



核糖体RNA操纵子拷贝数： 指导微生物培养的关键框架与性状参数

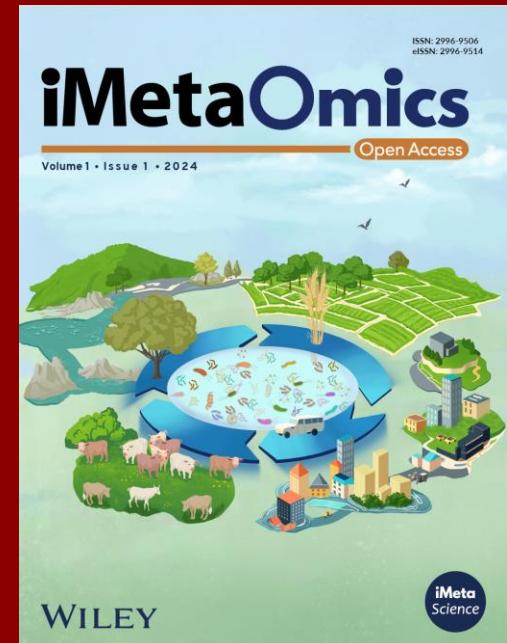
黄宇潇^{1#}, 吴清柳^{1#}, 刘畅², 禹朴刚¹, 李浩¹, 唐胜越¹,
张福锁¹, 刘双江^{2,3,4}, 倪斌^{1*}

