

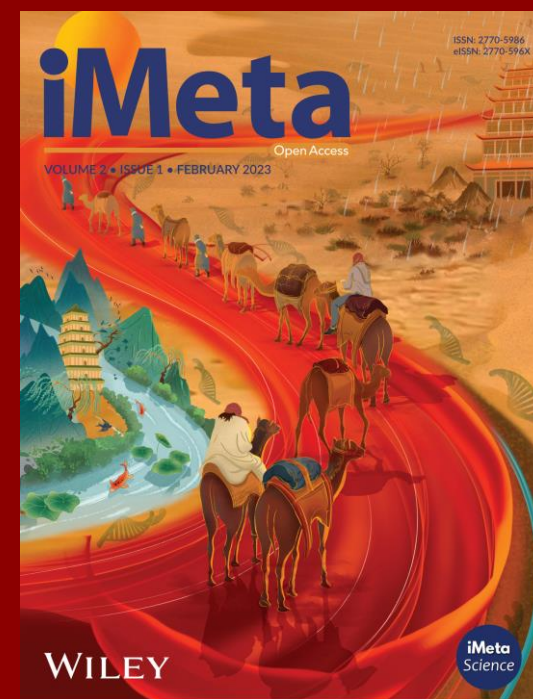
PSOSP揭示细菌基因组中普遍存在 具有独特基因组与宿主特征的 SOS非依赖型原噬菌体

郝亚丽^{1, 2#}, 张慕杰^{1, 2#}, 雷欣娟^{1, 2}, 朱承锐¹, 章陶亮²,
郑燕平³, 肖湘^{1, 2}, 蹇华哗^{1, 2*}

¹上海交通大学生命科学技术学院

²上海交通大学海南研究院

³厦门大学附属第一医院



Yali Hao, Mujie Zhang, Xinjuan Lei, Chengrui Zhu, Taoliang Zhang, Yanping Zheng, Xiang Xiao, Huahua Jian. 2025. PSOSP uncovers pervasive SOS-independent prophages with distinct genomic and host traits in the bacterial genomes. *iMeta* 4: e70073. <https://doi.org/10.1002/imt2.70073>

引言

- 原噬菌体**经典**的溶原-裂解转换**依赖于细菌的SOS途径**
- 近年来，**非SOS途径依赖诱导**的原噬菌体时有报道
- 对环境微生物使用丝裂霉素C（MMC）进行诱导时显示**诱导率高度可变**，且**对MMC不敏感的情况普遍存在**

