



深渊海沟周边沉积物中的病毒 蕴藏着多样的生存机制

苏越¹，于浩¹，孙淑娟¹，郑凯阳¹，王子岳¹，
高晨^{1,2}，李广雪³，刘晓收¹，邵红兵^{1,4}，
David Paez-Espino⁵，Andrew McMinn^{1,6}，梁彦韬^{1,4*}，汪岷^{1,2,4*}

¹中国海洋大学 海洋生命学院，海洋生物多样性与进化教育部重点实验室，
海洋生物多样性与进化研究所，
深海圈层与地球系统前沿科学中心，海洋碳中和创新研究中心

² 中国海洋大学 海德学院

³ 中国海洋大学 海洋地球科学学院

⁴ 中国海洋大学-登嘉楼大学海洋联合研究中心

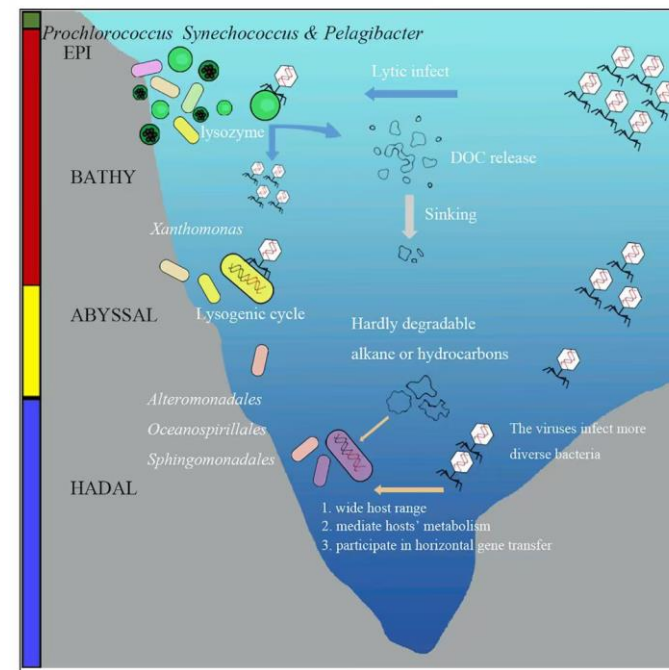
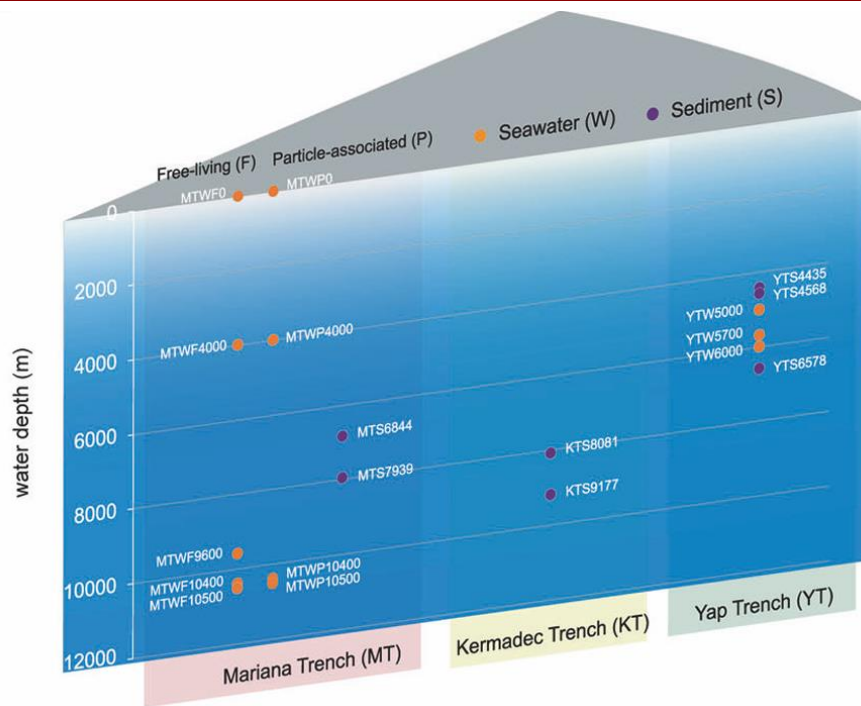
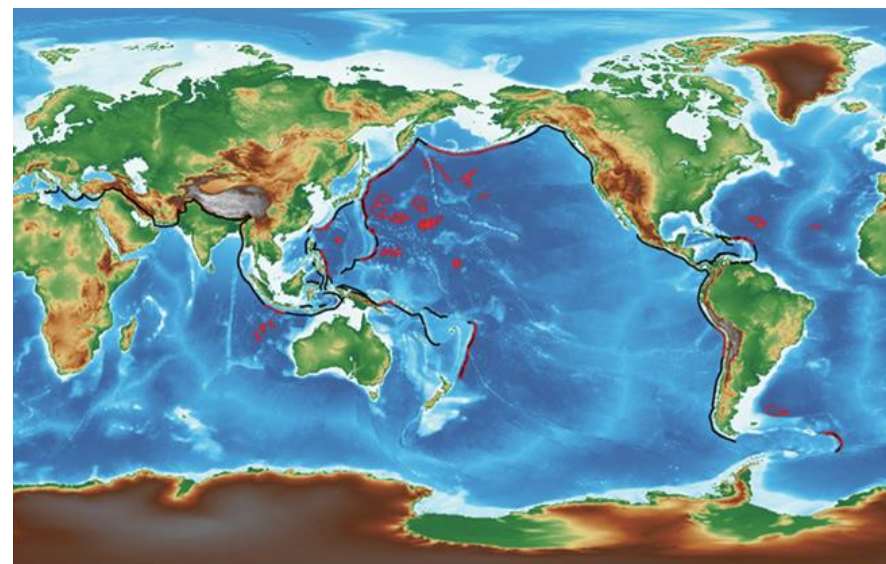
⁵ Ancilia Biosciences公司，纽约州Alexandria Launch实验室

