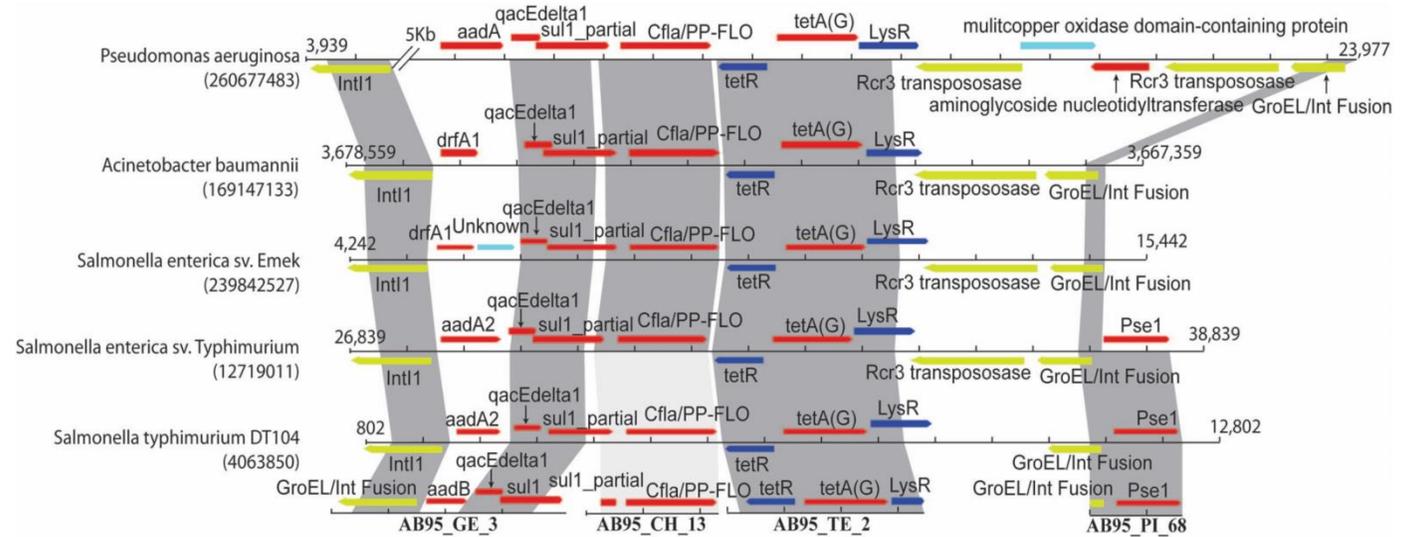
By 2050, antimicrobial resistance could be responsible for 1.91 million deaths per year. Mortality is projected to rise by around 70% among people aged 70 and older, but will continue to fall in young children and babies.



**报告预测，2050年抗菌素耐药性每年将直接导致 191 万人死亡。**

(Naddaf M. *Nature*. 2024.)

## 自然环境是耐药菌和抗生素抗性基因 (ARGs) 的储存库



**土壤微生物被认为是与临床病原体交换的耐药基因的储存库之一。**

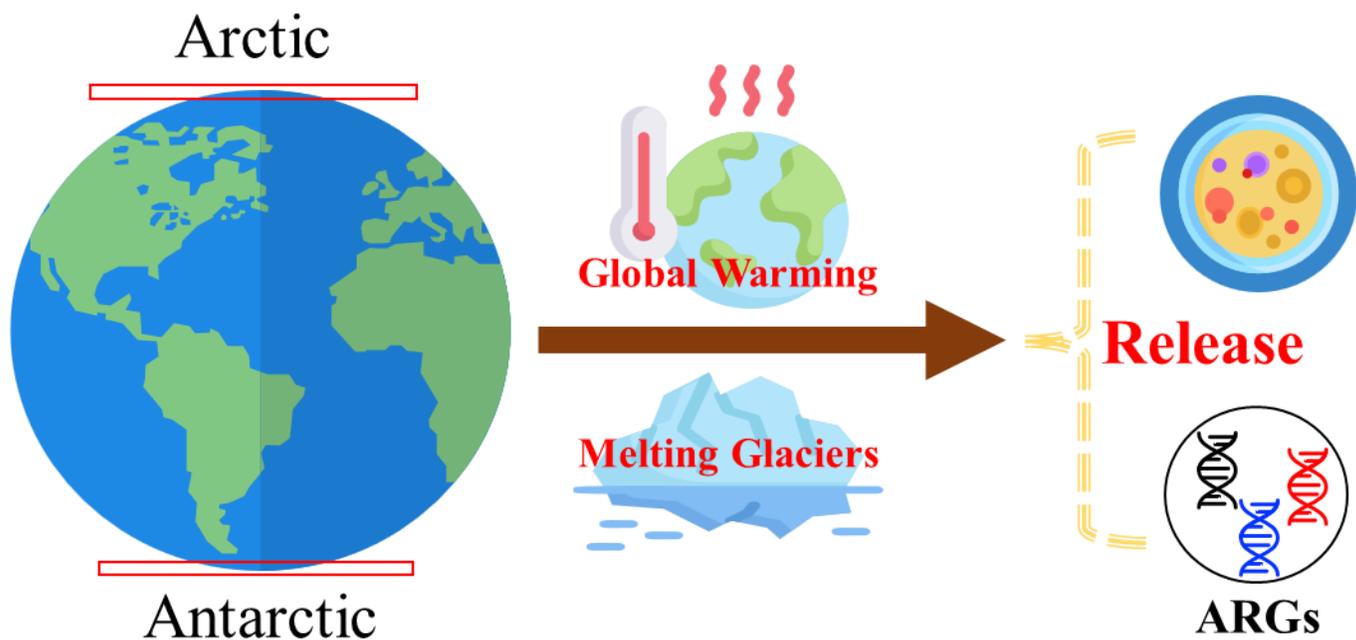
(Forsberg., et al. *Science*. 2012.)