例：237株人体肠道溶原菌中**仅1/3**的原噬菌体能被MMC和H₂O₂等诱导剂激活

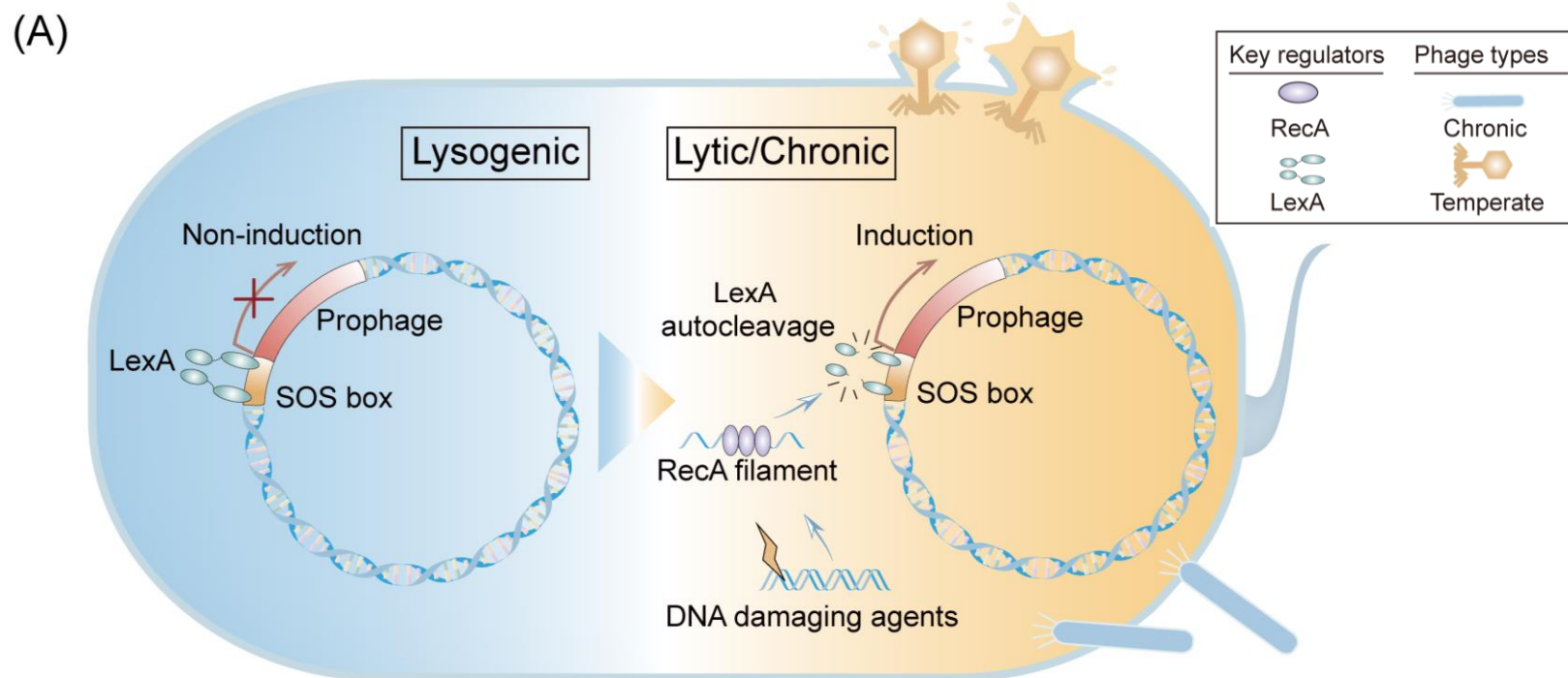
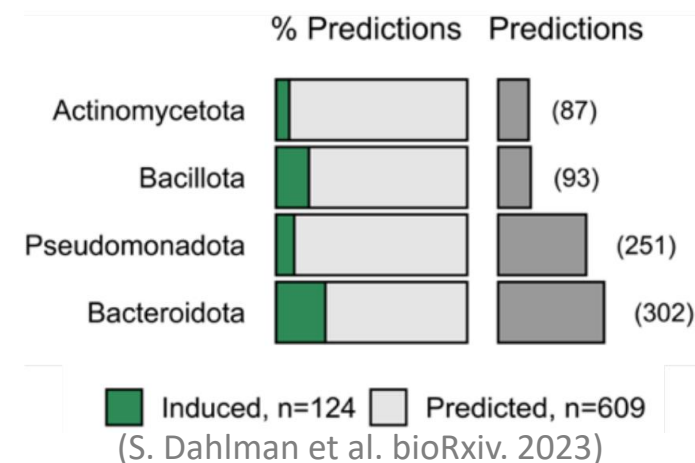
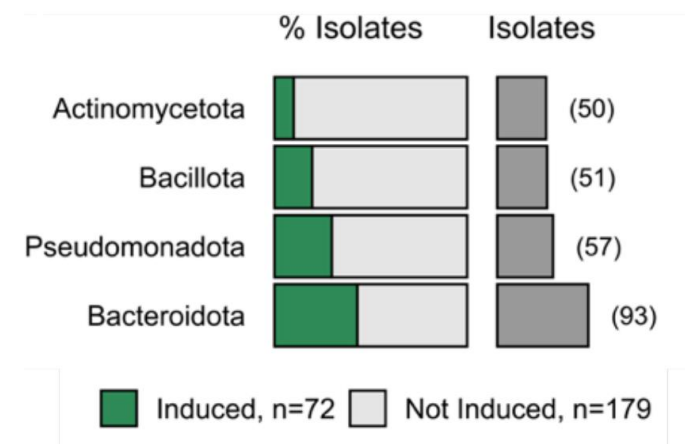
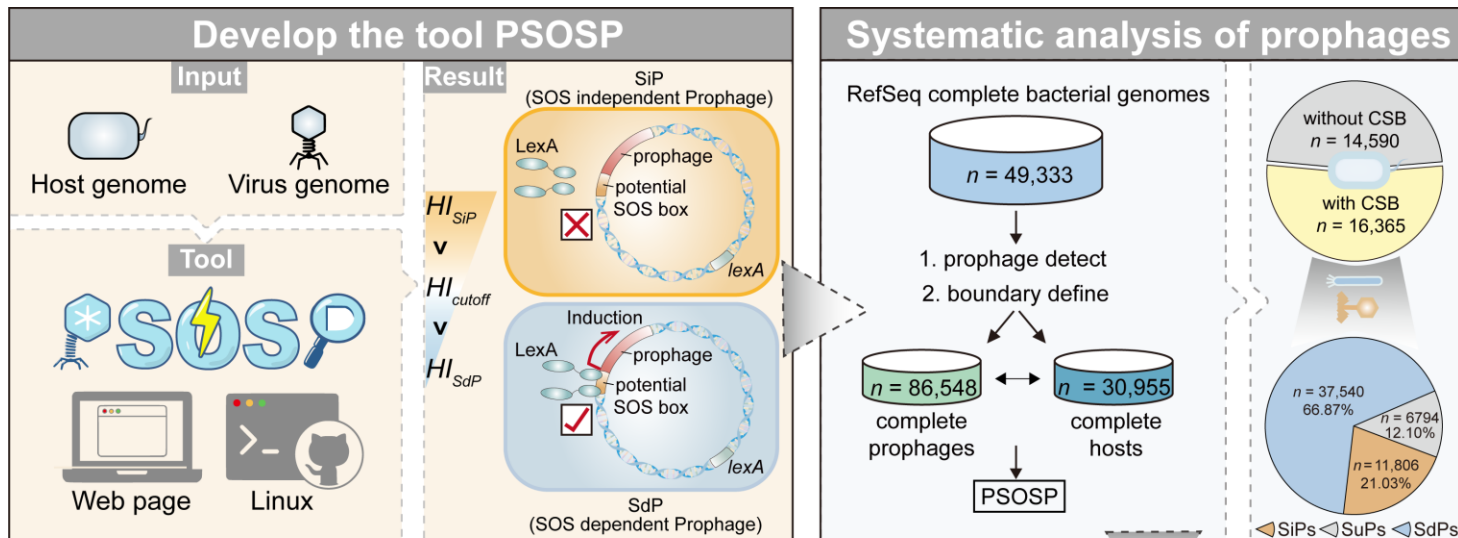


