

---

# 我国科学家建立全球首个冰川微生物数据库

作者：writer 来源：爱科学

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/18981.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！*

我国科学家建立全球首个冰川微生物数据库。青藏高原被称为世界第三极和亚洲水塔。除南北极外，它是全球最大的冰川分布区，现有冰川2万条以上，面积超过2万平方公里，也是我国及亚洲20亿人赖以生存的十多条大江大河的源头。青藏高原冰川是微生物的天然存储器，封存了不同历史时期的微生物。

现在，中国科学家构建的全球首个青藏高原冰川微生物基因组及基因数据集（TG2G）正式出炉。这项被多位审稿人评价为高度创新的研究，北京时间6月27日晚发表于《自然—生物技术》。

这是兰州大学泛第三极环境中心、中国科学院青藏高原研究所及中国科学院微生物所、澳大利亚和丹麦合作团队的成果，其中汇聚了青藏高原21条冰川30个门类物种的2500余万条基因信息，并系统论述了青藏高原冰川微生物多样性和功能。

这是一项非常有意义的工作，填补了对冰川栖息地微生物群落测序知识的重大空白。地球微生物组计划负责人之一、美国能源部联合基因组研究所负责人Nikos Kyrpides作为该刊特邀评论员评价说。

## 首个冰川微生物数据银行

研究团队对青藏高原21条冰川85个宏基因组进行了测序和组装，获得了2358个宏基因组基因组，并将其与分离自青藏高原冰川的883株细菌培养株的基因组相结合，构建了青藏高原冰川微生物基因组和基因数据集TG2G。

TG2G含有3241个冰川细菌和古菌的基因组，这些微生物物种可划分为30个门、69个纲、12个目、22科、475属和968种。与极地海洋、地球微生物数据库和物种分类数据库中的基因组数据相比，其中88.3%~100%的青藏高原冰川微生物为潜在新种，它们以主要分布在单一冰川的特有种为主，具有较强的空间和生境特异性。

同时，TG2G数据集的基因数据包括冰川环境的25,320,330个不同基因，其中15,954个基因可能与次级代谢产物合成相关，只有8.4%存在于现有数据库中。这一发现证实了TG2G数据库包含了大量功能新颖的次级代谢产物。次级代谢产物，即不直接涉及到生命生长、发育或繁殖，但对生物之间的相互作用和环境适应性具有重要作用的有机化合物。

这是第一个详细的冰川生态系统基因组和基因目录。《自然—生物技术》编辑团队如是评价。该刊一位同行评议专家也指出，这项工作具有高度创新性，因为与冰川环境相关的微生物基因组信

---

息一直所知甚少。

## 认识冰川来客造福人类健康

尽管目前获取的冰川微生物基因组数量只有3241个，远低于肠道微生物数据量。论文编辑和审稿人却认为，在全球变暖和冰川微生物多样性丧失的情况下，这项研究有着巨大意义。

这些冰川来客蕴藏着丰富的造福人类的基因资源，其中不乏具有合成潜在抗生素或抗癌药物的化合物。

例如，萜类化合物作为一种次生代谢物被广泛应用于工业、医药卫生等方面，萜类合成相关基因是青藏高原基因组数据中多样性最高的次级代谢产物合成基因类型（26%），这可能与微生物合成色素以抵御紫外辐射、捕获光能等需求有关。

非核糖体多肽合成酶、聚酮合酶及非核糖体多肽合成酶-聚酮合酶复合蛋白编码基因的代谢产物则与抗生素合成有关，这些基因占有次级代谢产物合成相关基因多样性的21%，有待进一步挖掘。