**许多携带ARGs的人类致病菌也在自然环境中被发现，例如 *Serratia liquefaciens*、*Yersinia enterocolitica* 等。**

(Mogrovejo-Arias, D.C., et al. *Environmental Earth Sciences*, 2020. Dancer, S.J., et al. *Journal of Applied Microbiology*, 1997.)



# 研究背景

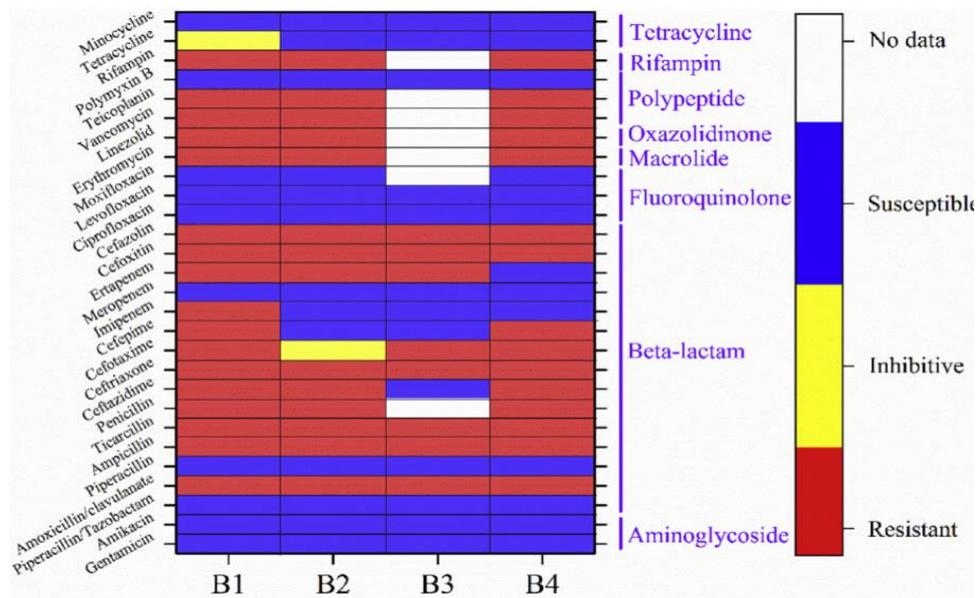


- 据预测，由于全球变暖，每年约有  $4.0 \times 10^{21}$  个微生物细胞从冰冻中释放出来。  
(Edwards, A., *Frontiers in Earth Science*, 2015.)
- 2016年俄罗斯亚马尔爆发炭疽病，其爆发源头炭疽芽孢杆菌与西伯利亚永久冻土中死亡动物组织中分离出的菌株相同。  
(Timofeev, V., et al., *Plos One*, 2019.)
- 东西伯利亚永久冻土中分离的菌株携带对多种化合物（如氯霉素、庆大霉素、四环素和汞化合物等）具有耐药性的功能基因。  
(Mindlin SZ., et al., *Russian Journal of Genetics*, 2008.)



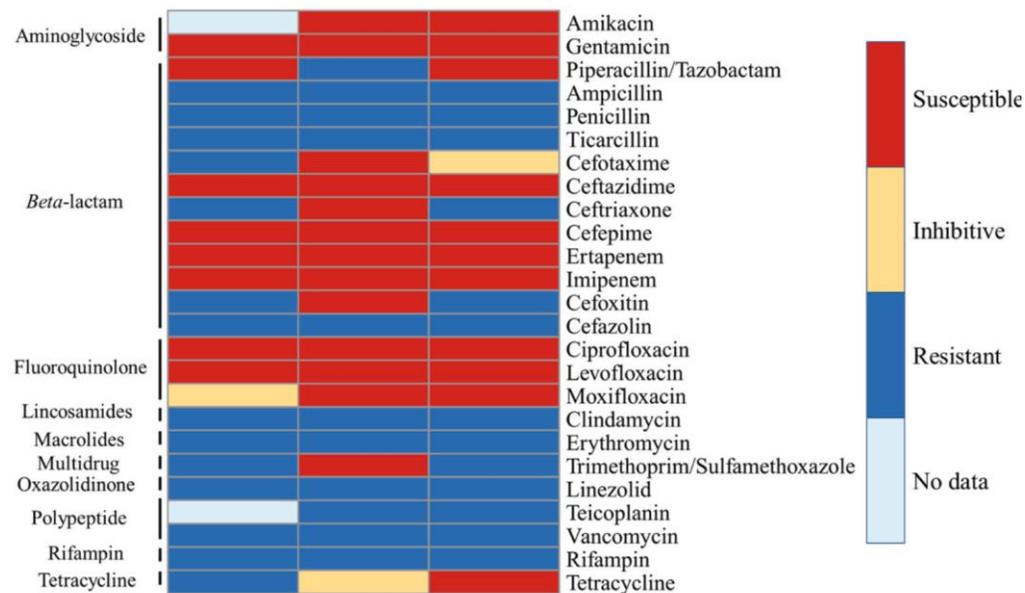
# 前期研究发现及提示

## 南极土壤中可培养细菌的抗生素抗性表型



Yuan, K., et al., *Ecotoxicology and Environmental Safety*, 2019.

