**水环境耐药基因与微生物地理分布模式研究**

杨玉义，刘文治，姜春霞

中国科学院武汉植物园，武汉，430074.

抗生素耐药基因是一种新型生物污染物，与传统化学污染物不同，与微生物的组成及地理分布密切相关。武汉植物园环境基因组学学科组团队从人类活动干扰的角度对湖泊中水环境耐药基因与微生物地理分布模式进行了研究。发现人类活动频繁的长江中下游湖泊耐药基因污染严重，人类活动的指标比如建设用地比重可以用于评估水域耐药基因；在人类活动干扰较少的青藏高原湿地湖泊中，生态气候环境因子是影响耐药基因分布的重要因素。以太湖和白洋淀为例，抗生素耐药基因β-多样性差异指数的比较表明，ARG多样性表现出明显的距离衰减模式。使用基于零模型的结果表明，在驱动的ARGs群落的生态过程中，随机过程比确定性过程贡献更大。人类活动对于微生物的干扰如何？我们发现富营养化严重的武汉南湖稀有浮游细菌较丰富浮游细菌对人类干扰的适应能力更强，稀有和丰富浮游细菌的群落组装受水体含氧量的影响；而在人类活动干扰较小的青藏高原，我们发现青藏高原湖泊湿地细菌和真菌的丰富种较稀有种具有更高的环境位宽和系统发育信号，因而展现出更强的环境适应性。

通讯作者简介：杨玉义，中国科学院武汉植物园，中国科学院青年创新促进会会员，研究员，主要从事水域抗生素耐药基因和微生物的地理分布及生态学研究。已发表论文75篇(其中SCI论文70篇)。以第一作者或者通讯作者发表SCI论文40篇，包括环境生态学领域TOP期刊Water Research、Molecular Ecology、Environment International等，其中两篇入选环境与生态学学科领域“Top1% ESI高被引论文”，[电子邮箱yangyy@wbgcas.cn](mailto:电子邮箱yangyy@wbgcas.cn)。