另一方面，青藏高原冰川变形菌、厚壁菌和放线菌携带了生物膜合成、细胞运动及细胞毒素合成的相关基因，这是微生物适应冰川环境和微生物与捕食者相互作用机制的一部分。其中有14301个（占总数52%）潜在毒力因子与地球微生物组（GEM）数据库中存在的毒力因子具有显著的相似性，396个基因组中的潜在致病因子位于基因移动原件（如质粒和噬菌体）的操控之下。表明在冰川消融过程中，毒素基因有快速释放的可能性，其中部分毒力因子与人类和动植物接触时可能造成影响。相关风险有待对这些潜在致病微生物的丰度、致病风险及其与下游生态系统接触后的相互作用机制进行进一步的评估。

多位同行评议专家指出，无论是描述与次生代谢物生物合成有关的新基因，还是鉴定潜在的毒性相关基因，都证明了这一独特数据集的实用价值。这些数据均可为人们提供非常有用的资源，并且应该用于其他类型的分析。Kyrpides评价说。

该数据库已经在中国国家组学数据百科全书NODE平台将基因组和基因层面数据进行公开。有审稿人希望，该数据集同时向国际核苷酸数据库合作组织（INSDC）数据库开放。

## 认识是保护的第一步

TG2G数据集还建立了冰川环境微生物的数据处理与比较的标准化流程。这一数据处理流程，不仅适用青藏高原，也适用于有全球冰川，服务全球冰川微生物对比研究。用该基因集作为宏基因组测序组装模板时，可将平均序列组装比例从68%提高至85%，有效提高测序数据的利用率。

研究团队用TG2G的分析流程对北极、欧洲阿尔卑斯山脉冰川的微生物宏基因组数据进行比较研究，获得了代表215个新种的405个冰川微生物基因组。比较研究发现，青藏高原与其他地区冰川微生物群落组成具有显著差异，北极和青藏高原冰川藻类（绿藻和红藻）相对丰度类似，但均显著低于阿尔卑斯地区冰川。

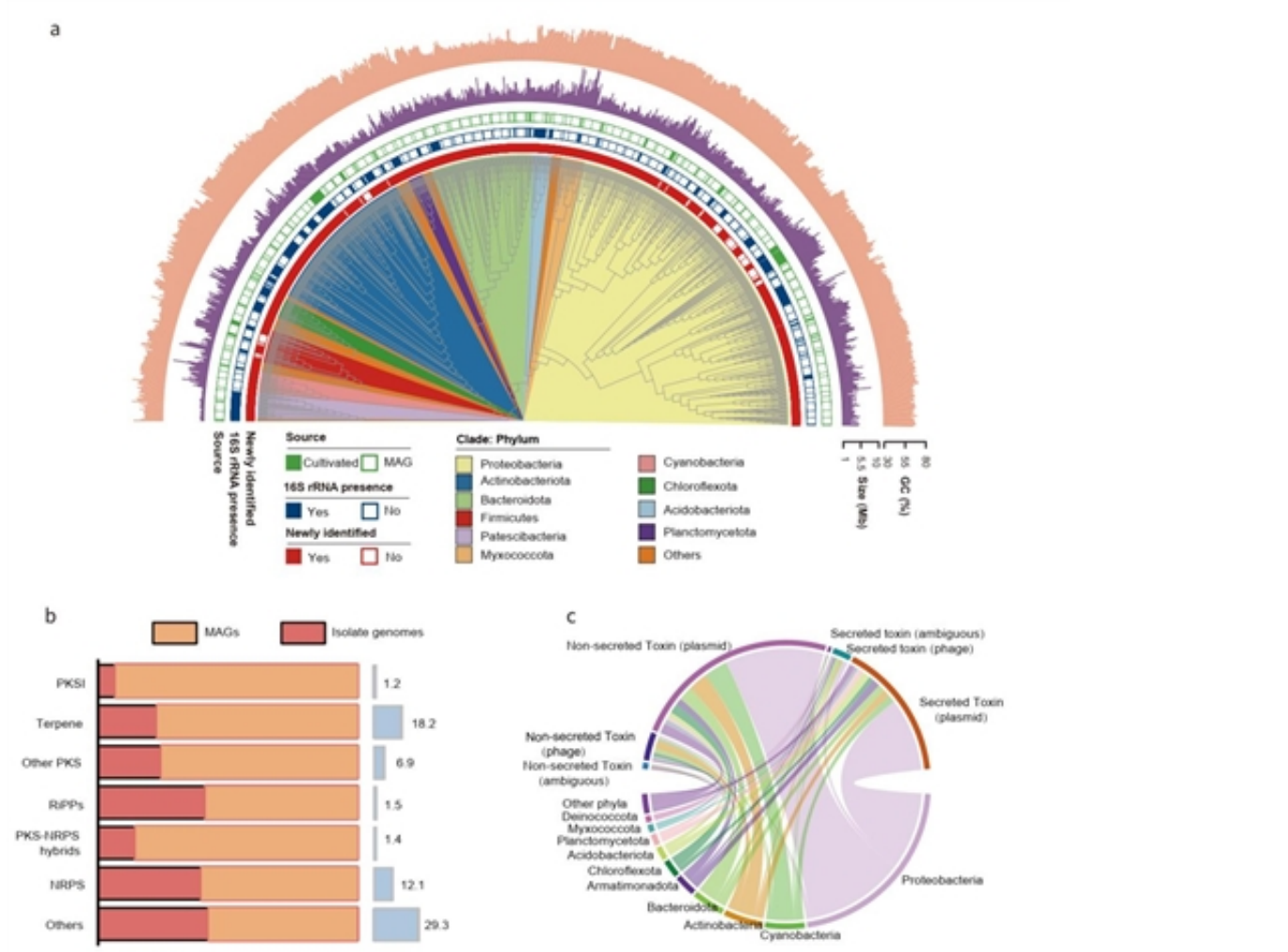
研究团队还发现，对于细菌群落，空间距离导致的群落扩散限制的影响大于冰川不同生境差异的影响。但在功能层面，冰川生境差异的影响大于扩散限制的影响，其中冰尘生境富集了核酸与脂

