科学家在海洋中发现5500种RNA新病毒

作者：writer 来源：爱科学

本文原地址：https://www.iikx.com/news/progress/18031.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！

科学家在海洋中发现5500种RNA新病毒。



图片来源：YustynaOlha / stock.adobe.com

近日在线发表于《科学》的一项新研究显示，从世界各地收集的海水样本为人们提供了一个关于RNA病毒的新数据宝库，增加了生态学研究的可能性，重塑了人们对这些微小但重要的亚微观颗粒如何进化的理解。

将机器学习分析与传统发育树相结合，一个国际研究团队确定了5500个RNA病毒新物种，它们代表了所有已知的5个RNA病毒门，且至少需要5个新的RNA病毒门囊括它们。其中，最丰富的新发现物种属于研究人员拟命名的Taraviricota门。

论文主要作者、美国俄亥俄州立大学微生物学教授Matthew Sullivan表示：对我们的世界而言，RNA病毒显然很重要，但我们通常只研究其中一小部分——几百种危害人类、植物和动物的病毒。我们想在非常大的范围内系统地研究它们，探索一个尚未被深入研究过的环境。我们很幸运，

因为几乎每个物种都是新的。

整个海洋中都发现了Taraviricota门，表明它们在生态上很重要。Sullivan举例说。

微生物是地球上所有生命的重要组成部分，感染它们或与其相互作用的病毒对微生物功能有多种影响。这些病毒被认为有3个主要功能：杀死细胞，改变被感染细胞管理能量的方式，以及将基因从一个宿主转移到另一个宿主。

研究人员称，更多地了解海洋中病毒的多样性和丰度，将有助于解释海洋微生物在海洋适应气候变化中的作用。他们此前的研究表明，海洋病毒是生物泵的旋钮，影响着海洋中的碳储存方式。

长期以来，Sullivan团队一直对海洋中的DNA病毒物种进行分类，使其数量从2015年至2016年的几千种增加到2019年的20万种。该团队现在的工作主要集中在RNA病毒病原体分类上。

尽管研究团队发现了属于现有分类的数百种RNA病毒新物种，但他们的分析更发现了数千种以上的病毒无门无派，于是将它们归入5个新提出的门：Taraviricota、Pomiviricota、Paraxenoviricota、Wamoviricota和Arctiviricota。国际病毒分类委员会最近确认了5个门。

在此前的DNA病毒研究中，科学家使用病毒颗粒完成分析。而在目前检测RNA病毒的过程中，没有需要研究的病毒颗粒。相反，他们从漂浮在海上的生物体所表达的基因中提取序列，并将分析范围缩小到包含一种被称为RdRp的特征基因的RNA序列。该基因在RNA病毒中进化了数十亿年，而在其他病毒或细胞中不存在。

由于RdRp可以追溯到地球上首次发现生命之时，其序列位置已经多次偏离，这意味着传统的系统发育树不可能仅用序列描述。取而代之的是，该团队使用机器学习处理4.4万个新序列，并通过对已经识别的RNA病毒序列进行分类，准确验证了该方法。

我们必须以已知为基准研究未知。Sullivan表示，我们创造了一种可重复计算的方法，将这些序列对齐到我们更有把握的位置，从而准确地反映了进化。

利用三维序列结构和比对的进一步分析显示，5500个新物种不符合现有的5个RNA病毒门。论文第一作者之一、俄亥俄州立大学微生物学家Ahmed Zayed说：我们根据已知公认的基于系统发育的分类群对它们进行基准测试，发现我们的分类更丰富。

这些发现使研究人员不仅提出了5个新的RNA病毒门，而且提出了至少11个新的RNA病毒分类。

RdRp基因随时间分化的新数据，使我们更好地了解地球上的早期生命可能是如何进化的。所以我们不仅在追踪病毒的起源，也在追踪生命的起源。Zayed表示。（来源：中国科学报王方）

相关论文信息：https://doi.org/10.1126/science.abm5847

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：Matthew Sullivan 来源：《科学》

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