## 北极土壤中可培养细菌的抗生素抗性表型



Xie, X., et al., *Journal of Hazardous Materials*, 2024.

**抗生素耐药表型和基因型不一致**

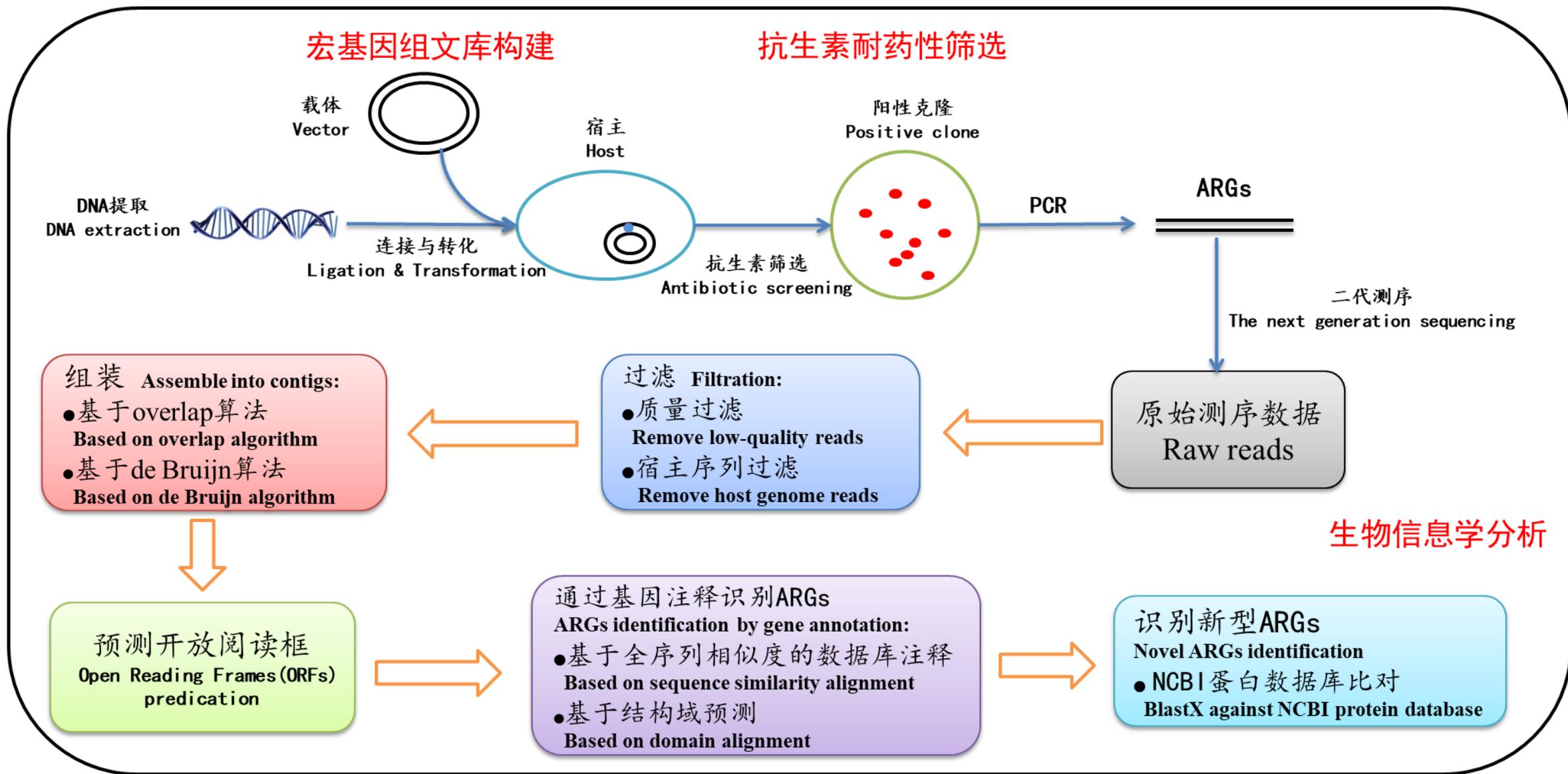


**极地环境中可能存在未被表征的抗生素新型抗性基因**

科学  
假设

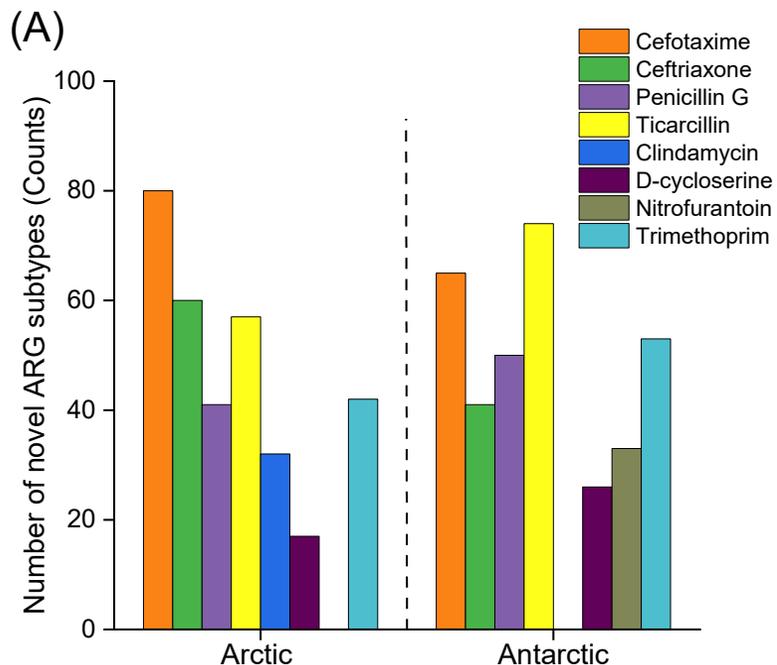


