



ExMODE: 极端微生物基因组和功能探索的综合资源库

李登辉^{1#}, 麻凯龙^{2#}, 李小强^{3#}, 王杰妮^{4#}, 崔震^{1#}, 张雨露³,
王伟文², 佟佳伟³, 郭扬⁵, 王宗安¹, 曾佩云¹, 王洁雨², 徐晓凯²,
张楠楠¹, 张莹莹¹, 陈静², 胡庆江², 杨文真², 李志勇³, 杨涛², 杜文斯², 徐志成²,
岳震¹, 汪建⁶, 范广益⁷, 张维佳⁸, 徐讯², 霍刘杰^{4*}, 魏晓锋^{2*}, 孟亮^{1*}, 刘姗姗^{2*}

¹ 三亚华大生命科学研究院

² 深圳华大生命科学研究院

³ 武汉华大生命科学研究院

⁴ 山东大学微生物改造技术全国重点实验室

⁵ 中国科学院海洋研究所

⁶ 深圳华大基因科技有限公司

⁷ 青岛华大基因研究院

⁸ 中国科学院深海科学与工程研究所



Denghui Li, Kailong Ma, Xiaoqiang Li, Jieni Wang, Zhen Cui, Yulu Zhang, Weiwen Wang, et al. 2026.
ExMODE: A comprehensive resource for extremophile genomic and functional exploration.
iMetaOmics 3: e70137. <https://doi.org/10.1002/imo2.70137>



背景介绍



冰川



盐矿



热泉



酸性矿山废水



深海

- **极端环境是指具有一种或多种极端物理或化学条件**（如高温/低温、高压、高盐、强酸等）的环境。常见类型：陆地热泉，极地冰川与冻土，盐湖，酸性矿山废水和深海
- 极端环境并非生命荒漠，反而孕育了特殊的极端微生物，这些**极端微生物具有极高的新颖性和多样性**
- **极端微生物的遗传多样性，是生物资源挖掘“良矿”，**如：Taq DNA聚合酶；深海PET水解酶等



