

科技新闻

·深度报道·

基因组极小的微生物或将进化为病毒

新发现的生物体DNA几乎完全专注于复制,模糊了细胞与病毒之间的界限

文/Christie Wilcox

一种新发现的微生物暂被命名为“*Sukunaarchaeum*”。虽然它并非病毒,但和病毒一样,除了自我复制外几乎无法进行其他生命活动。

据科学家进行的基因组(目前唯一能证明其存在的证据)分析,这种生物是一种寄生生物,对其寄居的单细胞宿主毫无贡献。*Sukunaarchaeum* 仅含 189 个蛋白质编码基因,大部分都用于复制自己的基因组;其他必需物质则完全依赖宿主,即广泛分布于全球海洋生态系统中的腰鞭毛虫。更神秘的是,它的部分序列显示它属于古菌谱系——与包括人类在内的复杂生物关系更近,而非与细菌(如大肠杆菌)同类。

一项发表在 bioRxiv 预印本平台的研究指出,*Sukunaarchaeum* 这种在生存方式上类似病毒的微生物“挑战了细胞生命与病毒之间的界限”。尽管并未参与该项研究,但明尼苏达大学双城分校的合成生物学家 Kate Adamala 表示:“这种生物可能是一块令人着迷的活化石,即进化长河中侥幸留存的中间形态”。

Sukunaarchaeum 的发现纯属偶然。日本筑波大学研究人员最初想测序 *C. regius* 细胞中的全部

DNA,以研究其蓝藻共生体。除预期的甲藻和蓝藻序列以及疑似细菌寄生基因组外,他们意外发现一段仅 238 kb 的环状 DNA,相当于大肠杆菌基因组大小的 5%。筑波大学进化微生物学家 Takuro Nakayama 表示:“起初我们怀疑这一微小的环状基因组可能只是某种实验中的产物”。

尽管 Nakayama 研究团队采用多种方法对该生物的基因组进行测序和组装,仍反复检测到该 DNA 环的存在。研究团队进而推断,*C. regius* 体内可能共生着另一种生命体,其似乎属于古菌。

Sukunaarchaeum 显然无法在宿主之外独立生存,其基因组规模约为目前已知最小古菌基因组的一半。该尚未正式命名的生物不同于任何已知古菌,其暂命名灵感来源于日本神话中身材矮小的神“*Sukunabikona*”。然而,*Sukunaarchaeum* 并非已知拥有最小微生物基因组的记录保持者,目前该记录由一种共生于吸汁昆虫体内的细菌保持,其基因组仅含约 16 万个碱基对,并保留有可合成对宿主有益分子的相关基因。

Nakayama 指出,相比之下,*Sukunaarchaeum* “几乎完全缺乏已知的代谢途径”。这意味着其

可能无法自主合成基本的生命所需分子(如构成蛋白质的氨基酸或构成 DNA 的核苷酸),因此该微生物与宿主腰鞭毛虫之间可能存在一种“寄生性或单向依赖性关系”。Nakayama 进一步补充道,*Sukunaarchaeum* “几乎完全依赖”于宿主的细胞机制,这一特性在已知病毒中尤为典型。

然而,*Sukunaarchaeum* 在一个关键方面与病毒存在显著差异:具备自主复制其遗传物质的能力。通常,病毒必须依赖宿主细胞的分子机制完成自我复制,而几乎所有已鉴定的 *Sukunaarchaeum* 基因均与 DNA 复制、转录和翻译相关。尽管如此,Nakayama 认为,该微生物“即便以牺牲几乎所有代谢能力为代价,仍极端专注于基因复制”的策略,与病毒的生存策略具有高度相似性。

圣地亚哥州立大学生物学家 Elizabeth Waters 曾参与 2003 年首个古菌寄生种类基因组的发表工作,她对 *Sukunaarchaeum* 正在进化为病毒的观点持谨慎态度,并表示,“这种推测尚嫌过早,不过如果这个假设成立,无疑将是一



腰鞭毛虫(*Citharistes regius*)体内,
藏有一种微小的微生物
(图片来源:筑波大学)