图1(A) 已知的温和噬菌体溶原-裂解转换机制示意图

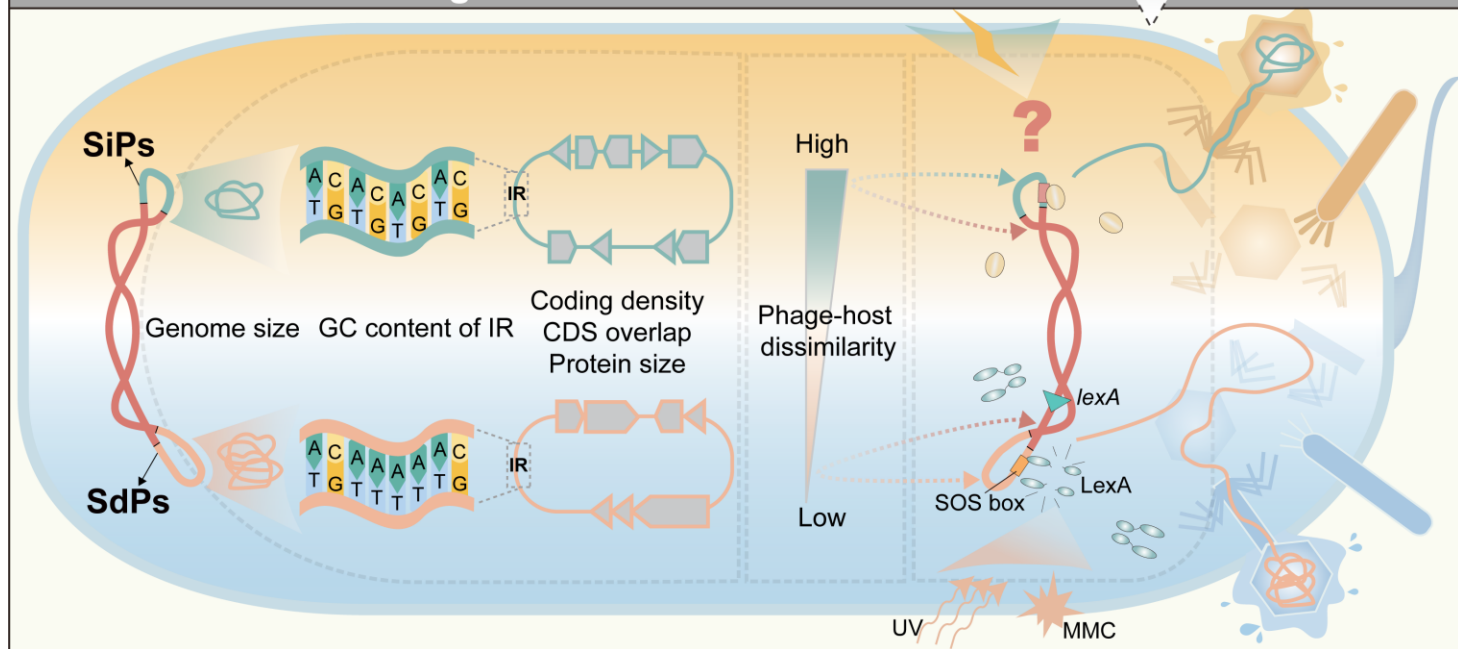
局限性：缺乏专门的工具以鉴定原噬菌体的诱导模式，SOS非依赖型原噬菌体（SiPs）的分布比例及其基因组特征仍未得到系统分析