# 研究方法——功能宏基因组方法

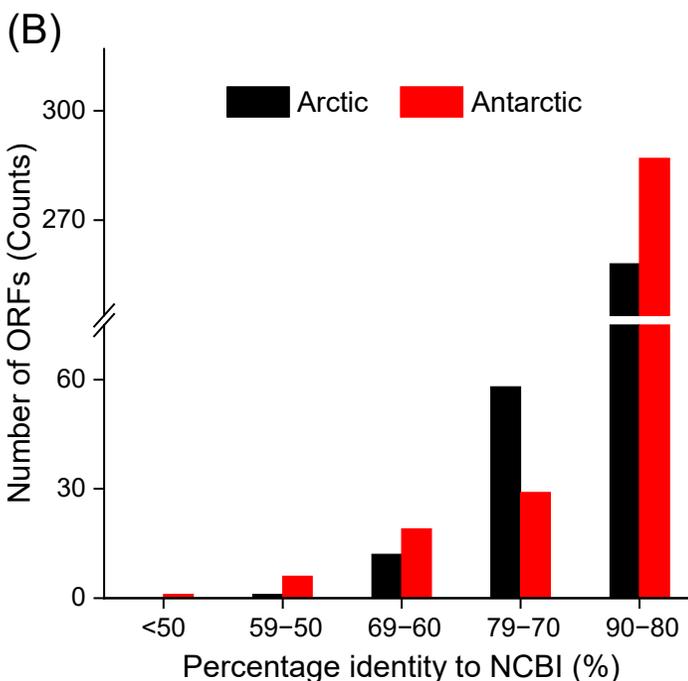




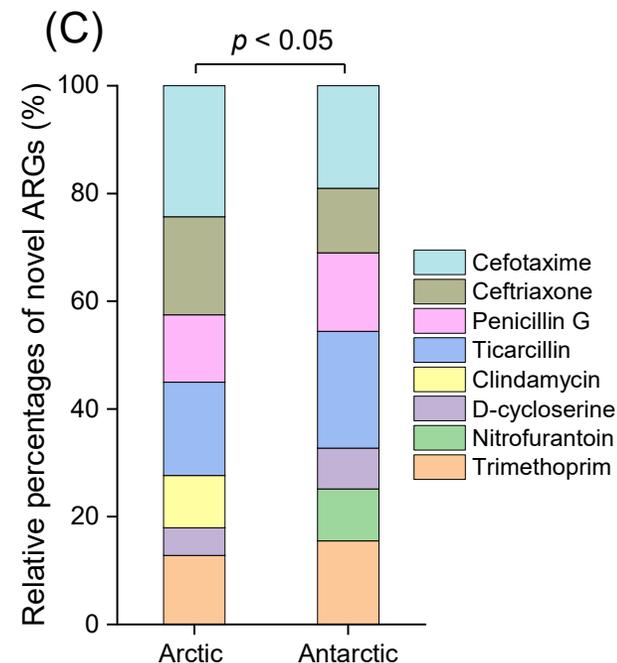
# 研究结果——极地土壤中新型ARGs的鉴定与多样性



不同抗生素相关的新型ARGs数量



新型ARGs与NCBI蛋白库中基因的相似度

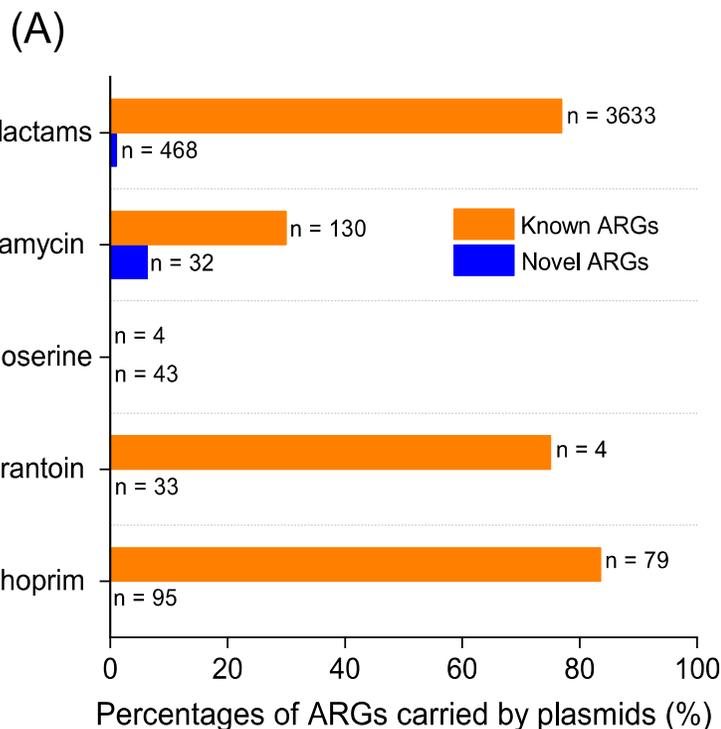


南北极新型ARGs的相对组成

