

自主智能系统探究光催化调控细菌耐药性机制

元振莲

广东生态工程职业学院

DOI:10.12238/acair.v2i3.8597

[摘要] 本研究通过全基因组测序和GO富集分析,揭示了光催化处理对耐四环素大肠杆菌 *E. coli* DH5a (TET) 耐药性的影响机制。结果表明,光催化处理通过激活细胞的离子跨膜转运功能,促进抗生素进入细胞,降低细菌耐药性。此外,光催化处理还影响了EF-Tu蛋白关键位点的表达,进而抑制蛋白质合成,降低细菌活性。该研究为理解细菌耐药性的分子调控机制提供了新视角,并为光催化技术在抗菌领域的应用提供了科学依据。

[关键词] 自主智能系统; 耐药性; 光催化

中图分类号: N945.2 文献标识码: A

Exploring the mechanism of photocatalytic regulation of bacterial drug resistance in autonomous intelligent systems

Zhenlian Qi

Guangdong Ecological Engineering Vocational College

[Abstract] This study revealed the effect of photocatalytic treatment on tetracycline resistant *Escherichia coli* DH5a (TET) resistance. The results indicate that photocatalytic treatment activates the ion transmembrane transport function of cells, promotes the entry of antibiotics into cells, and reduces bacterial resistance. In addition, photocatalytic treatment also affects the expression of key sites of EF-Tu protein, thereby inhibiting protein synthesis and reducing bacterial activity. This study provides a new perspective for understanding the molecular regulatory mechanisms of bacterial resistance and provides a scientific basis for the application of photocatalytic technology in the field of antibacterial treatment.

[Key word] Autonomous intelligent system; Drug resistance; Photocatalysis

引言

在人工智能的迅猛发展浪潮中,自主智能系统作为其关键分支,已经深入科学研究的众多领域,并在其中扮演着日益重要的角色。自主智能系统之所以备受重视,源于其自主决策与任务执行的能力,这种能力使得系统能够在无需人类直接干预的情况下,独立完成复杂的分析和判断任务。随着计算技术的进步和算法的创新,自主智能系统在图像识别、自然语言处理和机器人技术等前沿领域取得了突破性的进展^[1]。

自主智能系统在生物信息学领域展现出独特价值,其高效的数据处理和分析能力极大地提升了研究效率和精确度,在基因组学、转录组学和蛋白质组学等多组学研究中发挥着重要作用,推动着科学发现^[2]。自主智能系统作为生物信息学研究的前沿工具,其技术优势体现在多个核心方面。以美吉生物云平台为例,首先,平台通过采用Hadoop Distributed File System(HDFS)等先进的分布式文件系统,实现了对大规模生物信息学数据的

高效管理和安全存储。其次,平台拥有强大的数据处理与分析能力,通过数据预处理、序列比对和基因表达分析等步骤,确保了生物信息学数据的准确性和深度分析。此外,平台支持多组学数据整合,包括转录组、蛋白质组、代谢组等,为用户提供了一个全面的生物学视角。

基于这些技术优势,本研究通过自主智能交互系统对光催化处理前后的耐四环素和耐庆大霉素大肠杆菌进行了全基因组测序分析。通过自主智能技术,本研究对NR、COG、GO和KEGG等多个基因数据库进行了深入比对,并整合了相关的生物学信息,以探究光催化诱导细菌耐药性降低的分子机制。这一研究不仅为理解光催化作用下的细菌耐药性变化提供了新的视角,也为开发新的抗菌策略提供了重要的科学依据。

1 实验结果与分析

1.1 光催化反应体系构建

在本项研究中,为了深入探究光催化处理对耐四环素大肠

杆菌*EcoLi*. DH5a (TET) 耐药性的影响, 采用了一种体积为50mL的圆柱形石英光催化反应器作为实验装置。该反应器内壁被TiO₂纳米管覆盖, 作为光电极使用。紫外光源为最大发射波长为365nm、光强为100mW/cm²的LED灯, 为光催化反应提供了必要的光能。

实验选用的耐药菌株为最小抑菌浓度(MIC)为512 μg/mL的耐四环素大肠杆菌*EcoLi*. DH5a (TET)。实验过程中, 反应温度被严格控制在25±2° C, 以确保反应条件的一致性和可重复性。为了实现反应溶液的均匀混合, 采用了恒温数字磁力搅拌器。

