



宏基因组分析揭示了细菌门类*Zhuqueibacterota*的混合营养生活方式

连政汉¹, Nimaichand Salam², 谭莎¹, 袁洋¹, 李蒙蒙¹, 李昱娴³, 刘泽涛¹, 胡超建¹, 吕爱萍¹,
欧阳玉婷¹, 卢彩玉^{4,5}, 张靖宜¹, 陈瑛¹, 陈乐滨¹, 罗振豪¹, 马斌^{4,5}, 花正双³,
焦建宇^{1*}, 李文均^{1,6*}, 刘兰^{1*}

¹中山大学生命科学学院, 水产动物疫病防控与健康养殖全国重点实验室, 广东省植物逆境生物学重点实验室, 南方海洋科学与工程广东省实验室(珠海)

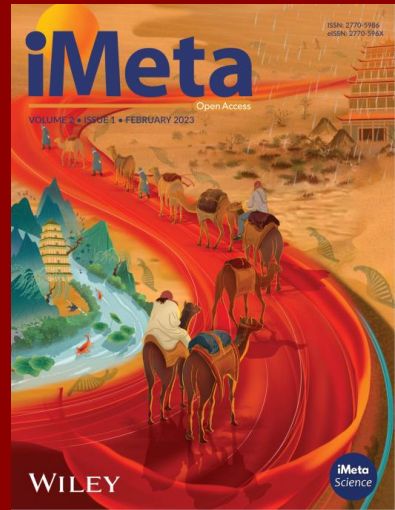
²国家农业食品生物技术与生物制造研究所(印度)

