



全球河口病毒携带的抗生素抗性基因的多样性、转移潜力和转录活性

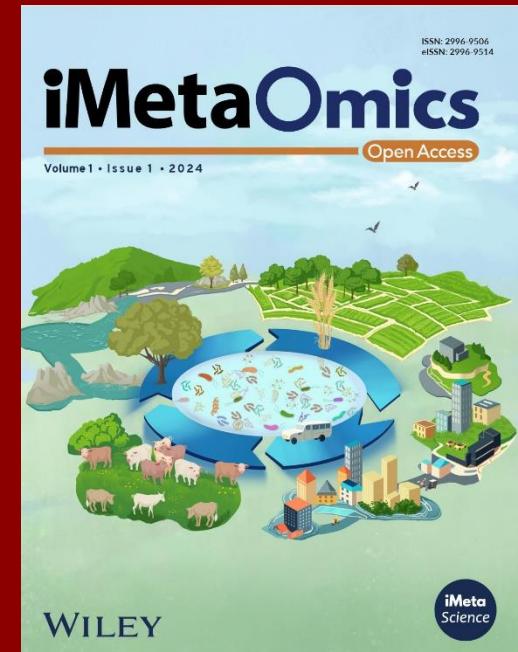
罗晓晴^{1, 2#}, 董西洋^{3 #}, 李佳岭⁴, 姚继成⁵, 彭子淇²,
李琦², 杨子文², 袁洋⁵, 李文均^{2*}, 王攀登^{1*}

¹深圳大学医学部药学院, 生命与海洋科学学院, 高等研究院
²中山大学生命科学学院, 有害生物控制与资源利用国家重点实验室,
广东省植物逆境生物学重点实验室

³自然资源部第三海洋研究所海洋生物遗传资源重点实验室

⁴南方海洋科学与工程广东省实验室(广州)

⁵河海大学海洋学院海洋生物技术与生物资源利用研究所



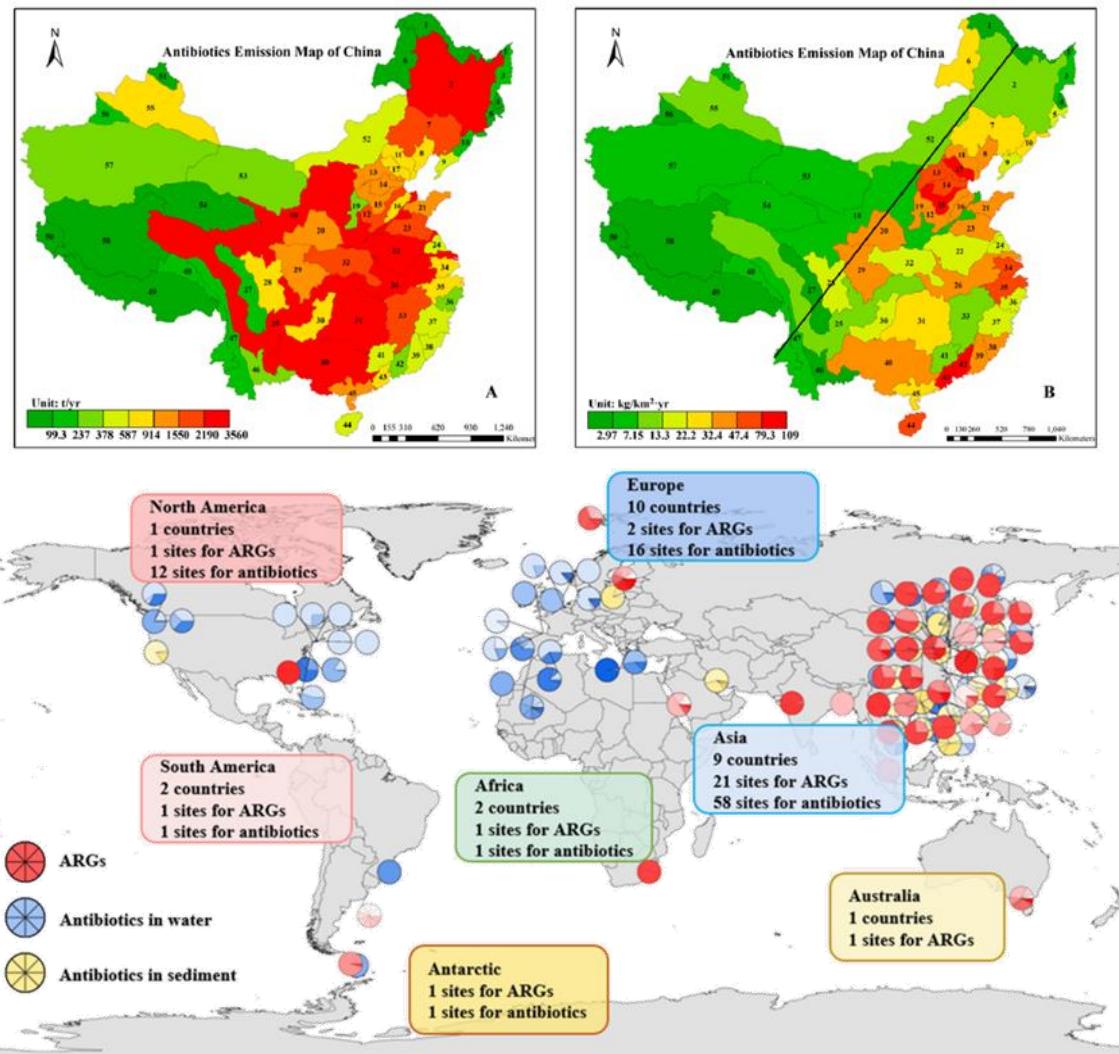
Xiaoqing Luo, Xiyang Dong, Jialing Li, Jicheng Yao, Ziqi Peng, Qi Li, Ziwen Yang, et al. 2025.
Diversity, transfer potential, and transcriptional activity of virus-carried antibiotic resistance genes in global estuaries.

