



# 油藏中病毒介导的硫代谢调控

Sulfur metabolism mediated by viruses in oil reservoirs

汇报人:G5B 马帅

组员: G5A 臧嘉熹

G5C 杨智纲

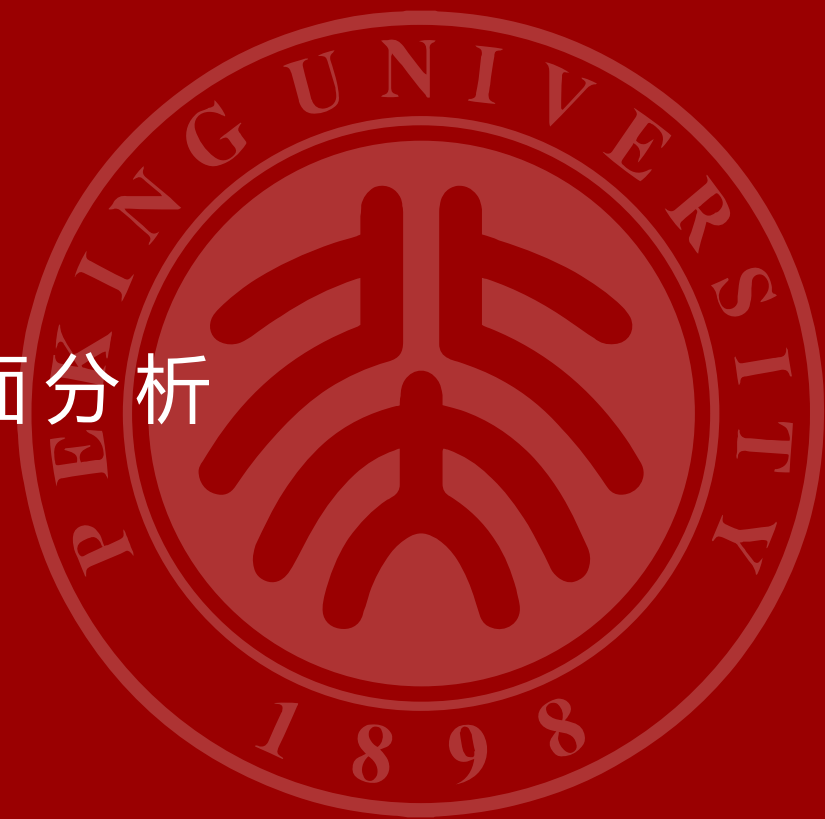
# 目录

CONTENTS

01 背景介绍

02 dsrA的全面分析

03 总结与展望

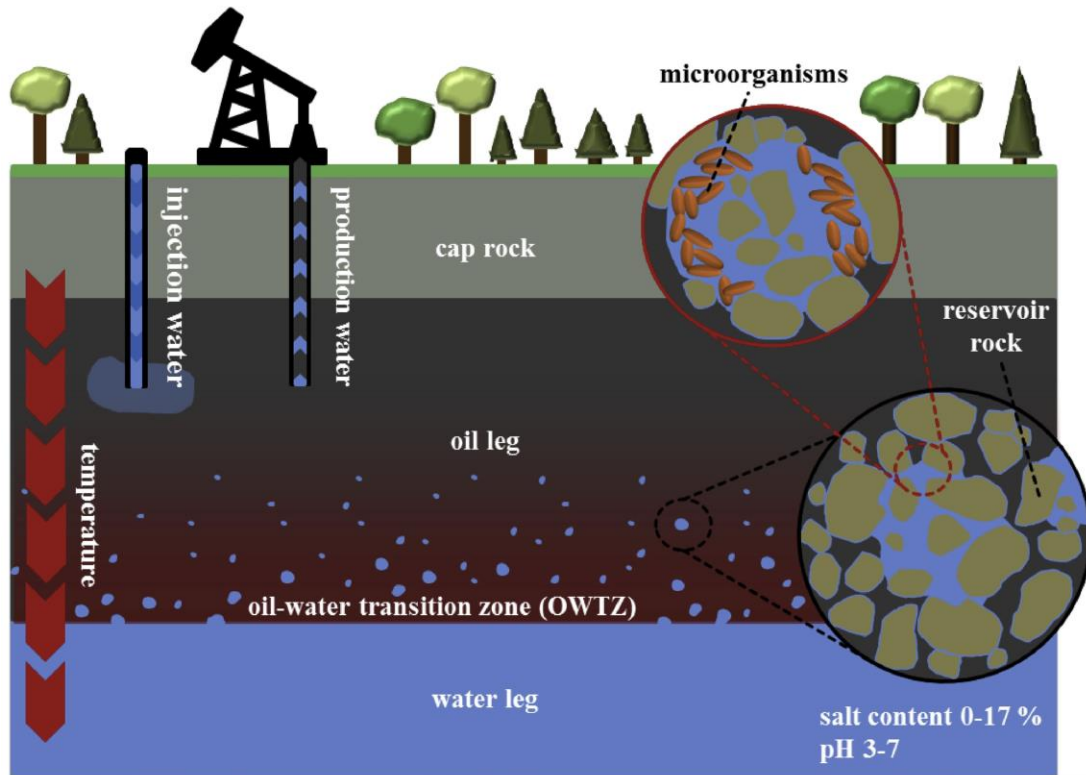


# PART 01 ▶

# 研究背景



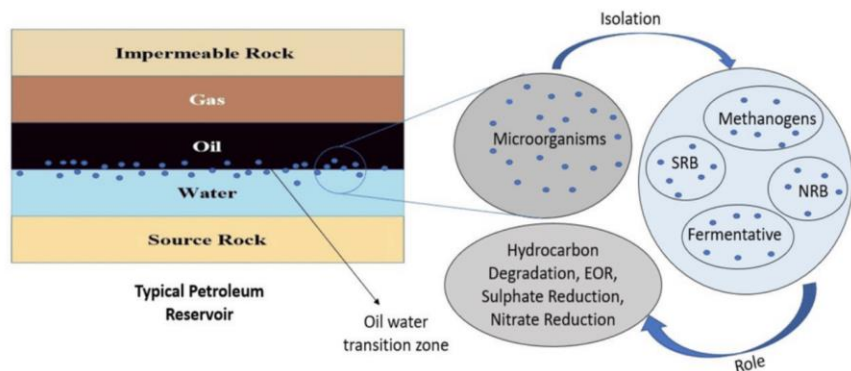
# 1.1 微生物驱油 (Microbial Enhanced Oil Recovery, MEOR)



- 随着常规化学与物理驱油效率逐渐下降，微生物驱油 (MEOR) 成为提高采收率的重要补充技术
- MEOR 利用油藏中微生物的代谢活动，通过以下机制改善采油效率：
  - 产生气体 ( $\text{CO}_2$ 、 $\text{CH}_4$ 、 $\text{H}_2$ ) → 提高地层压力
  - 合成表面活性剂、生物聚合物 → 降低油水界面张力
  - 改变孔隙结构与润湿性 → 提高原油流动性
- 相较于化学驱油，MEOR 具有：
  - 成本低
  - 环境友好
  - 适应复杂地层条件等优势
- 已在多种油藏中得到关注与应用