亮点



The genomic features of SiPs and SdPs



- 开发了新型生物信息学工具**PSOSP**用于**预测原噬菌体的诱导模式**;
网页:<https://vee-lab.sjtu.edu.cn/PSOSP/>
Github:<https://github.com/mujiezhang/PSOSP>
- 利用PSOSP对49,333个完整细菌基因组进行分析, 鉴定出**11,806个普遍存在的SiPs**;
- 发现SiPs和SdPs具有**独特的基因组特征及宿主特征**, 提示原噬菌体的诱导机制可能存在**相互转化**的潜能;
- 揭示了原噬菌体**诱导机制的多样性**, 并为深入开展**噬菌体与宿主互作**研究提供了重要的**方法学**支持。

结果1: HI 能够可靠预测LexA结合潜力

● PSOSP的原理:

- (1) 鉴定携带LexA与CSBs的细菌基因组;
 - (2) 计算细菌基因组中所有PSBs的 HI , 并通过聚类结果确定分类阈值 HI_{C1} 和 HI_{C2} ;
 - (3) 扫描原噬菌体启动子区域PSBs的 HI , 确定 HI_{min} ;
 - (4) 比较 HI_{min} 与阈值 (HI_{C1} 和 HI_{C2}), 判断原噬菌体的诱导是否依赖于SOS途径
- Lewis等人报道的*E. coli* K12中**24个PSBs**与LexA蛋白的结合情况, 都可以**通过 HI 准确预测**

(B)

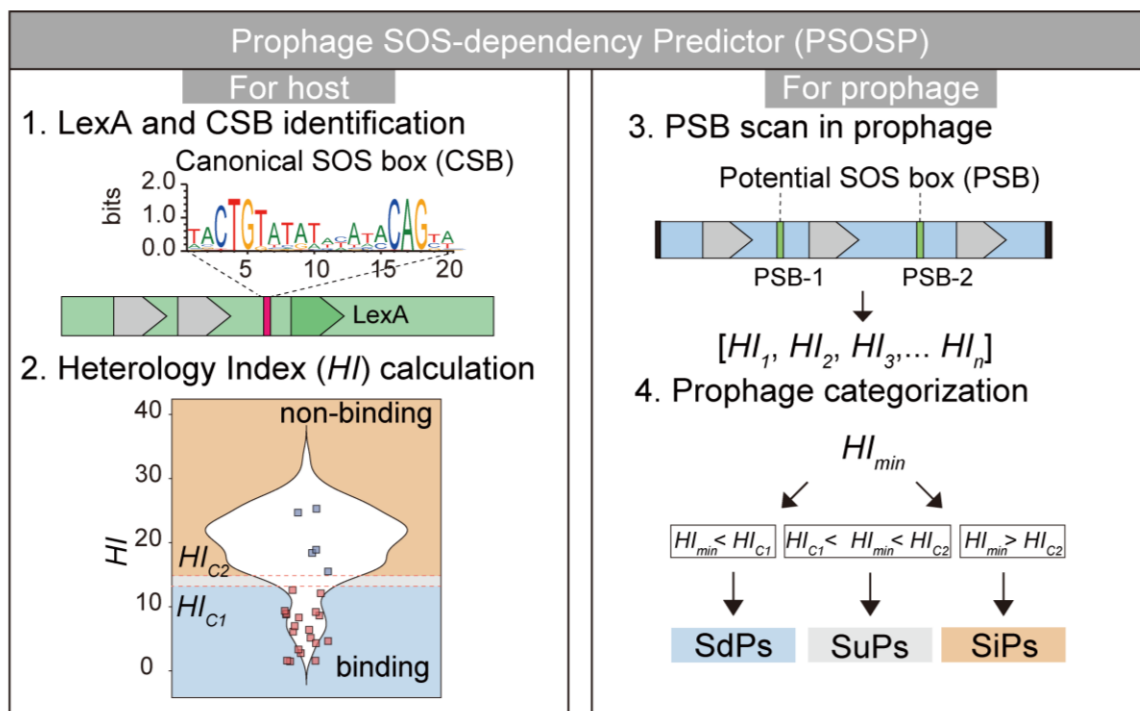


图1(B) 工具PSOSP的工作流程示意图

(C)