iMetaOmics 2: e70074. <https://doi.org/10.1002/imo2.70074>



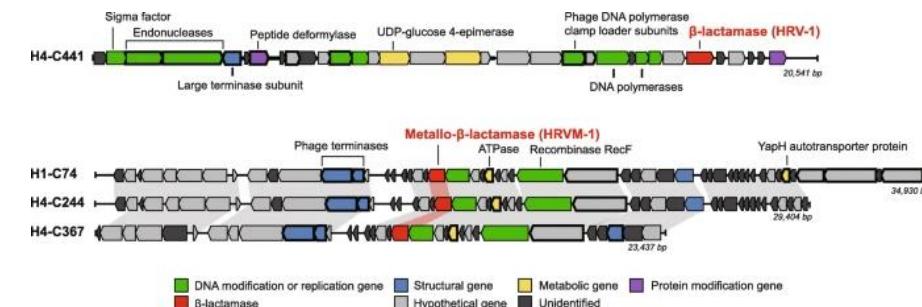
简介

河口生态系统正承受着严重的抗生素污染

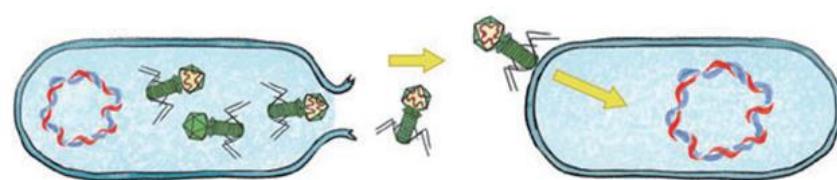


中国河流流域及全球河口的抗生素排放情况

病毒在抗生素抗性传播中的贡献



病毒是抗生素抗性基因 (ARG) 的贮存库

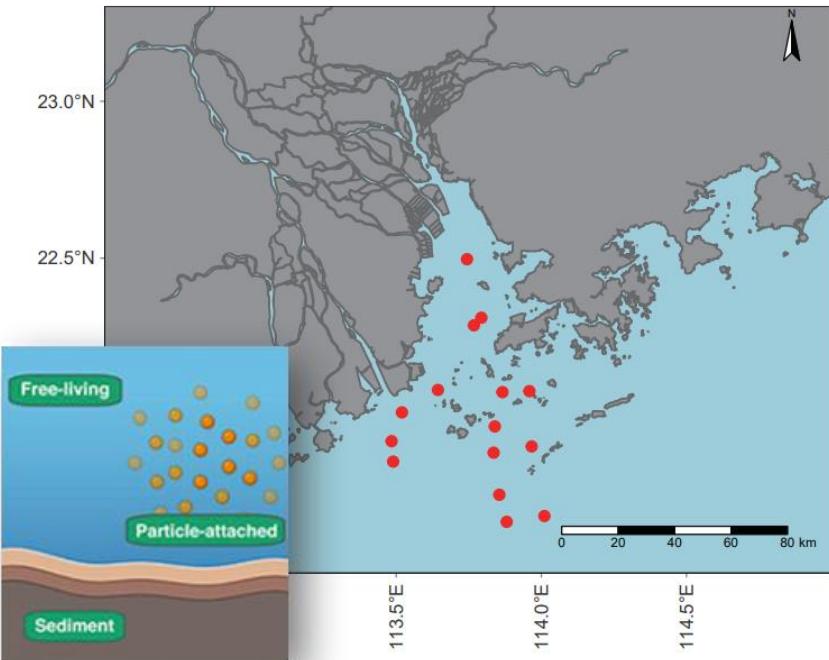


病毒转导可介导ARG水平转移

病毒携带的ARGs的研究对于科学认识
河口生态系统中ARG的传播风险十分重要



全球河口病毒组数据集 (GEV) 的构建

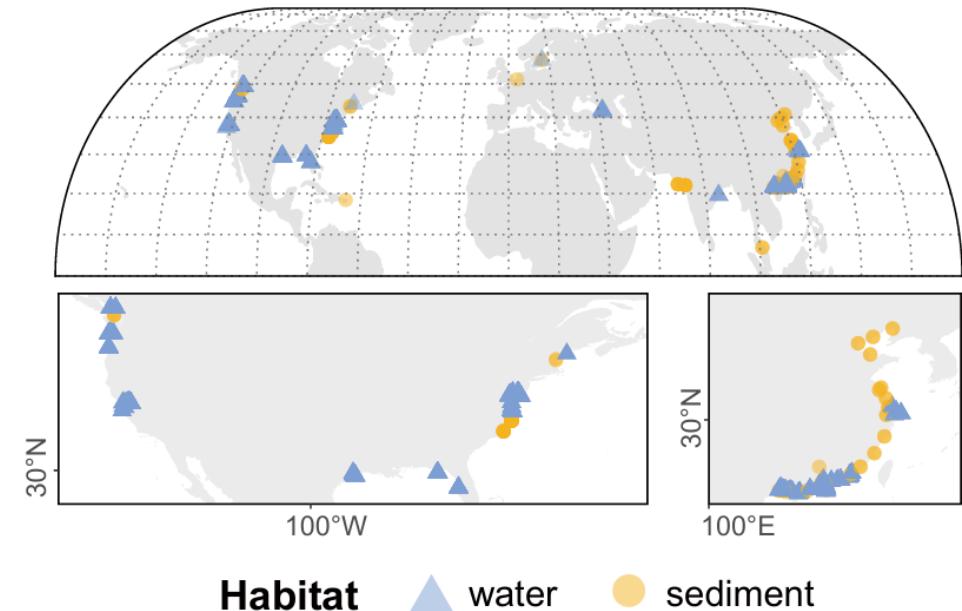


珠江河口

60份样品 (水体: 23; 颗粒物: 23; 沉积物: 14)

