瘤胃微生物也会“挑食”

作者：writer 来源：爱科学

本文原地址：https://www.iikx.com/news/progress/11973.html

本文仅供学习交流之用，版权归原作者所有，请勿用于商业用途！

瘤胃微生物也会“挑食”。



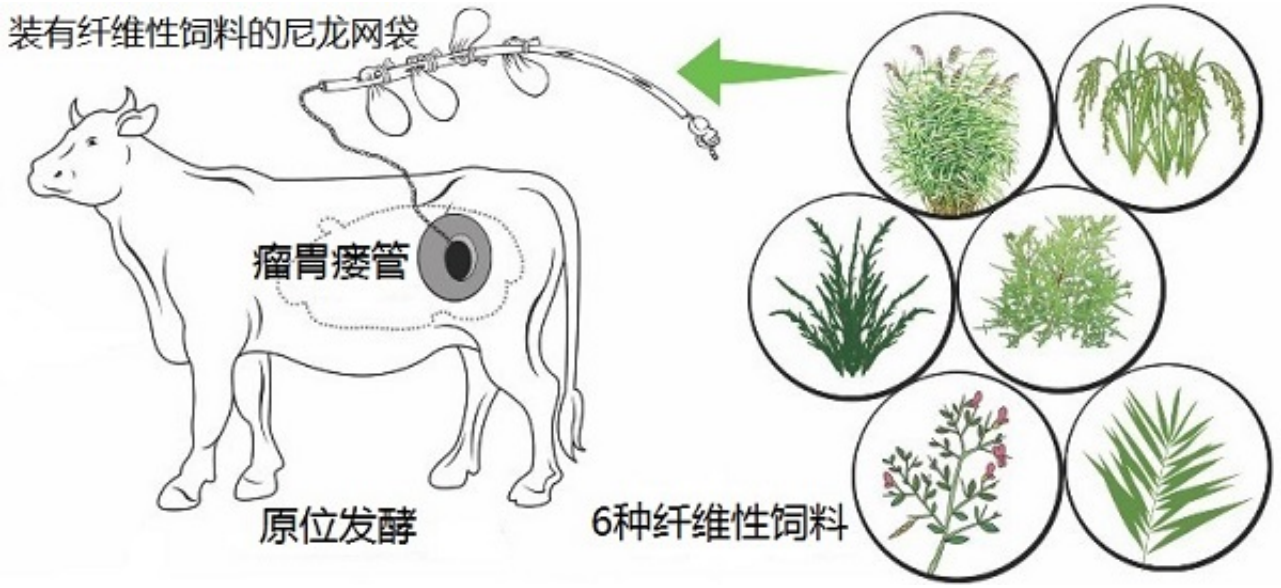
犏牛采食高纤维灌木植物 （张剑搏拍摄于甘南草原）

瘤胃微生物也有不同口味，会挑食？

12月1日，《国际微生物生态学会杂志》在线发表了来自国际团队的最新成果。他们利用微生物16S扩增子和宏基因组测序等研究手段，深入解析了土种黄牛瘤胃微生物对不同木质纤维素饲用植物降解的嗜好，为瘤胃微生物和瘤胃酶在木质纤维饲料资源价值化利用方面的研究和应用提供了新的思路和方法。

该团队由中国农业科学院兰州畜牧与兽药研究所研究员丁学智课题组，联合伊朗农业生物技术研究所教授Ghasem Hosseini
Salekdeh、国际家畜研究所—中国农业科学院北京畜牧兽医研究所研究员韩建林等组成。

瘤胃：让木质纤维变成肉和奶



利用土种黄牛瘤胃瘘管公牛对六种富含木质纤维素的牧草茎叶进行瘤胃原位发酵 论文作者供图

随着人类对高品质动物蛋白摄入的上升和全球畜牧养殖业的大力发展，优质牧草资源极度短缺。如何有效地利用各类劣质牧草资源并开发利用新型饲料已迫在眉睫。

据估计，世界人口在2050年时将达到97亿，届时全球的粮食产量需在2018年的基础上增加60-70%，才能满足人类对于食物需求的陡然增加。

中国工程院院士任继周认为，未来我国粮食的压力并非来自人的口粮，而是饲料用粮，今后应以草食家畜代替耗粮型家畜来缓解饲料用粮的压力。我国拥有大量的农作物副产品，如秸秆，可以有效缓解畜牧业发展中粮食和牧草资源供求的矛盾。

木质纤维素是自然界最丰富的可再生生物质资源，全球每年通过光合作用产生的植物纤维约2000亿吨，其中有近90%未被利用，相当大的部分都按废弃物处理。

韩建林在接受《中国科学报》采访时说：反刍动物瘤胃是自然界高度演化且降解木质纤维能力最强的生态系统之一。其中的大量微生物相互作用，能有效利用粗饲料中的纤维素、半纤维素和非蛋白氮等成分，供机体营养需要及肉、奶的产出。

