

· 重大研究计划专题:水圈微生物驱动地球元素循环的机制 ·

海洋病毒多样性及生态功能

郑小伟 黄力*

(中国科学院微生物研究所 微生物资源前期开发国家重点实验室,北京 100101)

[摘要] 海洋病毒数量巨大、多样性丰富,在生态系统调节和生物地球化学元素循环中发挥关键作用,已经成为海洋研究的热点。本文简述海洋病毒研究的进展,提出需要关注的研究方向。

[关键词] 海洋病毒;多样性;生态功能;研究方向

10^{31} ,这是目前对于地球上数量最大的生物体——病毒数量的估计^[1-3]。病毒是进行严格寄生活的非细胞生物体,作为人、动植物的致病因子以及细菌噬菌体,病毒早已为人们所熟知。但近三十年来,随着采样手段的进步,高通量测序技术及生物信息学的飞速发展,人们在海洋、热泉、盐湖、极地等各种自然环境(包括极端环境)中发现了数量巨大、多样性丰富的病毒。占地球表面积 71% 的海洋是蕴含病毒最多的生境,据估计,仅海底沉积物中的病毒就占到了地球病毒数量的 87%^[3]。从数量上看,海洋病毒是海洋细胞微生物的 10 倍左右。除了数量巨大,病毒还表现出极为丰富的多样性。病毒的分离培养依赖于其宿主纯培养的获得,由于绝大多数微生物尚不能培养,因此,已培养的病毒种类可能不到全球病毒种类的 1%。在不多的可培养病毒中,已经发现了多种多样的可反映其进化关系的病毒形态。例如,仅有较少研究的古菌病毒,就包含了目前所有已知病毒的形态。除了常见的球状、丝状、头尾状等,古菌病毒还具有瓶状、纺锤状、液滴状、螺旋管状等至今仅见于古菌病毒的形态^[4,5]。对海洋病毒多样性的认识更多地来自于对环境样品的元病毒组学调查。通过分析近期两次国际大洋考察(Tara Oceans and Malaspina research expeditions)所获得的元病毒组数据,Roux 等^[6]在全球大洋水体样品中发现了 15 222 个病毒种群(populations),共 867 个病毒簇(大约相当于属)。而这些数字还没有包括病毒丰度最高的海底沉积物中的病毒。特别值

得注意的是,来自环境的病毒元基因组中,多达 60%—99% 的序列无法与现有病毒数据匹配^[7-9]。有人估计,地球上病毒的种类可能多达 10^8 ^[10]。

在地球上,一半以上的原核生物生活在海洋中,它们产生人类呼吸所需氧气的一半,固定人类生命活动及生产活动所产生二氧化碳的一半,固定的氮占全球自然固氮总量的三分之二,还贡献空气中 30% 的氧化亚氮和几乎全部的二甲基亚砜(Dimethyl sulfoxide, DMSO),因此,海洋细胞微生物是地球重要元素循环的主要驱动者,是维持地球生态系统健康的隐形巨人^[9,11,12]。但海洋细胞微生物及其活动在很大程度上受到海洋病毒的影响。通过感染宿主,病毒可以间接调控地球上的元素循环。研究表明,海洋病毒主要通过三种方式影响微生物群落结构,进而影响其生物地球化学作用。第一,病毒可以裂解宿主细胞,释放有机物,使之再被利用。据估计,在表层海水中,每天有 20%—40% 的细菌细胞被病毒裂解^[13,14],全球病毒裂解释放的有机碳每年达到 $3.7-5 \times 10^7$ 吨^[15],成为异养微生物有机碳的重要来源。第二,病毒可携带辅助代谢基因(Auxiliary Metabolic Genes, AMGs),感染宿主细胞后,重构宿主代谢途径,改变宿主的生态学功能。蓝藻病毒 S-PM2 基因组中存在编码光系统 II (PSII) 中的两个蛋白的编码基因 *psbA* 和 *psbD*,感染宿主后,可使宿主耐受更强的光照^[16-18]。有人发现,太平洋病毒元基因组中存在编码磷酸戊糖途径、酮糖酸途径、3-羟基丙酸循环中几乎所有步骤的基因,这可能有