宏基因组、宏转录组

环境理化因子的测定



全球主要河口

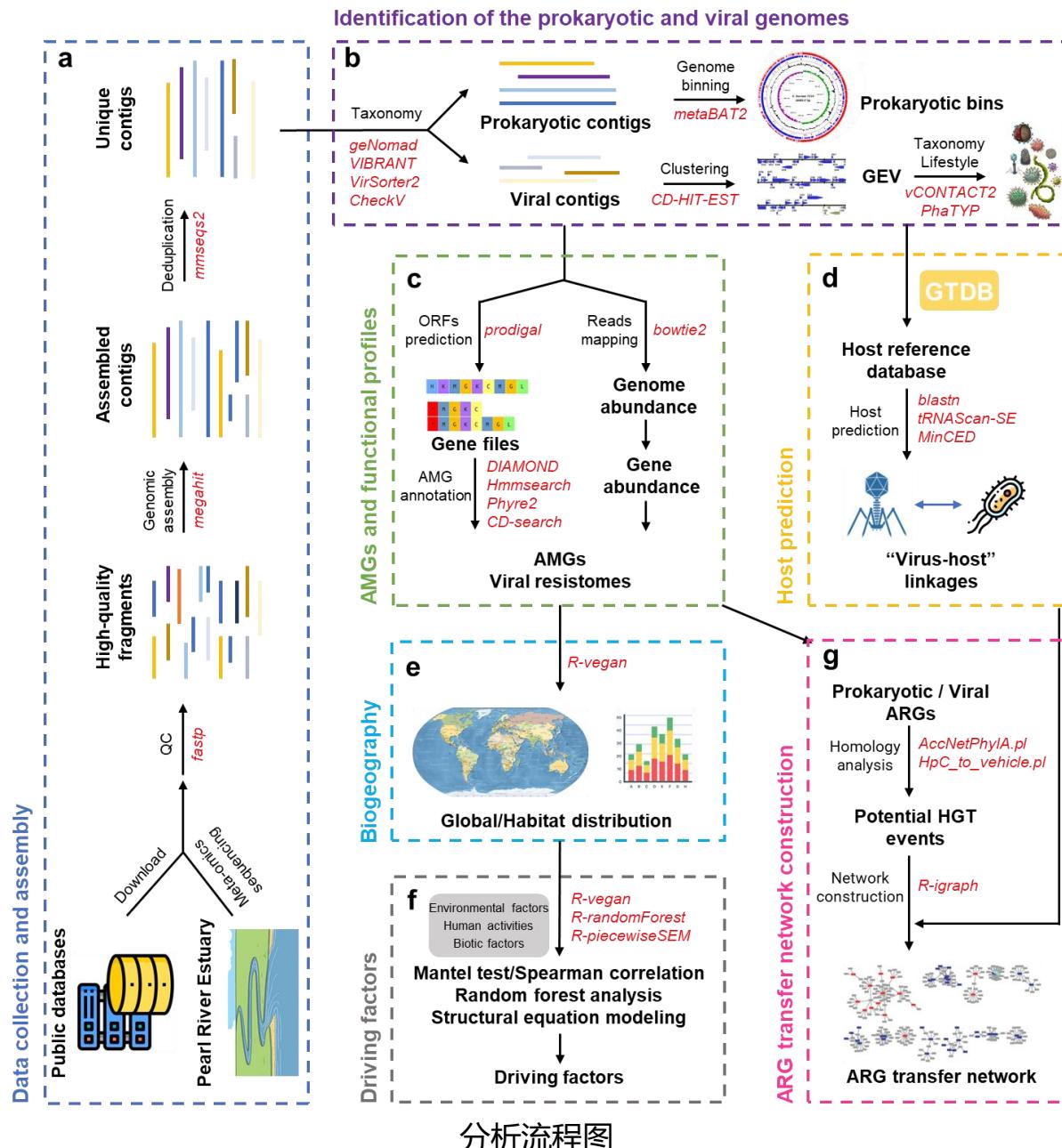
624份样品, 73个河口, 9个国家, 4个大洲

病毒组、宏基因组、宏转录组

环境理化数据的收集



数据分析流程



科学问题

- 病毒携带的ARGs (vARGs) 在多样性、丰度、传播与表达层面如何影响河口抗生素抗性组?
- 这些河口vARG的特征受到什么环境因素影响?



GEV的概况

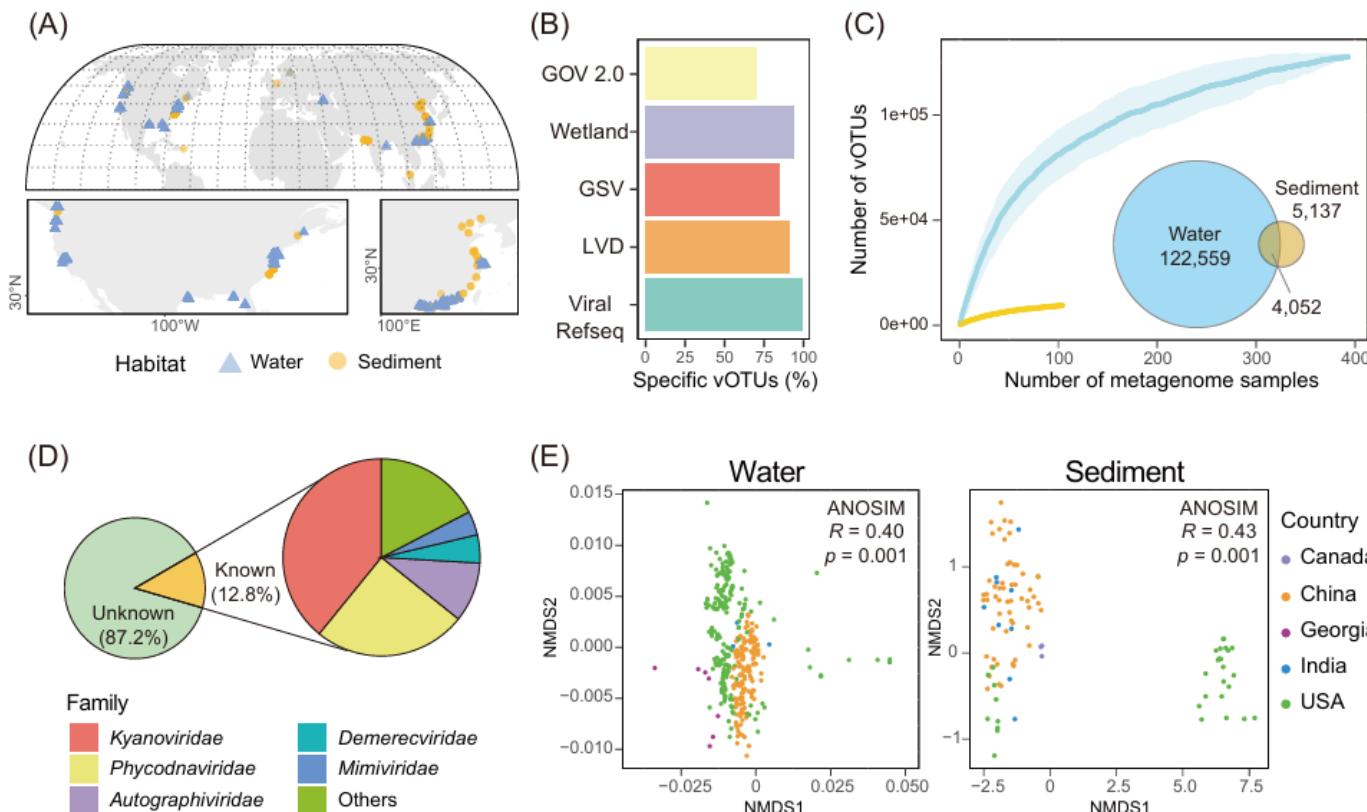


图1. 全球河口病毒组集的概况

河口病毒基因组具有较高的多样性和新颖性

- 146,207 条 > 10 kbp 的病毒 contigs;
- 136,443 个病毒可操作分类单元, vOTUs;
- 仅有 12.8% 河口 vOTUs 得到科水平物种注释;
- 超过 70% 河口 vOTUs 与现存数据库中的病毒序列具有明显的基因组成差异;
- 河口病毒的多样性仍呈现持续上升趋势。



