

# 南京土壤所揭示氨氧化古菌的环境地球适应机制

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/6622.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！**

南京土壤所揭示氨氧化古菌的环境地球适应机制。45亿年的地球演化，产生了酸性土壤、海斗深渊等截然不同的极端环境和宜居生境，但微生物如何适应环境胁迫并实现全球扩散，一直是研究的热点和难点。最近，中国科学院南京土壤研究所贾仲君团队经过8年努力，联合国内外同行，发现能量中心ATPase基因水平转移是古菌AOA适应酸性胁迫和深海高压的遗传新机制，研究成果最近在国际期刊The ISME Journal上发表。

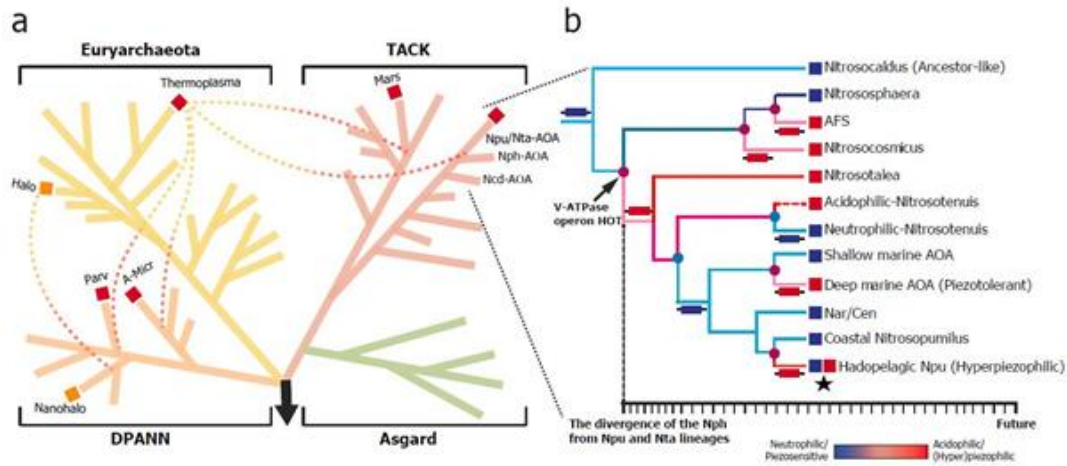
据估算，全球30%以上的陆地表层土壤偏酸性( $\text{pH} < 5.5$ )，但古菌AOA的嗜酸机制一直是研究难点。主要原因是：(1)土壤形成需要至少上万年，地质时间尺度下的嗜酸古菌AOA发育不可重复、无法模拟、很难验证；(2)古菌AOA生长缓慢，很难用传统培养方法研究。针对这些难点，贾仲君研究团队开发了系统发育宏基因组技术，突破了古菌AOA氨单加氧酶的传统研究思维，聚焦于普适性的能量货币ATP合成基因；构建了古菌的地质历史系统发育图谱，提出了V-型ATPase基因水平转移的古菌嗜酸耐压新机制。首先，利用高度灵敏的 $^{13}\text{C}$ 和 $^{15}\text{N}$ 同位素示踪技术，克服了古菌难培养的难题，在复杂土壤中清楚表征了古菌AOA的嗜酸生长特点，获得了高度富集的AOA古菌 $^{13}\text{C}$ -DNA；通过整合PacBio单分子长片段和illumina高通量测序优势，重构了三个不同生态型的酸性土壤古菌AOA基因组MAG；进一步利用系统发育组学技术，结合蛋白结构的计算模拟，发现所有酸性土壤AOA仅含V-型ATPase基因簇，而所有中性和碱性土壤AOA仅含A-型ATPase。在此基础上完成了遗传功能的异源验证，发现导入V-型atp操纵子(8623bp)后，大肠杆菌(*E. coli*)能够更好适应酸性胁迫生长。这些结果清楚说明，V-型ATPase是古菌AOA适应酸性胁迫的关键模块。

同时发现，所有浅海AOA仅含A-型ATPase，而深海AOA均含V-型ATPase，纯培养研究则表明A-型ATPase不具有耐压功能；进一步分析四个超级门208个古菌物种分布的基因组规律(TACK、DPA NN、Asgard和Euryarchaeota)，发现系统发育单支源底部的Thermoplasmatales 广古菌ATPase基因簇两侧含有横向基因侧移的特征转移酶和内切酶，在大约7~11亿年前，极可能将V-型ATPase基因水平转移至古菌AOA，导致其获得耐高压的生理功能。此外，也发现V型ATPase可能是古菌嗜盐厌氧的重要基础，为重构古菌生理的地球演化历史提供了新思路。