收稿日期:2018-05-02;修回日期:2018-05-08

* 通信作者,Email:huangl@sun.im.ac.cn

利于宿主适应寡营养环境^[19]。第三,作为水平基因转移的载体,病毒参与推动宿主微生物的演化。病毒可以通过水平基因转移,从宿主获取基因(如:AMGs),再通过水平基因转移,传递给其他宿主,增强宿主的环境适应能力。在更大的尺度,由于病毒携带大量基因,包括功能未知基因,因此是巨大的基因元件库,其所蕴含的丰富的遗传多样性对于物种进化可能具有重要意义,而从开发利用的角度,病毒无疑是巨大的资源宝库。

近年来,海洋病毒研究进展神速,但依然处于早期,现有知识多源自海洋环境样品病毒元基因组序列分析。受制于采样手段与研究方法,对于海洋病毒的多样性、生物学特点和生态学功能等问题,了解依然不多。而对深海病毒、特别是深部生物圈中的病毒的认识则刚刚开始。因此,在海洋病毒研究方面,需要考虑开展如下工作。第一,加大力度,分离深海以及海底以下深部生物圈的病毒,建立病毒—宿主系统,开展病毒生物学,包括病毒与宿主相互作用的基础研究,解析病毒基因的功能,认识病毒所蕴含的遗传与代谢多样性及在物种演化中的作用;第二,发展和运用新技术手段,获取深部生物圈样品,分析病毒丰度及多样性,完善对海洋病毒圈的认识;第三,探讨海洋病毒对于海洋细胞微生物群落结构的影响,进而研究病毒在生物地球化学循环中的作用以及对于环境变化的响应。

目前,海洋病毒的研究方兴未艾,展现出大尺度考察取样、大数据共享分析、新技术广泛运用、多学科交叉融合等特点。毋庸置疑,这一研究将大大拓宽甚至颠覆人们对海洋病毒圈的认识,进一步揭示病毒在地球生态系统中的巨大作用。

参 考 文 献

- [1] Rastrojo A, Alcamí A. Aquatic viral metagenomics: Lights and shadows. *Virus Research*, 2017, 239: 87—96.
- [2] Parikka KJ, Le Romancer M, Wauters N, et al. Deciphering the virus-to-prokaryote ratio (VPR): insights into virus-host relationships in a variety of ecosystems. *Biological Reviews of the Cambridge Philosophical Society*, 2017, 92(2): 1081—1100.
- [3] Guemes AGC, Youle M, Cantu VA, et al. Viruses as Winners in the Game of Life. *Annual Review of Virology*, 2016, 3: 197—214.
- [4] Krupovic M, Cvirkaite-Krupdovic V, Iranzo J, et al. Viruses of archaea: Structural, functional, environmental and evolutionary genomics. *Virus Research*, 2018, 244: 181—193.
- [5] Prangishvili D, Bamford DH, Forterre P, et al. The enigmatic archaeal virosphere. *Nature Reviews Microbiology*, 2017, 15(12): 724—739.
- [6] Roux S, Brum JR, Dutilh BE, et al. Ecogenomics and potential biogeochemical impacts of globally abundant ocean viruses. *Nature*, 2016, 537(7622): 689—693.
- [7] Watkins SC, Kuehnle N, Ruggeri CA, et al. Assessment of a metaviromic dataset generated from nearshore Lake Michigan. *Marine and Freshwater Research*, 2016, 67(11): 1700—1708.
- [8] Hurwitz BL, Sullivan MB. The Pacific Ocean virome (POV): a marine viral metagenomic dataset and associated protein clusters for quantitative viral ecology. *PloS One*, 2013, 8(2): e57355.
- [9] Brum JR, Sullivan MB. Rising to the challenge: accelerated pace of discovery transforms marine virology. *Nature Reviews Microbiology*, 2015, 13(3): 147—159.
- [10] Rohwer F. Global phage diversity. *Cell*, 2003, 113(2): 141.
- [11] Falkowski PG, Fenchel T, Delong EF. The microbial engines that drive Earth's biogeochemical cycles. *Science*, 2008, 320(5879): 1034—1039.
- [12] Motlagh AM, Bhattacharjee AS, Coutinho FH, et al. Insights of phage-host interaction in hypersaline ecosystem through metagenomics analyses. *Frontiers in Microbiology*, 2017, 8: 352.
- [13] Fuhrman JA, Noble RT. Viruses and protists cause similar bacterial mortality in coastal seawater. *Limnology and Oceanography*, 1995, 40(7): 1236—1242.
- [14] Proctor LM, Fuhrman JA. Viral Mortality of Marine-Bacteria and Cyanobacteria. *Nature*, 1990, 343(6253): 60—62.
- [15] Dell'anno A, Corinaldesi C, Danovaro R. Virus decomposition provides an important contribution to benthic deep-sea ecosystem functioning. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 2015, 112(16): E2014-E2019.
- [16] Mann NH, Clokie MRJ, Millard A, et al. The genome of S-PM2, a “photosynthetic” T4-type bacteriophage that infects marine *Synechococcus* strains. *Journal of Bacteriology*, 2005, 187(9): 3188—3200.
- [17] Lindell D, Jaffe JD, Johnson ZI, et al. Photosynthesis genes in marine viruses yield proteins during host infection. *Nature*, 2005, 438(7064): 86—89.
- [18] Mann NH, Cook A, Millard A, et al. Marine ecosystems: Bacterial photosynthesis genes in a virus. *Nature*, 2003, 424(6950): 741.
- [19] Hurwitz BL, Hallam SJ, Sullivan MB. Metabolic reprogramming by viruses in the sunlit and dark ocean. *Genome Biology*, 2013, 14(11): R123.

