
野生动物肠道噬菌体群落对于食性变化获揭示

作者：writer 来源：科学网

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/26547.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！

野生动物肠道噬菌体群落对于食性变化获揭示。濒危野生动物如何适应食性的季节性变化，直接关乎其在野外的生存，进而影响生物多样性的保护。近日，中山大学生命科学学院教授范鹏飞和黄立南团队研究揭示了天行长臂猿肠道噬菌体群落对食性季节性变化的适应机制。相关成果发表于《自然-通讯》。

论文共同通讯作者范鹏飞表示，天行长臂猿是由我国科学家命名的唯一一种类人猿，属于国家一级保护动物，世界自然保护联盟濒危物种红色名录将其列为濒危物种，在我国境内仅分布于云南省怒江以西的高黎贡山地区，种群数量不足200只。其分布区位于全球长臂猿分布的北缘，而且生活在海拔1600至2500米的高海拔森林中，其食性具有典型的季节性变化，在果实匮乏的季节取食大量的叶（果食季和叶食季）。但是，长臂猿是典型的果食性动物，其消化系统（包括牙齿和消化道特征）似乎无法适应高纤维食物。

范鹏飞团队长期从事我国长臂猿的研究与保护工作，黄立南团队长期从事微生物生态与进化研究。之前两个团队合作研究发现，天行长臂猿肠道中原核微生物的季节性变化有助于天行长臂猿适应高食叶比例。然而，作为肠道微生物群落中的重要组成部分，肠道噬菌体群落对于天行长臂猿食性季节性变化的适应机制还不清楚。

论文独立第一作者、中山大学生命科学学院特聘副研究员高少明表示，噬菌体是一种专性寄生的生物，因此其在细菌的细胞内外均有存在。研究人员采用了病毒宏基因组和总宏基因组两种方法来收集肠道中噬菌体的DNA，并首次证明，在肠道中，这两种宏基因组对于噬菌体DNA的富集具有互补性，前者偏向于富集裂解型噬菌体的DNA，而后者偏向于富集温和型噬菌体的DNA。

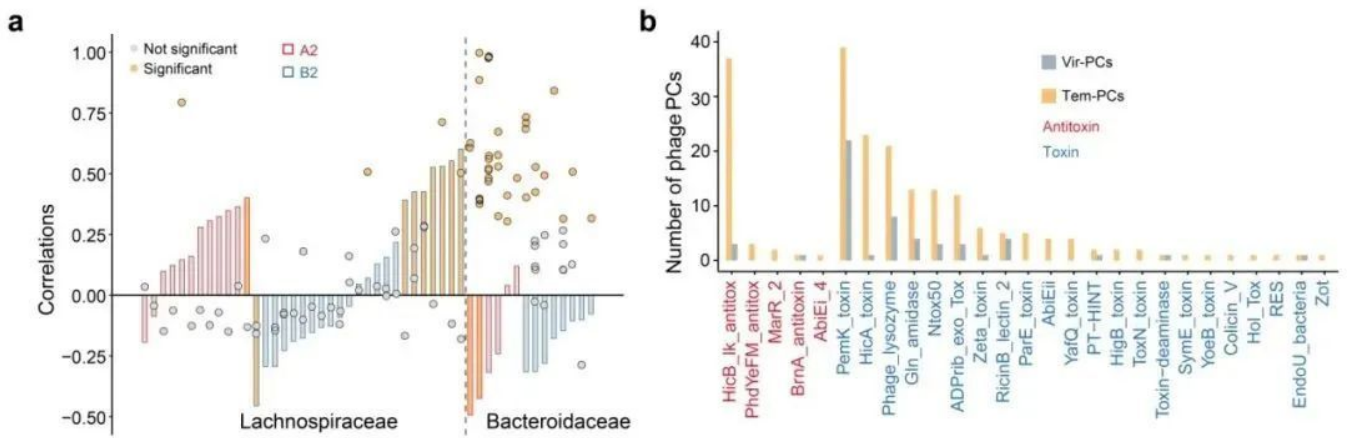
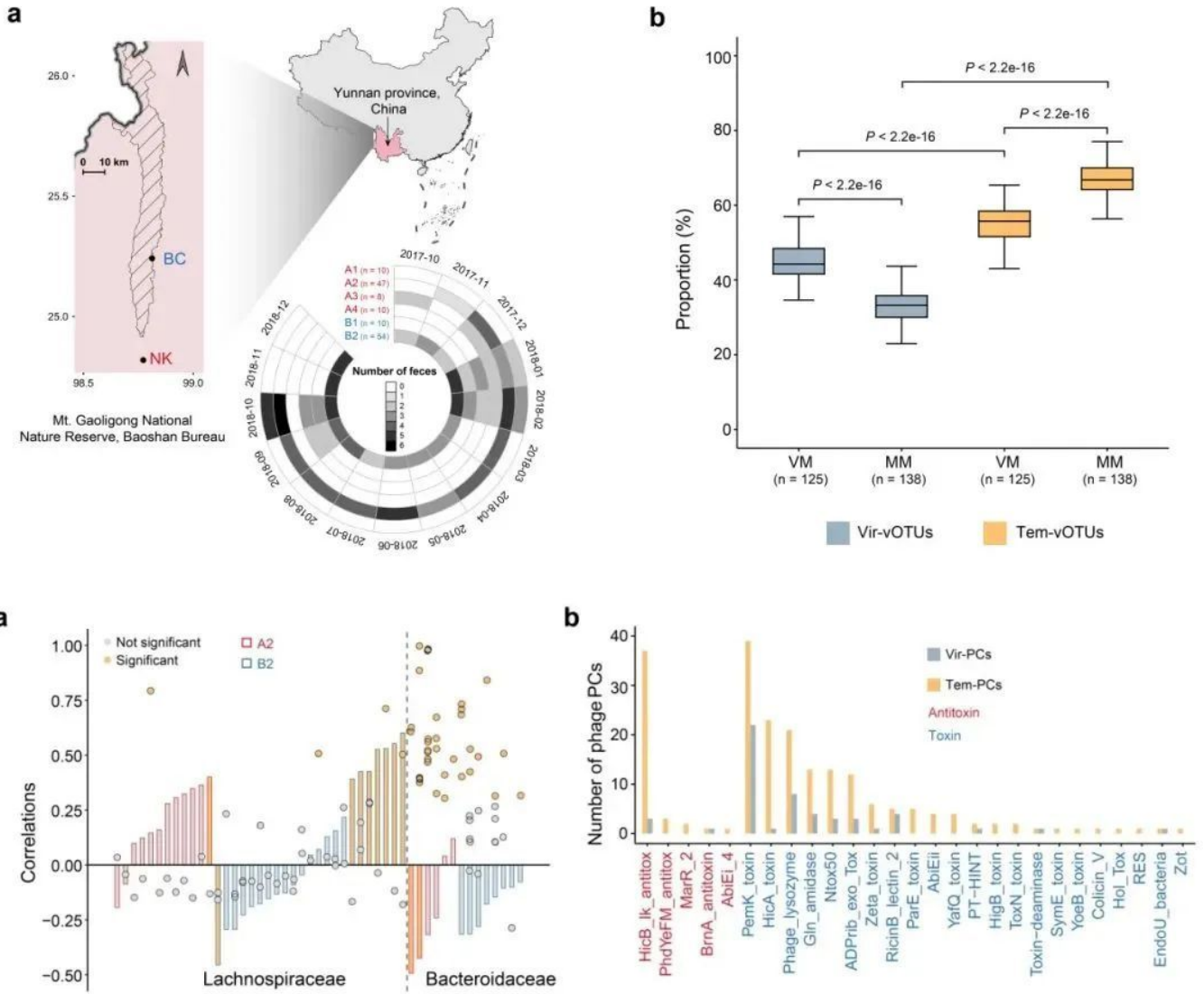
基于以上结果，研究人员分别使用病毒宏基因组和总宏基因组探究了裂解型噬菌体和温和型噬菌体的群落动态。结果发现，在长臂猿肠道中，对于高食叶比例进行响应的噬菌体类群主要是寄生在毛螺菌科微生物（与纤维素代谢功能有关）的裂解型噬菌体，其只会部分杀死宿主；而对于高食果比例进行响应的噬菌体类群主要是寄生于拟杆菌科微生物（与多糖水解发酵功能有关）的温和型噬菌体，其随宿主进行复制。