⁶塔斯马尼亚大学海洋与南极研究所



Yue Su, Hao Yu, Shujuan Sun, Kaiyang Zheng, Ziyue Wang, Chen Gao, Guangxue Li, et al. 2026.
Viruses in the sediments around the trenches harbor diverse survival mechanisms.
iMetaOmics 3: e70124. <https://doi.org/10.1002/imo2.70124>

引言



深渊全球分布图 (Li et al. 2023)

深渊病毒数据库 (Jian et al. 2021.)

深渊病毒示意图 (Gao et al. 2021.)

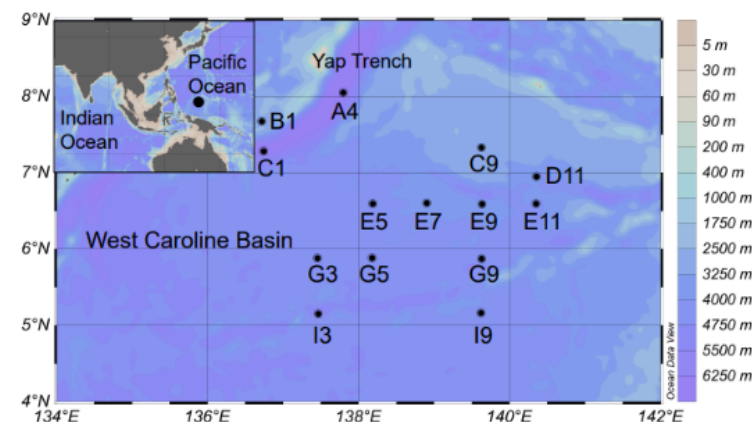
深渊有高压、低温、无光的特点，相对封闭，是研究生命对**极端环境适应**的理想场所；
之前的研究表明深渊病毒具有独特的群落结构，并提出海沟之间病毒群落可能具有**连通性**；
温和性生活策略在深渊环境中可能广泛存在。