背景介绍

当前研究面临的挑战

01 数据分散与标准化缺失



多源异构，整合分析困难

宏基因组数据散落在全球不同存储库中，缺乏统一的索引与检索机制，跨库数据汇聚耗时费力，难以形成合力进行大规模挖掘。



元数据标准参差不齐

样本注释格式、环境参数记录标准各异，关键信息缺失或描述模糊，严重阻碍了跨环境、跨研究的对比分析与数据价值挖掘。



02 数据库广度与深度的失衡

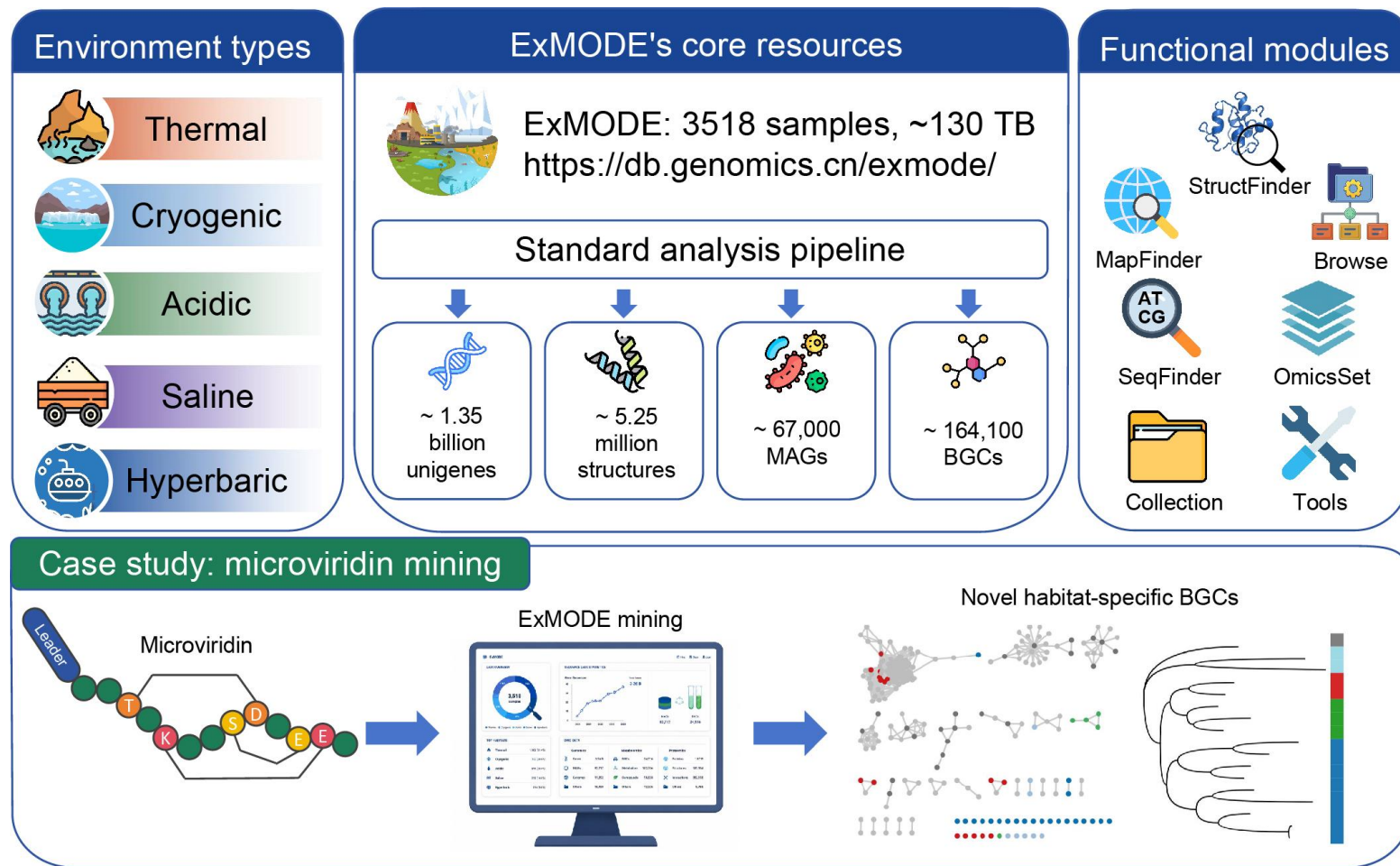
MGnify 覆盖范围广但缺乏极端环境的深度挖掘，而 4GDB 等库又局限于单一环境（如冰川）。这种广度与深度的割裂，限制了对微生物适应机制的系统性跨环境研究。



03 重序列轻结构，难解“暗物质”