¹中国农业大学资源与环境学院养分资源高效利用全国重点实验室

²山东大学微生物改造技术全国重点实验室

³中国科学院微生物研究所微生物多样性与资源创新利用全国重点实验室

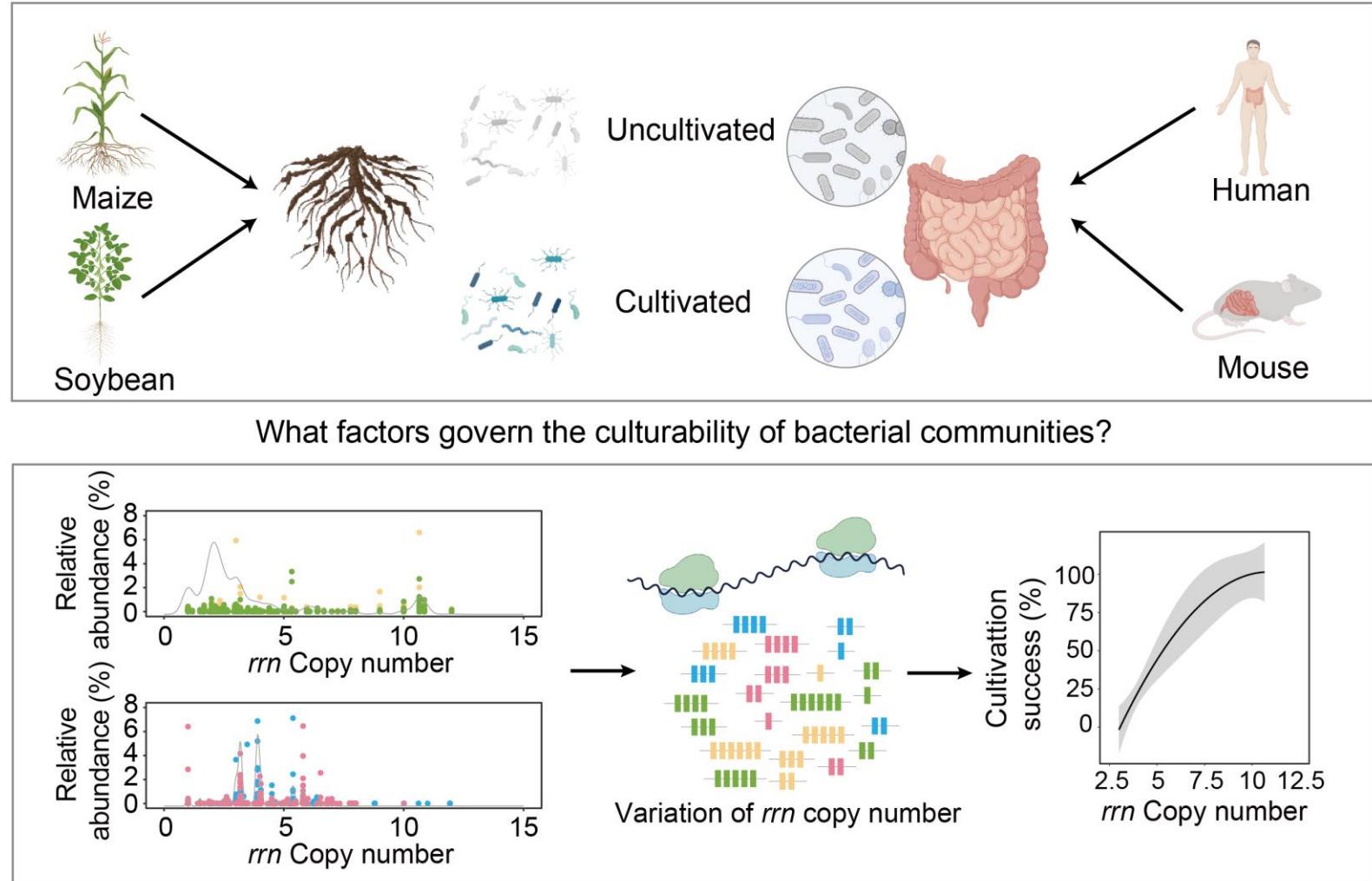
⁴中国科学院大学生命科学学院



Yuxiao Huang, Qingliu Wu, Chang Liu, Pugang Yu, Hao Li, Shengyue Tang, Fusuo Zhang, et al. 2025.
Ribosomal RNA operon copy number: a trait-informed framework to close the microbial cultivation gap.

iMetaOomics 2:e70071. <https://doi.org/10.1002/imo2.70071>

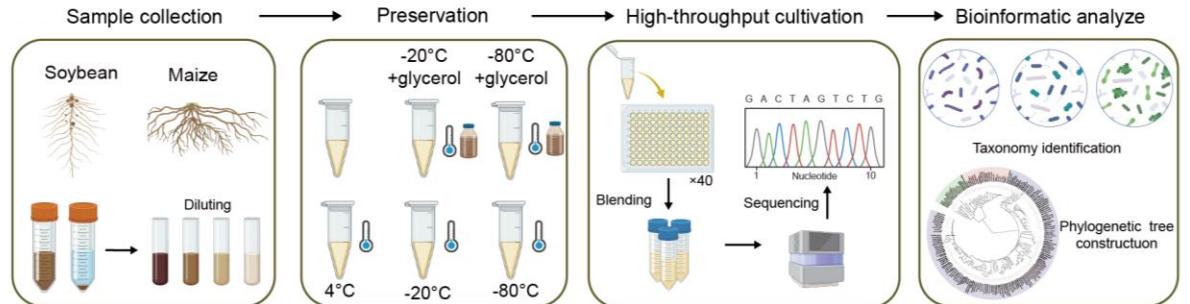
亮点



- 核糖体RNA操纵子 (*rrn*) 拷贝数与不同生境中微生物群落的培养效率之间存在关联。
- 传统培养方法偏好高*rrn*拷贝数类群，而低*rrn*拷贝数寡营养微生物类群始终难以培养。
- 根际微生物群落含更多高*rrn*拷贝数类群，而肠道微生物群落则富集更多中低*rrn*拷贝数微生物类群。
- 基于*rrn*拷贝数的培养策略有希望提高难培养、功能微生物的培养效率。