类代谢合成的相关基因，而雪冰生境微生物则具有更多与次级代谢产物合成及辅酶合成相关基因，这可能由不同生境的环境选择压力差异驱动。

在全球冰川快速退缩的背景下，在基因组和基因水平上建立一个存档、分析和比较冰川微生物的平台意义重大。由于环境中可被常规方法培养的微生物比例极低（在0.1%-0.01%之间），基因组序列数字保存将是保护生物多样性的一种方法。也将可获得冰川微生物对气候环境的响应信息，发掘它们对冰川环境的适应机制，以更好的保护和利用冰川微生物资源。

数据库将有助于开发在低温条件下具有较高的催化效率，高温时却能快速失活的嗜冷酶产品；明确青藏高原冰川中蕴藏的潜在致病微生物类群，评估其随冰川融水向下游释放的生态风险；了解它们对冰川碳氮循环过程的驱动作用，发挥青藏高原的生态安全屏障作用；揭示适应低温强紫外环境的独特微生物类群及其环境适应机制，为地外生命探索提供线索。

TG2G数据集是理解冰川生态系统微生物适应机制、碳氮循环过程、生物资源开发和对下游生态影响评估的第一步，更深入的研究将评估气候变化对青藏高原碳通量的影响提供理论依据，进一步增强青藏高原的生态屏障作用。



---

### 青藏高原冰川微生物基因集概况

a.获得的宏基因组基因组(MAG)和纯菌基因组的物种分类和进化关系； b. 基因集中的次级代谢产物合成相关基因的分类及其比例； c. 基因集中的移动原件与毒素基因的关联 图片来自作者

该研究由兰州大学泛第三极环境中心、中科院青藏高原研究所、中科院微生物所以及澳大利亚昆士兰大学和丹麦奥胡斯大学共同参与。研究获得第二次青藏高原综合科学考察研究、国家自然科学基金委水圈重大研究计划等项目资助。（来源：中国科学报冯丽妃）

相关论文信息：<https://doi.org/10.1038/s41587-022-01367-2>

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：Yongqin Liu等 来源：《自然—生物技术》

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