对两种生活方式的噬菌体的功能进一步研究发现，相比于裂解型噬菌体，温和型噬菌体与原核微生物宿主间存在着更为广泛的水平基因转移，并且在天行长臂猿的高食叶期，温和型噬菌体会显著富集一些与原核微生物宿主适合度有关的毒性-抗毒性（TA）基因。

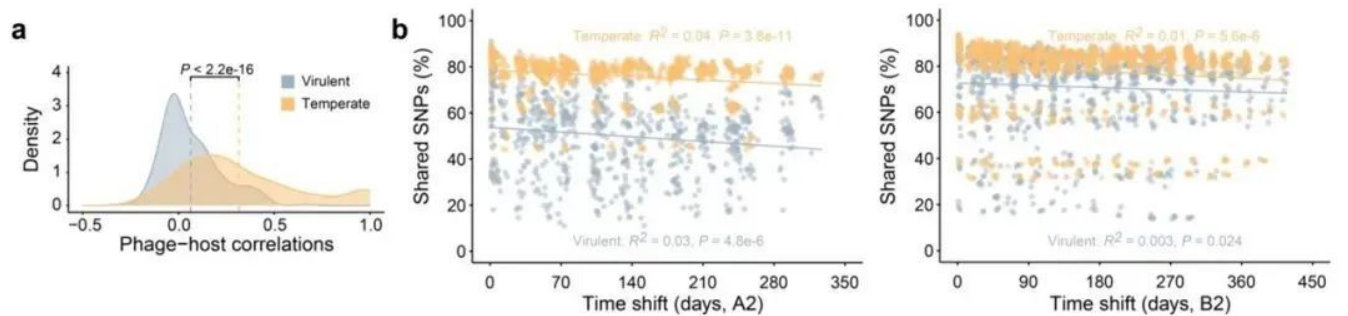
为了进一步探究两种噬菌体的生态动力学背后的进化机制，我们分析了裂解型噬菌体和温和型噬菌体与微生物宿主的互作模式。论文共同通讯作者黄立南表示，该研究首次揭示了野生动物的肠

道噬菌体群落对于食性变化的适应机制，并解析了天行长臂猿肠道中噬菌体-原核微生物相互作用及其生态-进化模式。（来源：中国科学报 朱汉斌）

相关论文信息：<https://doi.org/10.1038/s41467-024-45663-8>



天行长臂猿肠道噬菌体类群和功能对于食性的响应。



肠道噬菌体群落的生态-进化关联。本文图片由受访者供图

作者：范鹏飞等 来源：《自然—通讯》

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](http://www.iikx.com)转发