## 1.2 油藏环境与微生物

- 油藏并非无生命体系，而是一个高度活跃的地下微生物生态系统（高温高压高盐）
- 常见油藏功能菌包括：
  - 烷烃降解菌
  - 产甲烷菌
  - 硫酸盐还原微生物（Sulfate-Reducing Microorganisms, SRMs）等
- 这些微生物之间通过代谢互作共同驱动：
  - 碳循环
  - 硫循环
  - 电子流动



- SRM 是油藏硫循环与  $H_2S$  产生的核心驱动者
- 硫酸盐还原微生物（SRM）通过硫酸盐还原：
  - 将硫酸盐 ( $SO_4^{2-}$ ) 还原为硫化物 ( $H_2S$ )
  - 该过程在油藏中具有双重影响



### 负面影响:

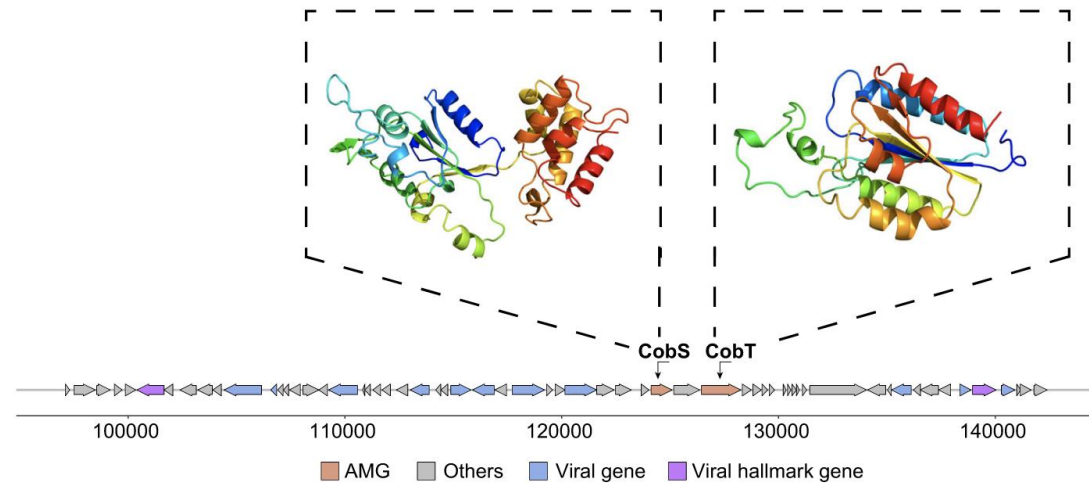
- $H_2S$  造成：
  - 油藏酸化
  - 管道与设备严重腐蚀
  - 原油品质下降
  - 安全风险增加
- 在MEOR过程中，SRM的异常富集会显著削弱驱油效果

## 1.3 病毒在油藏中的角色

- 油藏并非“病毒稀缺环境”，而是：
  - 病毒数量丰富
  - 病毒多样性高
  - 病毒-宿主关系紧密
- 病毒通过以下方式深度参与微生物生态过程：
  - 裂解宿主细胞
  - 调控微生物丰度与群落结构
  - 影响物质与能量流动
- 在其他生态系统中，病毒已被证明是调控生物地球化学循环的重要驱动力。



