
青岛能源所等基于大数据引擎绘制全球微生物组转化网络

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/14812.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！

在自然界的各种生态系统中，微生物以群落（即“微生物组”）的形式广泛存在并相互作用，从而深刻地塑造着地球生物圈的功能。然而，菌群多样性究竟是如何形成和演变的？它们在未来又可能发生什么样的变化？近日，中国科学院青岛生物能源与过程研究所单细胞中心提出了一种基于大数据搜索的理论模型，通过建立一个全球性的微生物组相互转化网络，从多个尺度探索不同生态系统之间菌群的内在关联与演化规律。相关研究成果以 *A Scale-Free, Fully Connected Global Transition Network Underlies Known Microbiome Diversity* 为题，发表于 *mSystems*（《美国微生物学会会刊》）。

人类和哺乳动物的演化历程可通过各种地质年代遗留下来的化石及其中蕴含的古DNA来揭示。但是在漫长的时光旅程中，各种生态系统中菌群演化与互作的痕迹往往已湮灭殆尽。因此，如何从全球尺度上重现与理解微生物组间的演化途径和互作过程，一直悬而未决。

针对上述关键问题，青岛能源所荆功超和青岛大学张玉凤等组成的研究小组提出了一个理论模型：微生物组可通过改变其内诸多物种的组合和数量比例等方式相互转化，以适应各种生存环境与选择压力。因此，微生物组的演化与互作等关系能够基于其结构相似性进行推测。

基于上述模型，研究人员运用前期开发的微生物组搜索引擎（MSE；<http://mse.ac.cn>），基于微生物组结构的相似性高低，构建了“微生物组相互转化网络”（Microbiome Transition Network; MTN）。该全局性网络的节点分别是177,022例菌群样本，包含了113亿条16SrRNA序列，来自从人体各个部位到环境中各种生境的20大类生态系统。

与现实中的一些网络（如因特网、金融系统网络、社会人际网络等）相似，MTN也是一种无标度网络（scale-free network）。此类网络的典型特征是，大部分节点只和很少的节点连接，只有极少的节点与非常多的节点连接。这种“枢纽”节点的存在，使此类网络对意外故障有强大的承受能力，面对协同性攻击时则显得脆弱。因此，MTN的无标度网络特性，为目前地球上微生物组多样性的成因与意义提供了一个新的理论视角与原理诠释。