³中国科学技术大学, 环境科学与工程系

⁴浙江大学, 环境与资源学院, 土水资源与环境研究所

⁵浙江大学, 浙江省农业资源与环境重点实验室

⁶中国科学院新疆生态与地理研究所, 荒漠与绿洲生态国家重点实验室, 干旱区生态安全与可持续发展全国重点实验室



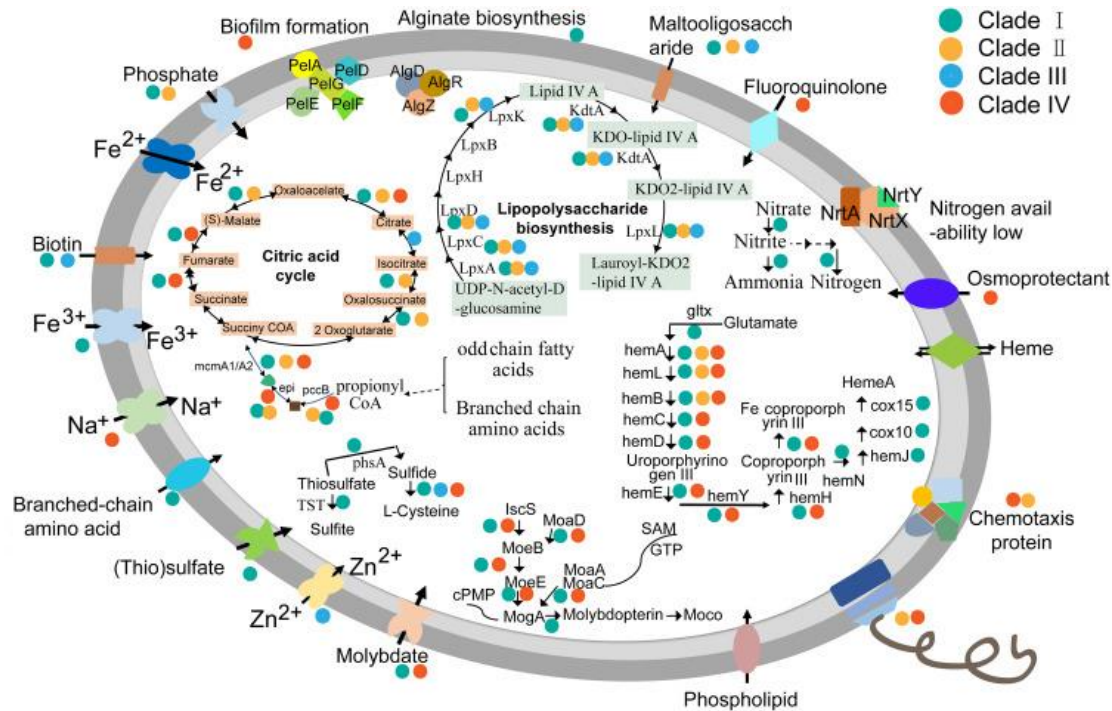
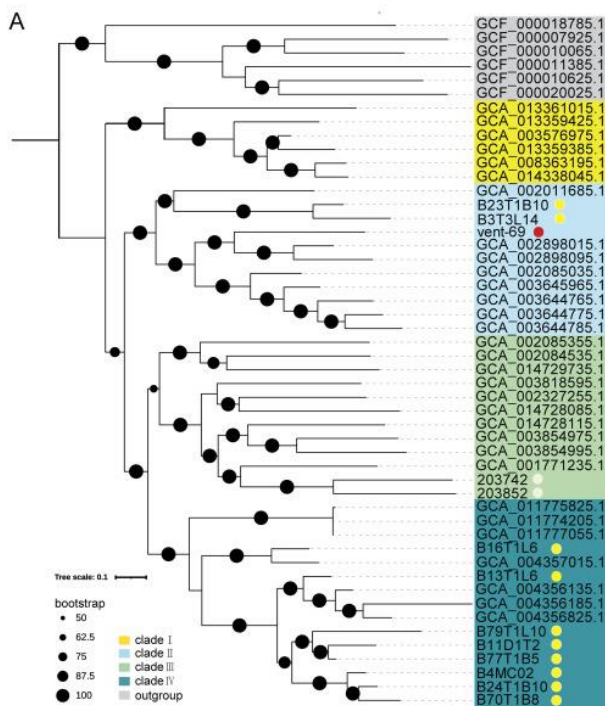
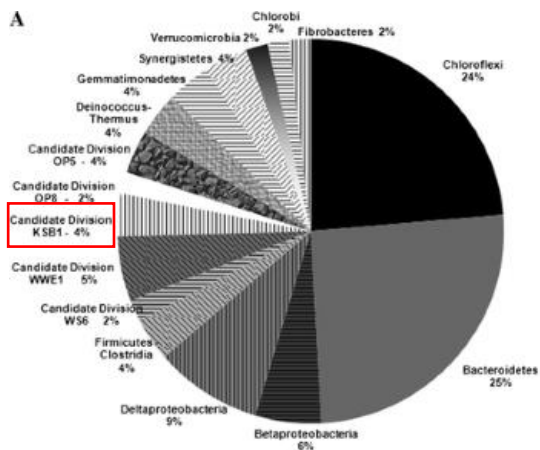
Zheng-Han Lian¹, Nimaichand Salam², Sha Tan¹, Yang Yuan¹, Meng-Meng Li¹, Yu-Xian Li³, Ze-Tao Liu¹, Chao-Jian Hu¹, Ai-Ping Lv¹, Yu-Ting OuYang¹,
Cai-Yu Lu^{4,5}, Jing-Yi Zhang¹, Ying Chen¹, Le-Bin Chen¹, Zhen-Hao Luo¹, Bin Ma^{4,5}, Zheng-Shuang Hua³, Jian-Yu Jiao^{1*}, Wen-Jun Li^{1,6*}, Lan Liu^{1*}. 2024.

Metagenomic analysis sheds light on the mixotrophic lifestyle of bacterial phylum *Zhuqueibacterota*. *iMeta* 3: e249. <https://doi.org/10.1002/imt2.249>