- 近年来研究发现病毒可能直接影响硫酸盐还原过程：
  - 病毒可携带辅助代谢基因 (AMGs)
  - 这些基因可直接参与宿主核心代谢过程
- 在硫循环中，病毒可能携带或调控：
  - sat (硫酸盐活化)
  - aprAB (APS还原)
  - dsrAB (异化硫酸盐还原)

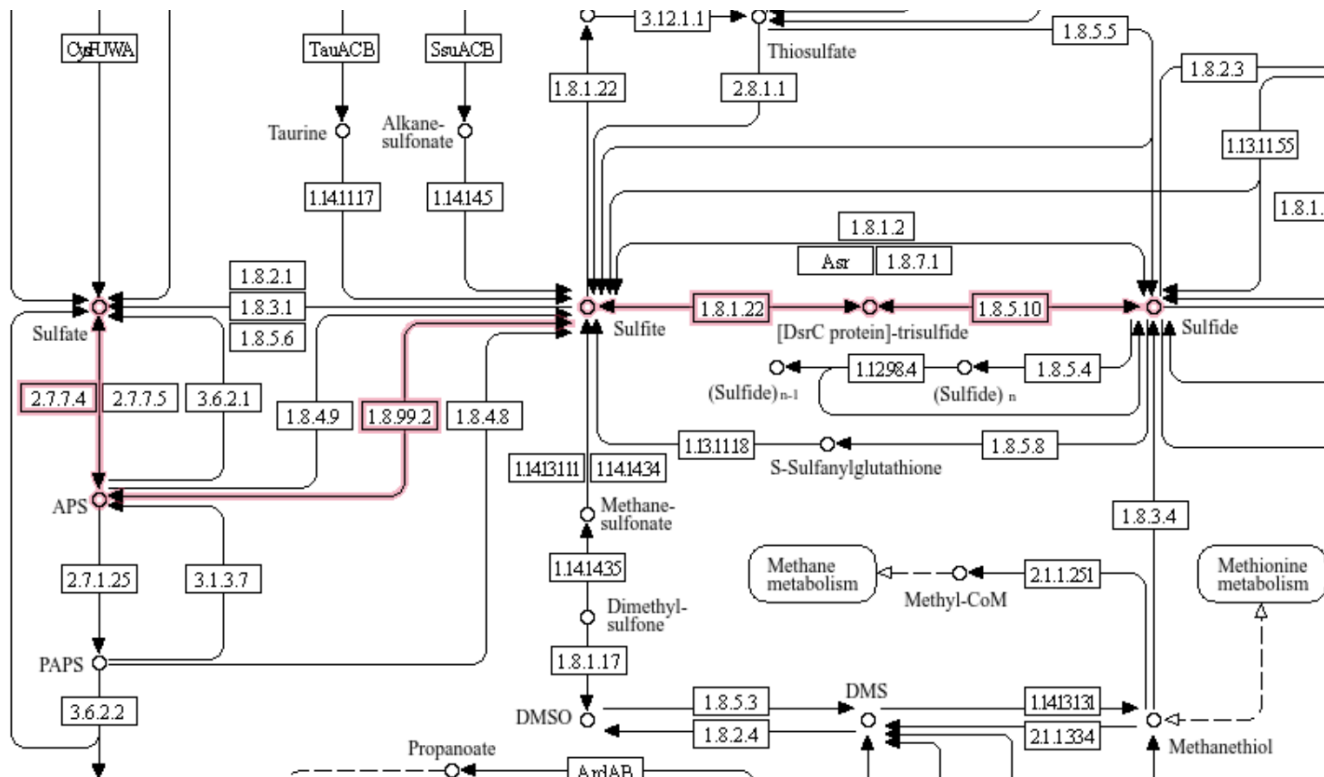


# PART 02 ▶

# dsrA的全面分析



## 2.1 硫酸盐还原代谢通路 (KEGG map00920)



### 硫酸盐活化

- 酶: 硫酸盐腺苷转移酶 (SAT)
- 基因: sat
- 反应:  $\text{SO}_4^{2-} + \text{ATP} \rightarrow \text{APS} + \text{PPi}$



### APS还原

- 酶: 腺苷酰硫酸还原酶 (APR)
- 基因: aprA, aprB
- 反应:  $\text{APS} + 2e^- \rightarrow \text{SO}_3^{2-} + \text{AMP}$

