中外科学家构建全球微生物基因目录

作者：writer 来源：爱科学

本文原地址：https://www.iikx.com/news/progress/16883.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！

中外科学家构建全球微生物基因目录。

复旦大学类脑研究院青年研究员路易斯·佩德罗·科埃略、教授赵兴明、名誉教授皮尔·伯克与来自德国、西班牙、美国、英国等多国科学家合作，基于全球微生物组的概念，将地球上不同栖息地的微生物作为统一系统，运用人工智能技术对1.3万个公开宏基因组样本进行挖掘，构建了迄今为止最全面的全球微生物基因目录，为全球微生物组研究迈出了重要一步。

12月16日，相关研究成果以长文形式发表于《自然》。

微生物在地球中无处不在，隐藏在人们的皮肤、肠道以及土壤、河流、海洋等环境中，构成一个个复杂的微生物组群落。传统微生物组研究按照人类微生物、海洋微生物等不同栖息地分别进行研究，无法在全球视野下描述不同栖息环境中微生物群落的相互关联。

基因目录对于描述微生物群落的物种组成和功能特性具有重要意义。自2010年欧洲分子生物学实验室和华大基因构建首个人类肠道微生物基因目录以来，新兴的微生物基因目录为研究人类生理学和疾病提供了重要线索。

这次构建的全球微生物基因目录涵盖了肠道、口腔、皮肤、海洋、土壤等14个微生物的主要栖息地，收集了13174个公开可用的高质量宏基因组和84029个高质量的基因组，得到了包含3.03亿个物种级的基因（95%的核酸一致性聚类），是迄今为止最全面的全球微生物基因目录，将为地球生态研究和人类健康研究提供重要贡献。

同时，研究人员发现，大多数基因都是栖息环境特异性的，这与微生物倾向于适应环境的特性是一致的；只有5.8%物种水平的单基因簇是多栖息环境基因，多栖息环境基因主要富集在抗生素耐

药性基因和移动遗传原件。

研究人员进一步研究了宏基因组中单基因簇的频率，发现大多数单基因簇是出现频率低于0.1%的罕见基因。单基因簇的频率服从中性（或接近中性）进化假设下的幂律分布。事实上，虽然观察到很多变异，但大多数变异并不是对环境的适应，而是由所谓的中性进化驱动：变异只是随机的结果，而不是达尔文选择。

研究人员表示，这些发现对于理解抗生素抗性的产生，以及未来抗菌药物的研发具有重要的意义。

据介绍，论文的第一作者和共同通讯作者科埃略于2018年全职加入复旦，此前专注于利用宏基因组及显微图像技术对微生物群体进行分析。

赵兴明表示，前沿科学越来越突破学科界限，需要全域视野和全球视野。本研究构建了一个全球视域下的微生物基因目录，对于理解微生物与人类健康的关系具有重要的作用。团队未来还将基于所开发的基因目录，进一步与国内外科研院所和临床医疗开展合作，探究微生物包括人体肠道微生物与人类生命大健康、大脑认知和行为等方面的影响。（来源：中国科学报黄辛）

相关论文信息：https://doi.org/10.1038/s41586-021-04233-4

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：赵兴明等 来源：《自然》

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