

---

# 科学家开发出物种-代谢双靶向的微生物细胞及酶资源挖掘新技术

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/31618.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！*

科学家开发出物种-代谢双靶向的微生物细胞及酶资源挖掘新技术。

微生物及其合成的各种酶支撑着生物圈中较多关键的生态过程。在环境中高效识别与挖掘具有特定原位代谢功能的细胞和酶是微生物组科学与产业的热点。

近日，中国科学院青岛生物能源与过程研究所联合自然资源部第一海洋研究所、山东大学等，开发了荧光原位杂交介导的拉曼激活单细胞分选与测序（FISH-scRACS-seq）技术。该技术能够“物种-

代谢”双靶向性在环境样品中直接识别和挖掘功能单细胞及其编码的酶资源。研究利用这一技术，识别和分选出海洋中活跃降解环烷烃的

-变形菌

，进而通过其

单细胞全基因组序列发现了一

类在全球低温海洋中降解环烷烃的P450酶。FISH-scRACS-seq技术

能够在全生态系统范围，以单个菌体的精度，建立生态过程特征、细胞原位代谢能力、全基因组序列、代谢途径、酶催化功能五个生命尺度之间的关联机制，为微生物及其酶资源的发现和挖掘开辟了新的技术路线。相关研究成果发表在《创新》（The Innovation）上。

该研究开发出“双管齐下”的FISH-scRACS-seq技术。这一技术利用荧光原位杂交，基于荧光标记的物种靶向性DNA序列杂交探针，识别出菌群中目标物种的微生物细胞。在此基础上，研究通过单细胞拉曼光谱表征这些目标物种细胞的原位代谢功能，进而“物种-代谢”双靶向、一一对应地分选出目标物种和目标代谢功能的单细胞并测定其全基因组序列，解析其代谢机制并获取基因组上编码的功能元件。

该研究通过纯培养混菌体系和复杂土壤菌群，验证了FISH-scRACS-seq技术的特异性和灵敏度。研究显示，经荧光原位杂交和单细胞拉曼信号采集、双靶向分选出的目标功能单细胞，其基因组覆盖度最高可达99.14%。这样高覆盖度对该基因组穷尽式挖掘，能够解释和支撑这一细胞原位代谢功能的酶基因或调控元件的重要性。

进一步，该研究从渤海天然气凝析油田附近的海水出发，针对-变形菌的基因组设计了FISH探针。同时，研究通过环己烷饲喂耦合重水代谢示踪、荧光成像、拉曼成像和单细胞拉曼分选，测定并分选出展现原位降解环己烷代谢能力的-变形菌细胞，解析其单细胞基因组。同时，研究

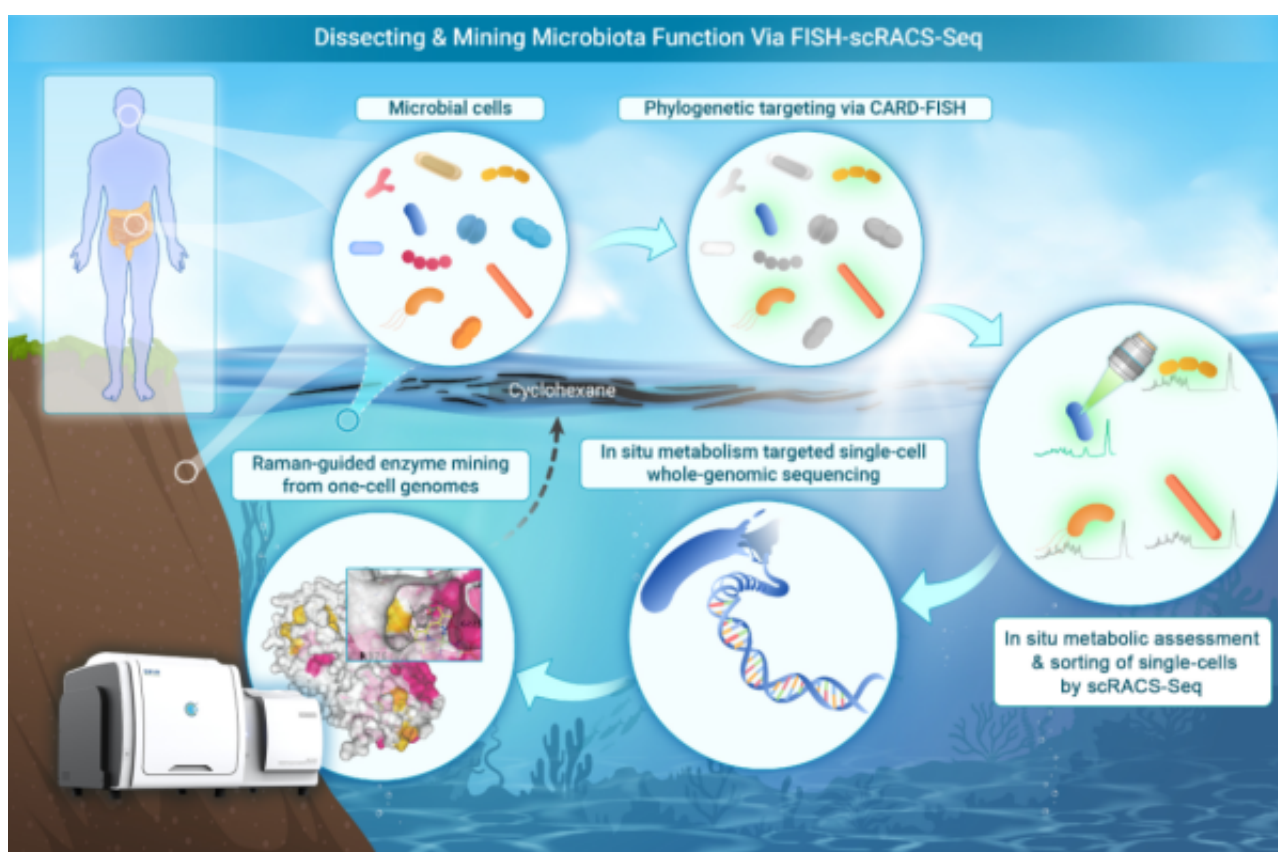
发现了原位高效降解环己烷的假交替单胞菌。这是首次发现假交替单胞菌具有降解环己烷“超能力”。

基因组分析表明，这种假交替单胞菌利用新型细胞色素P450酶系统（ $P450_{PsFu}$ ）来降解环己烷分子。体外酶活实验和气相色谱-质谱分析显示，该酶系统能够在体外将环己烷（有生物毒性）转化为环己醇（无生物毒性）。这是环烷烃降解的第一步也是限速步骤。 $P450_{PsFu}$ 是未知的且具有降解环己烷催化活性的P450酶。这类酶在全球海洋微生物组中虽然少见、相对含量很低，却具全球分布特征且多出现在极地等低温海域。

这些原位降解环烷烃的微生物与酶的发现，拓展了低温海洋生态系统中环烷烃降解的认知视角，为烃类污染海洋环境的生物修复提供了新资源。这表明，FISH-scRACS-seq技术与上游微生物组关联分析结合，为建立生态过程特征到细胞与酶的催化功能之间的关联机制，提供了有共性应用价值的解决方案。

研究工作得到国家重点研发计划和国家自然科学基金等的支持。

### [论文链接](#)



利用FISH-scRACS-Seq技术剖析并挖掘微生物组功能

---

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](http://www.iikx.com)转发