研究解析马里亚纳海沟最深沉积物完整生物圈结构并分离其微生物

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：https://www.iikx.com/news/progress/14766.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！

7月13日，*Genome Biology*在线发表了中国科学院分子植物科学卓越创新中心中科院合成生物学重点实验室研究员李轩课题组和上海海洋大学教授方家松研究组、复旦大学教授南蓬研究组合作完成的题为*Revealing the full biosphere structure and versatile metabolic functions in the deepest ocean sediment of the Challenger Deep*的论文。

该研究针对地球最深处、马里亚纳海沟挑战者深渊的沉积物生态环境，利用深度宏基因组分析和大规模微生物培养分离等方法，揭示了地球最深海洋沉积物的完整生物圈，包括细菌、古菌、真核微生物和病毒的生物群落结构、基因组序列草图和代谢生物化学潜能。此外，该研究还从马里亚纳海沟沉积物中培养分离了2000多株（包括一些新物种）极端生态环境的微生物细菌和真菌。

马里亚纳海沟由两个地质构造板块（菲律宾海板块和太平洋板块）碰撞挤压形成。它拥有地球上已知的最深海域，达11,000米深的挑战者深渊。这里完全黑暗，承受极高的水压（1100个大气压）、低温（2-4度）、低含氧量，且有机营养物质匮乏，是地球上最恶劣的极端生态环境。对深渊极端生态环境的研究，特别是马里亚纳海沟的生物圈，由于技术条件的限制，遭遇了较大挑战。虽然同位素标记实验发现深渊表层沉积物有较活跃的生物代谢活动，但通过16S（核糖体RNA基因）扩增子测序研究马里亚纳海沟沉积物的微生物种群时，仅获得了细菌和古菌种类的片段序列信息，学界对马里亚纳海沟沉积物中完整生物圈结构和微生物代谢功能知之甚少，更缺乏微生物群体的基因组序列草图。同时，学界也对马里亚纳海沟沉积物中真核微生物群落和可能存在的海洋病毒一无所知。该合作团队等利用“张謇”号海洋科学考察船，于2016年12月至2017年1月对马里亚纳海沟挑战者深渊开展了海洋物理、海洋化学、海洋生物的综合生态调查研究。

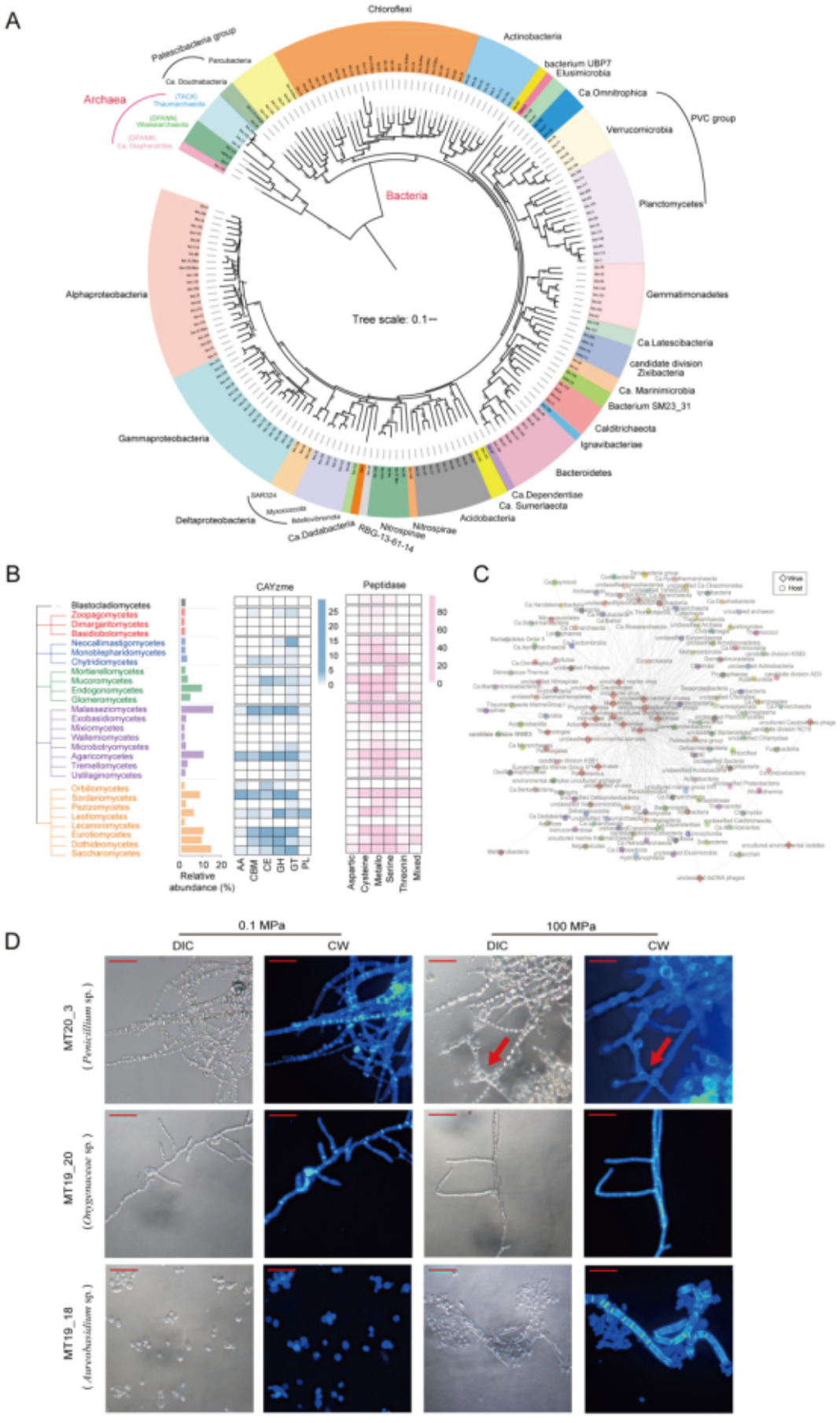
合作团队对采集的马里亚纳海沟沉积物标本，利用深度宏基因组测序分析方法，首次揭示了地球最深海洋沉积物的完整生物圈，包括细菌、古菌、真核微生物和病毒的生物群落结构、基因组序列草图和代谢生物化学潜能。主要研究成果包括：（1）构建获得了马里亚纳海沟沉积物中、代表26个门的共178个细菌/古菌的宏因组组装序列草图（Metagenome-Assembled Genome），揭示了马里亚纳海沟深渊微生物以混合营养和兼性厌氧代谢为主要特征的生活方式。（2）发现了马里亚纳海沟沉积物真核微生物群落由子囊菌、担子菌等六个真菌门为主。这些真菌具有同化和异化硫酸盐还原反应、硫氢化合物的氧化反应能力，这些结果暗示了真核微生物在海底生物地质化学循环中的作用。（3）宏病毒组学分析发现马里亚纳海沟沉积物中存在至少15个科的海洋病毒。对主要的有尾噬菌体目（Caudovirales）病毒的进化分析，发现了两个马里亚纳海沟特异的肌尾