不同作物根际微生物群落组成与性状的分布



Group

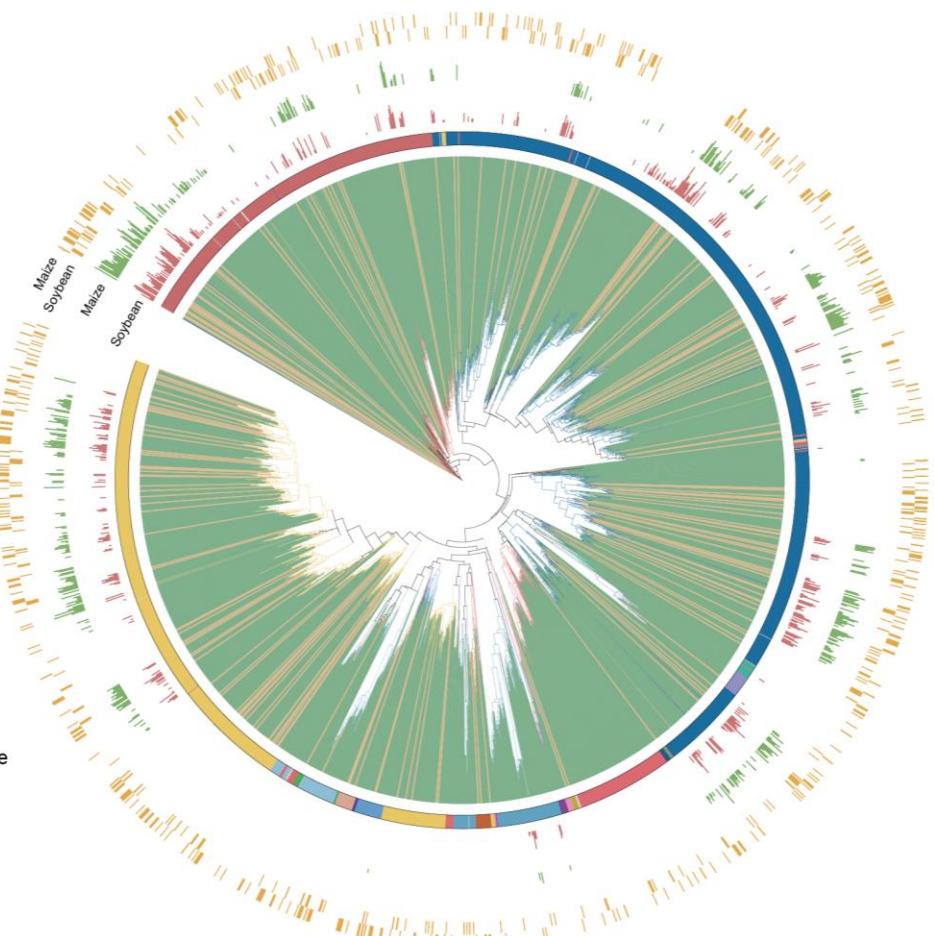
MT AT
CRT CAT

Taxonomy

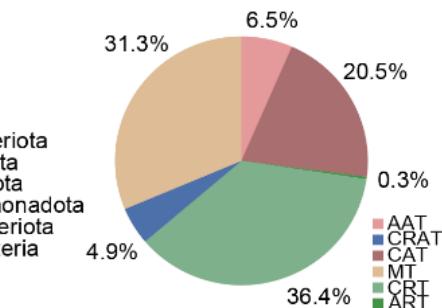
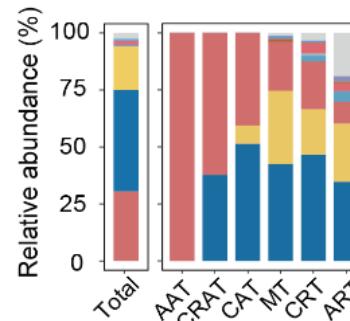
Unclassified
Acidobacteriota
Actinobacteriota
Bacteroidota
Bdellovibrionota
Chloroflexi
Crenarchaeota
Cyanobacteria
Dependentiae
Desulfobacterota
Entotheonellaeota
Firmicutes
Gemmatimonadota
Latescibacterota
Myxococcota
NB1-j
Nitrospirota
Planctomycetota
Proteobacteria
Verrucomicrobiota

\log_{10} absolute abundance
cultivated species

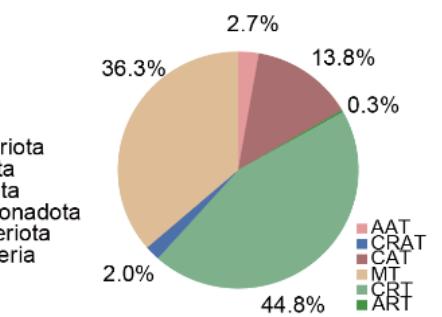
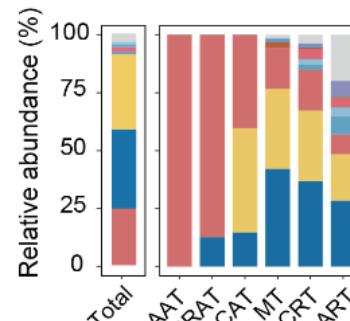
Absolute abundance
Total species
0 0.25 0.5 0.75 1