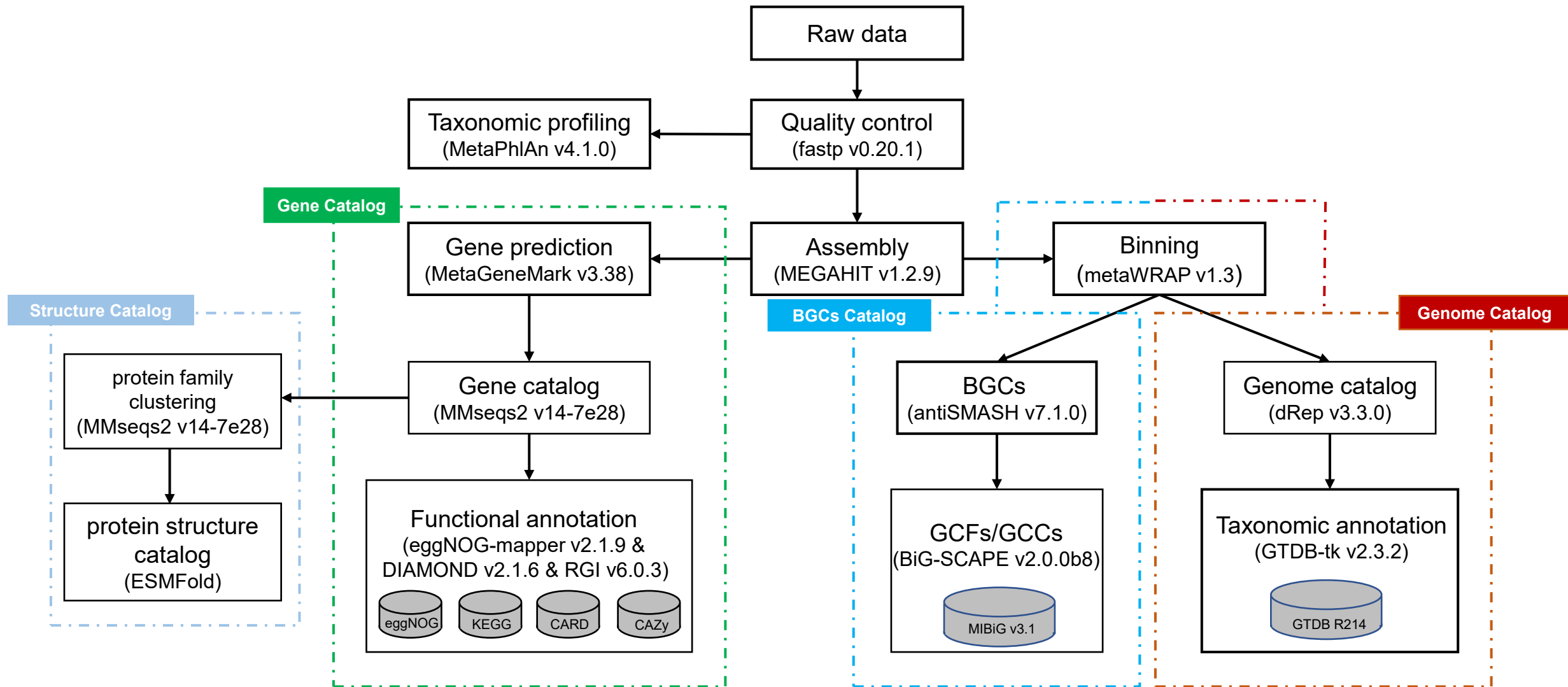
现有资源以核酸序列为中心，缺乏蛋白质三维结构信息的互补。这导致大量功能未知的“微生物暗物质”无法被有效注释，也阻碍了新型功能酶与生物分子的发现。