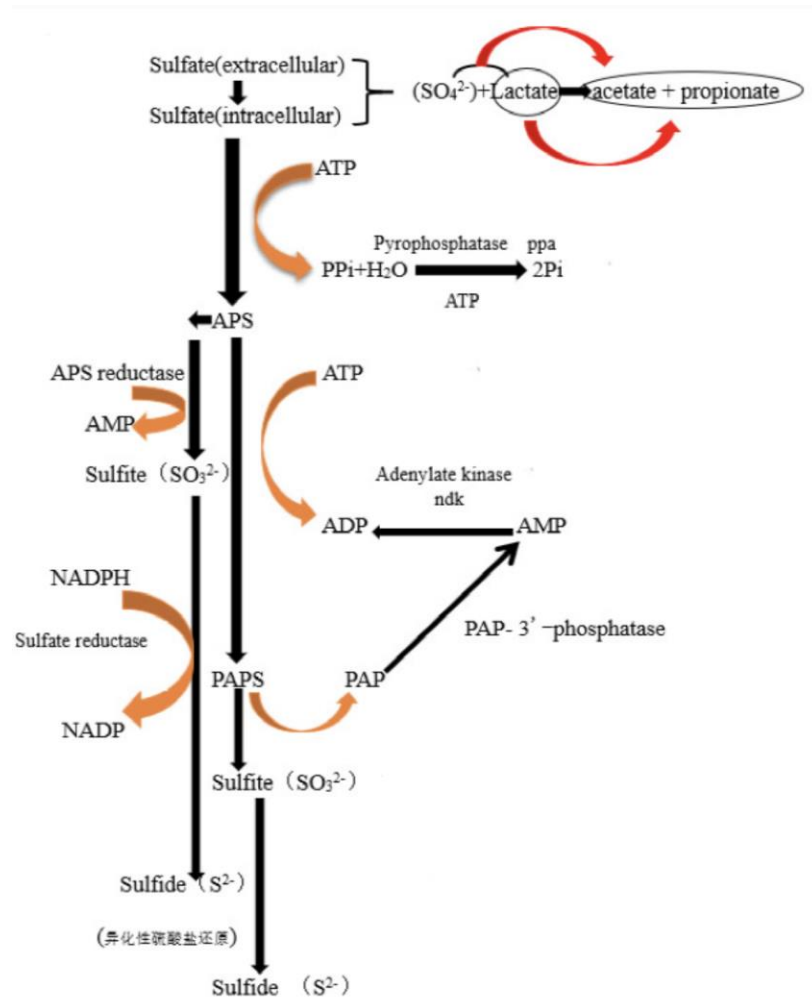
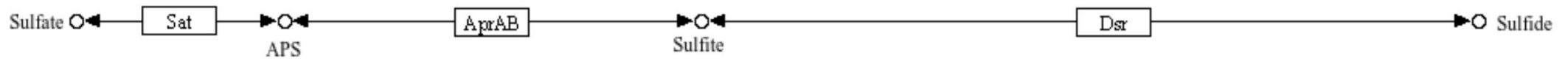


### 亚硫酸盐还原

- 酶: 亚硫酸盐还原酶 (DSR)
- 基因: dsrA, dsrB
- 反应:  $\text{SO}_3^{2-} + 6e^- \rightarrow \text{S}^{2-} + 3\text{H}_2\text{O}$

## 2.2 dsrA 是反应的关键

### Dissimilatory sulfate reduction and oxidation




步骤	酶	基因	电子需求	限速性
活化	SAT	sat	0	非限速
第一次还原	APR	aprAB	2e-	部分限速
最终还原	DSR	dsrAB	6e-	主要限速


#### ➤ DSR的独特地位:

- 不可逆步骤: 反应单向进行
- 高电子需求: 需要6个电子连续传递
- 产物毒性: H<sub>2</sub>S既是产物也是信号分子
- 能量耦合: 与质子梯度形成关联

## 2.3 dsrA 基因与蛋白基本信息

### Q59109 · DSRA\_ARCFU

Protein <sup>i</sup>	Sulfite reductase, dissimilatory-type subunit alpha
Gene <sup>i</sup>	dsrA
Status <sup>i</sup>	 UniProtKB reviewed (Swiss-Prot)
Organism <sup>i</sup>	Archaeoglobus fulgidus (strain ATCC 49558 / DSM 4304 / JCM 9628 / NBRC 100126 / VC-16)

Amino acids	418 (go to sequence)
Protein existence <sup>i</sup>	Evidence at protein level
Annotation score <sup>i</sup>	 5/5

- UniProt ID: **Q59109**
- Entry Name: **DSRA\_ARCF**
- 蛋白名称: Dissimilatory sulfite reductase alpha subunit
- 来源物种: **Archaeoglobus fulgidus** (闪烁古生球菌)
- 分类: 古菌界 → 广古菌门 → 古球菌纲 → 古球菌目 → 古球菌科