简介

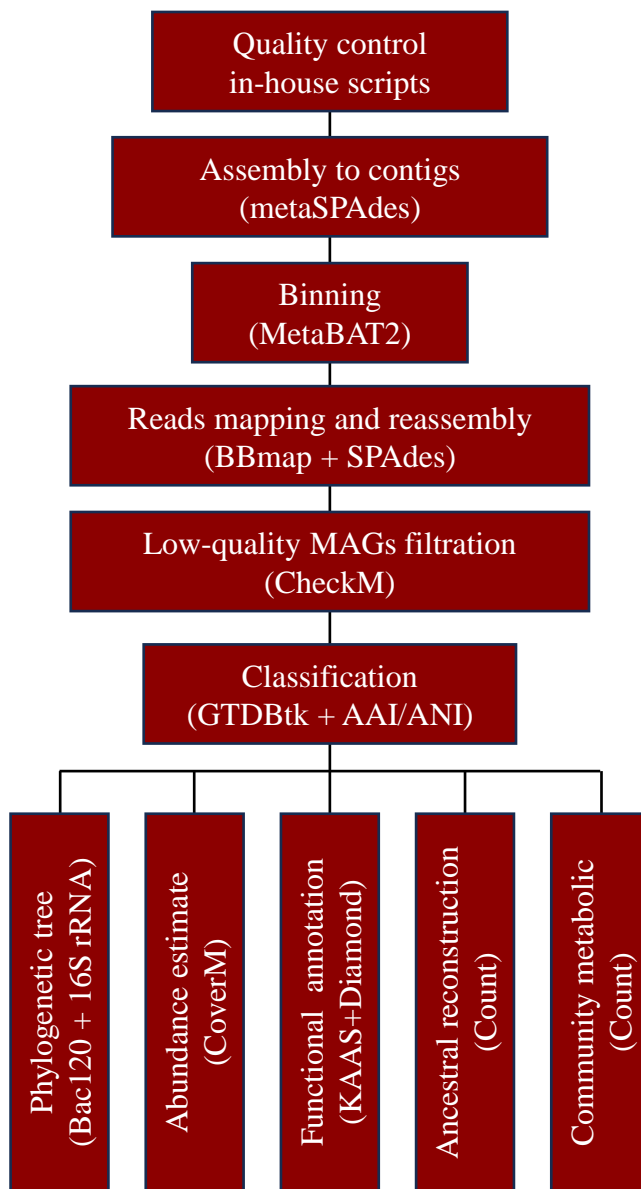
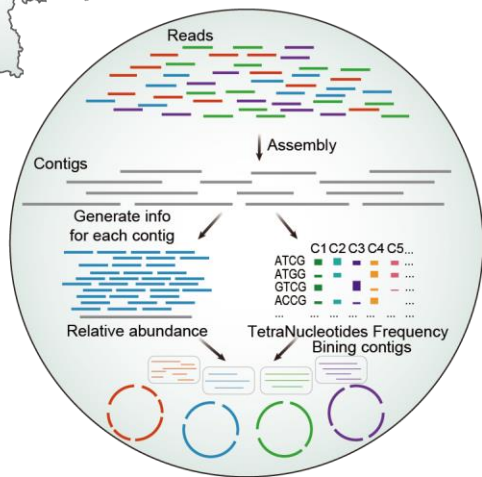
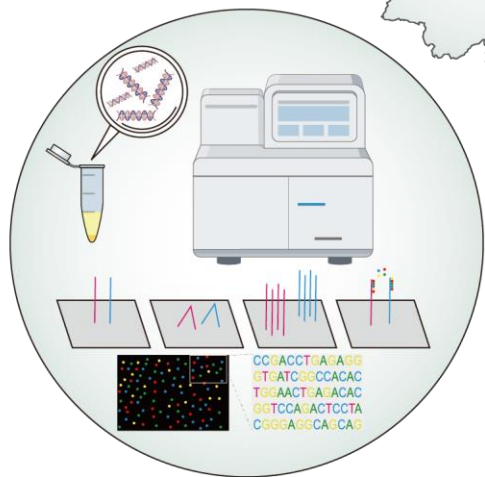
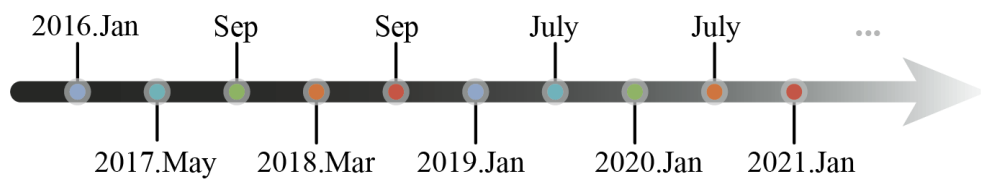
Clone type	Division	Salinity type
CE99	Candidate division KSB1	Brackish
CE45	Candidate division KSB1	Brackish



- 未培养的候选细菌分支KSB1最初是在富含硫的海洋沿岸黑色泥滩中，通过16S rRNA扩增子测序技术被发现的。
- KSB1在多种不同的环境中都有广泛的分布，包括海洋沿岸、微生物菌席、洞穴沉积物、含水层以及猪粪污泥等，它们可能在缺氧条件下更为丰富。
- 通过系统发育分析，KSB1被进一步细分为四个不同的进化枝，每个进化枝都具有独特的基因特征和对特定生态位的适应性。
- 对KSB1各进化枝的代谢分析显示，它们倾向于厌氧异养生活，这突出了它们在潜在生态角色上的差异。