河口病毒编码丰富多样且广泛分布的ARGs

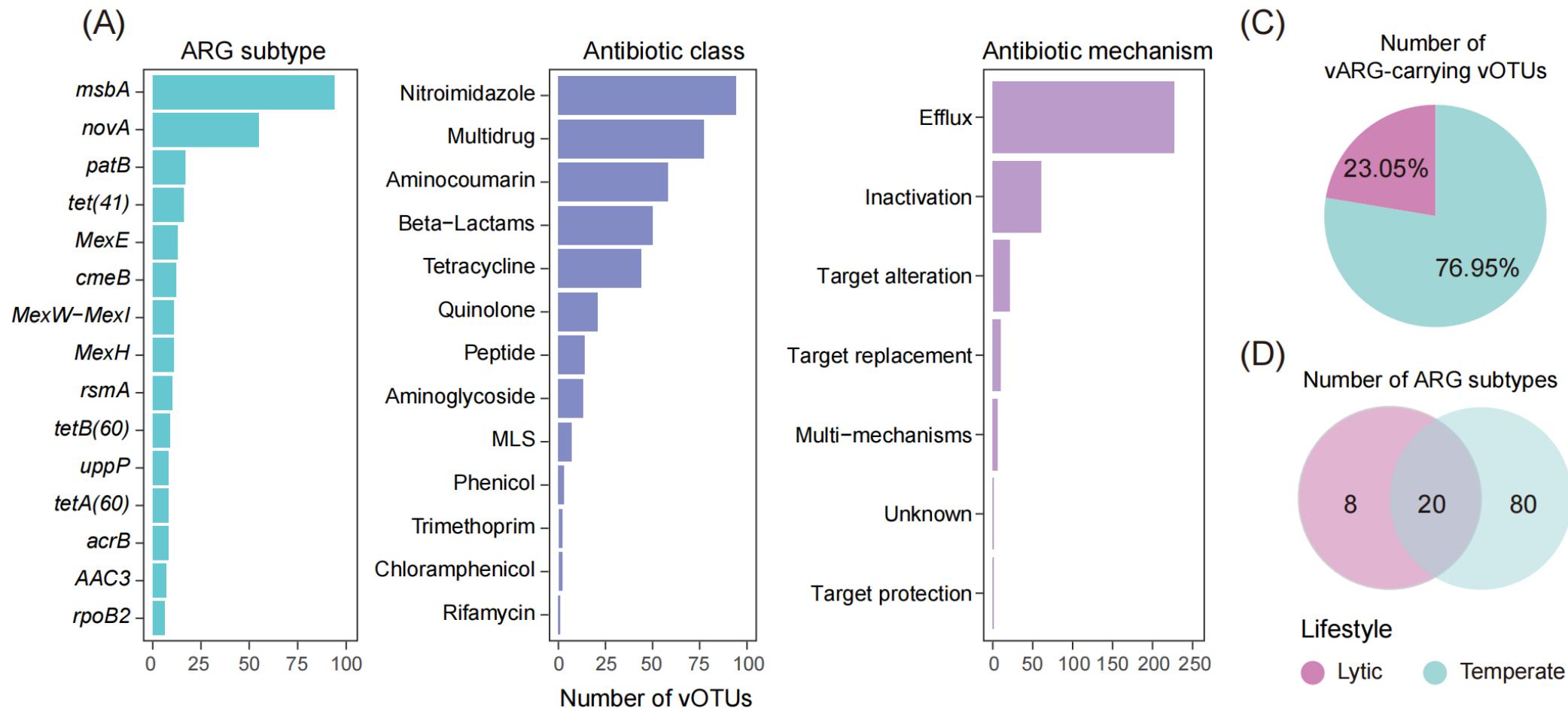


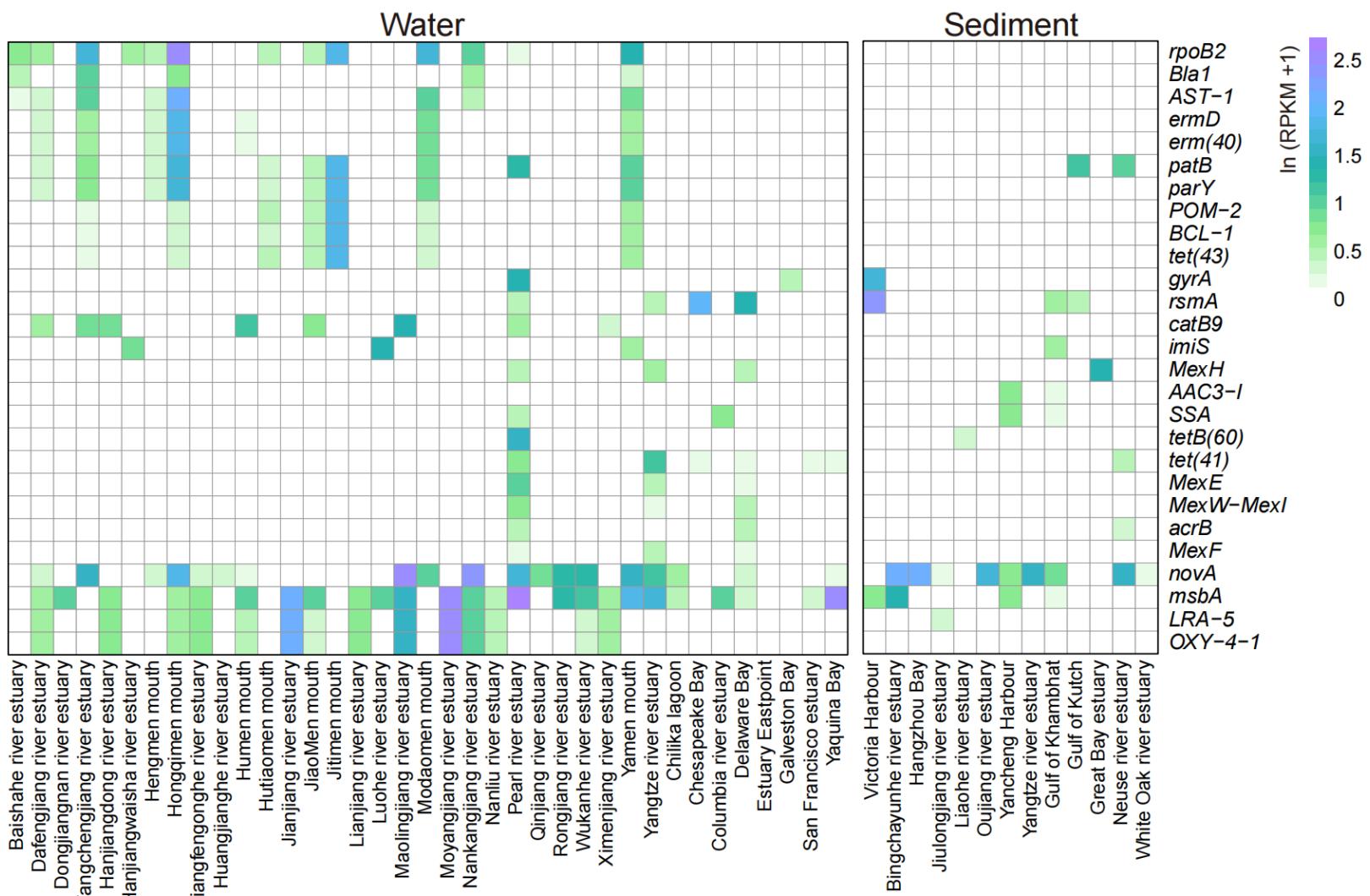
图2. 河口环境中丰富多样的vARGs

- 0.2%的河口vOTUs编码ARGs；
- 病毒ARGs涉及108种ARG亚型，能够通过6种不同的抗性机制，对13类抗生素产生抗性；



河口病毒编码丰富多样且广泛分布的ARGs

(B)



- 25 种vARG亚型被归

类为高健康风险

(Q1) ;