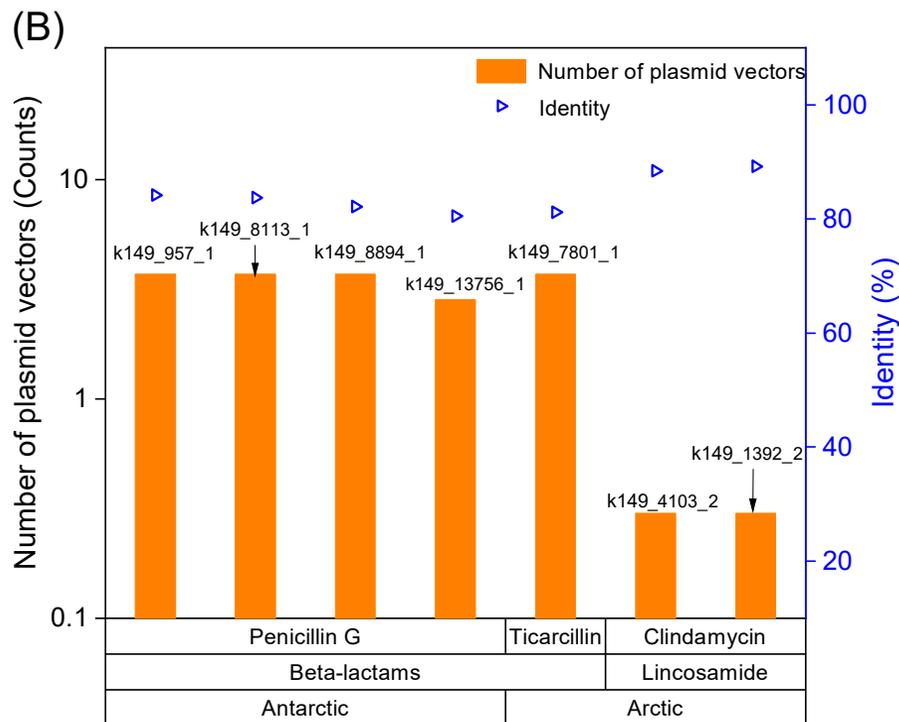
- 在南北极土壤中分别发现342和329条新型ARGs；
- 其中，约70.0%的新型ARGs对β-内酰胺类具有抗性，其次是叶酸合成抑制剂（~14.2%）、D-环丝氨酸（~6.4%）、硝基呋喃（~4.9%）和克林霉素（~4.8%）；
- 约20.0%的极地新型ARGs与其最接近的NCBI同源物的相似性<80.0%；
- 根据抗性表型，在北极与南极之间新型ARGs的组成存在显著差异（ $p < 0.05$ ）。