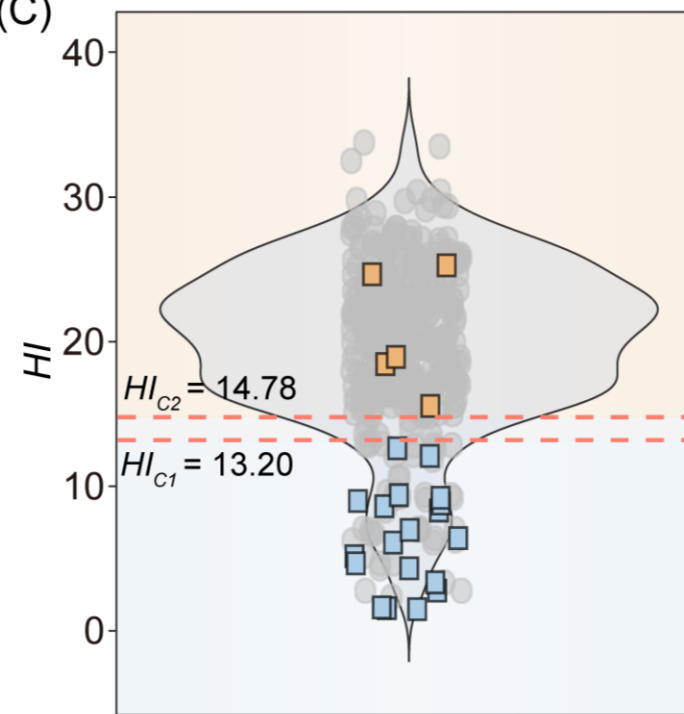


图1(C) *E. coli* K12中所有PSBs的 HI 分布

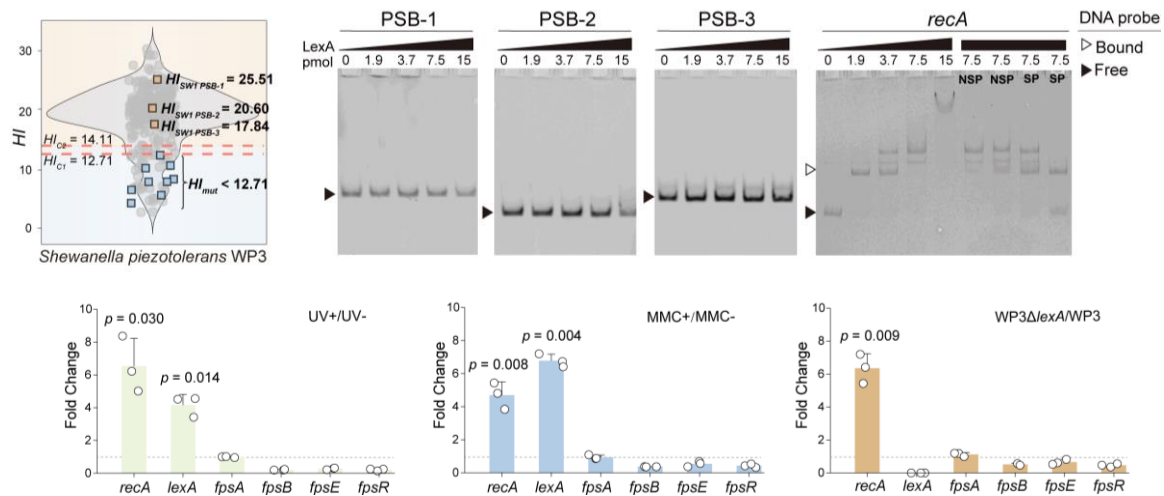
结果2: PSOSP: 基于HI预测原噬菌体诱导模式

表S4. 实验已验证诱导模式的数据集

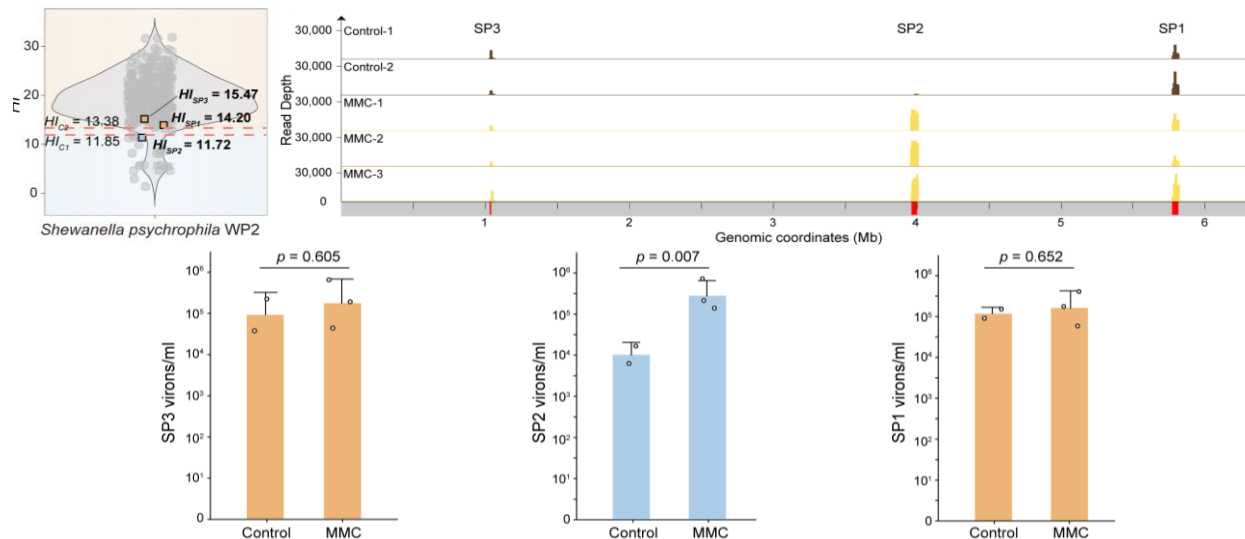
Prophage	Host taxonomy (Genus)	Phage genome size (bp)	Experimentally validated induction mode	PSOSP predicted induction mode
P22	<i>Salmonella</i>	41,724	SdP	SdP
Fels-1	<i>Salmonella</i>	42,723	SdP	SdP
Fels-2	<i>Salmonella</i>	33,693	SdP	SdP