局限性：缺乏深渊海沟周边病毒生存机制的系统性研究

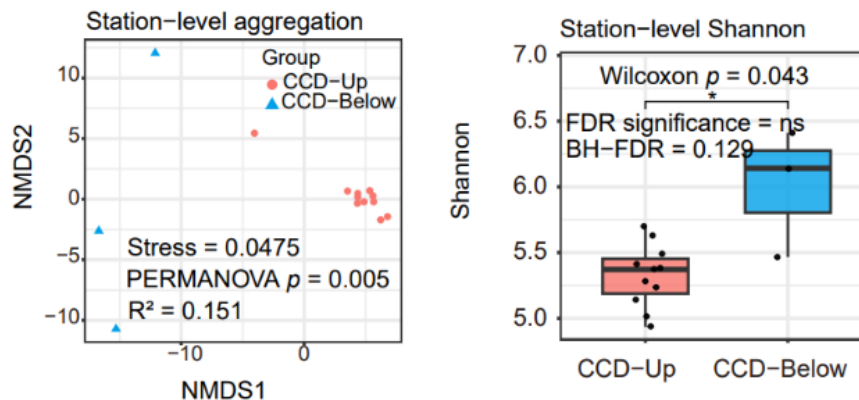


亮点

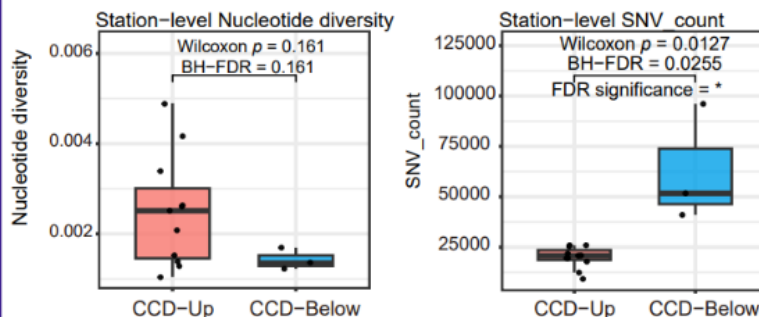
① Sampling across the carbonate compensation depth (CCD)