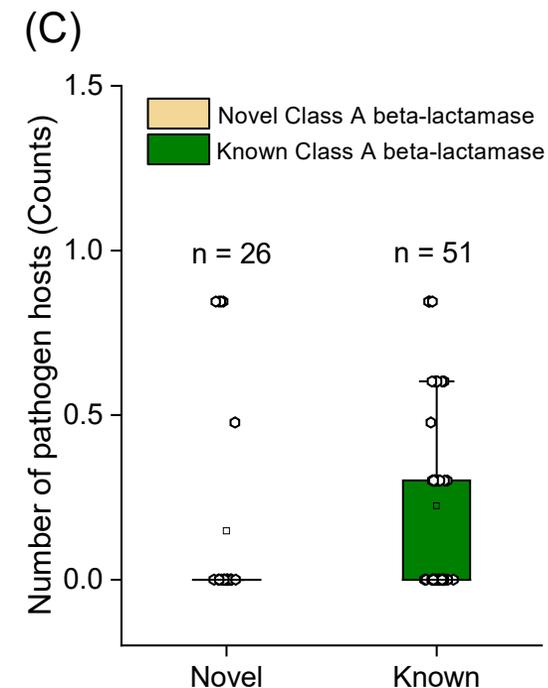
# 研究结果——极地土壤中新型ARGs的水平移动性



质粒携带的新型和已知ARGs 占总ARGs的百分比



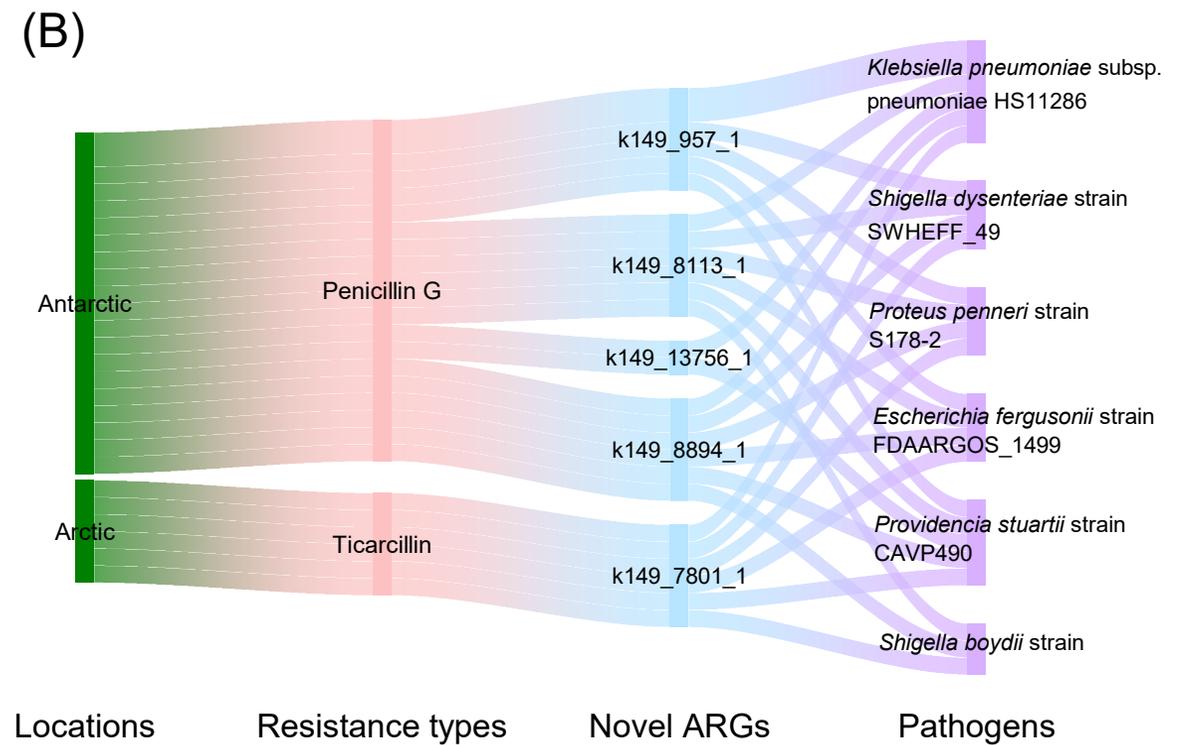
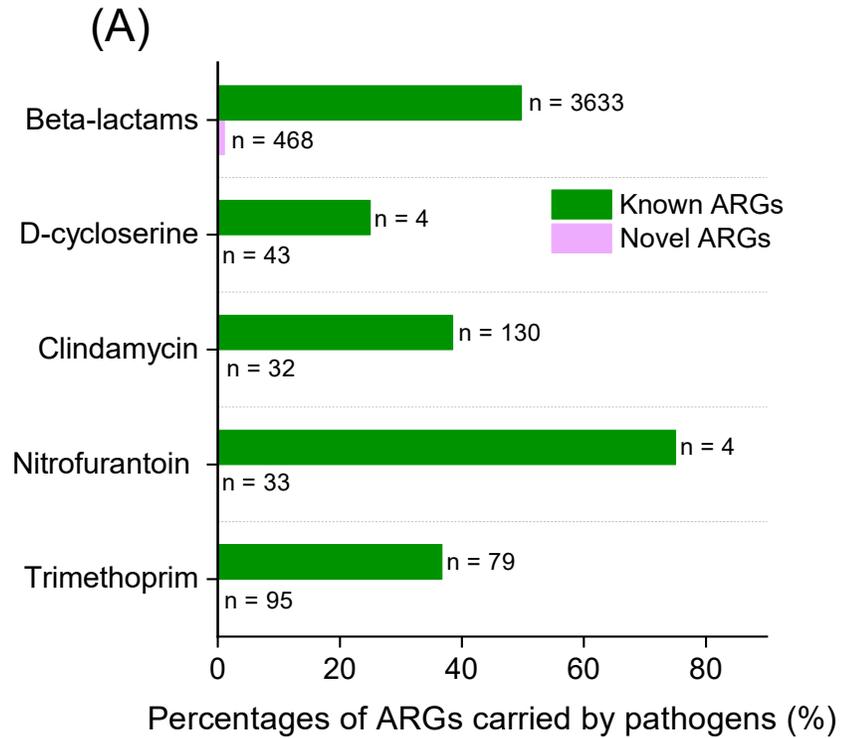
携带新型ARGs的质粒载体数、抗生素种类和与已知ARGs的相似度



与Class A  $\beta$ -内酰胺相关的新型和已知ARGs的质粒载体

- 超过75.0%的已知 $\beta$ -内酰胺、呋喃妥因和甲氧苄啶的抗性基因可在质粒上发现。
- 质粒携带的极地新型ARGs仅占新型ARGs总数的约1.0%，其中北极3条和南极4条；
- 编码Class A  $\beta$ -内酰胺酶的已知ARGs在质粒上的出现频率显著高于极地新型ARGs ( $p < 0.05$ )。

