

---

# 微生物“指纹”：城市的新坐标

作者：writer 来源：爱科学

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/14029.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！*

微生物“指纹”：城市的新坐标。美国纽约的能抗辐射、南非开普敦的有海洋咸味……你知道吗，每个城市都有自己独特的微生物指纹。

一个国际联盟从全球60个城市的公共交通系统和医院收集了样本，并进行测序和分析，同时对所有已确定的微生物物种进行了全面注释，包括之前未记录的数千种病毒、细菌以及两种古细菌。5月27日，相关论文刊登于《细胞》。

每个城市都有自己的微生物‘分子指纹’。美国威尔·康奈尔医学院教授、论文通讯作者Christopher Mason表示，如果你把鞋给我，我就能以90%的准确率说出你来自哪个城市。

始于纽约 走向世界

该项目始于2013年，逐渐发展成为迄今为止规模最大的全球城市微生物宏基因组学研究。

但Mason当时并没有想到，自己的一个小想法会走向全世界。那时，他决定收集和分析纽约地铁系统中的微生物样本。我们想看看那里有什么物种，并将其作为发现新生物的一种方式，了解生物是如何适应城市环境的。Mason在接受《中国科学报》采访时说。

在《细胞—系统》上发表第一个发现后，世界各地的研究人员开始联系他，他们都想在自己的城市做类似研究。

于是，Mason制定了一套收集样本方案，并在YouTube上发布了一段教学视频。我们有统一的拭子、采集管，并进行了视频训练，而且提取和测序工作也是集中的。Mason说。

2015年，Mason创建了MetaSUB（地铁与城市生物群落宏基因组学与元设计）联盟。该联盟现已扩展到收集空气、水和污水以及硬质表面样本，并负责监督诸如每年6月21日举行的全球城市采样日等项目。MetaSUB联盟实施了2016年夏季奥运会前、期间和之后对里约热内卢城市表面及其蚊子的全面微生物分析，以及2020年启动的新冠病毒和其他冠状病毒在家猫中的流行情况重点调查。他们还计划为2021年日本东京奥运会开展一个项目。

我们在不同时间从日本多个城市（东京奥运会场馆所在城市）收集样本，并于今年继续在纵向可对比地点收集样本。该项目负责人、庆应义塾大学副教授Haruo Suzuki告诉《中国科学报》。之后研究人员将进行进一步分析，看看除了即将到来的精彩比赛，东京奥运会还将留给人们哪些有趣的微生物。

---

参与本次项目的研究人员用不含DNA和RNA的棉签收集样本，并将样本以及阳性和阴性对照组送到实验室进行分析。大部分序列的分析和组装是在匹兹堡的极端科学和工程发现环境超级计算机上完成的。这台超级计算机曾发现了10928种病毒和748种细菌。

## 找到城市指纹

最终，来自六大洲的研究人员在3年内采集了4728份样本。这些样本表征了区域抗菌素耐药性（AMR）标记，并帮助研究人员绘制了世界上第一个系统性的城市微生物生态系统目录。

采样在3个主要时间点进行，2015—2016年的试点研究以及2016年、2017年的两个全球城市采样日（6月21日）。该项目使用Illumina NGS测序仪对每个样本进行测序。

为了分析超大数据集，研究人员生成了一个开源的分析路径，包括一套完整、先进且由同行评审的宏基因组工具，用于分类鉴定、基因预测、AMR检测、功能分析、从头组装、分类单元注释和地理空间制图等。

据我们所知，这项研究是全球首次对城市微生物群进行广泛的宏基因组研究。Mason说。

数据显示，核心城市的微生物群是全球多样性中心，而微生物特征揭示了城市特征。例如，发达大城市的许多微生物能够抗辐射，沿海城市有更多的海洋特征，一些抽样良好的大陆城市拥有许多特有物种。此外，AMR基因也形成了不同的集群。

除了不同城市具有不同微生物特征外，分析还揭示了所有城市的31种核心微生物——这些物种在97%的样本中都被发现，以及可能反映流行病学变化的独特地理变异。这使得一种新的特定城市源头追踪成为可能。

研究人员确定了4246种已知的城市微生物，但任何后续的采样都可能继续发现以前从未见过的物种。这凸显了在城市环境中发现微生物多样性和生物功能的原始潜力。

我们的数据表明，虽然1000个样本足以发现约80%的观察类群和AMR标记，但仍有相当一部分城市微生物群有待鉴定。而且，考虑到遗传变异受环境因素的影响，赤道附近的样本显示出更大的多样性。Mason说。

## 揭开背后的真相

回到2013年，当时Mason的想法很简单，借助采样寻找新微生物。

地球上有无数物种，但我们那时只有10万至20万个完整、坚实的基因组参考数据。Mason说，新物种的发现有助于建立微生物系谱，了解不同物种间的联系，得到微生物生命进化的新发现。

随着数据积累，这些研究开始对检测已知和未知的微生物感染暴发，以及研究不同城市环境中耐抗生素微生物的流行情况产生了意义。而且，这些发现也有许多潜在的实际应用。根据目前收集到的序列数据，我们已经发现了80多万种新的CRISPR序列。Mason说。这些发现表明，生物合成基因簇（BGC）注释的新抗生素和小分子有望推动药物开发。

不过，研究人员表示，这项研究有3个主要局限。首先，它只测量DNA，意味着RNA病毒被排除

---

在外，来自细菌和古生菌的转录活性证据也被排除在外。第二，它无法鉴定收集到的大部分DNA。这至少在一定程度上是由于城市微生物群落具有高度新颖的特性造成的，随着更多数据的产生可能会有所改善。第三，AMR基因通常很难与不产生抗性的相似基因区分开来，所以该结果可能有一定程度的噪声。

MetaSUB联盟瑞士研究人员Andre Kahles和Gunnar Ratsch发布了一个全球DNA序列门户网站MetaGraph，该网站索引了所有已知的基因序列（包括MetaSUB数据），并将已知或新发现的基因元素映射到它们在地球上的位置，这将有助于发现新的微生物相互作用和功能。

下一步是合成和验证其中一些分子，并预测BGC，然后看看它们在医学或治疗上有什么作用。Mason说，我们现在正对这些城市污水中的微生物进行取样、测序，并与公共卫生工作联系起来，追踪新的病毒和细菌。我们将利用这些数据预测药物和抗生素，并在培养中验证它们。

人们常常认为热带雨林里蕴藏着丰富的生物多样性和各种新分子，其实，地铁栏杆或长椅上也是如此。（来源：中国科学报唐凤）

相关论文信息：

<https://doi.org/10.1016/j.cell.2021.05.002>

<http://dx.doi.org/10.1016/j.cels.2015.01.001>

版权声明：凡本网注明来源：中国科学报、科学网、科学新闻杂志的所有作品，网站转载，请在正文上方注明来源和作者，且不得对内容作实质性改动；微信公众号、头条号等新媒体平台，转载请联系授权。邮箱：shouquan@stimes.cn。

作者：Mason 来源：《细胞—系统》

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](https://www.iikx.com)转发