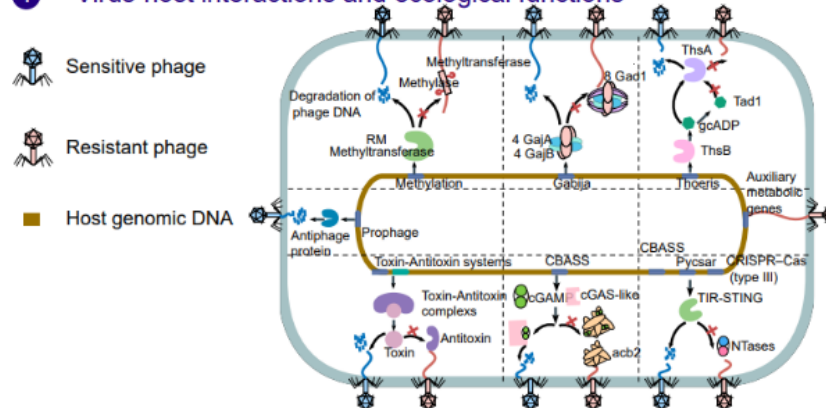
② Highly novel, depth-structured virus



③ Microdiversity varies with depth



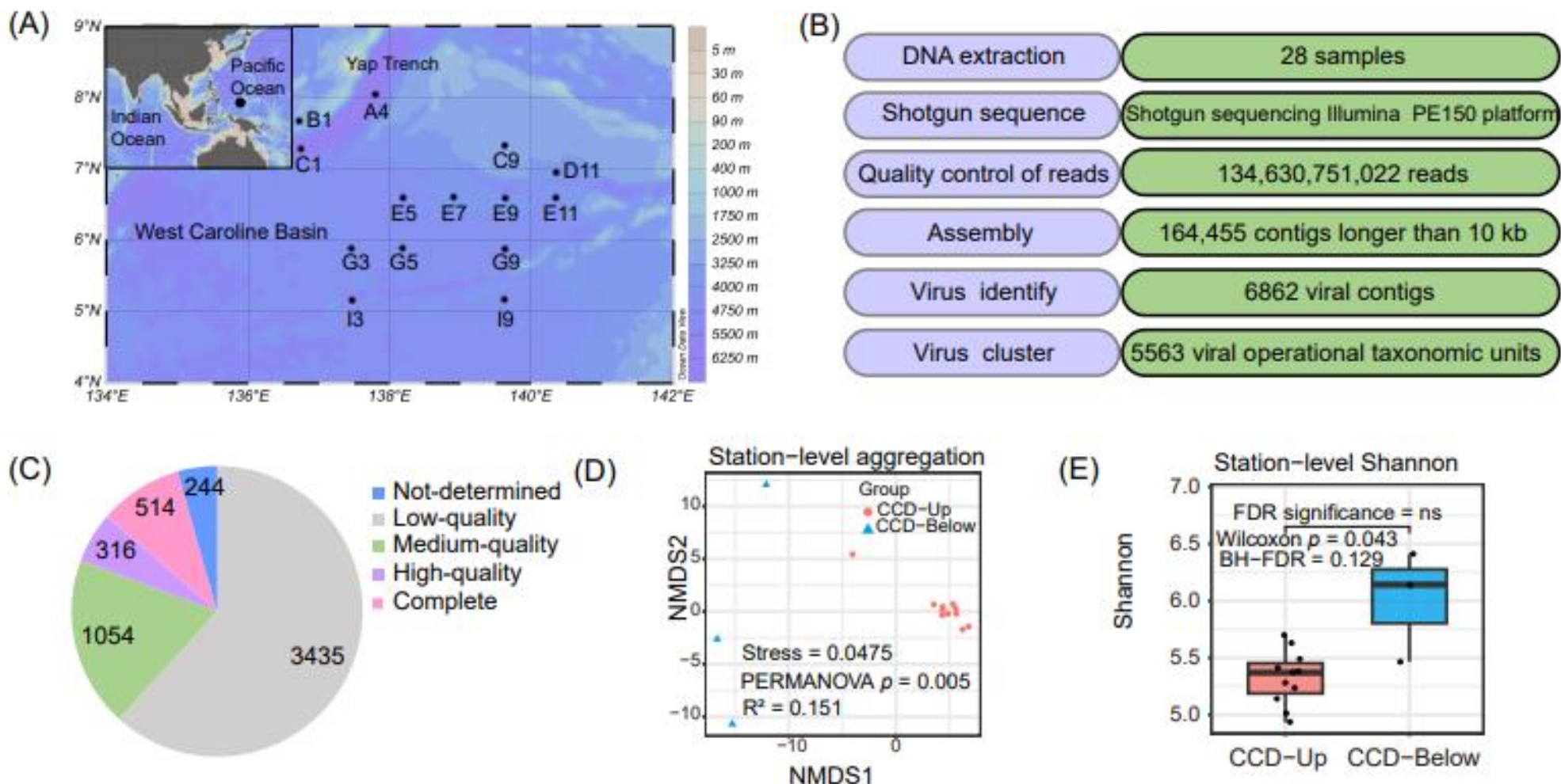
④ Virus-host interactions and ecological functions



- 利用宏基因组学分析，揭示了雅浦海沟与西卡罗琳盆地沉积物中**高度新颖**的病毒群落结构；
- 揭示了病毒群落组成、功能潜力及多样性沿水深梯度**呈显著分异**；
- 宿主基因组中丰富的抗病毒防御系统与病毒的反防御蛋白共同揭示了深海沉积环境中复杂的**宿主—病毒拮抗**关系。