大豆



玉米

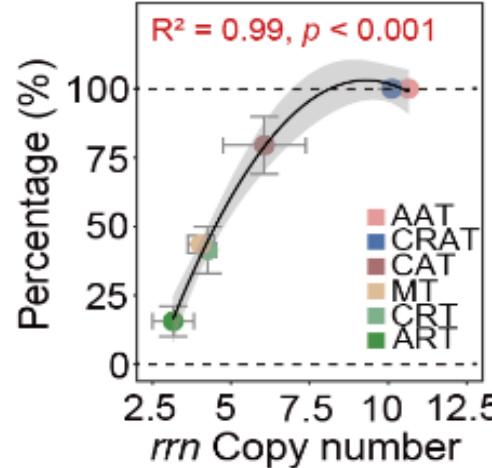
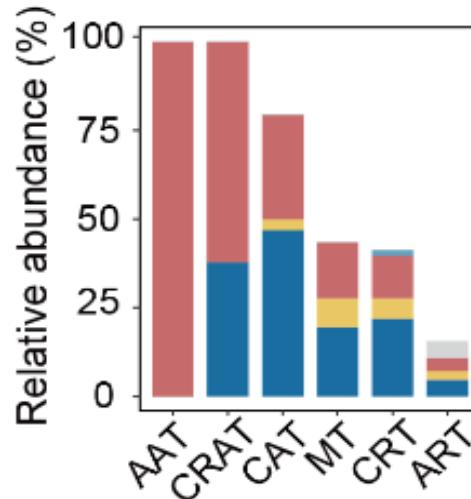


- 大豆根际更偏好变形菌门和厚壁菌门，而玉米根际放线菌门的比例更高；
- 玉米根际始终稀有类群（ART）和中间类群（MT）占比均高于大豆根际，而大豆根际条件丰富类群（CRT）占比更高。

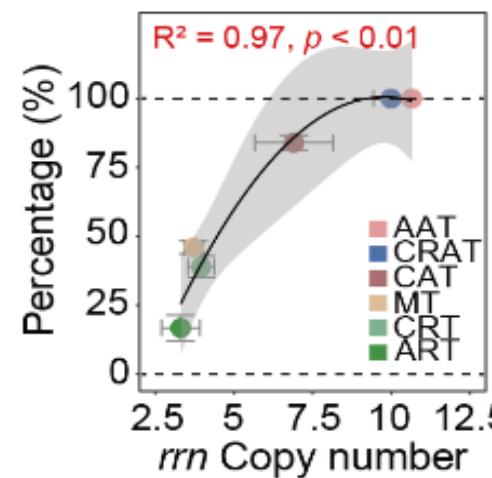
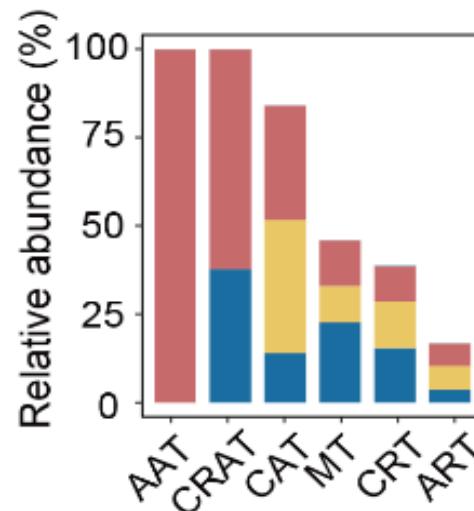