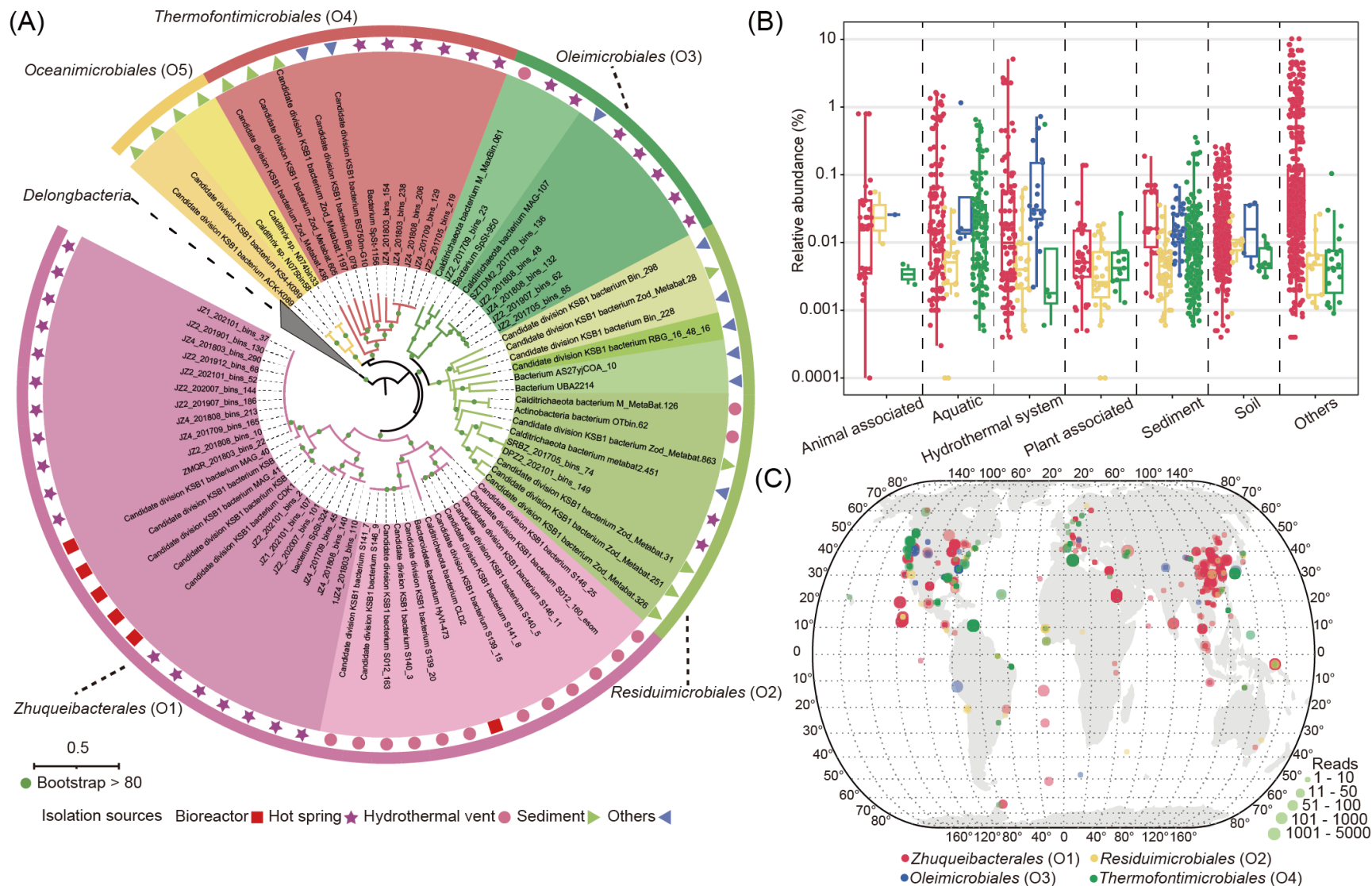
方法



- 在云南省腾冲地区，我们连续多年采集了热泉沉积物样本，共计17个样本用于本研究。
- 对这些样本进行超高深度的宏基因组测序，每个样本的测序深度达到或超过30Gbp，累积产生了约650Gbp的双端测序数据（测序读长150bp）。
- 在宏基因组组装和基因组分箱的过程中，我们成功获得了30个高质量的KSB1宏基因组组装基因组（MAGs），用于本研究的进一步分析。
- 从GenBank数据库中收集了45个高质量的KSB1基因组用于本研究。



全球广泛分布的细菌门——朱雀菌门



- 基于腾冲热泉来源的MAGs和公共数据库中的MAGs提出将KSB1划分为1个纲，5个目，并命名为朱雀菌门 (*Zhuqueibacterota*)，它属于FCB超门。
- 朱雀菌门 (*Zhuqueibacterota*) 在全球广泛分布，特别是在土壤中有显著分布；此外朱雀菌门也在水体、热液系统、微生物菌席及沉积物等多种环境中被发现。
- 朱雀菌门中不同谱系表现对环境的不同偏好。