在每次光催化处理之前, 首先在反应器中加入50mL的0.9%NaCl溶液, 该溶液中含有细菌浓度为1×10⁸CFU/mL。这一步骤确保了细菌在光催化处理过程中的初始浓度一致性。随后, 分别在处理时间0分钟、40分钟、60分钟和120分钟时进行取样, 以监测细菌耐药性的变化情况。取样后, 立即进行样品制备, 以确保样品的稳定性和后续实验分析的准确性。

1. 2光催化调控细菌耐药性变化结果分析

在本项研究中, 图1所呈现的动态变化曲线详尽地记录了光催化处理对耐四环素大肠杆菌*EcoLi*. DH5a (TET) 耐药性影响的实验观察结果。实验设计采用了精确控制的光催化条件, 以评估光催化处理对细菌耐药性的定量影响。实验结果表明, 在光催化处理的起始阶段, *EcoLi*. DH5a (TET) 的MIC显著高于处理后所观察到的水平。具体地, 随着光催化处理时间的逐步延长, 耐药菌的MIC值呈现出显著的下降趋势, 从初始的512μg/mL降至120分钟时的64μg/mL。这一下降趋势不仅在统计学上具有显著性, 而且从生物学角度揭示了光催化处理对细菌耐药性的显著降低作用。

该实验结果不仅在定量层面上为光催化处理对耐药菌耐药性影响提供了直接证据, 而且在定性层面上进一步验证了光催化技术在抗菌领域的潜在应用价值。这种光催化诱导的耐药性降低现象可能与细菌的基因表达调控机制的深刻变化有关。

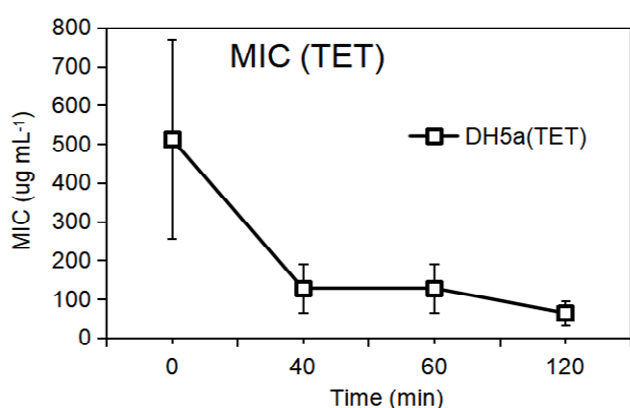


图1 光催化处理过程中*EcoLi*. DH5a (TET) 耐药性变化曲线

1. 3基于自主智能交互式系统探究耐药性变化机制

本研究应用美吉生物云平台所搭载的自主智能交互系统, 对光催化处理对耐四环素大肠杆菌*EcoLi*. DH5a (TET) 耐药性降低的分子机制进行深入分析。研究的初步阶段, 是利用TruSeqTM

Stranded Total RNA Library Prep Kit试剂盒, 对耐药菌样品进行严格的RNA提取和文库制备, 以确保后续转录组测序的质量和准确性。随后, 利用 DNBSEQ-T7高通量测序平台, 对构建的原核转录组基因库进行全基因组测序, 以获取耐药菌株的基因表达谱。

在测序数据的解析阶段, 研究团队采用了一系列的生物信息学分析方法, 将测序结果与多个公共生物信息学数据库进行比对, 以期获得差异表达基因的功能注释。这些数据库包括但不限于冗余蛋白序列数据库(NR)、蛋白质家族数据库(Pfam)、基因组注释数据库(eggNOG)、基因本体论(Gene Ontology, GO)以及代谢通路数据库(KEGG)。通过这些数据库的整合分析, 研究团队能够对差异表达基因进行功能分类和通路富集分析, 从而揭示光催化处理对耐药菌基因表达的影响及其生物学意义。

在探讨光催化处理对耐四环素大肠杆菌*EcoLi*. DH5a (TET) 耐药性变化的影响方面, 本研究采用了全基因组测序技术, 结合生物信息学分析方法, 以揭示光催化处理对细菌耐药性调控机制的深层次影响。通过美吉生物云平台的高通量测序分析, 成功获取了处理前后细菌的基因表达谱, 并利用R语言中的G0plot包对GO富集分析结果进行了可视化处理。富集圈图(如图1所示)直观地展示了差异表达基因在不同生物学过程中的参与情况, 以及它们之间的潜在关联。