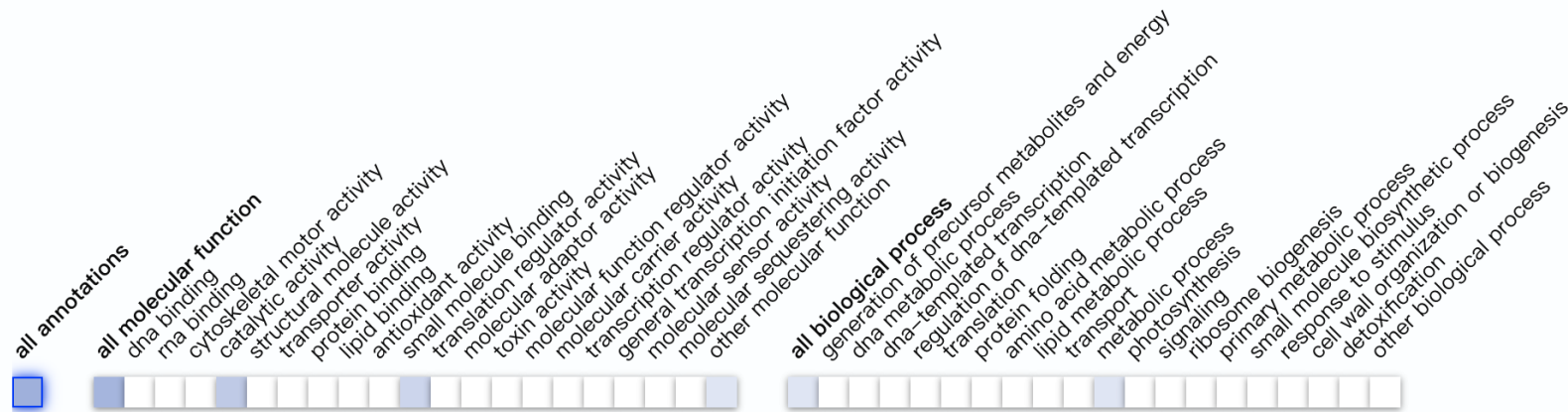
- 生态位: 深海热液喷口、油藏等高温环境
- 温度最适: 83°C (嗜高温)
- 代谢类型: 硫酸盐还原古菌 (与细菌SRM功能趋同)
- 重要性: 已知最古老的硫酸盐还原生物之一, 是研究早期地球硫循环的模型生物

# 2.4 dsrA 的理化性质与结构域分析

Gene Ontology (GO) annotations organized by slimming set.

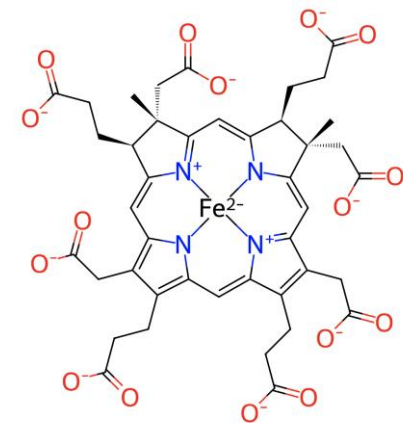
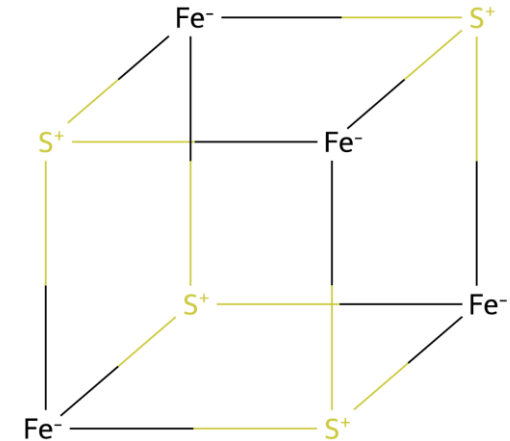
Slimming set:

Bacteria and Archaea (Prokaryotes) ▾



Cell color indicative of number of GO terms

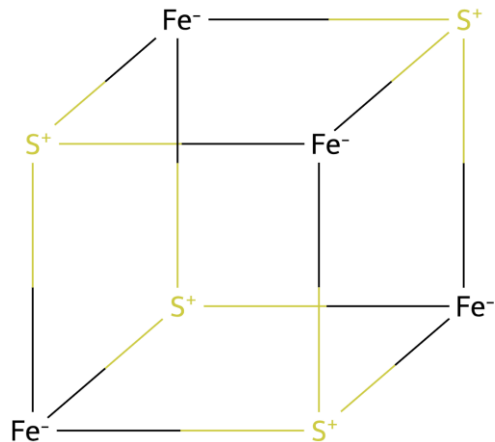
ASPECT	TERM	Source	Annotation
Molecular Function	<a href="#">4 iron, 4 sulfur cluster binding</a>	Source:UniProtKB-KW	→ 4Fe-4S簇
Molecular Function	<a href="#">dissimilatory sulfite reductase (NADH) activity</a>	Source:InterPro	
Molecular Function	<a href="#">heme binding</a>	Source:InterPro	→ Siroheme
Molecular Function	<a href="#">metal ion binding</a>	Source:UniProtKB-KW	
Molecular Function	<a href="#">sulfite reductase (ferredoxin) activity</a>	Source:TreeGrafter	
Molecular Function	<a href="#">sulfite reductase activity</a>	Source:TreeGrafter	
Biological Process	<a href="#">sulfate assimilation</a>	Source:TreeGrafter	