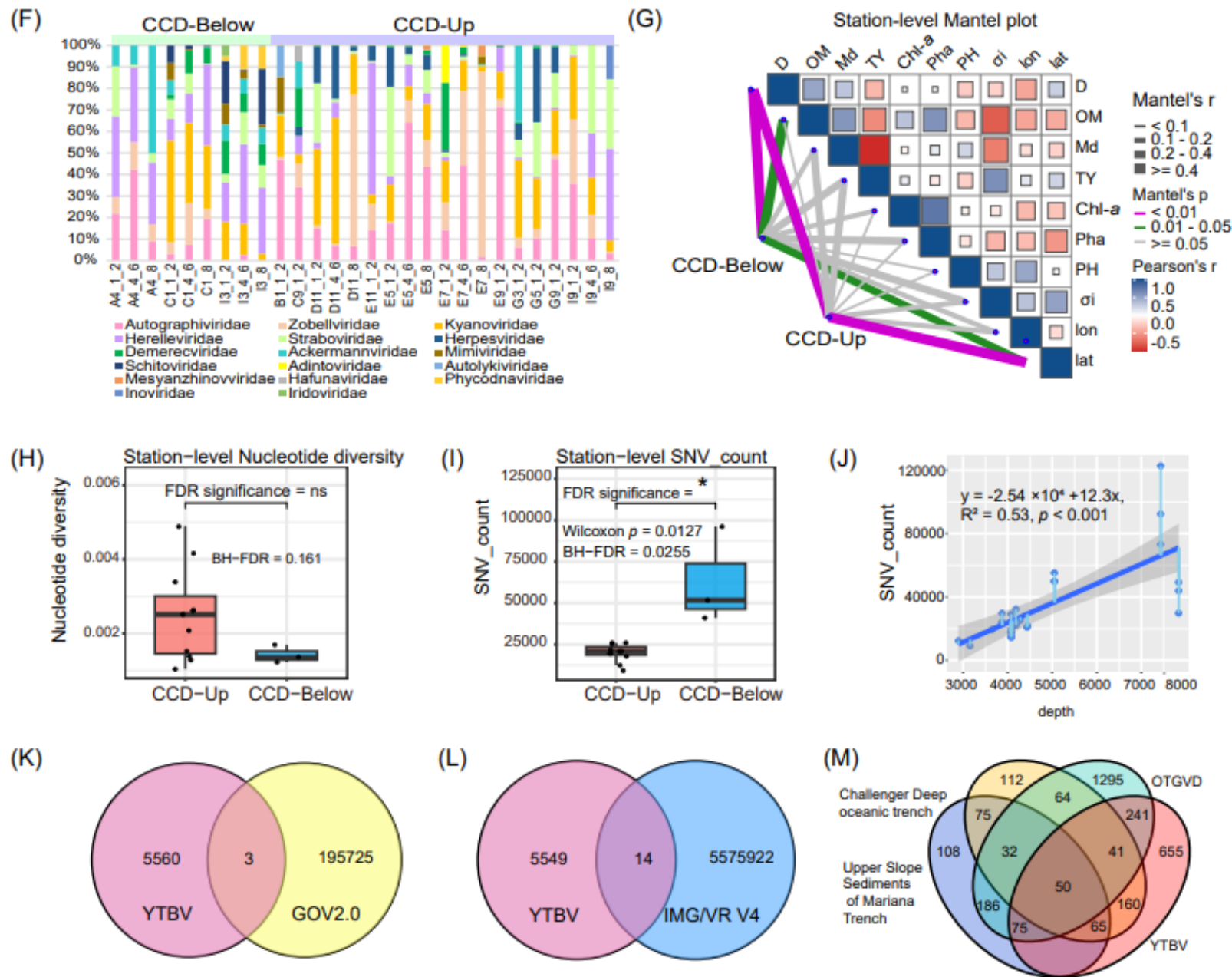
雅浦海沟与西卡罗琳盆地 (YTWCB) 沉积物病毒概述



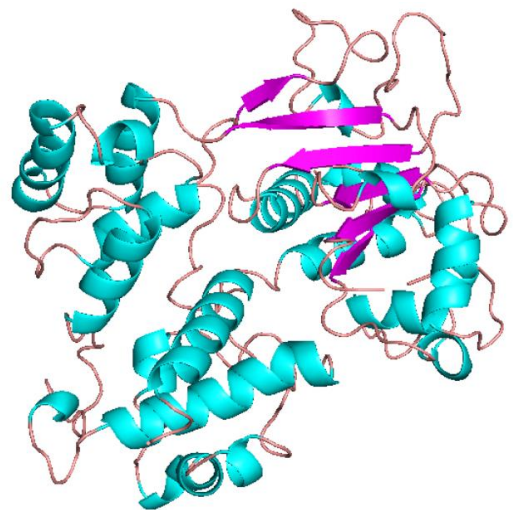
- 宏观病毒多样性在碳酸盐补偿深度 (CCD) 边界上下表现出**明显差异**;
- 微观多样性显示单核苷酸变异SNV**沿着水深显著升高**;
- 与现有病毒数据库相似性较低, 表明沉积物病毒有大量的**新颖性**;