*rrn*拷贝数与细菌可培养性之间的定量关系

大豆



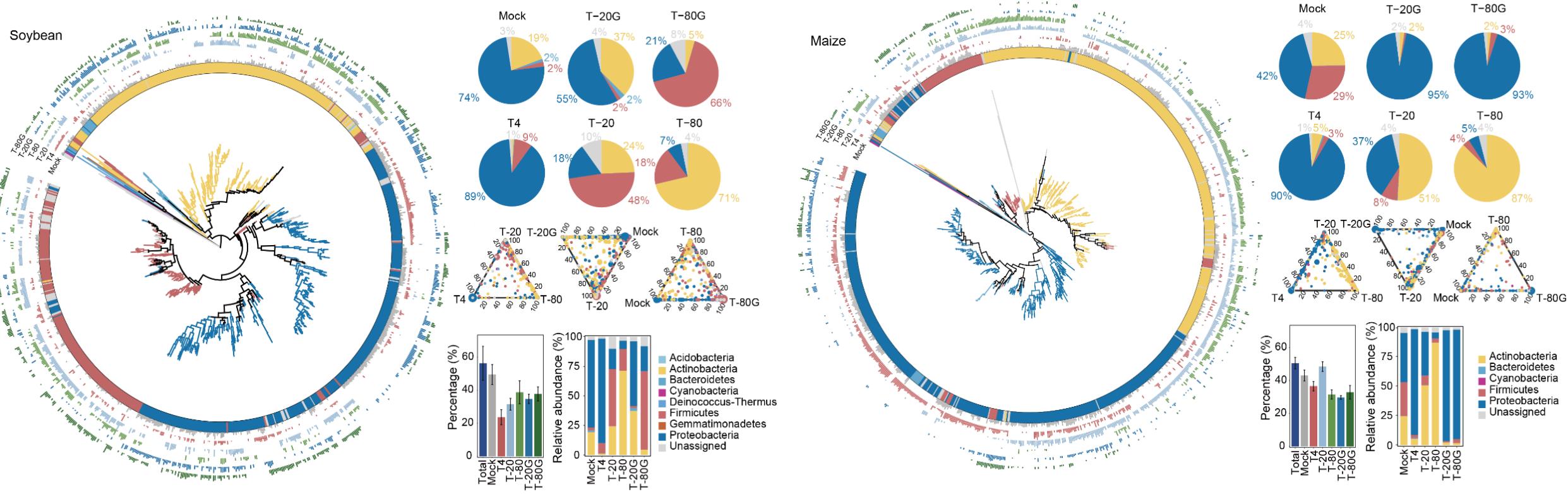
玉米



- rrn拷贝数与细菌可培养效率之间存在强正相关（大豆中 $R^2=0.97$, 玉米中 $R^2=0.99$ ），这与从两种作物根际成功分离的 ASVs 比例相对应。
- 变形菌门（通常为高rrn拷贝数）表现出高可培养性；厚壁菌门（rrn拷贝数极高）在始终丰富类群（AAT）中占主导地位；放线菌门（rrn拷贝数中等）则呈现属水平的差异。