phiECO1	<i>Escherichia</i>	31,478	SdP	SdP
ST-8624	<i>Escherichia</i>	62,822	SdP	SdP
VALGphi6	<i>Vibrio</i>	8,530	SiP	SiP
B3	<i>Pseudomonas</i>	38,439	SiP	SiP
vB_SspS_OS31	<i>Serratia_J</i>	42,280	SdP	SdP
vB_SspM_BZS1	<i>Serratia_J</i>	44,995	SdP	SdP
yong1	<i>Hafnia</i>	43,329	SdP	SdP

- 测试数据集: **10个**原噬菌体 (长度 8.5–62.8 kb), 覆盖了**8个**病毒科, 宿主属于**7个**不同属
- PSOSP在该测试数据集实现了**100%**的灵敏度与特异性

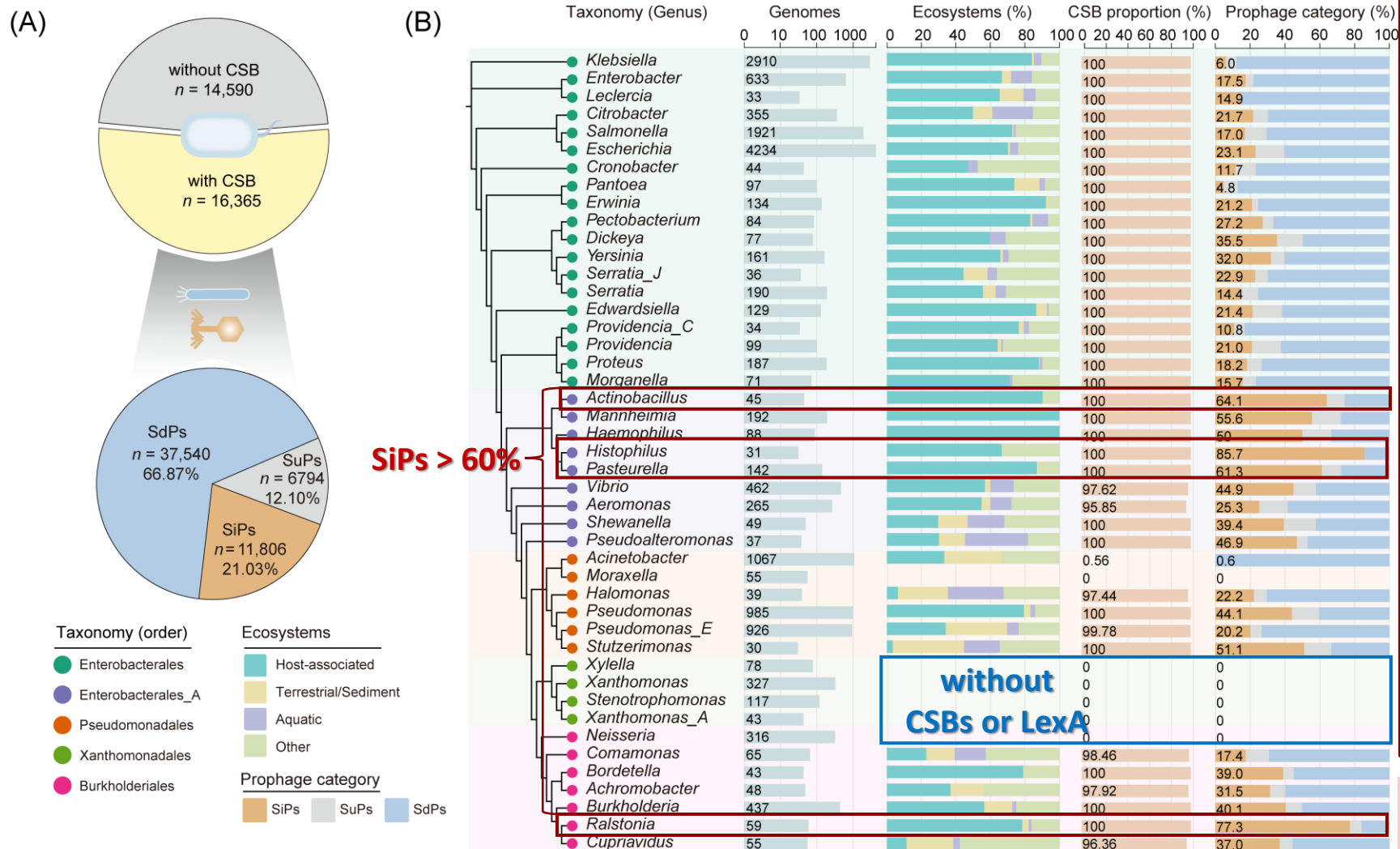
● *Shewanella piezotolerans* WP3中原噬菌体SW1的验证