雅浦海沟与西卡罗琳盆地 (YTWCB) 沉积物病毒概述

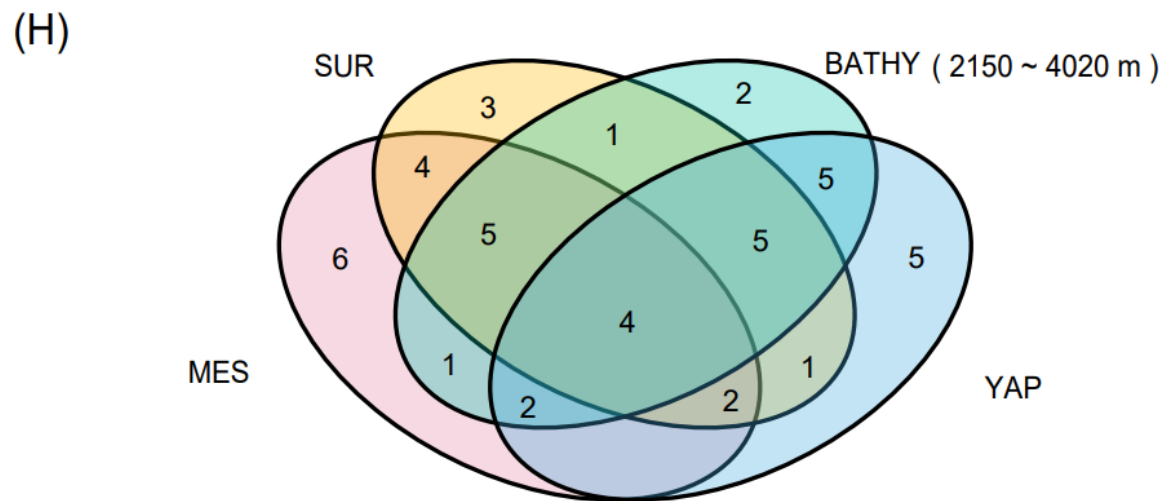
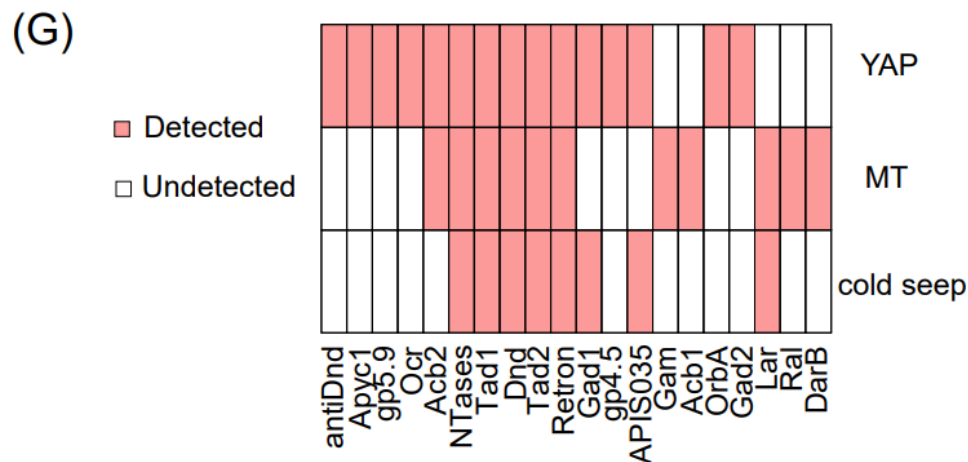