图 1(ABC). 朱雀菌门的系统发育定位和全球分布调查



朱雀菌门的代谢模型重建

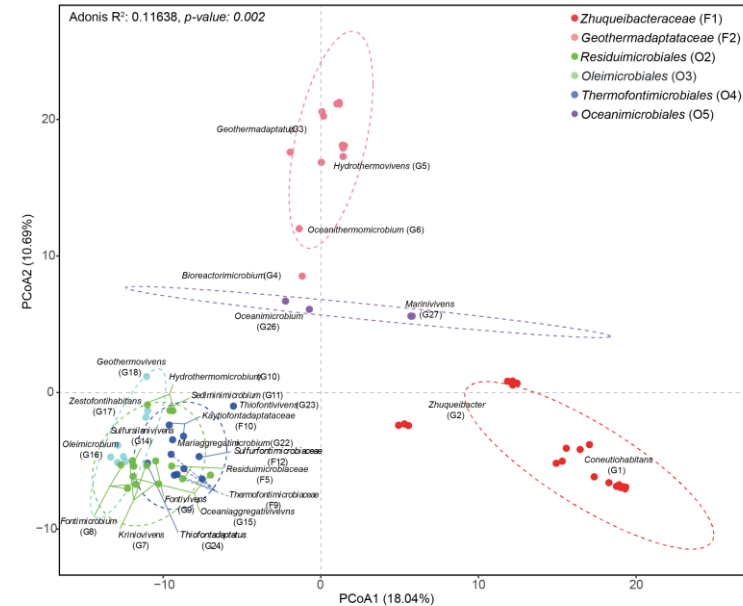
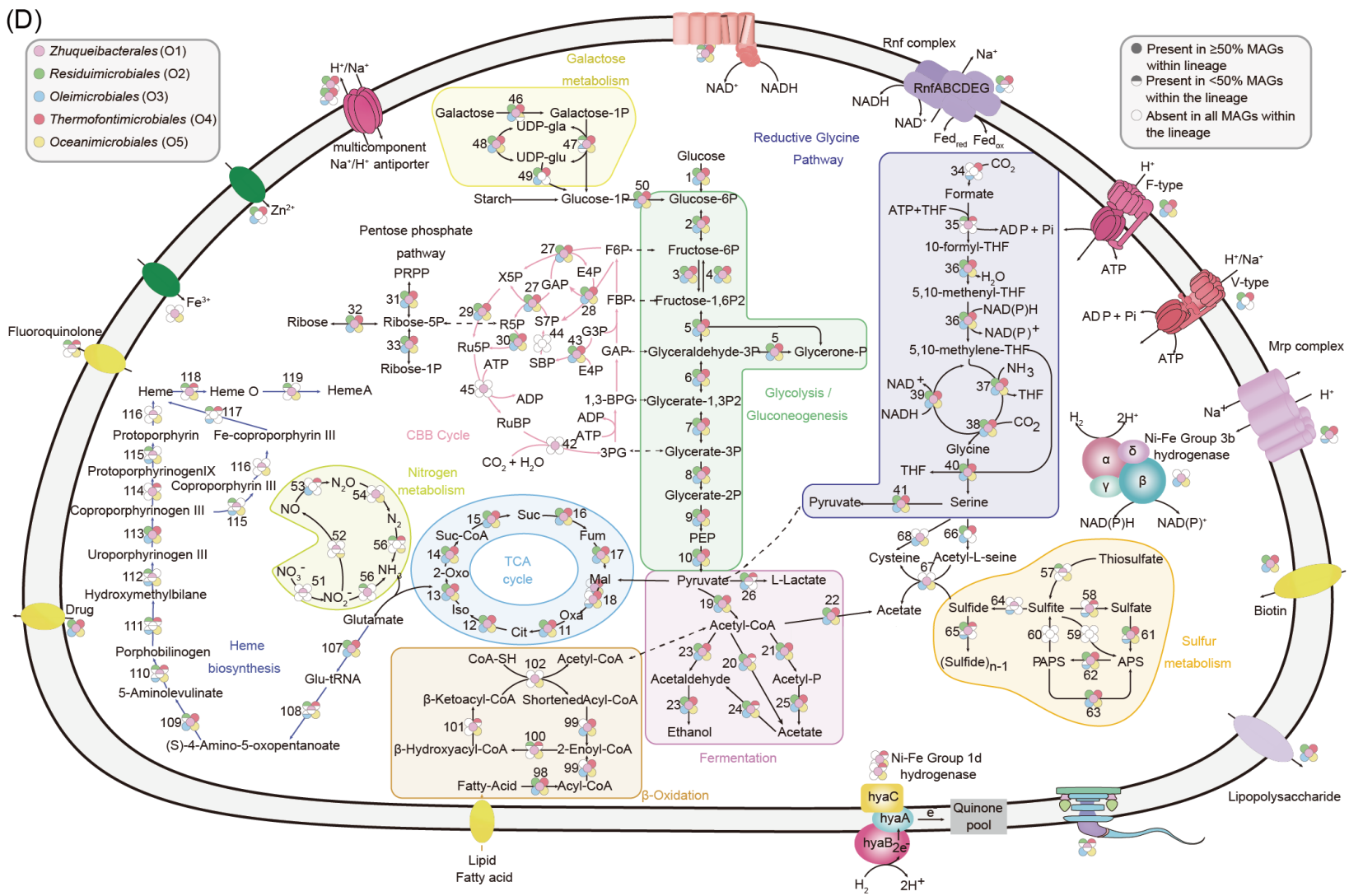