● *S. psychrophila* WP2中原噬菌体SP1, SP2, SP3的验证



结果3: 细菌基因组中SiPs与SdPs的系统分析

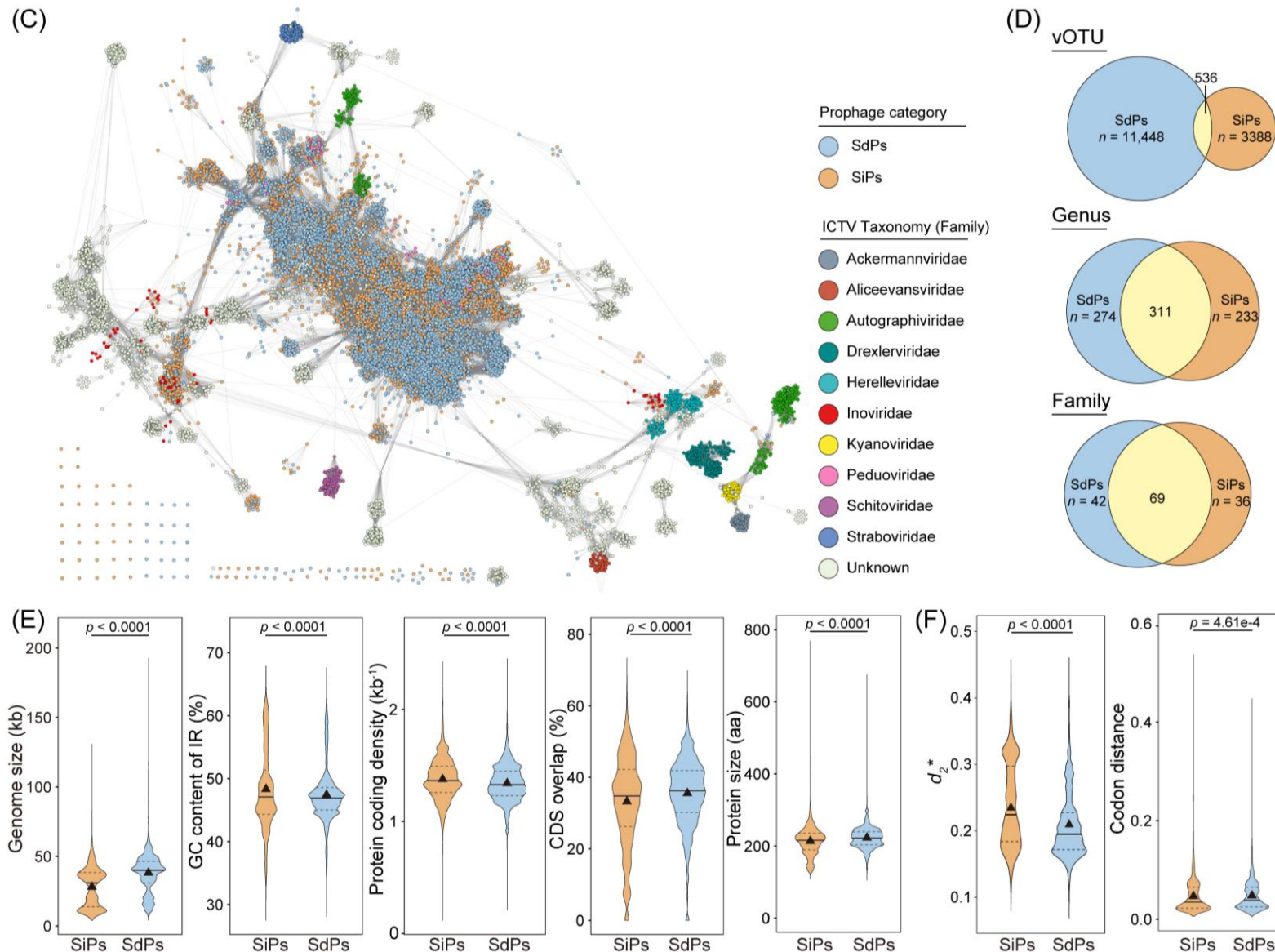


- 16,365个细菌基因组携带CSB，其中有**11,806个SiPs (21.03%)**
- **Gamma**proteobacteria纲的细菌中，**SiPs广泛分布于多个属**
- 在某些属（如Actinobacillus、Histophilus、Pasteurella和Ralstonia）中，**SiPs的比例甚至超过了60%**
- 宿主基因组中如果**未检测到CSBs以及LexA**，则**无法预测原噬菌体的诱导类型**

【讨论1】PSOSP的局限性和展望

图2. 普遍存在的SiPs及其与SdPs的比较

结果3: 细菌基因组中SiPs与SdPs的系统分析



- SiPs与SdPs展现出既**独立聚集**又**相互交错**的分布模式
- 随着**分类等级的提高**, SiPs和SdPs之间**共享的程度也随之提高**

【讨论2】 SiPs与SdPs某些群体之间具有潜在的**互相转化**可能性

- SiPs具有显著**更低**的基因组大小、编码序列重叠比例和更小的蛋白质大小, 而基因间区GC含量和蛋白质编码密度则**更高**
- SiPs与宿主之间的**核苷酸特征差异显著高于**SdPs

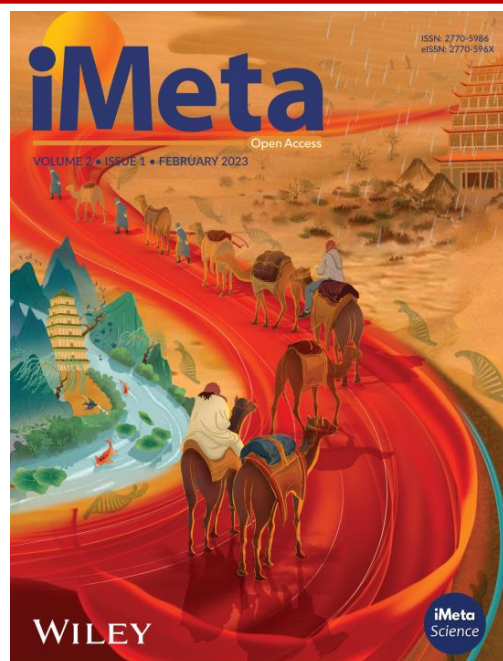
图2. 普遍存在的SiPs及其与SdPs的比较

总结

- 本研究开发了**新型生物信息学工具PSOSP**，通过分析LexA蛋白与靶DNA的HI，**预测原噬菌体诱导模式**。PSOSP经实验验证能准确地区分SdPs与SiPs。
- 研究发现**SiPs广泛存在于细菌基因组中**，与以往更为人所熟知的SdPs相比，它们表现出多种**差异显著的基因组特征**。相应地，这两种类型原噬菌体的**宿主之间也被推测存在生理特征的不同**。
- 这些发现为未来深入研究**噬菌体-宿主相互作用及原噬菌体分离策略**提供了重要的方法与理论基础。
- PSOSP网址：<https://vee-lab.sjtu.edu.cn/PSOSP/>