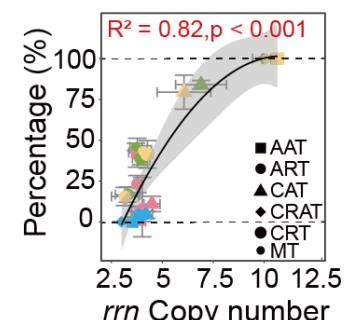
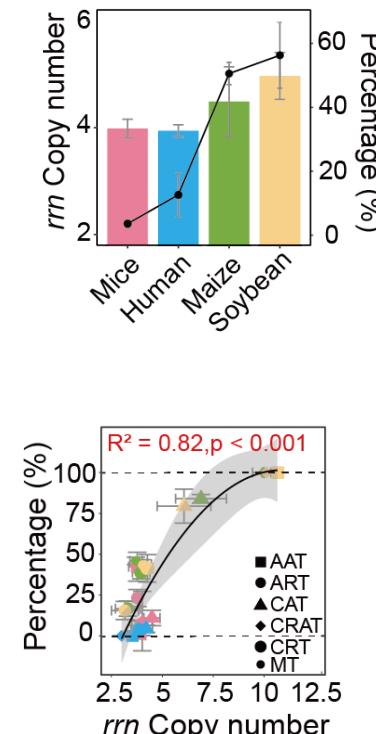
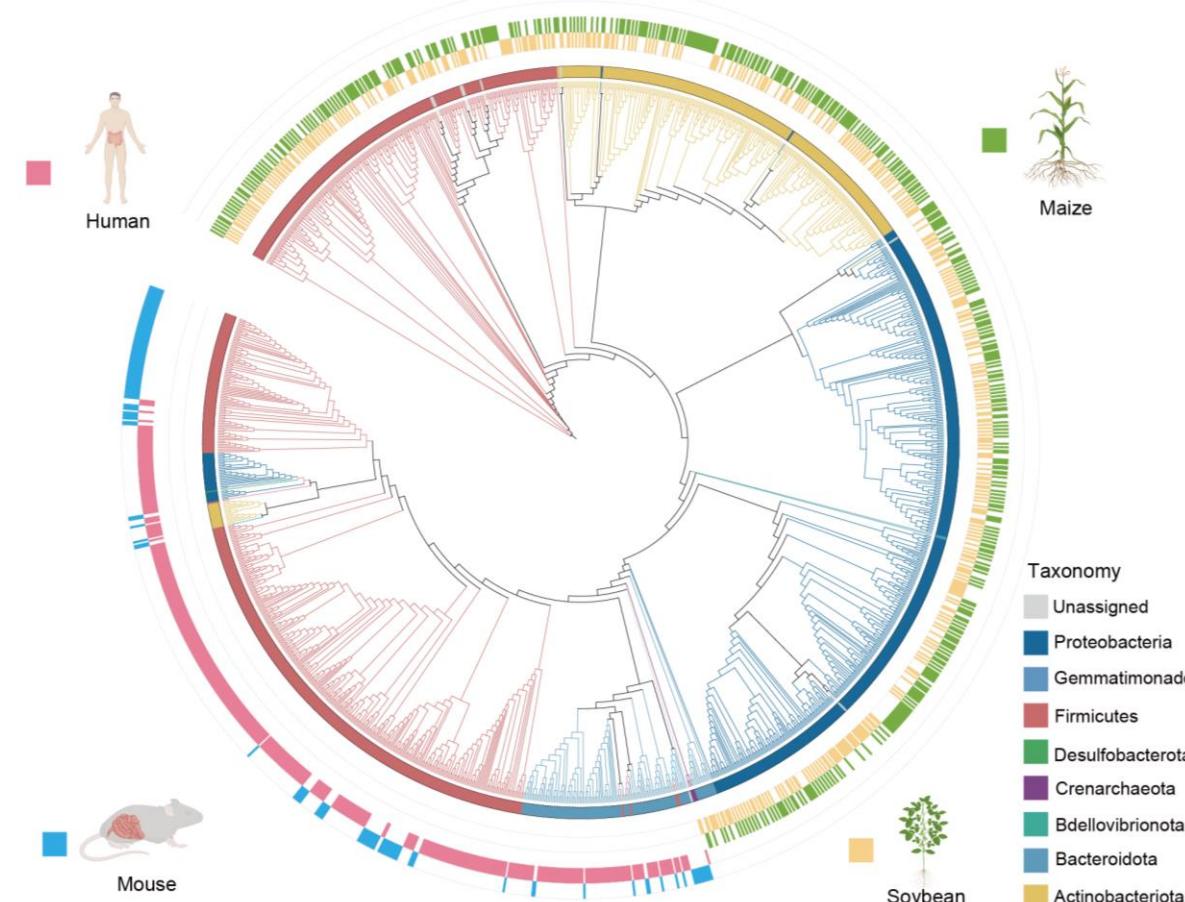
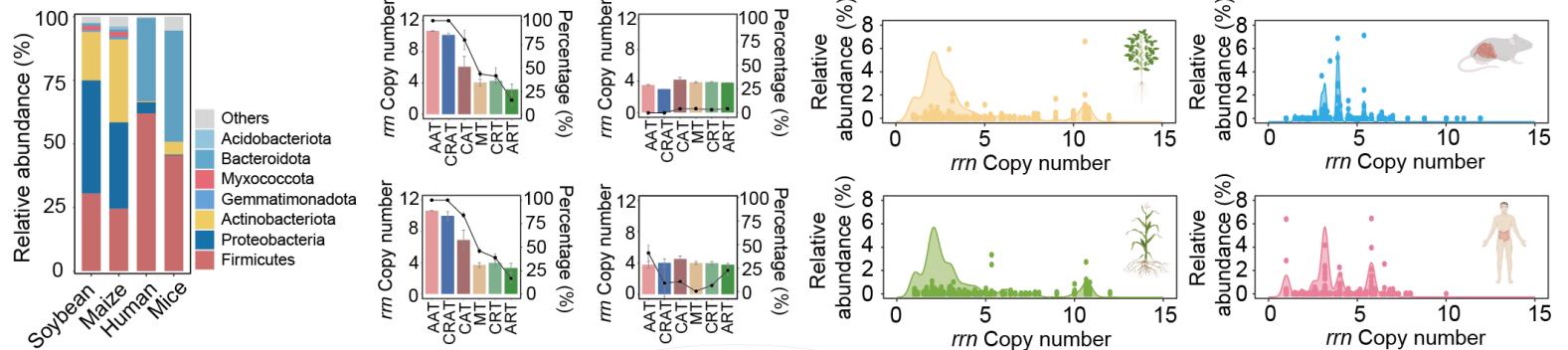
根际土保藏条件对微生物群落培养结果的影响