## 2.4 dsrA 的理化性质与结构域分析

### ➤ 双金属活性中心：辅因子系统

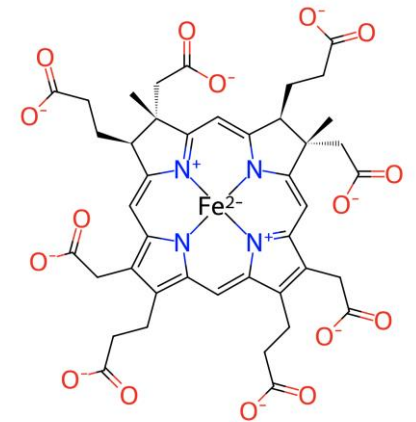
CHEBI:49883



[4Fe-4S]簇 + Siroheme (血红素) = 杂合辅因子

↑                    ↑  
电子储存        底物结合与活化

CHEBI:60052



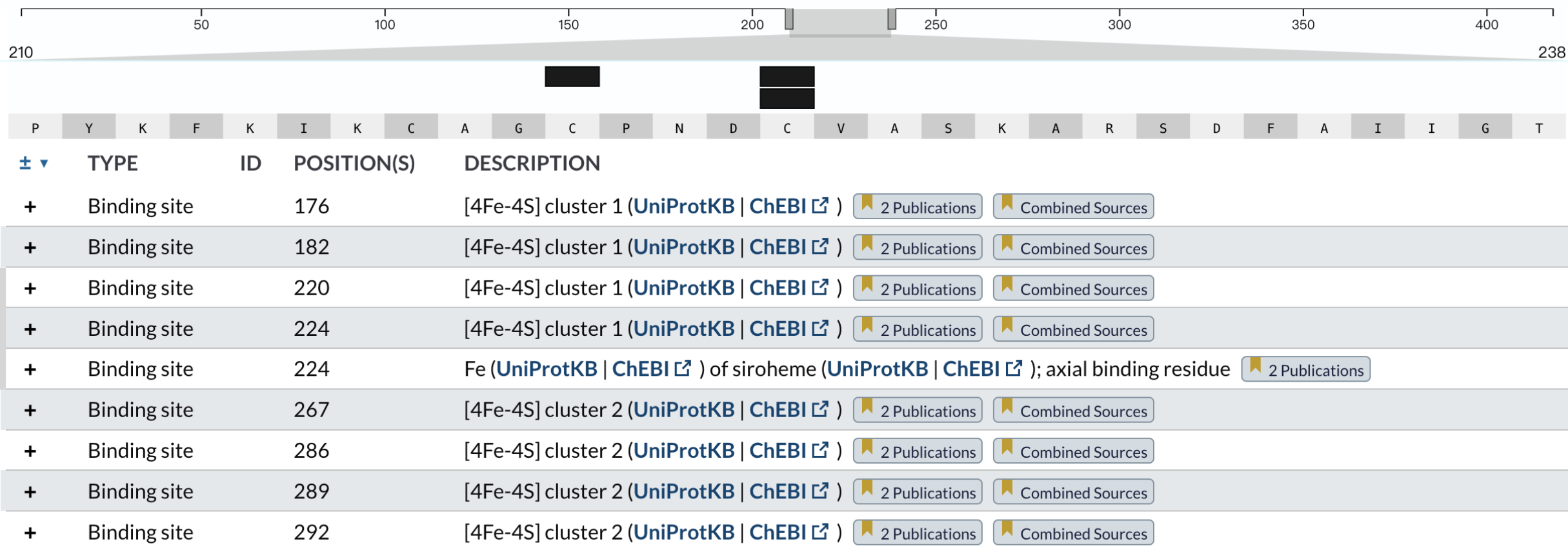
[4Fe-4S]簇特性:

- 结构: 4个铁+4个硫的立方烷
- 配体: 来自α亚基的3个Cys残基
- 氧化态: 可在[4Fe-4S]<sup>1+</sup>/<sup>2+</sup>间切换
- 稳定性: 易被氧化解聚为[3Fe-4S]