在图1中, 上调和下调的基因分别以红色和蓝色表示, 这不仅有助于快速识别基因表达的变化趋势, 还为推测生物过程的激活或抑制提供了直观的视角。分析结果表明, 上调基因显著富集在以下几个关键的GO项:

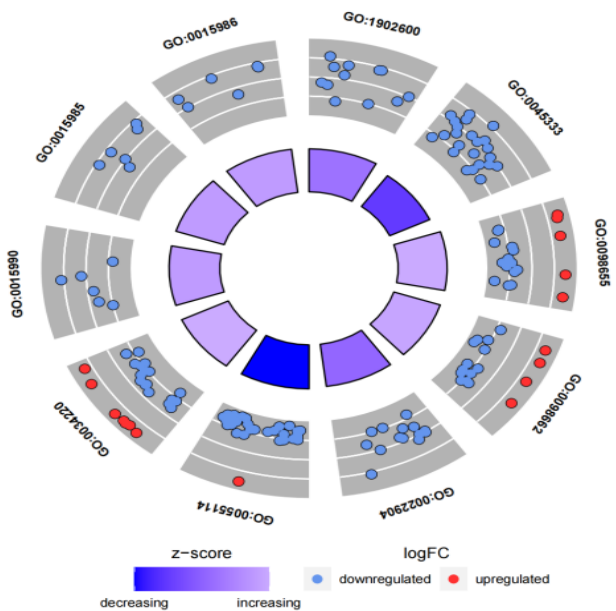
(1) 阳离子跨膜转运 (GO: 0098655): 该GO项的显著富集表明光催化处理可能激活了细胞膜上的阳离子转运蛋白, 从而增强了细胞对阳离子的吸收能力。这种变化可能对维持细胞内环境的稳定和调节细胞功能具有重要意义。

(2) 无机阳离子跨膜转运 (GO: 0098662): 进一步的分析揭示, 光催化处理可能特别增强了细胞对无机阳离子如钠离子、钾离子等的跨膜转运能力。这种增强的转运能力可能与细胞对环境变化的适应性和抗生素的摄取机制密切相关。

(3) 氧化还原过程 (GO: 0055114): 氧化还原反应是细胞内能量代谢和物质转化的关键过程。该GO项的显著富集提示光催化处理可能促进了细胞内的氧化还原反应, 例如电子传递链, 这可能与抗生素的代谢和清除密切相关。

(4) 离子跨膜转运 (GO: 0034220): 作为上述三个GO项的总结, 该GO项的显著富集进一步证实了光催化处理对细胞离子跨膜转运功能的广泛影响。这种影响可能涉及到多种离子的转运, 从而影响细胞的多种生理过程。

综合以上分析, GO富集分析结果表明光催化处理通过激活细胞的阳离子跨膜转运、无机阳离子跨膜转运、氧化还原过程和离子跨膜转运功能, 促进了抗生素进入细胞的过程。这一机制可能在降低细菌的耐药性方面发挥了关键作用。这为理解光催化处理对细菌耐药性调控的分子机制提供了新的视角。



ID	Description
GO:1902600	proton transmembrane transport
GO:0045333	cellular respiration
GO:0098655	cation transmembrane transport
GO:0098662	inorganic cation transmembrane transport
GO:0022904	respiratory electron transport chain
GO:0055114	oxidation-reduction process
GO:0034220	ion transmembrane transport
GO:0015990	electron transport coupled proton transport
GO:0015985	energy coupled proton transport, down electrochemical gradient
GO:0015986	ATP synthesis coupled proton transport

图2 光催化处理前后E. coli. DH5a (TET) 差异表达基因的GO富集分析结果

在原核生物细胞中,EF-Tu(Elongation Factor Tu)作为一种关键的延伸因子,对于细菌蛋白质合成过程至关重要。EF-Tu的主要功能是将氨酰tRNA准确地转运至核糖体的A位点,以促进肽链的延伸^[3]。本研究通过美吉生物的自主智能交互式系统所进行的基因测序数据分析揭示了EcoIi. DH5a (TET) 耐药菌株中EF-Tu蛋白的多个关键位点表达水平显著下降,这些位点包括S10、L2、S19、S3、L29和S17(如图2所示)。