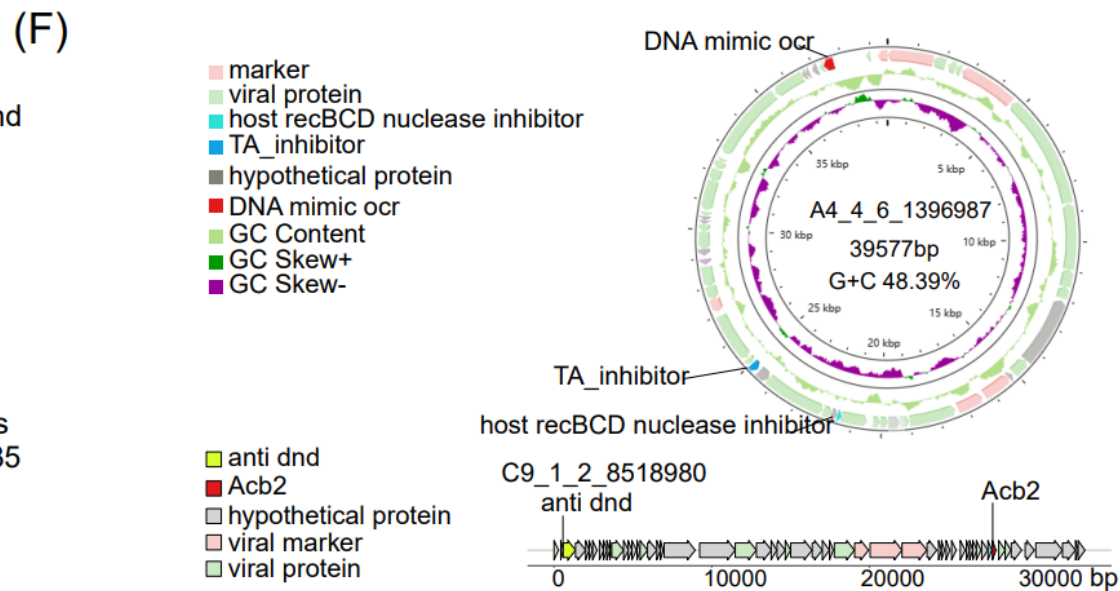
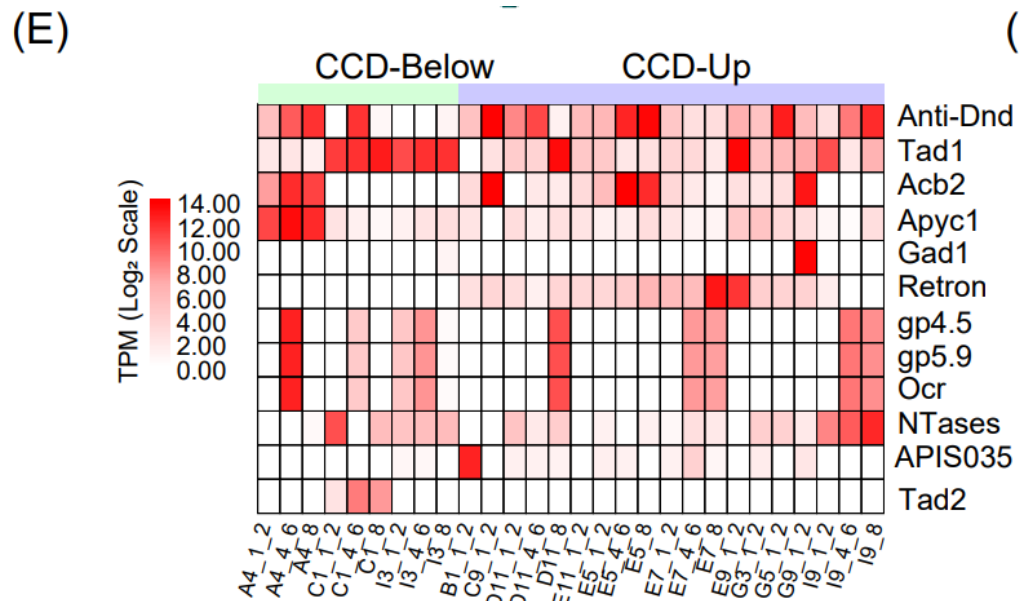