- 在17个河口样本中，

vARGs的丰度超过样

品中总ARG丰度的

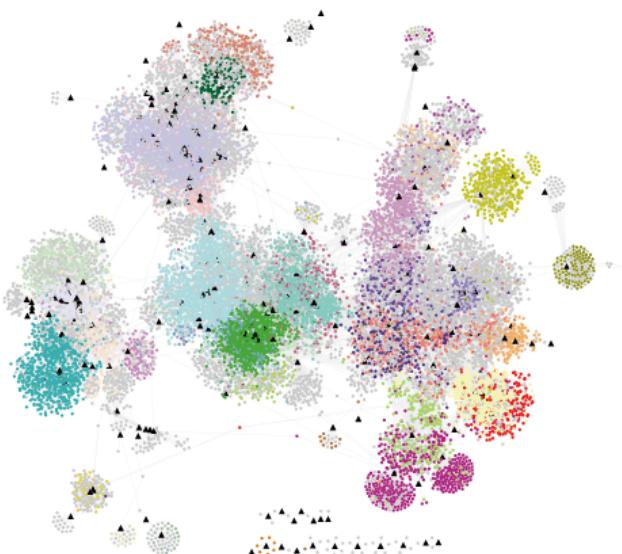
10%。

图2. 河口环境中丰富多样的vARGs

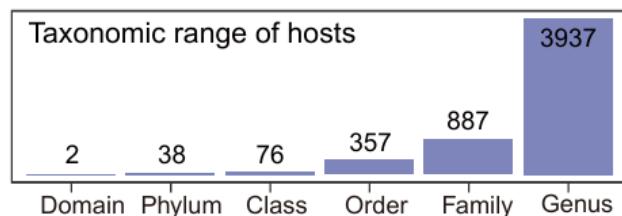


河口vARGs靶向广泛的宿主范围

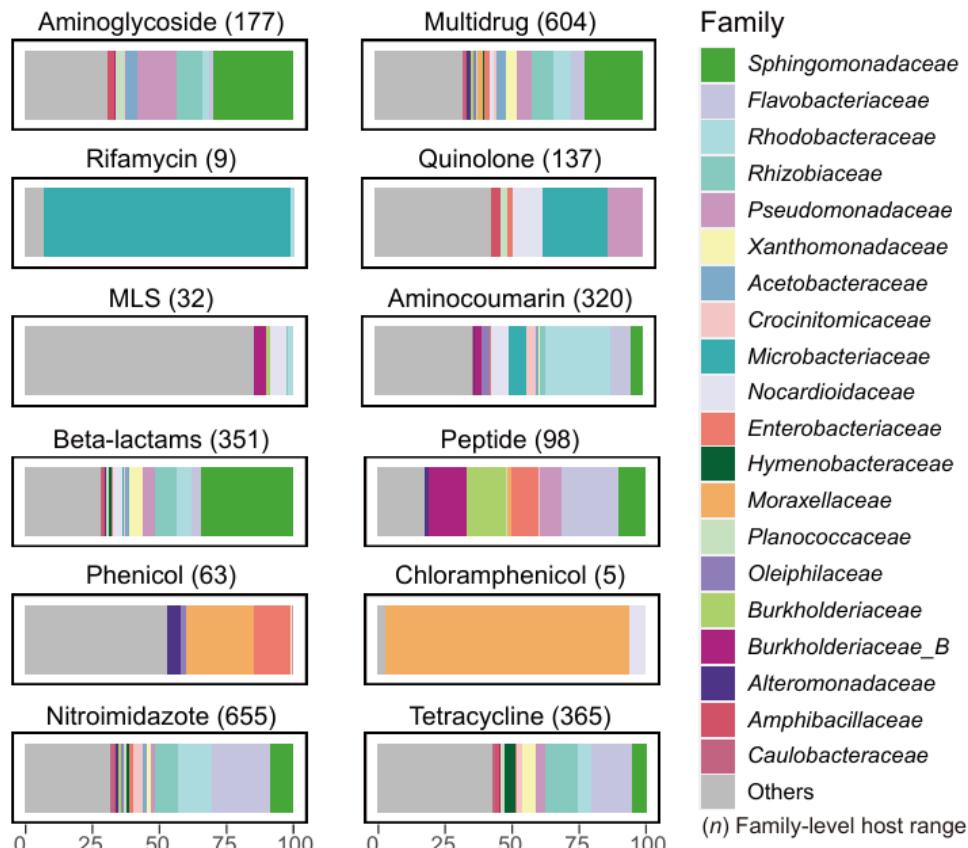
(A)



Node ▲ ARG-carrying vOTUs ● Host species



(B)