对EF-Tu蛋白的结构和功能进行更为深入的分析表明,这些关键位点在调节EF-Tu的结构稳定性、功能表达以及其活性方面起着决定性作用。具体而言,S10、S19和S3位点的磷酸化作用能够显著改变EF-Tu的构象,进而影响其与氨酰tRNA的结合亲和力;L2位点则直接参与EF-Tu与氨酰tRNA的结合过程中;L29位点则与EF-Tu蛋白与核糖体的相互作用密切相关;S17位点的磷酸化状态可能对EF-Tu在细胞内的定位和相互作用模式产生调控作用。这些关键位点的结构变异和修饰状态,是EF-Tu在细菌蛋白质合成中发挥复杂调控作用的核心机制。

综合上述分析结果可以得出,在光催化作用的影响下,EcoIi. DH5a (TET) 耐药菌株中EF-Tu蛋白的S10、L2、S19、S3、L29和S17等关键功能位点的表达水平下调,可能抑制了EF-Tu在

蛋白质合成过程中的活性,以及其在细胞活性调控中的功能,从而导致耐药菌株的耐药性降低。

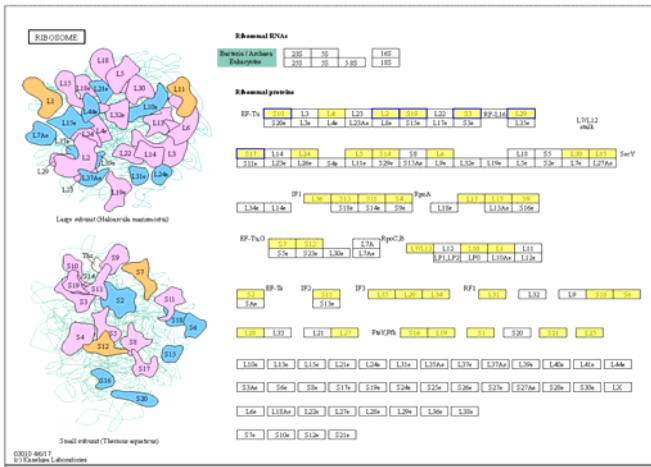


图3 核糖体蛋白不同位点结构示意图

2 结论

本研究深入探究了光催化处理对耐四环素大肠杆菌EcoIi. DH5a (TET) 耐药性的影响及其分子机制。通过自主智能交互系统的分析,结果显示光催化能够激活细菌细胞的离子跨膜转运和氧化还原过程等关键功能,从而促进抗生素在细胞内的渗透和积累,最终降低了细菌的耐药性。同时,光催化还影响了关键蛋白EF-Tu在蛋白质合成中的作用,导致其关键位点表达下降,进而影响细胞活性调控,进一步降低了细菌的耐药性。

此项研究为理解细菌耐药性的分子调控机制提供了新视角,并为利用光催化技术开发新型抗菌策略奠定了科学基础。未来可进一步探究光催化对EF-Tu蛋白功能位点的具体影响机制,为应对细菌耐药性危机做出贡献。

[致谢]

首先,本研究诚挚地感谢广东省教育厅,对其批准的2023年度广东省普通高校青年创新人才类项目(自然科学)立项表示衷心的感谢。该项目,编号为2023KQNCX202,题为“耐药大肠杆菌在光催化/抗生素耦合作用下耐药性演变机制研究”,为本研究提供了关键的资金支持。其次,感谢美吉生物公司为本研究在探究光催化处理对细菌耐药性影响的分子机制方面提供的技术支持。

[参考文献]

- [1]刘河,杨艺,覃焕昌,等.智能系统[M].电子工业出版社,202004.355.
- [2]陈铭.大数据时代的整合生物信息学[J].Chinese Journal of Bioinformatics,2022,20(2).
- [3]Marathe N, Nguyen H A, Alumasa J N, et al. Antibiotic that inhibits trans-translation blocks binding of EF-Tu to tmRNA but not to tRNA[J]. MBio,2023,14(5):01461-23.

作者简介:

元振莲(1989--),女,汉族,山东省济南市人,博士,研究方向:人工智能技术应用,环境生态大数据。