# 研究结果——极地新型ARGs在人类致病菌基因组中的检出情况

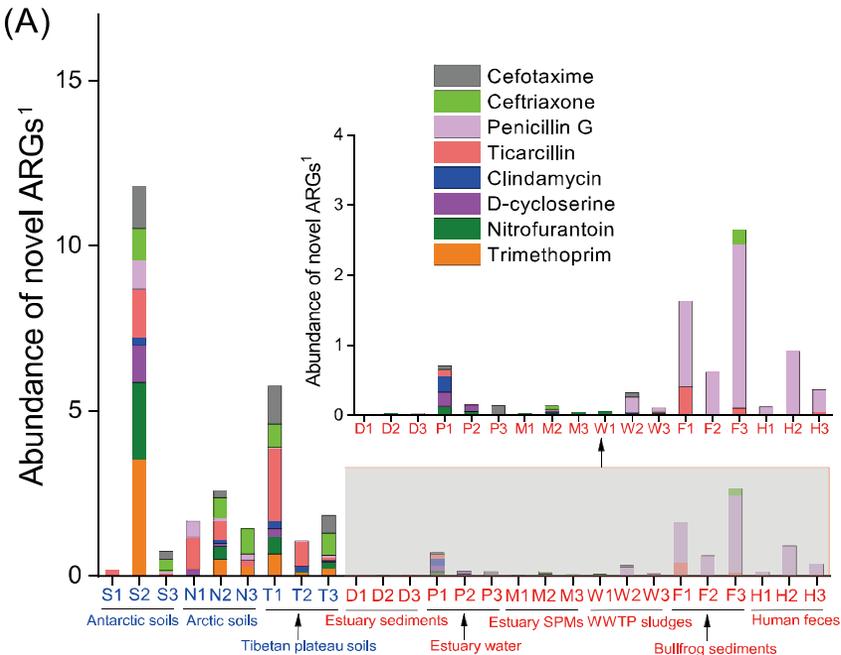


致病菌携带的ARGs占总ARGs的相对百分比

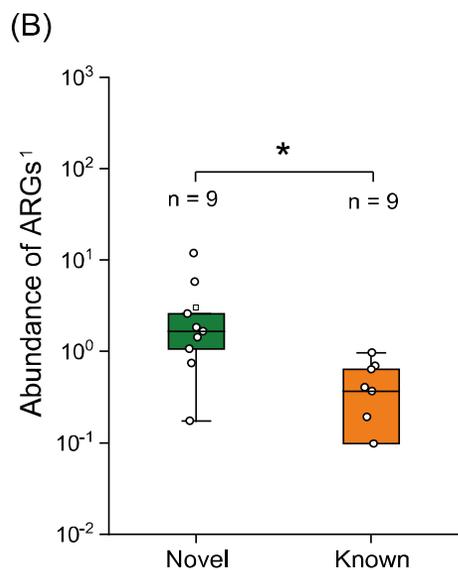
预测新型极地ARGs的致病菌宿主

- 人类致病菌宿主携带的已知ARGs约占已知ARGs总数的25.0%。
- 5条极地新型ARGs在人类致病菌基因组中发现，仅占新型极地ARGs总数的0.75%。
- 人类致病菌携带的极地新型ARGs同时也可在质粒上检出。

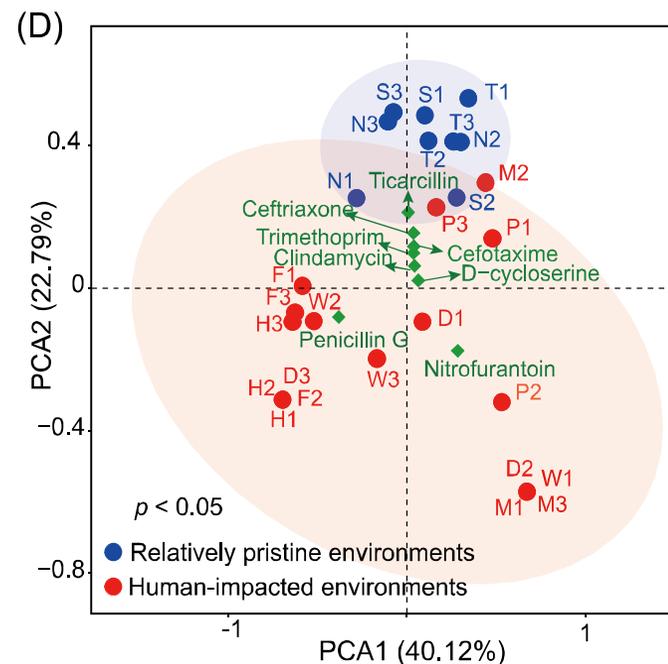
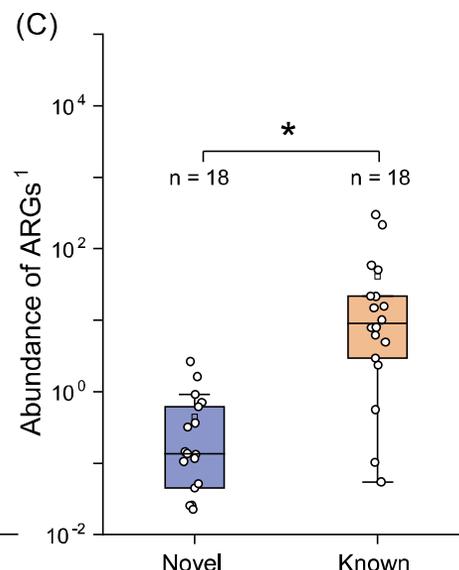
# 研究结果——极地新型ARGs在各种环境中的分布