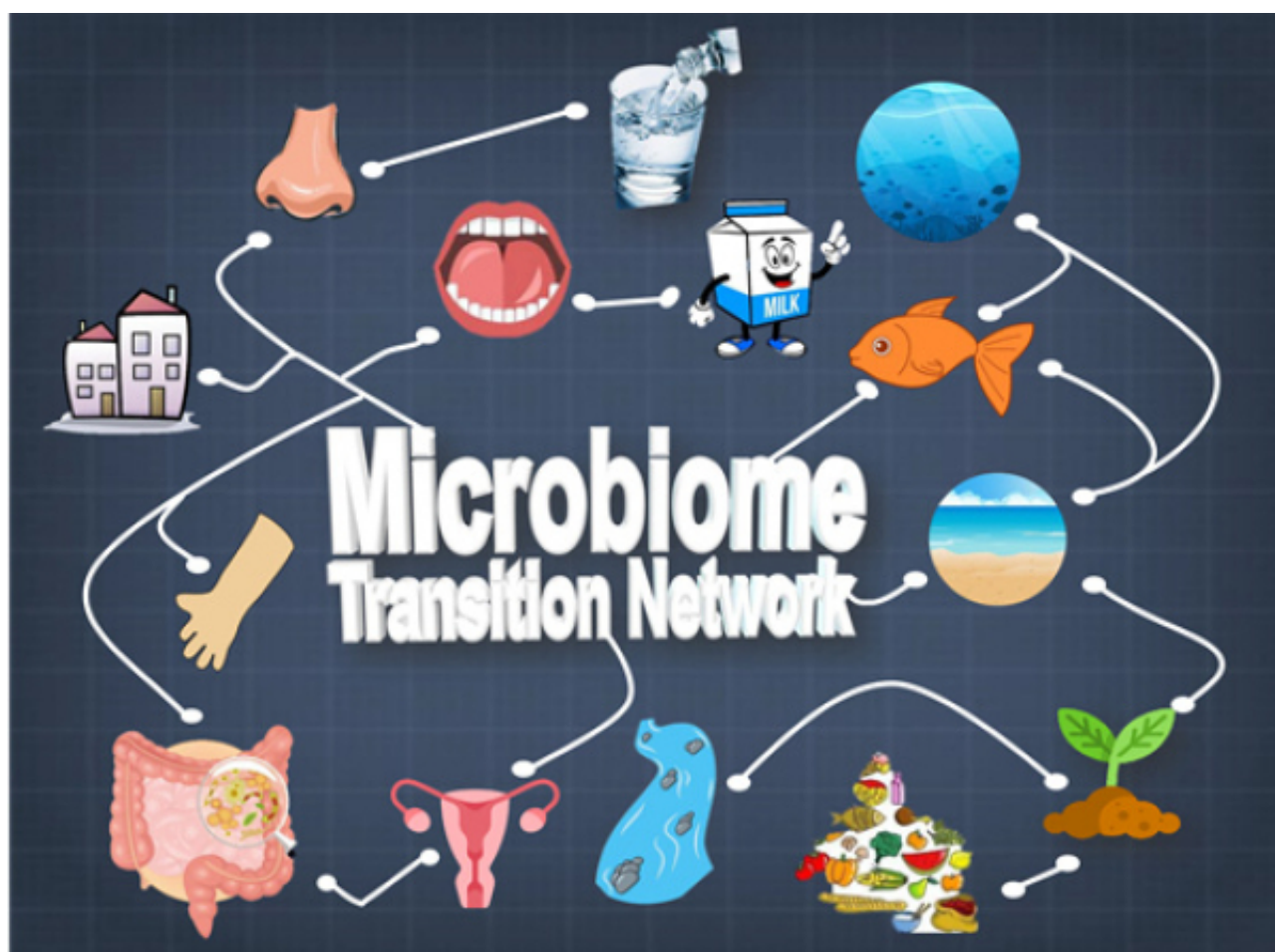
在MTN中，虽然微生物组的结构与其各自迥异的生态系统存在显著的关联性，但每个菌群与任一其他菌群之间平均只需要“七”步（即通过六个“亲戚”），便可实现相互转化。因此，微生物组在全球范围上具有其内在的同源性。该发现对重构历史上曾经存在过的微生物组或设计全新的菌群，具有指导意义。

进而，基于这一“全球微生物组社交网络”，研究人员绘制出了全球尺度、单个菌群精度的“微生物组相互转化路线图”，从而刻画了在不同生态系统内部与之间，每个微生物组最可能的演化途径和互作过程。例如，该路线图表明，海洋最可能与靠近海岸的沙子和鱼类等非哺乳动物交换菌群成分，沙土和淡水则是植物和人体与自然界进行菌群交换的“门户”。因此，这一路线图将成为研究微生态系统间互作机制的新工具。

随着全球环境的变化和人类文明的进程，每天有无数的菌群结构从地球上从此消失，同时也有无数的菌群结构浮现出来。尽管目前只有极少的一部分新出现的菌群能够通过元基因组测序等手段得以记录下来，但构建全局范围、动态更新的MTN仍具有挑战。得益于其长期的菌群数据积累和高效的计算比对能力，MSE能够在数小时内、在一台个人计算机上，针对新出现的菌群数据点进行MTN的全局更新。因此，运用MSE，研究人员将持续拓展和更新MTN，并开发出多尺度全方位的可视化系统，从而为微生物组的起源、演化与互作研究提供基于大数据的理论模型和计算工具。

该研究获得国家自然科学基金、中科院微生物组计划等的支持。

[论文链接](#)



全球微生物组转化网络

研究团队单位：青岛生物能源与过程研究所

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