个令人震撼的发现”。无论如何,她认为这种微生物“极具研究价值”,并认为 *Sukunaarchaeum* 将为基因组进化的基础研究工作提供了理想的测试对象。

此外,Adamala 补充指出,如果 *Sukunaarchaeum* 确实代表一种向病毒进化的微生物,那么该生物有可能为揭示病毒起源和演化路径提供关键线索。她指出,“生命进化过程中的许多重大转变并未留下化石证据,使得我们难以还原其具体发生机制。但通过研究现存生物的分子特征,我们可尝试重建其祖先状态。某些情况下,大自然还会保留进化中的过渡性形态,这无疑是极为宝贵的研究资源。”

目前已有证据表明, *Sukunaarchaeum* 并非孤例。Nakayama 及其研究团队筛选从全球海水提取的公开 DNA 序列时,发现了许多与 *Sukunaarchaeum* 相似的序列。Nakayama 表示,“这一发现使我们意识到,除了识别出一种异常的生物体,我们还首次揭示了一个此前未曾认识的大型古菌谱系的完整基因组。”

研究人员正试图拍摄 *Sukunaarchaeum* 的图像,这项任务颇具挑战性,因为该微生物的宽度可能远小于 $1\text{ }\mu\text{m}$ (相比之下, Waters 研究的古菌寄生生物基因组大小是 *Sukunaarchaeum* 的 2 倍多,然而其直径仅为 400 nm)。此外,该团队正在研究该种微生物的谱系与其他古菌的关系,例如是否存在自由生活的近缘种,并对其蛋白质功能进行详细分析,特别是那些与细胞膜相关的

巨大蛋白质,这些蛋白质可能在微生物与宿主之间的相互作用中起着关键作用。

Adamala 认为这一发现能够提醒人们,生物学领域仍有许多

未知领域值得探索。她表示,“这项研究充分展示了生物学的令人激动与迷人之处,同时也彰显了我们对其理解非常有限”。

(译自《Science》,2025,388(6753))

空气中 DNA 追踪生物多样性与人类踪迹

这一技术有望为科学研究带来重大突破,但也引发了关于伦理的广泛关注

文/Warren Cornwall

2023 年 4 月的某一周,佛罗里达州华盛顿橡树花园州立公园里热闹非凡。一只山猫正在追踪东美松鼠,一条东部菱背响尾蛇在灌木丛中蜿蜒爬行,而大橡树中间的空地上则活动着大棕蝠、蚊子和鱼鹰等多种野生动物,以及人类访客。

然而,这一切并非科学家通过目视观察所获,而是借助先进的空气 DNA 技术,从空气中漂浮的微小有机物质中提取并识别出的生物存在信号。类似分析也在爱尔兰都柏林的街头开展,揭示了另一种截然不同、但同样丰富的生活景象。上述研究成果发表于《Nature Ecology & Evolution》,论文指出,空气中 DNA 检测工具在生物多样性评估、病原微生物监控以及外来入侵物种早期预警方面具有巨大潜力,但同时也引发了对人类隐私权可能被侵犯的伦理忧虑。尽管并未参与该项研究,华盛顿大学海洋科学家 Ryan Kelly 仍评价道:“这是一次对科学边界的真正挑战”。

过去 10 年间,科学家持续加大对水、空气和灰尘中的 DNA(通常称为环境 DNA 或 eDNA)的研究力度。在 2025 年 5 月,已有研究团队利用该技术对英国全国范围内的生物多样性进行了调查。

然而,目前最常用于分析 eDNA 样本的方法,即代谢条形码技术,其处理过程往往需要数天至数周时间。此外,由于该技术依赖于有限的一组 DNA 引物序列,用以对特定的 DNA 条形码进行扩增和测序,由于这些引物只能识别特定生物类群,因此所获取的物种信息具有一定局限性。

相比之下,这项新研究采用了一种名为鸟枪法测序的先进技术,该方法无需预设引物,而是将样本中的全部 DNA 随机切割,并对生成的数十亿个片段进行高通量读取。随后通过计算机程序识别并拼接重叠序列,重构出更完整的遗传信息。这些重建的序列可与超过 50 万个物种的基因数据库进行比对。

佛罗里达大学惠特尼海洋生