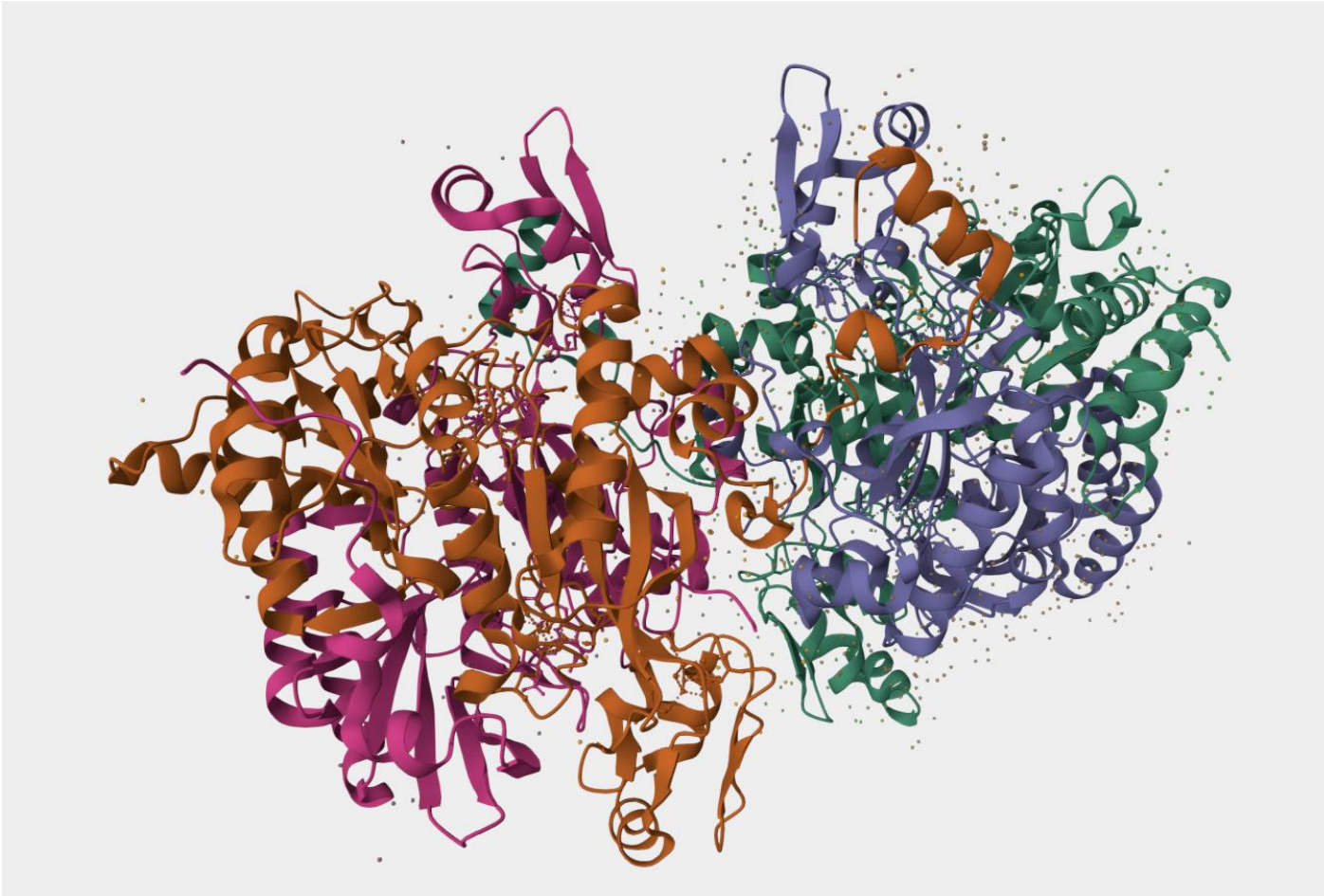
Siroheme特性:

- 结构: 亚铁血红素 + 两个醋酸基侧链
- 功能: 结合并活化亚硫酸盐
- 分布: 仅少数酶使用 (亚硝酸盐还原酶)

## 2.4 dsrA 的理化性质与结构域分析



## 2.5 dsrA 三维结构预测



古菌特有特征:

- 额外[4Fe-4S]簇
  - 位置: N端结构域
  - 功能推测: 电子缓冲或热稳定性
- 高温适应策略
  - 更高 $\alpha$ 螺旋含量
  - 更紧密的疏水核心
  - 表面电荷优化 (适应高盐)
- 简化的调控系统
  - 可能不需要 $\delta$ 亚基
  - 转录调控更直接

## 2.6 病毒如何影响 dsrA? —— 机制整合

- 蓝细菌噬菌体携带nar (narGHIJ) 基因片段感染策略:
    - 模式A (温和噬菌体): 维持nar活性, 延长宿主寿命
    - 模式B (烈性噬菌体): 抑制nar, 加速裂解释放
- 选择依据: 环境硝酸盐浓度



对DSR的启示:  
病毒可能根据H<sub>2</sub>S浓度选择策略  
高H<sub>2</sub>S → 抑制DSR (减轻宿主负担)  
低H<sub>2</sub>S → 维持DSR (维持能量生产)

- 病毒对固氮酶 (Nif) 的铁竞争
- 固氮酶需要大量铁 (24个铁原子/复合体)
- 病毒感染后, 铁优先用于病毒衣壳蛋白合成
- 结果: 固氮活性下降70-90%



DSR铁需求: 12 Fe/复合体  
病毒铁需求: 50-200 Fe/病毒颗粒

病毒编码的铁硫蛋白实例  
从IMG/VR数据库发现:  
病毒基因组UViG\_2700012345  
携带基因: ferredoxin-like protein  
特征: 预测结合[2Fe-2S]簇

电子分流器 (劫持电子流)  
铁硫簇储存库 (在裂解前积累资源)  
组装系统诱饵 (干扰宿主组装)

# PART 03 ▶

# 总结与展望



### 3 总结与展望

- DSR关键特性：
  - 限速步骤：催化不可逆反应
  - 高需求系统：6电子+双金属辅因子
  - 结构复杂性： $\alpha_2\beta_2\gamma_2$ 复合体组装
  - 环境敏感：受铁、硫、还原力多重调控

- 传统观点：病毒仅通过裂解影响宿主数量
- 本研究推进：病毒通过多种分子机制精细调控核心代谢酶
- 理论意义：扩展了病毒-宿主互作的理论框架

攻击层面	主要策略
结构层面	靶向辅因子合成
代谢层面	资源竞争与电子分流
调控层面	干扰表达与修饰
群落层面	选择性裂解与重塑

- 设置**高病毒**与**低病毒**两组微宇宙反应器，模拟真实油藏环境
- 动态监测：
  - $H_2S$  浓度变化
  - DSR 关键基因的表达与活性
  - 病毒丰度
  - 微生物群落结构演替
- 通过两组对比分析：
  - 明确病毒对硫酸盐还原过程（DSR）的直接抑制作用
  - 揭示病毒驱动的 SRM 群落重塑机制
- 本研究为利用病毒手段调控硫酸盐还原、减缓油藏酸化提供实验依据。

# 3 总结与展望

## Projects

As the name of this courses implies, we focus on the application of bioinformatics tools to solve real problems in biological research. We chose several samples as working projects to learn how to find the literature, how to obtain sequence and structure data, and how to do the analysis step by step, and how to make a summary from the analysis results. You are most encouraged to work on your own projects during the course.