Diversity and ecological functions of marine viruses

Zheng Xiaowei Huang Li

(State Key Laboratory of Microbial Resources, Institute of Microbiology, Chinese Academy of Sciences, Beijing 100101)

Abstract Marine viruses are hugely abundant and extraordinarily diverse. They serve a pivotal role in the regulation of the Earth's ecosystem and the cycling of key elements. This article provides a brief overview on latest developments in research on marine viruses and a perspective on future research directions in this fast growing field.

Key words marine viruses; diversity; ecological functions; future research

· 资料信息 ·

我国科研人员利用 LAMOST 发现锂丰度最高的巨星

在国家自然科学基金项目(项目批准号:11390371,11603037,11473033,11490560,11505117,11573032和11605097)等资助下,以中国科学院国家天文台为首的科研团队依托我国大科学装置郭守敬望远镜(LAMOST)发现了一颗奇特天体,它的锂元素(Li)丰度约是同类天体的3000倍,这是目前人类已知锂元素丰度最高的巨星。这一研究成果以“The nature of the lithium enrichment in the most Li-rich giant star”(最富锂巨星中锂的增丰本质)为题,于2018年8月6日在*Nature Astronomy*上发表。论文链接:<https://www.nature.com/articles/s41550-018-0544-7>

锂元素是链接宇宙大爆炸、星际物质和恒星的关键元素,一直以来它在宇宙和恒星中的演化都是天文领域的重要课题,然而当代天文学对锂元素的理解还具有很大局限性。巨星由于经历了第一次挖掘过程,其表面的锂丰度比其在矮星阶段降低了数十到百倍量级,因此在大部分巨星中,其锂丰度都低于其前身矮星。不过,1%的巨星表现出异常高的锂丰度,它们对揭示锂元素起源和演化具有重要意义。

这颗新发现的富锂恒星来自于银河系中心附近的蛇夫座方向,位于银河系盘面以北,距离地球约4500光年。国家天文台、中国原子能科学研究院和北京师范大学的科研人员合作研究发现,这颗恒星很可能正处于锂增丰事件的初期。科研人员发现这颗巨星位于红巨星的光度驼峰处(RGB-bump),再次确认了锂增丰和RGB-bump之间具有很强的联系。科研人员借助不对称对流模型和最新的原子核数据,通过模拟发现恒星可以通过Cameron Fowler(卡梅隆-福勒)机制产生丰度在4.0以上的锂元素,并且给出了这颗恒星在锂增丰时内部的细节信息。同时,科研人员考虑了通过吞噬行星、吸积伴星物质等方式使自身Li增丰的可能性,但数据中没有任何显著迹象表明这颗恒星曾经经历过类似的事件。通过对这颗富锂巨星的研究,他们认为巨星完全可以凭借 ${}^7\text{Be}$ 转运的机制通过自身形成大量的 ${}^7\text{Li}$,此研究同时在观测和理论上对富锂巨星中的Li增丰给出了比以往研究都更强的限制。

这一发现改变了人类对天体中锂元素的认知,将国际上锂含量观测极限提高一倍。同时,这项研究在理论上对锂元素合成和现有恒星演化理论提出了新观点。这一成果是我国大型科学装置在前沿基础学科取得突破性进展的又一实例,也是基础研究领域跨学科深入推进合作研究的一次成功尝试。

供稿:数理科学部 刘 强 赵 刚 闫宏亮