不同环境中极地新型ARGs的丰度



相对自然(B)和人类影响(C)环境中新型ARGs与已知ARGs总丰度的比较



根据极性新型ARGs对样品进行PCA聚类分析

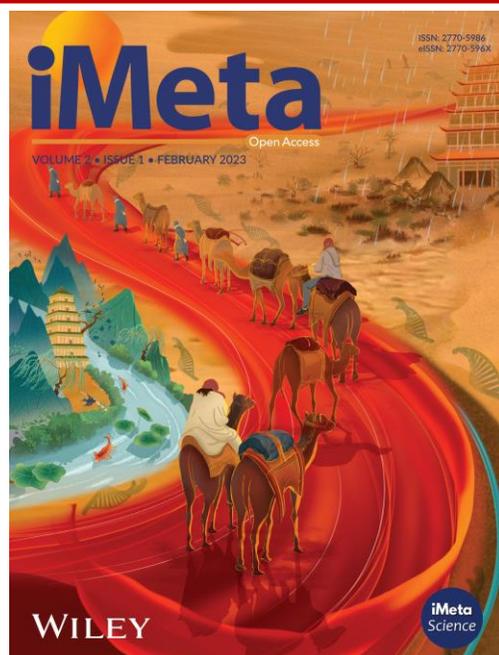
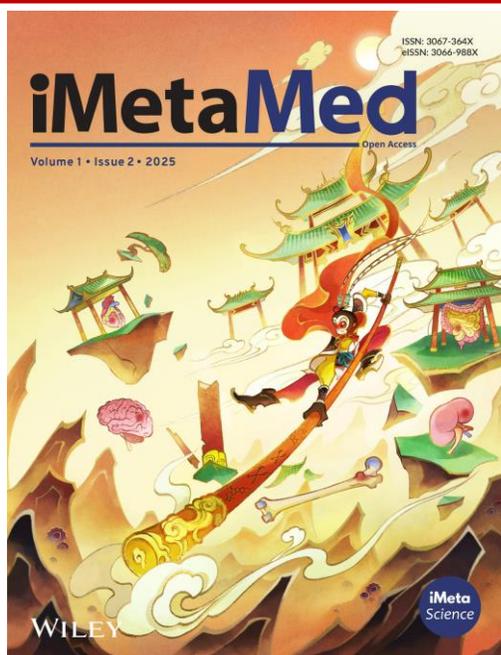
- 在9类不同环境中检出138种极地新型ARGs，以β-内酰胺类和甲氧苄啶相关的ARGs为主。
- 青藏高原的土壤中发现了60种极地新型ARGs，而在7个受人类影响环境中仅检测到29种。
- 自然环境中极地新型ARGs的丰度显著高于已知的ARGs ( $p < 0.05$ )，而人类影响环境中则相反。
- 自然环境与人类影响环境样品中新型ARGs的组成特征差异显著 ( $p < 0.05$ )。



# 总结

- 使用功能宏基因组学方法，在极地土壤中发现了具有对临床抗生素抗性的新型抗性基因，证明了极地环境是重要的新型ARGs储库。
- 与已知同类ARGs相比，极地新型ARGs具有移动性差和宿主致病风险低的特点。
- 极地新型ARGs可以作为合适的标记物，有效区分受不同程度人类影响环境的抗生素抗性组。

Xiuqin Xie, Weibin Cheng, Zhaohong Li, Rong He, Ke Yuan, Qinghua Zhang, Ruiqiang Yang, et al. 2025. Functional Metagenomics Reveals Novel Antibiotic Resistomes in Polar Soils. *iMeta* 4: e70069. <https://doi.org/10.1002/imt2.70069>



**iMeta(宏)**期刊是由宏科学、千名华人科学家和威立共同出版，对标**Cell**的生物/医学类综合期刊，主编刘双江和傅静远教授，欢迎高影响力的研究、方法和综述投稿，重点关注生物技术、大数据和组学等前沿交叉学科。已被**SCIE**、**PubMed**等收录，最新IF 33.2，位列全球SCI期刊第65位(前千分之三)，中国第5位，微生物学研究类全球第一，中科院生物学双1区Top。外审平均21天，投稿至发表中位数87天。子刊**iMetaOmics** (宏组学)、**iMetaMed** (宏医学)定位IF>10和15的生物、医学综合期刊，欢迎投稿!



主页: <http://www.imeta.science>

出版社: <https://wileyonlinelibrary.com/journal/imeta>

iMeta: <https://wiley.atyponrex.com/journal/IMT2>

投稿: iMetaOmics: <https://wiley.atyponrex.com/journal/IMO2>

iMetaMed: <https://wiley.atyponrex.com/journal/IMM3>



[office@imeta.science](mailto:office@imeta.science)

[imetaomics@imeta.science](mailto:imetaomics@imeta.science)



宣传片



[iMeta](#)



更新日期  
2025/7/6