噬菌体科（Myoviridae）病毒进化分枝（MT clade I and II）和长尾噬菌体科（Siphoviridae）的病毒进化分枝（MT clade III）。这些病毒携带了大量的辅助代谢基因（auxiliary metabolic genes），发现这些基因具有调节病毒宿主碳水化合物代谢、氮和硫的代谢循环的作用。

此外，合作团队还利用24种不同类型微生物培养基，开展了马里亚纳海沟沉积物标本在不同条件下（4°C/28°C；有氧/厌氧）的大规模微生物培养分离，共分离到超过2000株极端生态环境的细菌和真菌，共鉴定了1070种细菌和19种真菌，发现了至少19个来源于马里亚纳海沟的细菌新物种和3个真菌新物种。高压培养测试证实了它们的耐压特性，它们为马里亚纳海沟沉积物的极端环境微生物生长、生理和代谢研究提供了重要的物质基础。

该研究工作获得了国家重点研发计划、国家自然科学基金和中科院战略性先导科技专项的支持。

论文链接


A
Chloroflexi
Actinobacteria
bacterium UBP7
Elusimicrobia
Ca.Omnitrophica
PVC group
Verrucomicrobia
Planctomycetes
Gemmatimonadetes
Ca.Latescibacteria
candidate division Zixibacteria
Ca. Marinimicrobia
Bacterium SM23_31
Calditrichaeota
Ignavibacteriae
Bacteroidetes
Ca.Dependentiae
Ca. Sumerlaeota
Acidobacteria
Nitrospirae
Nitrospinae
RBG-13-61-14
Ca.Dadabacteria
Deltaproteobacteria
SAR324
Myxococcota
Bdellovibrionota
Gammaproteobacteria
Alphaproteobacteria
Archaea
(TACK) Thaumarchaeota
(DPANN) Woesearchaeota
(DPANN) Ca. Diapherotrites
Ca. Doudnabacteria
Parcubacteria
Patescibacteria group
Bacteria
Tree scale: 0.1
B
CAYzme
Peptidase
Blastocladiomycetes
Zoopagomycetes
Dimargaritomycetes
Basidiobolomycetes
Neocallimastigomycetes
Monoblepharidomycetes
Chytridiomycetes
Mortierellomycetes
Mucoromycetes
Endogonomycetes
Glomeromycetes
Malasseziomycetes
Exobasidiomycetes
Mixiomycetes
Wallemiomycetes
Microbotryomycetes
Agaricomycetes
Tremellomycetes
Ustilaginomycetes
Orbiliomycetes
Sordariomycetes
Pezizomycetes
Leotiomycetes
Lecanoromycetes
Eurotiomycetes
Dothideomycetes
Saccharomycetes
Relative abundance (%)
AA
CBM
CE
GH
GT
PL
Aspartic
Cysteine
Metallo
Serine
Threonin
Mixed
C
Virus
Host
D
0.1 MPa
100 MPa
DIC
CW
DIC
CW
MT20_3 (Penicillium sp.)
MT19_20 (Oxyporaceae sp.)
MT19_18 (Aureobasidium sp.)

马里亚纳海沟深渊沉积物生态环境中：(A)26门178种细菌/古菌系统发育树；(B)真菌群落的物种丰度及其碳水化合物活性酶和肽酶家族基因分布；(C)深渊病毒-
宿主互作关联网络；(D)培养分离的耐压真菌

研究团队单位：分子植物科学卓越创新中心

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转发