
科学家绘制青藏高原湖泊微生物基因图谱并揭示群落耐盐机制

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/36877.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！

科学家绘制青藏高原湖泊微生物基因图谱并揭示群落耐盐机制

。青藏高原被誉为“世界屋脊”和地球“第三极”，是亚洲主要水系的发源地，其高海拔、强紫外、低氧及多变盐度等极端环境条件，使其成为研究生命适应与演化的天然实验室。因此，解析该区域极端环境微生物的多样性与适应性机制，对揭示生命在极端条件下的演化规律、发掘特殊基因和功能元件具有重要科学价值与应用前景。近日，中国科学院微生物研究所研究团队，绘制了青藏高原湖泊沉积物微生物的基因图谱，并揭示了其耐盐机制。

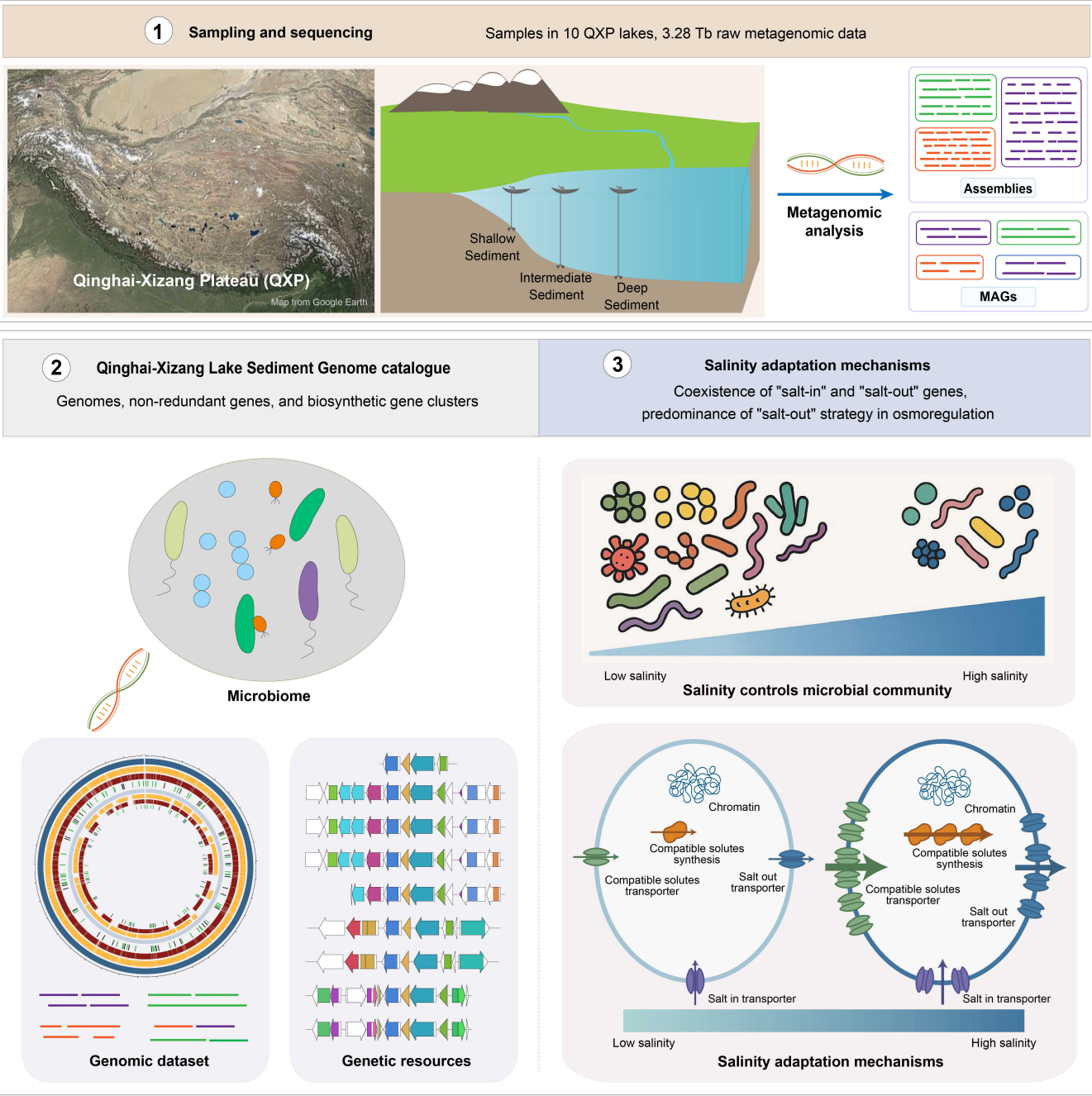
研究团队通过对青藏高原海拔4300米至4800米、盐度0.12%至16.5%的10个典型湖泊的沉积物进行深度宏基因组测序和分析，构建了首个青藏高原湖泊沉积物基因组目录。该目录包含5866个宏基因组组装基因组（MAGs）、5816万条非冗余基因和1.9万个生物合成基因簇（BGC）。其中，约81%的基因为青藏高原首次发现，27.8%是功能未知的新基因。同时，青藏高原湖泊沉积物基因组目录中超80%的物种为全球首次报道，87%的物种为青藏高原首次发现，凸显了高原湖泊丰富的微生物物种与遗传资源，拓展了全球微生物资源数据库。

进一步分析表明，盐度是驱动该区域微生物群落构建的关键环境因子，大多数微生物并非被动耐受高盐环境，而是通过采取主动“排盐”策略，同步积累甘氨酸甜菜碱等相容性溶质，以维持细胞渗透平衡。

该研究揭示了青藏高原湖泊中蕴含的丰富微生物物种和基因多样性，为学界从群落水平理解微生物的高盐适应机制提供了新视角，并为相关领域从这类特殊环境中发掘具有工业、医药价值的新型酶、抗生素，及其他新生命元件提供了重要基因资源和数据支撑。

相关研究成果发表在《细胞报告》（*Cell Reports*）上。研究工作得到中国科学院的支持。

[论文链接](#)



青藏高原湖泊沉积物基因组目录和微生物盐适应机制

研究团队单位：微生物研究所

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](https://www.iikx.com)转发