Figure S9. PCoA plot

- 朱雀菌门 (*Zhuqueibacterota*) 具有多样的代谢潜能，不同谱系展现出显著的功能差异。
- *Zhuqueibacterales* (O1) 和 *Oceanimicrobiales* (O5) 更可能是一种兼性厌氧微生物。

图 1D. 朱雀菌门代谢模型



朱雀菌门的混合营养生活方式

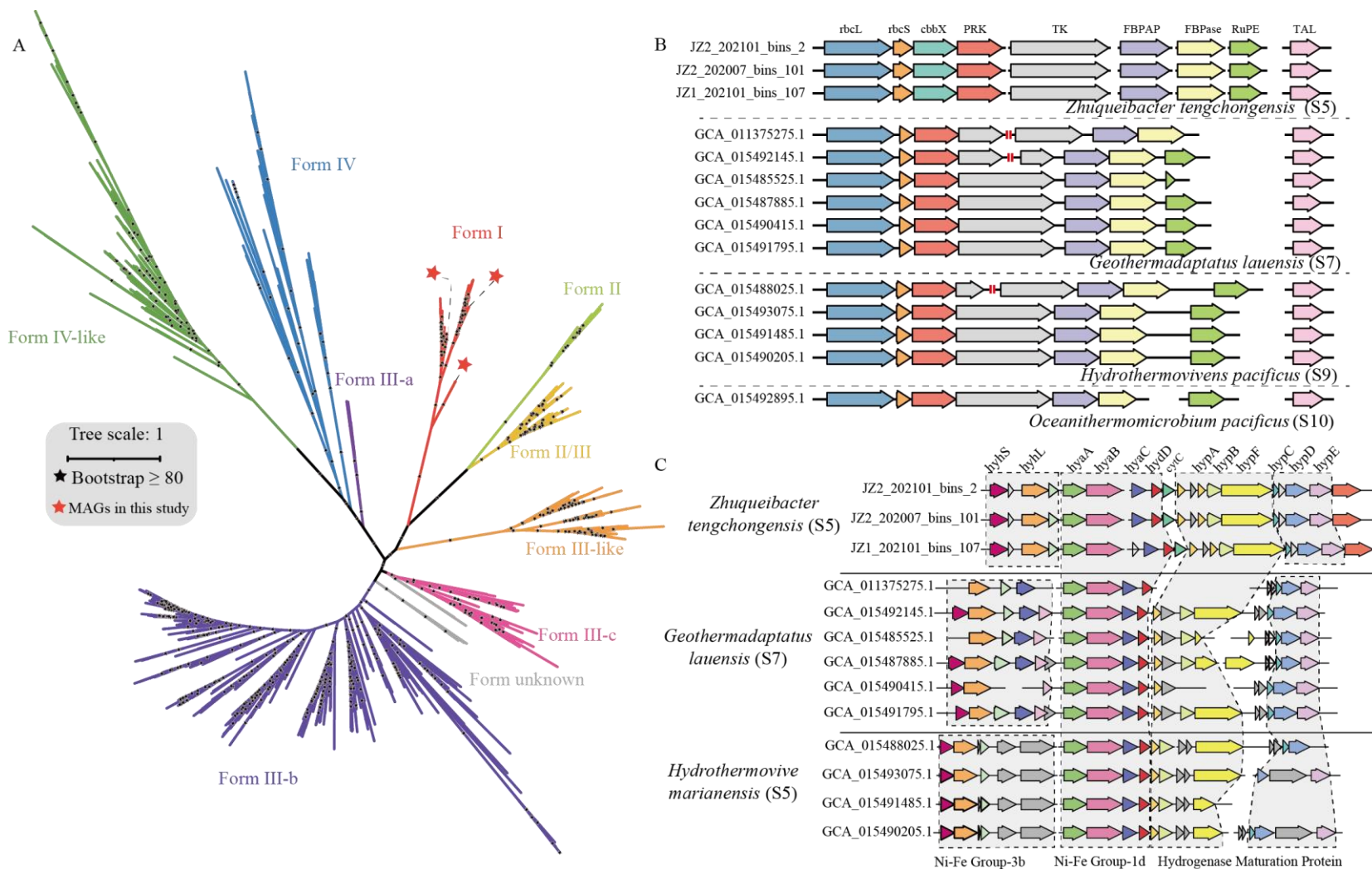
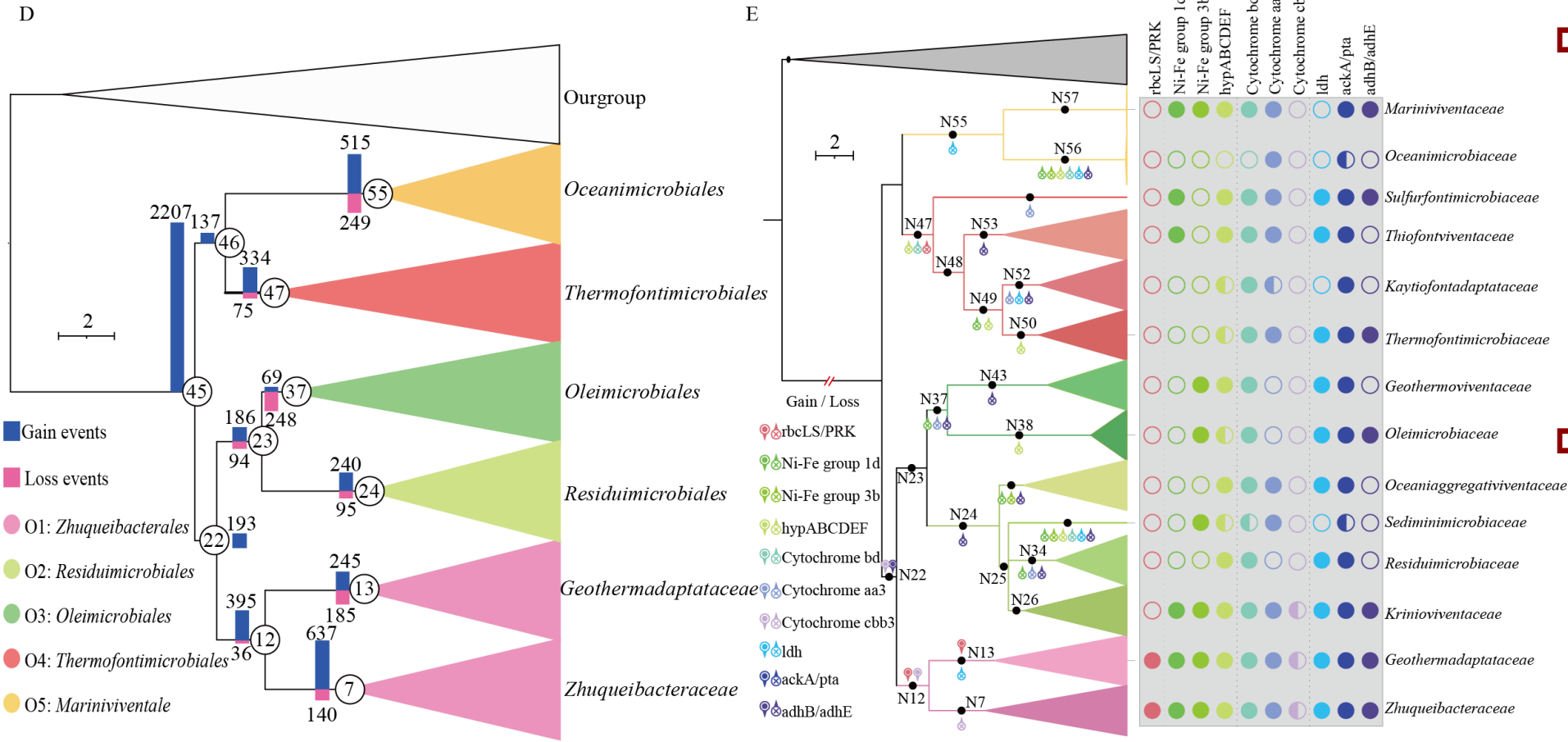