亮点



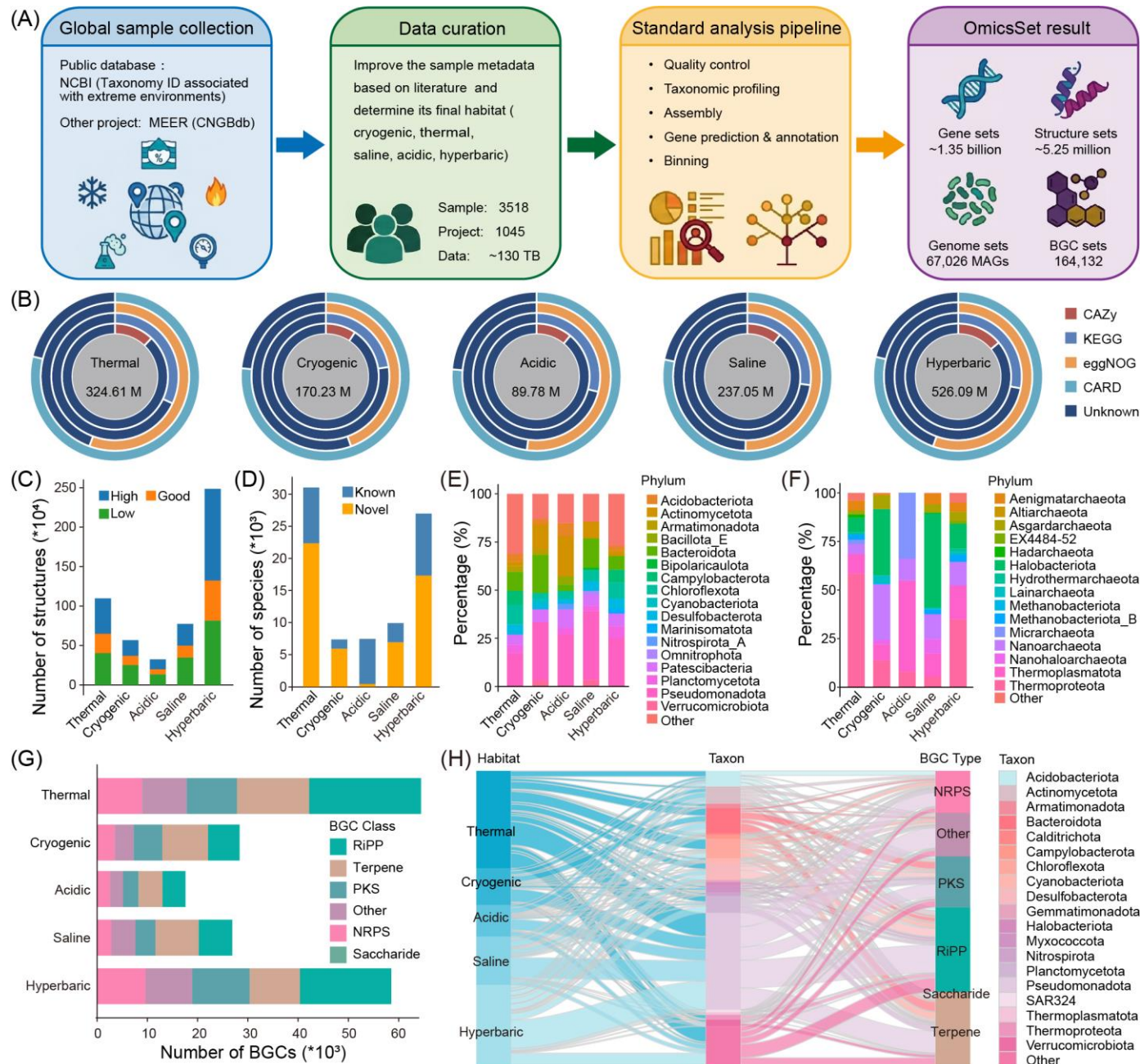
- ExMODE整合了3,518个样本，构建了一个统一的极端环境微生物资源库，包含13.5亿条非冗余基因、525万条代表性蛋白质结构、67,026个宏基因组组装基因组和164,132个生物合成基因簇。
- ExMODE支持跨五类极端环境开展序列、结构和基因组层面的综合探索，从而挖掘微生物功能暗物质。
- 跨环境Microviridin挖掘案例展示了ExMODE发现新型BGCs和具有应用价值天然产物的潜力。