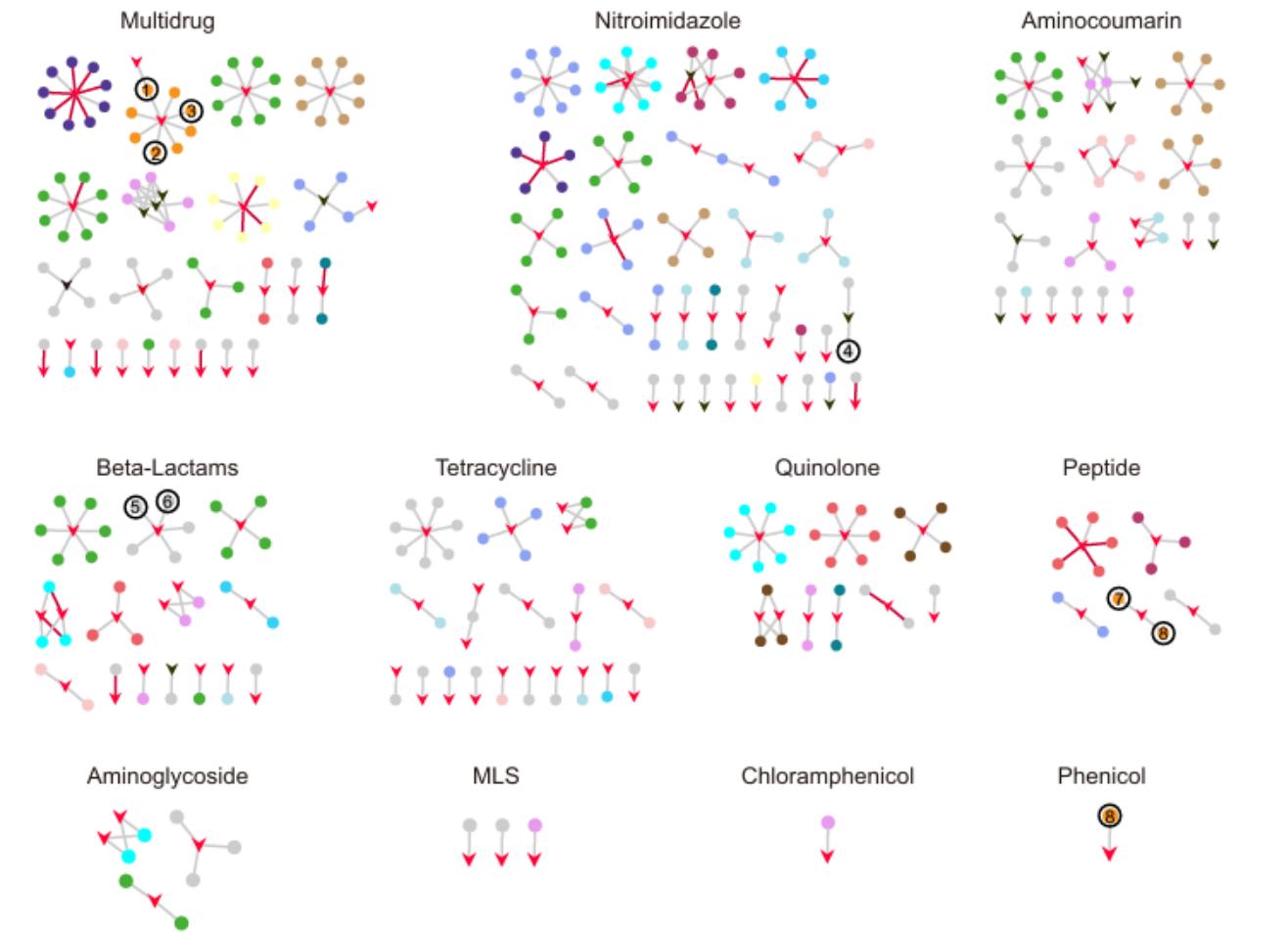


- 83%编码ARGs的vOTUs具有宿主信息；
- 宿主共涵盖2个古菌门和36个细菌门；
- 具有较高vARG密度的vOTUs倾向于侵染更广泛的宿主属、科或目；
- 携带多重药物抗性、氨基糖苷类、 β -内酰胺类等vARGs的病毒群落的潜在宿主分布于100多个不同的原核生物科。

图3. GEV中携带ARG的vOTUs的病毒-宿主关联预测



vARGs在河口中具有较强的传播潜力



Host family

- | | | | | |
|-----------------------------|---------------------------|-----------------------------|------------------------------|-------------|
| ● <i>Sphingomonadaceae</i> | ● <i>Rhodobacteraceae</i> | ● <i>Alteromonadaceae</i> | ● <i>Moraxellaceae</i> | ▼ Lytic |
| ● <i>Nocardioidaceae</i> | ● <i>Vicingaceae</i> | ● <i>Oleiphilaceae</i> | ● <i>Pseudohongiellaceae</i> | ▼ Temperate |
| ● <i>Flavobacteriaceae</i> | ● <i>Hyphomonadaceae</i> | ● <i>Enterobacteriaceae</i> | ● <i>Microbacteriaceae</i> | |
| ● <i>Exiguobacteriaceae</i> | ● <i>Xanthomonadaceae</i> | ● <i>Crocinitomicaceae</i> | ● Other families | |

Potential pathogen

- | | | | |
|-----------------------------------|-------------------------------------|-------------------------------------|--|
| 1 <i>Acinetobacter venetianus</i> | 2 <i>Acinetobacter tjernbergiae</i> | 3 <i>Acinetobacter gyllenbergii</i> | 4 <i>Brevundimonas naejangsanensis</i> |
| 5 <i>Pseudomonas fluorescens</i> | 6 <i>Pseudomonas marginalis</i> | 7 <i>Acinetobacter baylyi</i> | 8 <i>Acinetobacter soli</i> |

- 443 个潜在的“病毒-宿主”间vARG转移事件；
- 178 个vARGs、112 个vOTUs、235 种宿主物种 (MAGs)；
- 67 个特定的“病毒-宿主”关系对中存在两个或更多个不同的vARG转移事件；部分携带不同vARGs的vOTUs具有侵染同一宿主的潜力；
- 潜在病原细菌参与了近2.3%的vARG转移事件。