- 宏观病毒多样性在碳酸盐补偿深度 (CCD) 边界上下表现出**明显差异**;
- 微观多样性显示单核苷酸变异SNV**沿着水深显著升高**;
- 与现有病毒数据库相似性较低, 表明沉积物病毒有大量的**新颖性**;



- 在功能层面，病毒编码了多种与极端**深海环境适应**相关的基因，包括 DNA 修饰、脂质代谢、糖类利用、硫代谢以及潜在免疫逃逸相关基因；

雅浦海沟与西卡罗琳盆地 (YTWCB) 沉积物中的病毒-宿主互作



- 宿主基因组中丰富的**抗病毒防御系统**与病毒的**反防御蛋白**共同揭示了深海沉积环境中复杂的宿主—病毒拮抗关系。



总结

- ❑ YTWCB 沉积物中存在高度新颖的病毒群落，与当前海洋病毒数据库相似性较低，说明该区域仍蕴含大量未被认识的病毒多样性。
- ❑ 在群落格局上，宏观病毒群落在碳酸盐补偿深度（CCD）边界上下表现出明显差异，微观上SNV 累积沿深度显著增加，但核苷酸多样性（ π ）差异较弱，更深的病毒可能经历了更强的选择。
- ❑ 在功能层面，病毒编码了多种与深海环境适应相关的基因，包括 DNA 修饰、脂质代谢、糖类利用、硫代谢以及潜在免疫逃逸相关基因，表明病毒是深海沉积物中重要的遗传多样性组成部分，通过调控宿主代谢和干扰宿主防御过程参与深海生态过程。
- ❑ 宿主基因组中丰富的抗病毒防御系统与病毒的反防御蛋白揭示了深海沉积环境中复杂的宿主-病毒互作。

Yue Su, Hao Yu, Shujuan Sun, Kaiyang Zheng, Ziyue Wang, Chen Gao, Guangxue Li, et al. 2026.
Viruses in the sediments around the trenches harbor diverse survival mechanisms.
iMetaOmics 3: e70124. <https://doi.org/10.1002/imo2.70124>

iMeta(宏): 生物和医学顶级成果发表平台

iMeta WILEY



iMeta(宏)期刊由宏科学创办，对标**Cell**的生物/医学综合期刊，**SCIE**、**PubMed**收录，影响因子(IF)44.4，位列全球第47，中国第4，**分区表生物学1区Top**，外审平均21天，投稿至发表中位数87天(比同水平期刊快3倍)，欢迎高影响力的研究、方法和综述投稿，CNS外审稿件可带意见和回复转投。

iMetaOmics (宏组学)，定位IF>15对标**NC/SA**的生物/医学综合期刊，已被**ESCI**、**PubMed**等收录。

iMetaMed (宏医学)定位IF>15的医学综合期刊，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
2026/6/17