图 2(ABC).关键代谢基因的鉴定

- ▣ *Zhuqueibacterales* (O1)普遍具有负责固碳的关键基因——I型*rbcL*基因。
- ▣ *Zhuqueibacterales* (O1)同时编码与CBB循环相关的基因簇，显示其具有碳固定的能力。
- ▣ 膜结合氢化酶、可溶性氢化酶和氢化酶促成熟蛋白的共存表明了朱雀菌目 (*Zhuqueibacterales*, O1) 可能具有氧化氢气的潜力，这能够为其固碳提供能量和还原当量。
- ▣ *Zhuqueibacterales* (O1) 可能是一种化能自养的氢氧化细菌。



朱雀菌门进化历史重构



- 朱雀菌门 (*Zhuqueibacterota*) 可能经历了基因组扩张, *Zhuqueibacterales* (O1) 中频繁发生水平基因转移 (HGT), 特别是在源自热泉环境中MAGs。
- 朱雀菌门的祖先可能是兼性厌氧菌, 后来获得了通过 Calvin-Benson-Bassham cycle (CBB 循环) 固碳的能力。

图 2(DE). 朱雀菌门的进化历史重构

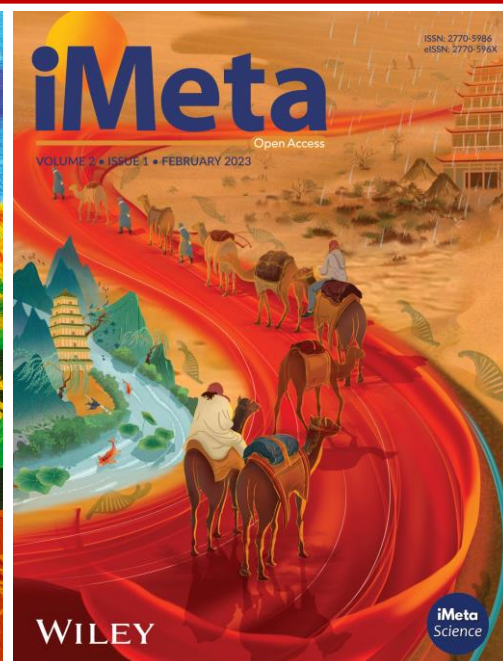


总结

- 在本研究中，我们基于热泉宏基因组和公共数据库中的MAGs，提出了朱雀菌门（*Zhuqueibacterota*）这一分类，它被归类在FCB超门下，包括一个纲和五个目。
- 朱雀菌门在全球范围内广泛分布，大多数成员是兼性厌氧菌；其中朱雀菌目利用氢气作为电子供体，通过CBB循环进行碳固定，表现为一种化能自养的氢氧化细菌。
- 通过系统发育分析和代谢途径重构，我们强调了朱雀菌门在热泉生态系统中碳循环的关键角色，以及在其演化历程中频繁发生的水平基因转移事件对其功能演化的重要影响。

Zheng-Han Lian¹, Nimaichand Salam², Sha Tan¹, Yang Yuan¹, Meng-Meng Li¹, Yu-Xian Li³, Ze-Tao Liu¹, Chao-Jian Hu¹, Ai-Ping Lv¹, Yu-Ting OuYang¹, Cai-Yu Lu^{4,5}, Jing-Yi Zhang¹, Ying Chen¹, Le-Bin Chen¹, Zhen-Hao Luo¹, Bin Ma^{4,5}, Zheng-Shuang Hua³, Jian-Yu Jiao^{1*}, Wen-Jun Li^{1,6*}, Lan Liu^{1*}. 2024.

Metagenomic analysis sheds light on the mixotrophic lifestyle of bacterial phylum *Zhuqueibacterota*. *iMeta* 3: e249. <https://doi.org/10.1002/imt2.249>



“**iMeta**” (影响因子**23.8**) 由威立、宏科学和千名华人科学家出版的期刊，主编刘双江和傅静远教授。
收稿范围：任何领域高影响力的研究、方法和综述，重点关注生物技术、生物信息和微生物组等；
影响力：[SCIE/WOS](#)、[PubMed](#)、[Google](#)、[Scopus](#)收录，**IF 23.8**位列**JCR**微生物学研究期刊**全球第一**；
时效性：外审平均21天；投稿至发表中位数57天；
“**iMetaOmics**” 主编赵方庆和于君教授，定位**IF>10**的高水平交叉学科综合期刊，欢迎投稿！



主页: <http://www.imeta.science>

出版社: <https://wileyonlinelibrary.com/journal/imeta>



office@imeta.science

imetaomics@imeta.science



投稿: <https://wiley.atyponrex.com/journal/IMT2>

<https://wiley.atyponrex.com/journal/IMO2>



宣传片



[iMeta](#)