图4. 河口环境中病毒介导的ARG转移



vARGs在河口生态系统中活跃表达

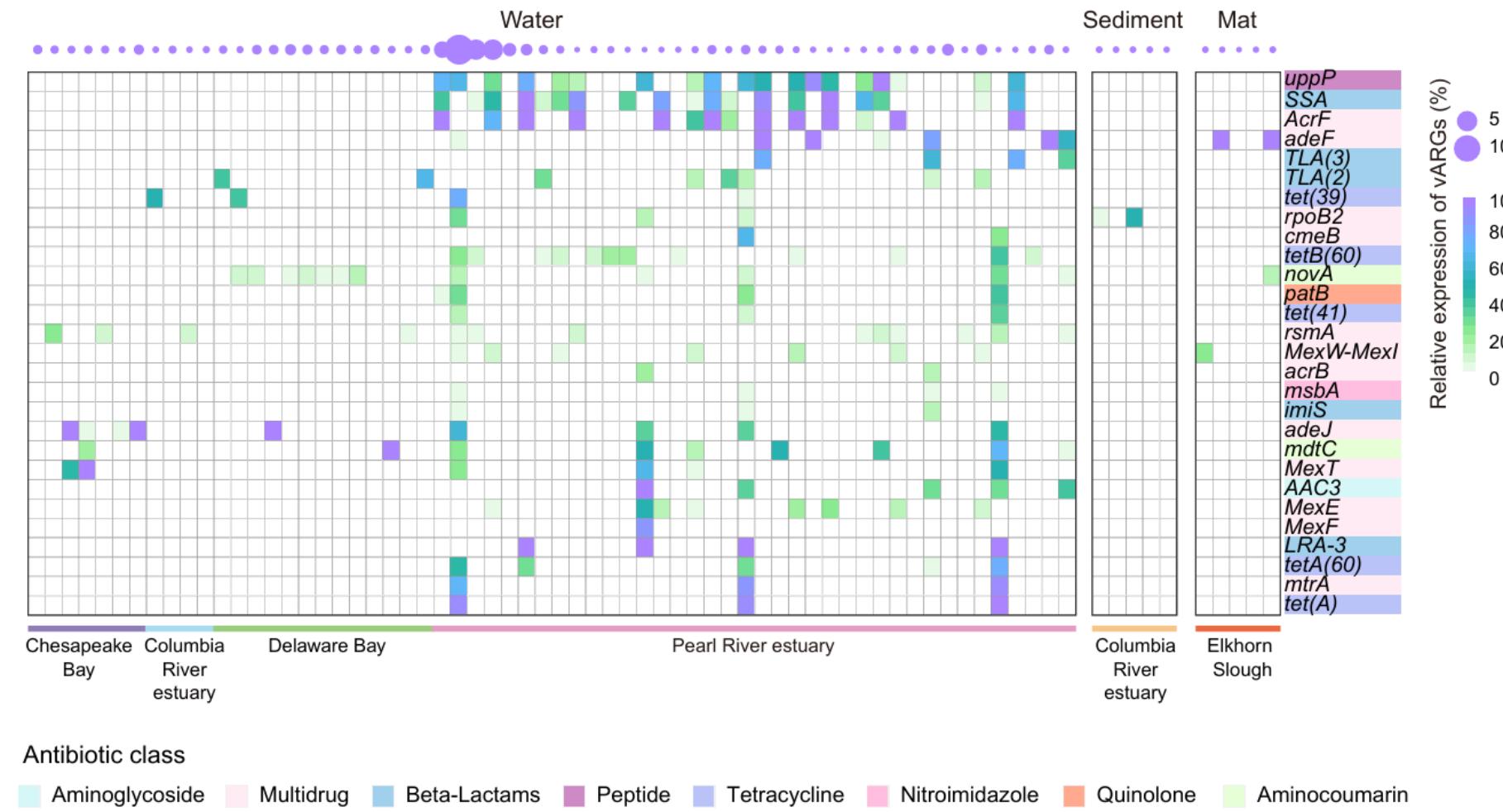


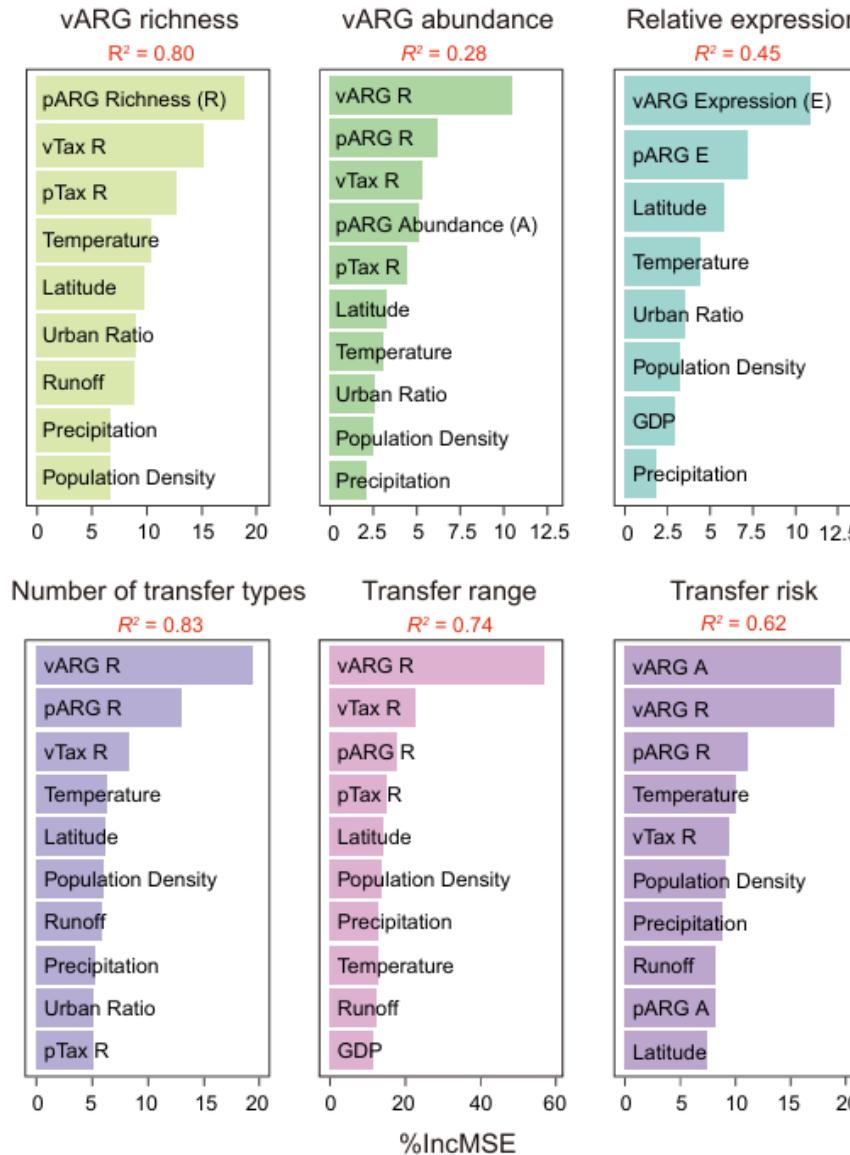
图5. vARGs对河口抗生素抗性组表达的相对贡献

- 51%的vARGs在河口环境中活跃表达；
- *msbA* 基因是最活跃的vARGs；
- 近一半的样本中存在多个vARGs同时表达；
- 在3个样本中，vARGs的表达量超过了样品中总ARG表达量的5%；
- 部分vARGs的相对表达量甚至超过了样品中原核生物的同源基因。

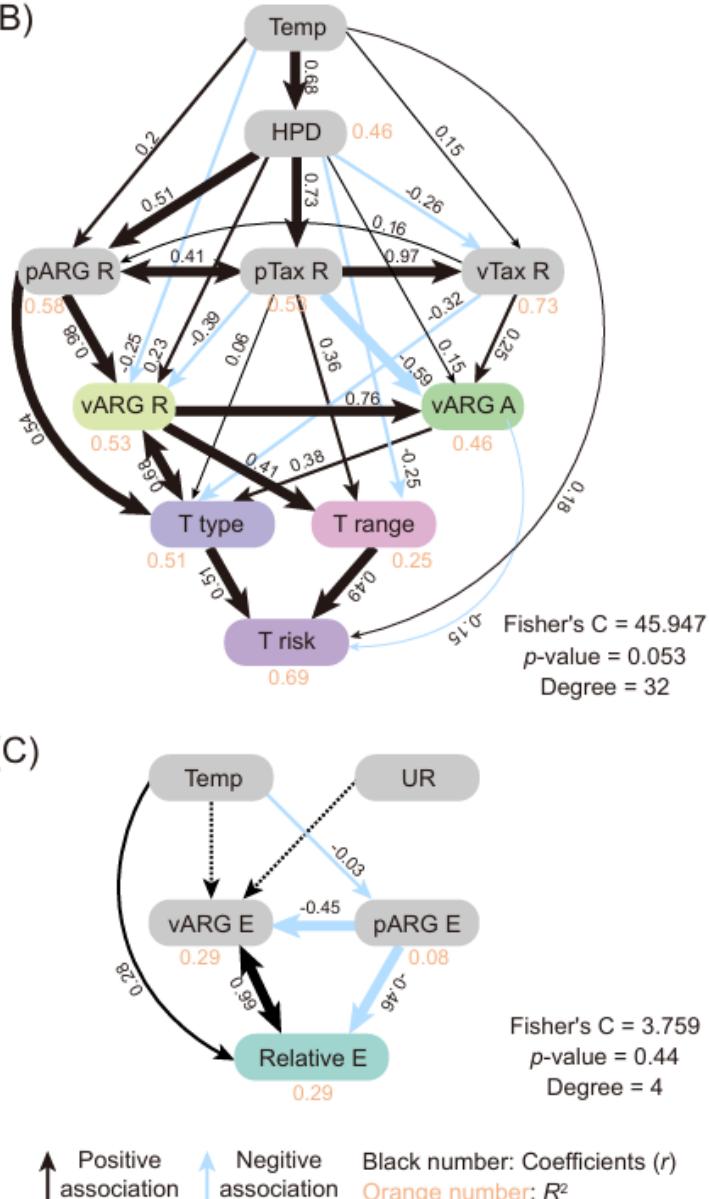


气温升高和人类活动加剧可能会增加vARGs的生态风险

(A)



(B)



(C)