- 新鲜根际土能够捕获最广泛的微生物多样性。无冷冻保护剂的冷藏会减少变形菌门的数量并富集放线菌门，而甘油可部分恢复变形菌门的分离效率。在所有保藏条件下，低 *rrn* 拷贝数类群均减少，这凸显了培养和保藏偏差的复合效应。



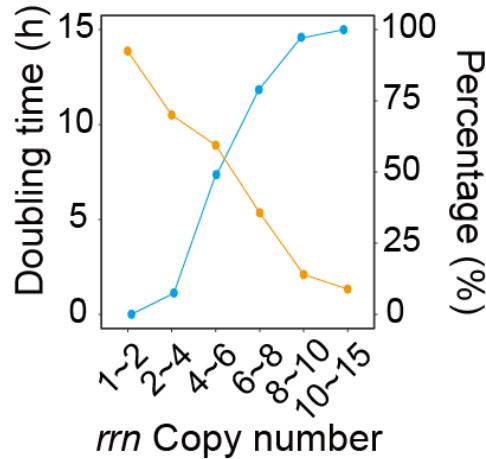
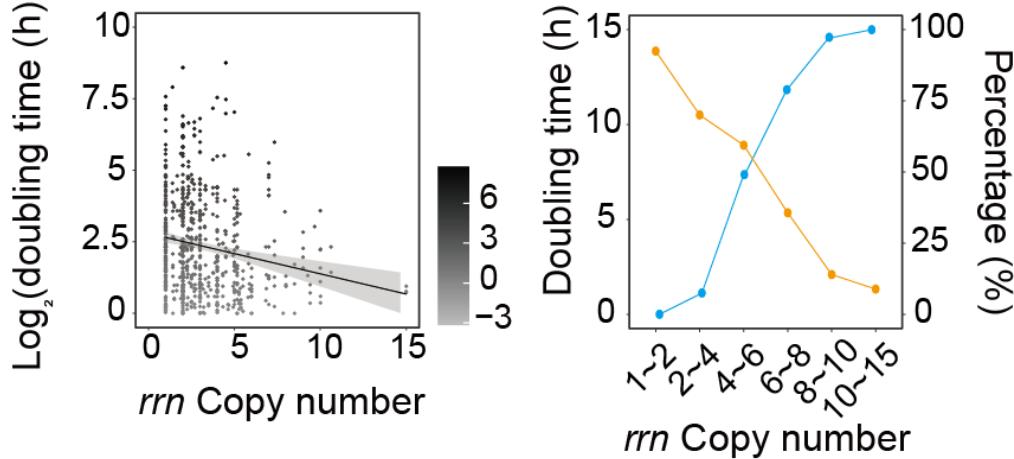
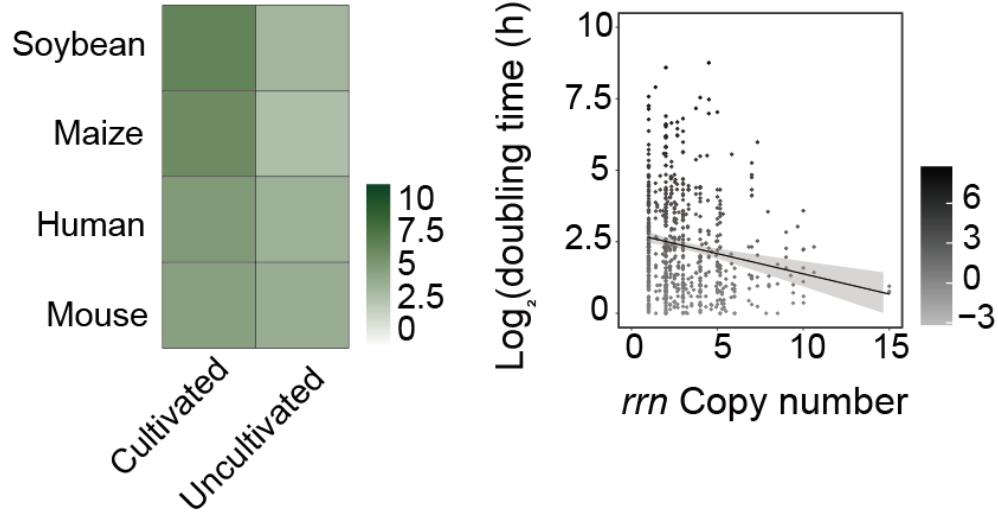
根际与肠道微生物群落之间的跨生态系统比较