然而，由于木质纤维素在组成和结构上特别复杂，其降解需要多种微生物的协同互作；同时，微

生物分类和代谢方式非常多样，各种纤维素酶间的协同—降解机制尚不清晰，因而严重制约了木质纤维素资源的开发利用。

有趣的是，反刍动物机体约70%的能量需求是通过瘤胃微生物发酵和降解不同类型的植物纤维获得的。牧草纤维数量及结构上的差异是影响瘤胃纤维素分解菌生长繁殖的关键因素，且瘤胃微生物群落附着于饲料颗粒是其被消化利用过程中的关键步骤，但其对高纤维素或半纤维素牧草的附着和降解机理尚不清楚。论文通讯作者丁学智告诉《中国科学报》。

正是基于反刍动物瘤胃细菌群在植物木质纤维素降解能力上的差异，科研人员通过研究不同高木质纤维素饲料上附着的关键菌群动态及相关基因功能的变化，从整体上深入解析了瘤胃微生物降解木质纤维素的作用机理及其与木质纤维素降解酶间的相互作用机制。

微生物的口味

该团队利用伊朗土种Taleshi牛瘤胃瘘管公牛，对常见的富含木质纤维素类牧草，包括山茶棘、芦苇、枣椰树、扫帚草、稻秸和盐角草的茎叶进行不同时间点的瘤胃原位发酵。

丁学智介绍，通过对这些牧草上附着的瘤胃微生物菌群的16S扩增子测序发现，瘤胃微生物菌群对不同牧草具有明显的黏附嗜好，其中的纤维素成分显著地影响瘤胃微生物群落的附着，从而进一步影响牧草在瘤胃内的高效降解和代谢。

牧草在瘤胃发酵的前24小时内，干物质降解效率最高且与纤维菌科、未分类拟杆菌科、瘤胃球菌科和螺旋菌属的微生物菌群的数量显著相关；其次，牧草上附着的瘤胃微生物群落因木质纤维素成分的不同而表现显著差异，如纤维菌在中性洗涤纤维含量最高的牧草上明显增多，而瘤胃球菌则倾向于附着在酸性洗涤剂木质素含量较低的牧草上。

然而，随发酵时间的延长，附着在牧草上的微生物菌群的多样性渐趋一致。

同时，反刍动物瘤胃中的细菌、真菌和原虫在木质纤维素降解过程中形成一个复杂的共生系统，共同参与植物细胞壁的降解。

因细菌数量庞大，并且有多种代谢途径，因此，瘤胃细菌在纤维素的降解过程中占主导地位。

而瘤胃真菌则在大颗粒、大片段植物纤维降解过程中起着重要作用。

因此，瘤胃微生物对木质纤维素的降解不是某一种或者两种微生物所能及的，而是一个非常复杂的相互协同作用过程。由于缺乏对瘤胃微生物相互作用的深入研究，这些理论都需要进一步的验证。丁学智表示。

瘤胃中的新物种

为进一步探讨附着于不同木质纤维素牧草上的关键瘤胃微生物菌群的多样性和功能，该团队通过对瘤胃宏基因组的测序和组装，挖掘到了523个未培养的细菌和15个未培养的古细菌，它们在瘤胃中具有潜在的新功能。

丁学智介绍，他们组装了拟杆菌门、厚壁菌门、纤维杆菌门等的近完整基因组，同时富集了与木

质纤维素聚合物降解和短链挥发性脂肪酸生成相关的基因。

而与所有已知公众数据库中的物种相比，该项研究所组装的绝大多数瘤胃未培养基因组都是全新物种。

此外，在瘤胃发酵过程中，牧草理化特性和饲料颗粒在瘤胃内的滞留时间是决定瘤胃微生物功能菌群逐渐由共营养类群向寡营养类群转变的主要因素，这种转变可能促进了难降解植物木质纤维素在瘤胃复杂环境中的降解。

其次，瘤胃微生物菌群对不同木质纤维素牧草附着时间的差异表明，瘤胃微生物群落具有较高的分类多样性、功能冗余性和代谢分区性，这将有利于其对不同木质纤维素饲料的进化性适应。

韩建林说，这项研究还深入挖掘了独特的微生物多样性和相关基因的功能，它们在瘤胃对难降解木质纤维素牧草的降解中发挥着的关键作用。

丁学智强调，该项研究搭建了一带一路沿线国家反刍动物瘤胃微生态产业化应用的多学科、多边合作的国际化平台，也为深入挖掘和创新利用我国独特的地方畜种如牦牛、水牛以及土种蒙古牛等瘤胃微生态资源提供了借鉴。

通过宏基因组学、代谢组学等多种组学技术的联合应用，对厌氧发酵中木质纤维素降解菌进行深入挖掘，获得编码特定酶类的目标基因，揭示不同畜种资源消化道微生物菌群的遗传潜力，以期通过基因工程获得快速、廉价、高效降解木质纤维素生物质的微生物和酶类资源，应用于工业化生产。韩建林说。（来源：中国科学报李晨）

相关论文信息：

https://doi.org/10.1093/femsec/fiaa069

https://doi.org/10.1038/s41396-020-00837-2

版权声明：凡本网注明来源：中国科学报、科学网、科学新闻杂志的所有作品，网站转载，请在正文上方注明来源和作者，且不得对内容作实质性改动；微信公众号、头条号等新媒体平台，转载请联系授权。邮箱：shouquan@stimes.cn。
作者：丁学智等 来源：ISMEJ

更多 科学进展 请访问 https://www.iikx.com/news/progress/

本文版权归原作者所有，请勿用于商业用途，爱科学iikx.com转发