数据处理与分析流程





ExMODE的极端微生物资源展示

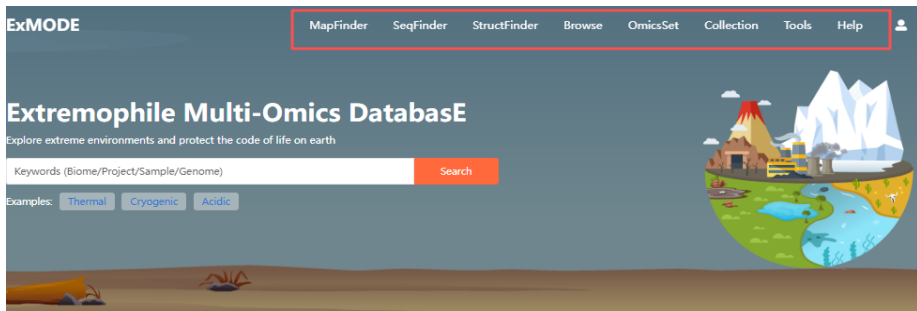


- **大规模资源整合:** 3,518个样本, 构建13.5亿基因、525万蛋白结构、67,026个MAGs和164,132个BGCs的资源库。
- **丰富的功能暗物质:** 大多数基因缺乏现有数据库注释, 蕴含大量潜在新功能。
- **结构资源助力功能挖掘:** 525万代表性蛋白结构为未知蛋白的结构引导探索提供基础。
- **广泛的微生物多样性:** 大量MAGs尚未获得物种水平分类, 揭示潜在的新颖微生物资源。
- **多样化的生物合成潜力:** 164,132个BGCs分布于五类极端环境, 呈现差异化的生物合成特征。

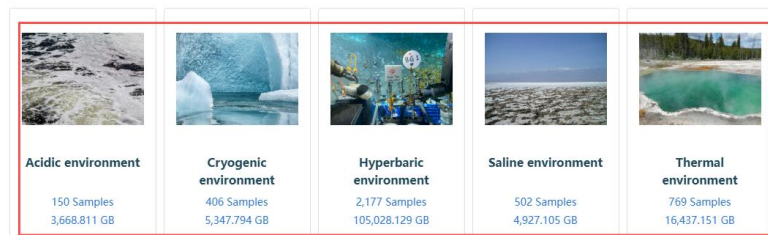
图1. ExMODE极端微生物资源综合解析



ExMODE的平台界面与功能模块



Biomes

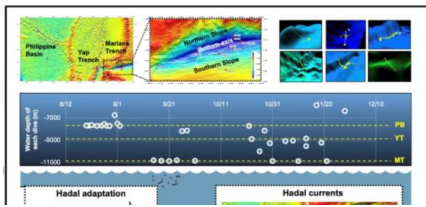


Collections

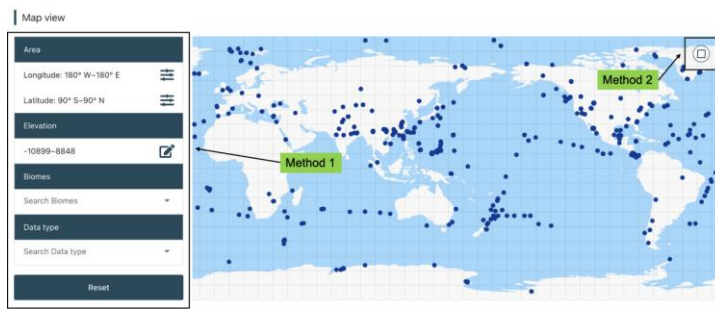
MEER

The Mariana Trench Environment and Ecology Research Project (MEER). The goal of this project is to collaboratively address significant scientific challenges, including the formation and evolution of deep-sea geological systems, the origins of life and adaptability to environmental conditions, biodiversity, and the impacts of climate change. This initiative is set to further deepen research and bolster international cooperation in the domain of deep-sea science.

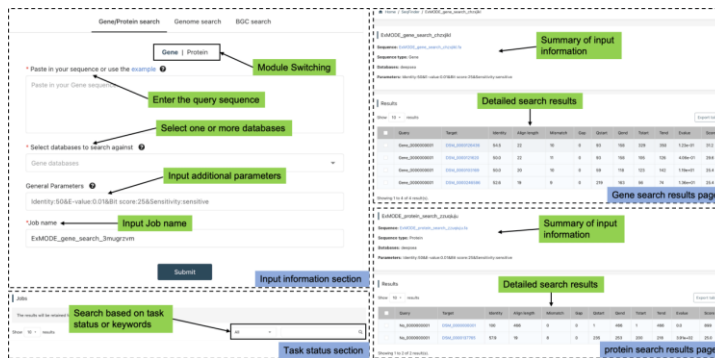
Metagenome
Metatranscriptome
Metaproteome