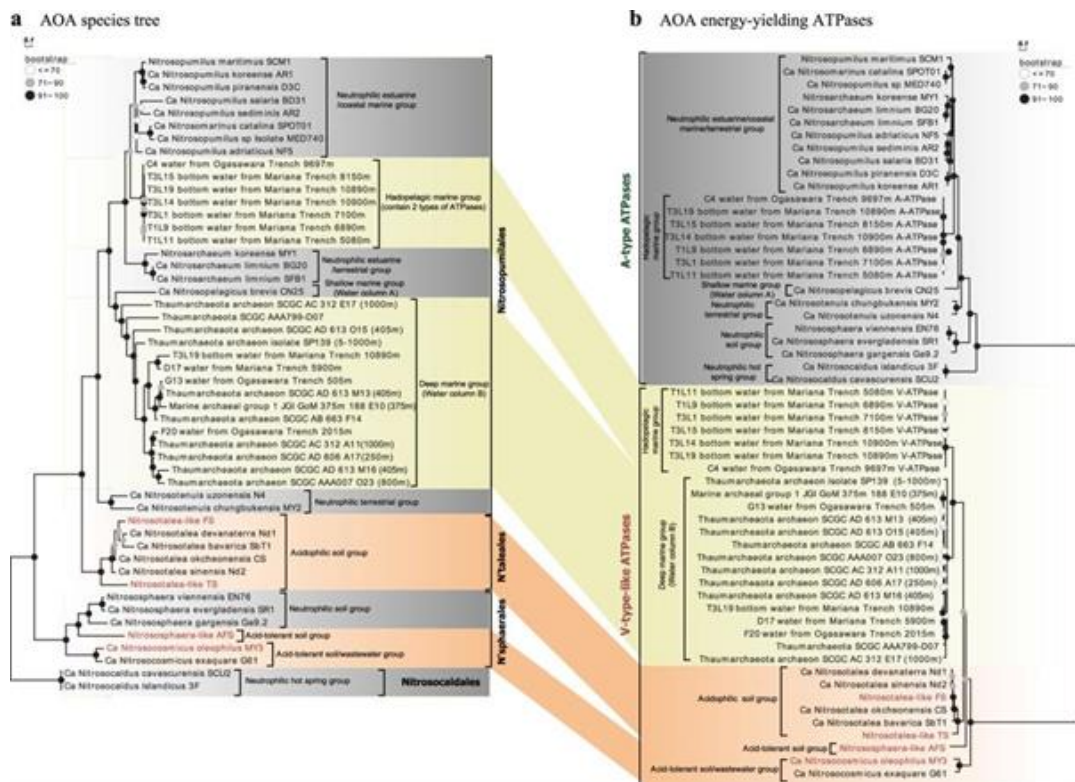
这一发现为地质时间尺度下古菌AOA的全球分布及扩散提供了遗传代谢新机制。中性土壤中的古菌AOA，通过基因水平转移获得V型ATPase即可成功定居于酸性环境，而浅海AOA则获得耐高压能力并栖息于海斗深渊。研究工作得到编辑的好评，应邀撰写了behind the paper亮点并发表在Nature research 微生物专栏。

该工作与4个国家15个科研机构的同行合作完成，特别得到了中科院微生物研究所研究员黄力、南京农业大学教授闫新、深圳大学高等研究院教授李猛、美国华盛顿大学教授David

Stahl和维也纳大学教授Michael Wagner团队等相关领域专家，以及PacBio单分子测序公司和美吉生物公司的支持。南京土壤所博士王保战、华盛顿大学博士秦玮、美吉生物博士任一为论文第一作者，贾仲君为通讯作者。研究工作得到中国国家基金委面上项目、水圈重点项目、中科院青促会和先导专项B以及美国国家基金委和能源部等的资助。



土壤和海洋古菌AOA及四个超级门嗜酸耐压环境适应机制及其地球进化示意图



土壤和海洋古菌AOA的物种系统进化关系及其与ATPase基因的关联分析

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