- [BGH](#) - Sequence, structure and function analysis the bar-headed goose hemoglobin.
- [CEA](#) - Protein engineering of carcinoembryonic antigen.
- [SBP](#) - Systematic analysis of the Arabidopsis transcription factor family of Squamosa-promoter binding protein.
- [PPF](#) - Sequence analysis of Pisum sativum post-floral specific gene.
- [MDR](#) - Gene prediction and dotplot analysis of fugu multi-drug resistance gene.
- [AFP](#) - Structure comparison of spider toxins and prediction of antifungal peptide.
- [HMT](#) - Sequence and structure comparison of human metallothioneins.
- [IVN](#) - Analysis of influenza virus neuraminidase.

[About People](#) [Literatures](#) [Databases](#) [Tools](#) [Manuals](#) [Practices](#) [Talks](#) [Projects](#) [Seminars](#)

2 December 2025, J Luo, CBI and Bio, PKU, Beijing, China

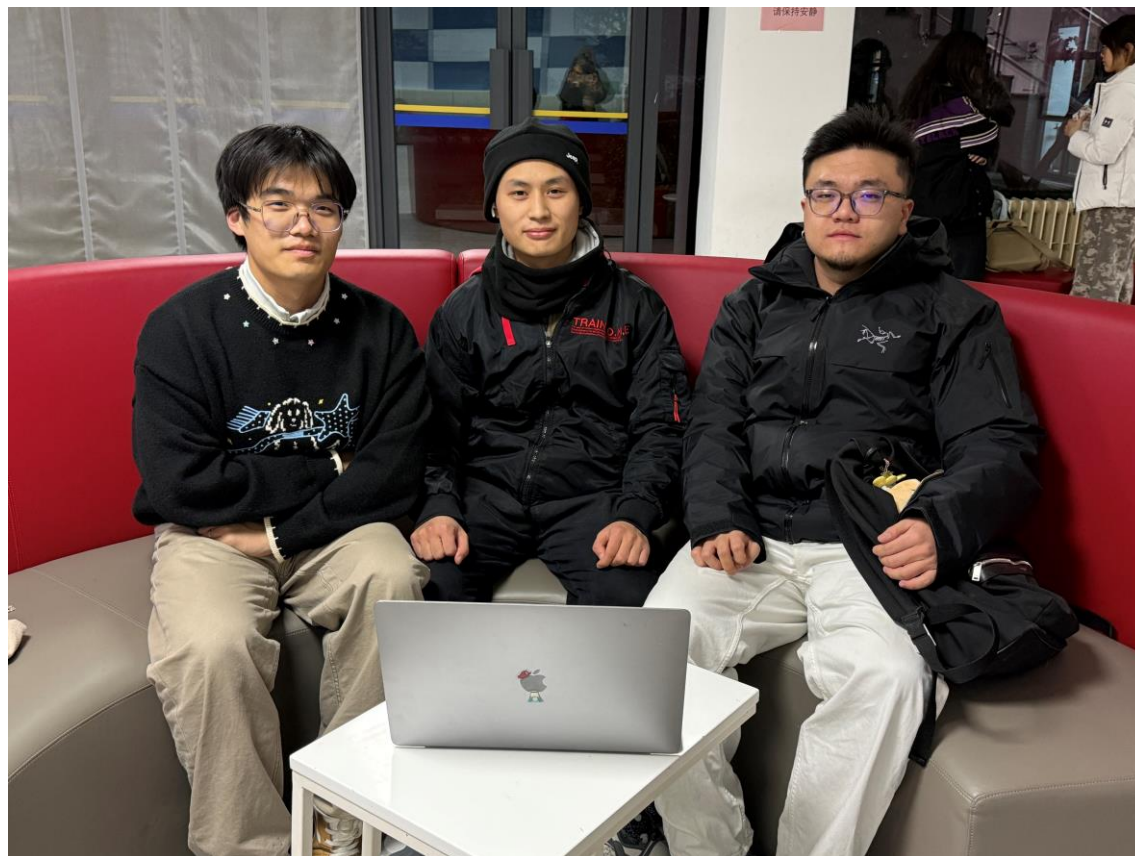
## Virus Information Resources

- [RCoV19](#) - Resource for Coronavirus 2019 at China National Center for Bioinformation (CNCB).
- [ViralZone](#) - Viral classification and general information on virus at Swiss Institute of Bioinformatics.
- [Virology-101](#) - Scientific stories about virus at TWiV.
- [Influenza-101](#) - Scientific blogs about influenza.
- [Viro3D](#) - Structure-Informed Map of the Human and Animal Virosphere at Center for Virus Research, University of Glasgow, UK.

臧嘉熹

杨智纲

马帅





感谢大家!

T H A N K S