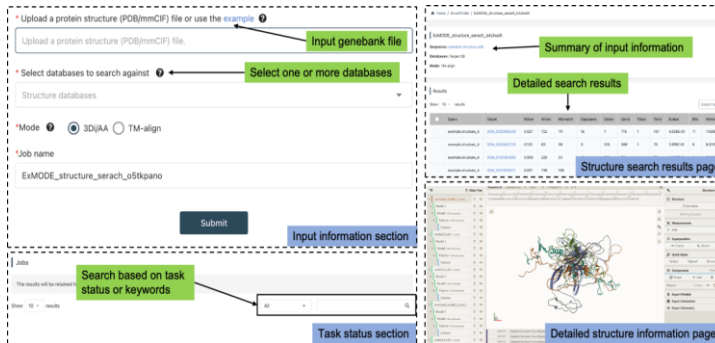
ExMODE极端生物多组学数据库



MapFinder



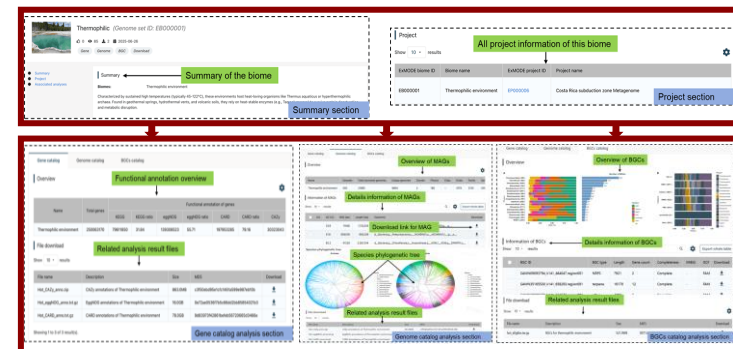
SeqFinder



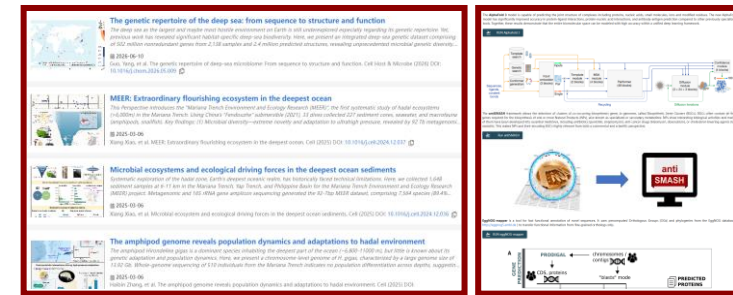
StructFinder



Browse

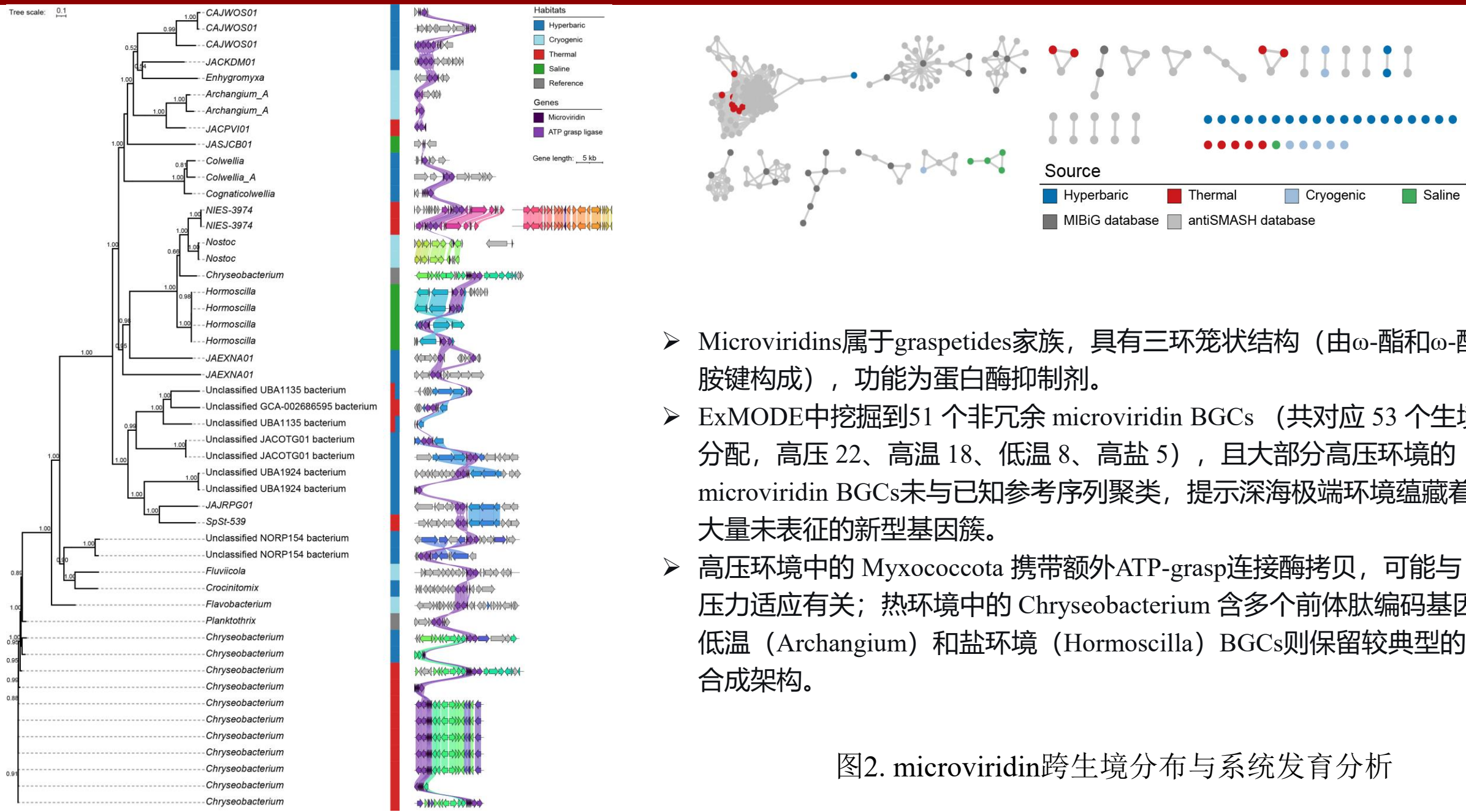


OmicsSet



Collections & Tools

案例：microviridin天然产物跨生境的挖掘分析



- Microviridins属于graspetides家族，具有三环笼状结构（由 ω -酯和 ω -酰胺键构成），功能为蛋白酶抑制剂。
- ExMODE中挖掘到51 个非冗余 microviridin BGCs（共对应 53 个生境分配，高压 22、高温 18、低温 8、高盐 5），且大部分高压环境的 microviridin BGCs未与已知参考序列聚类，提示深海极端环境蕴藏着大量未表征的新型基因簇。
- 高压环境中的 Myxococcota 携带额外ATP-grasp连接酶拷贝，可能与压力适应有关；热环境中的 Chryseobacterium 含多个前体肽编码基因；低温（Archangium）和盐环境（Hormoscilla）BGCs则保留较典型的合成架构。

图2. microviridin跨生境分布与系统发育分析



总结

- ❑ ExMODE整合了五类极端环境微生物组数据，构建基因、蛋白结构、MAGs及BGCs等多维资源体系；
- ❑ 数据库提供基于基因/蛋白序列、蛋白结构、基因组及次级代谢产物的在线交互式检索功能，支持跨环境比较和功能挖掘；
- ❑ 以microviridin为案例开展跨环境BGC挖掘，展示了ExMODE在天然产物发现中的应用潜力；
- ❑ 数据库网址：<https://db.genomics.cn/exmode/>

Denghui Li, Kailong Ma, Xiaoqiang Li, Jieni Wang, Zhen Cui, Yulu Zhang, Weiwen Wang, et al. 2026.
ExMODE: A comprehensive resource for extremophile genomic and functional exploration.
iMetaOmics 3: e70137. <https://doi.org/10.1002/imo2.70137>

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