- 根际微生物群落的平均 *rrn* 拷贝数较高（约 6-8），而 肠道微生物群落的平均 *rrn* 拷贝数较低（约 3-5）；
- 根际群落中高 *rrn* 拷贝数类群的占比相对更高，而低 *rrn* 拷贝数类群占比更低；
- 不同稀有度类群的可培养占比与平均 *rrn* 拷贝数成显著正相关。



基于性状对不同环境中微生物培养条件的校正



- 可培养类群的平均*rrn*拷贝数始终高于未培养类群；
- 700种细菌和190种古菌倍增时间与*rrn*拷贝数呈负相关；
- 高*rrn*微生物类群可培养比率高且生长速率更快。

基于 *rrn* 拷贝数的培养方案校正策略：

- 培养基设计：采用寡营养型培养基培养低 *rrn* 拷贝数类群；使用化学成分明确的培养基降低快速生长菌的优势。
- 培养体系：为慢生菌延长培养时间；采用波动营养条件模拟自然环境；调节温度 / 氧气以匹配生态位需求。
- 共培养与原位培养：利用扩散室 /iChip 技术保留微生物间相互作用；将目标类群与辅助菌株配对，实现交叉喂养或解毒作用。
- 保藏方法：添加冷冻保护剂最大限度减少损失；减少冻融循环保护低 *rrn* 类群。

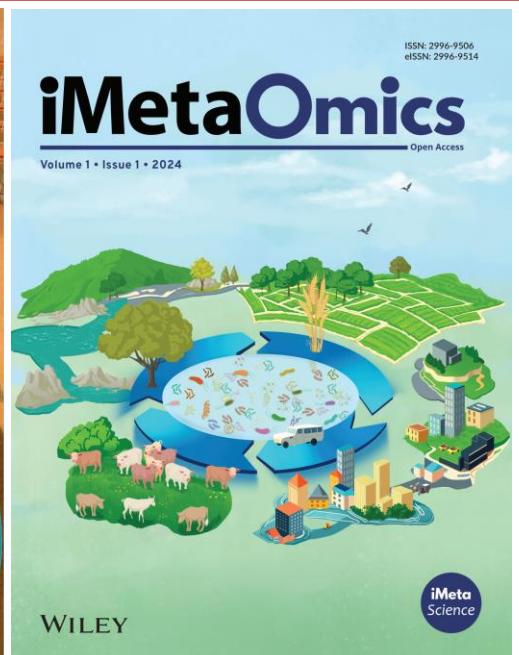
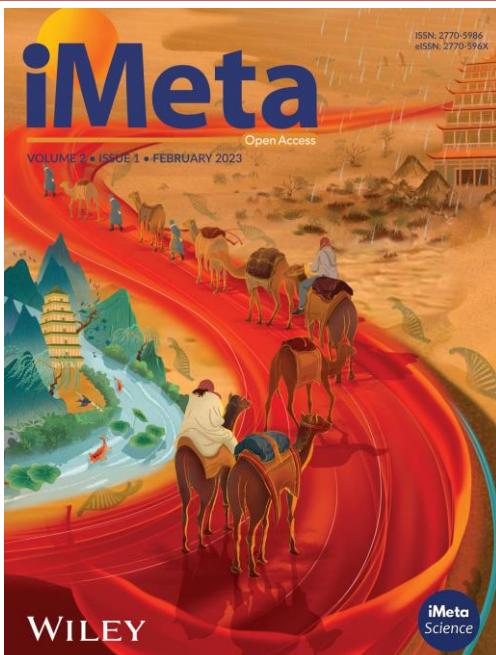


总结

- 微生物“平板计数异常”及传统培养的偏向性，导致多数寡营养型类群难以培养，制约相关应用与生物多样性保护。
- *rrn* 拷贝数可预测培养偏差，基于该性状的优化策略能提升丰度类群与难培养微生物的分离效率。
- *rrn* 拷贝数是对微生物可培养性的强预测指标，但需结合基因组大小等其他特征，以提供更全面的培养指导。
- 该性状导向框架衔接测序与培养，助力相关领域发展，未来需进一步明确 *rrn* 拷贝数与可培养性的因果关系。

Yuxiao Huang, Qingliu Wu, Chang Liu, Pugang Yu, Hao Li, Shengyue Tang, Fusuo Zhang, et al. 2025.
Ribosomal RNA operon copy number: a trait-informed framework to close the microbial cultivation gap.

iMetaOomics 2:e70071. <https://doi.org/10.1002/imo2.70071>



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