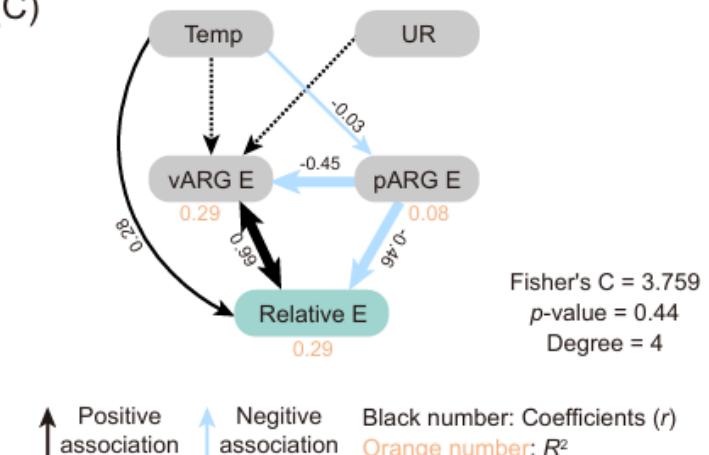
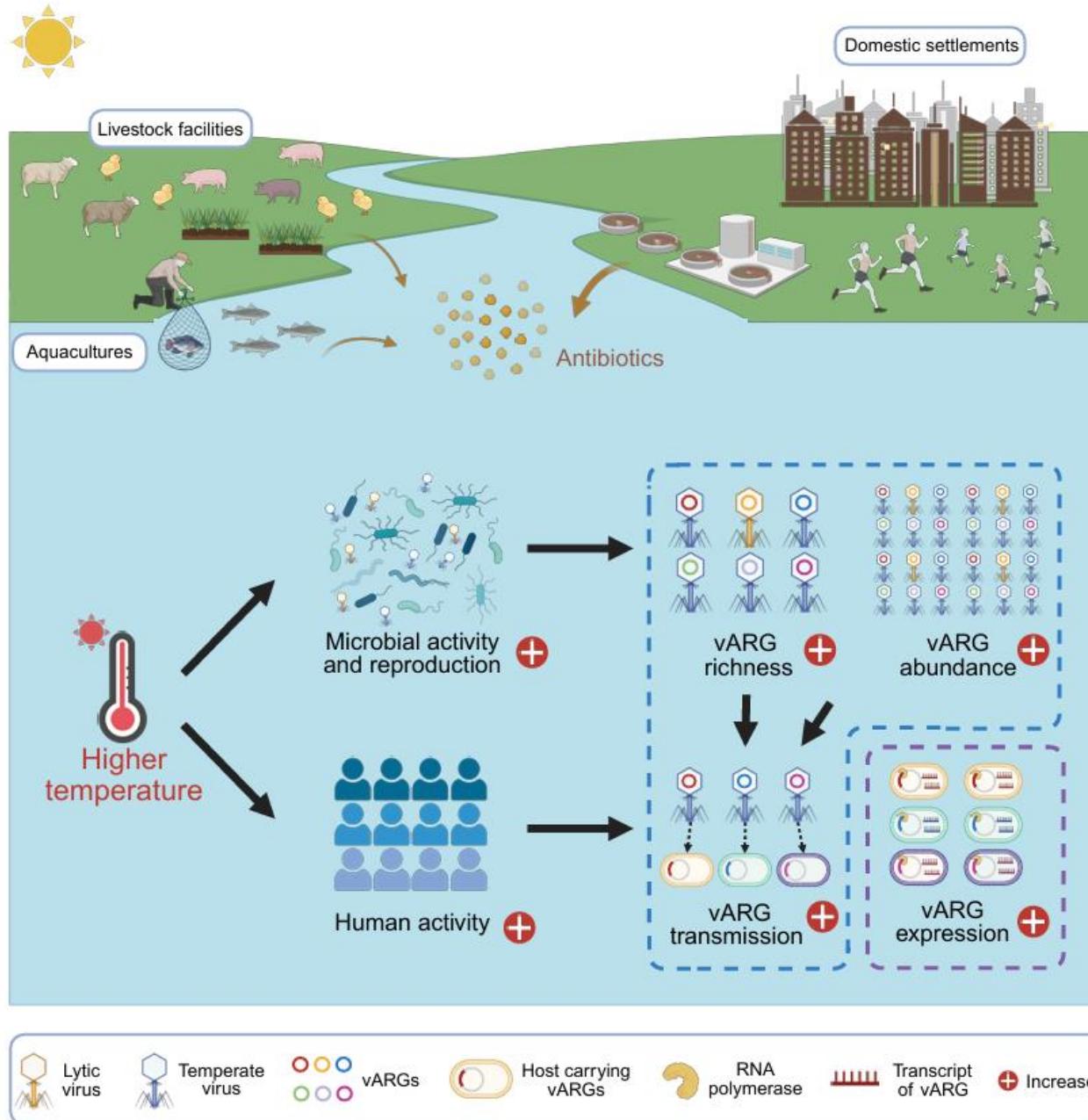


图6. 河口水体中vARG多样性、丰度、表达和传播风险的驱动因素

- **生物**: pARGs的丰富度和整个病毒 (vTax) 和原核生物 (pTax) 群落的组成结构；
- **非生物**: 温度、纬度、人口密度、城市比例；
- 气温升高和人类活动对vARG生态风险的影响包括: **直接影响**和**间接影响**。



气温升高和人类活动加剧可能会增加vARGs的生态风险



- 环境温度升高可能会提高原核生物的代谢活动和繁殖速率，进而促进病毒的侵染和增殖，最终增大病毒介导的基因转移和病毒基因表达的可能性；
- 人类活动的增加会导致抗生素的使用量上升，使更多的抗生素残留物进入河口环境，进而提高河口中耐药微生物的比例。

图7. 全球变暖条件下河口vARG特征变化的概念图



总结

- 河口病毒，特别是温和型病毒，编码了丰富多样的vARGs。这些vARGs在河口环境中广泛分布并活跃表达，暗示着病毒在河口抗生素抗性组中发挥着不可忽视的作用。
- 携带vARGs的病毒不仅具有广泛的宿主范围（包括河口优势原核生物类群和多种潜在病原菌），还能通过病毒转导的方式介导“病毒-宿主”间多样的vARG水平转移事件，对河口生态系统中抗生素抗性的传播具有促进作用。
- 环境温度和人类活动强度显著影响着河口vARGs的多样性、丰度、传播潜力和表达水平，表明在全球变暖和社会经济发展的大背景下，病毒对河口抗生素抗性组的影响可能会增大。

Xiaoqing Luo, Xiyang Dong, Jialing Li, Jicheng Yao, Ziqi Peng, Qi Li, Ziwen Yang, et al. 2025.
Diversity, transfer potential, and transcriptional activity of virus-carried antibiotic resistance genes in global estuaries.
iMetaOmics 2: e70074. <https://doi.org/10.1002/imo2.70074>

iMeta(宏): 整合宏组学重新认识生物和医学

iMeta WILEY
Open Access



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>



office@imeta.science
imetaomics@imeta.science



[宣传片](#)



[iMeta](#)



更新日期
2025/7/6

iMeta: <https://wiley.atyponrex.com/journal/IMT2>
投稿: iMetaOmics: <https://wiley.atyponrex.com/journal/IMO2>
iMetaMed: <https://wiley.atyponrex.com/journal/IMM3>