PSOSP Github：<https://github.com/mujiezhang/PSOSP>



Yali Hao, Mujie Zhang, Xinjuan Lei, Chengrui Zhu, Taoliang Zhang, Yanping Zheng, Xiang Xiao, Huahua Jian. 2025.
PSOSP uncovers pervasive SOS-independent prophages with distinct genomic and host traits in the bacterial genomes. *iMeta* 4: e70073. <https://doi.org/10.1002/imt2.70073>



iMeta(宏)期刊是由宏科学、千名华人科学家和威立共同出版，对标**Cell**的生物/医学类综合期刊，主编刘双江和傅静远教授，欢迎高影响力的研究、方法和综述投稿，重点关注生物技术、大数据和组学等前沿交叉学科。已被**SCIE**、**PubMed**等收录，最新IF 33.2，位列全球SCI期刊第65位(前千分之三)，中国第5位，微生物学研究类全球第一，中科院生物学双1区Top。外审平均21天，投稿至发表中位数87天。子刊**iMetaOmics** (宏组学)、**iMetaMed** (宏医学)定位IF>10和15的生物、医学综合期刊，欢迎投稿！



主页: <http://www.imeta.science>

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

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

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

iMetaMed: <https://wiley.atyponrex.com/journal/IMM3>



office@imeta.science

imetaomics@imeta.science



宣传片



[iMeta](#)



更新日期
2025/7/6