反刍动物全消化道氢代谢微生物基因集和基因组研究获进展

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：https://www.iikx.com/news/progress/14414.html

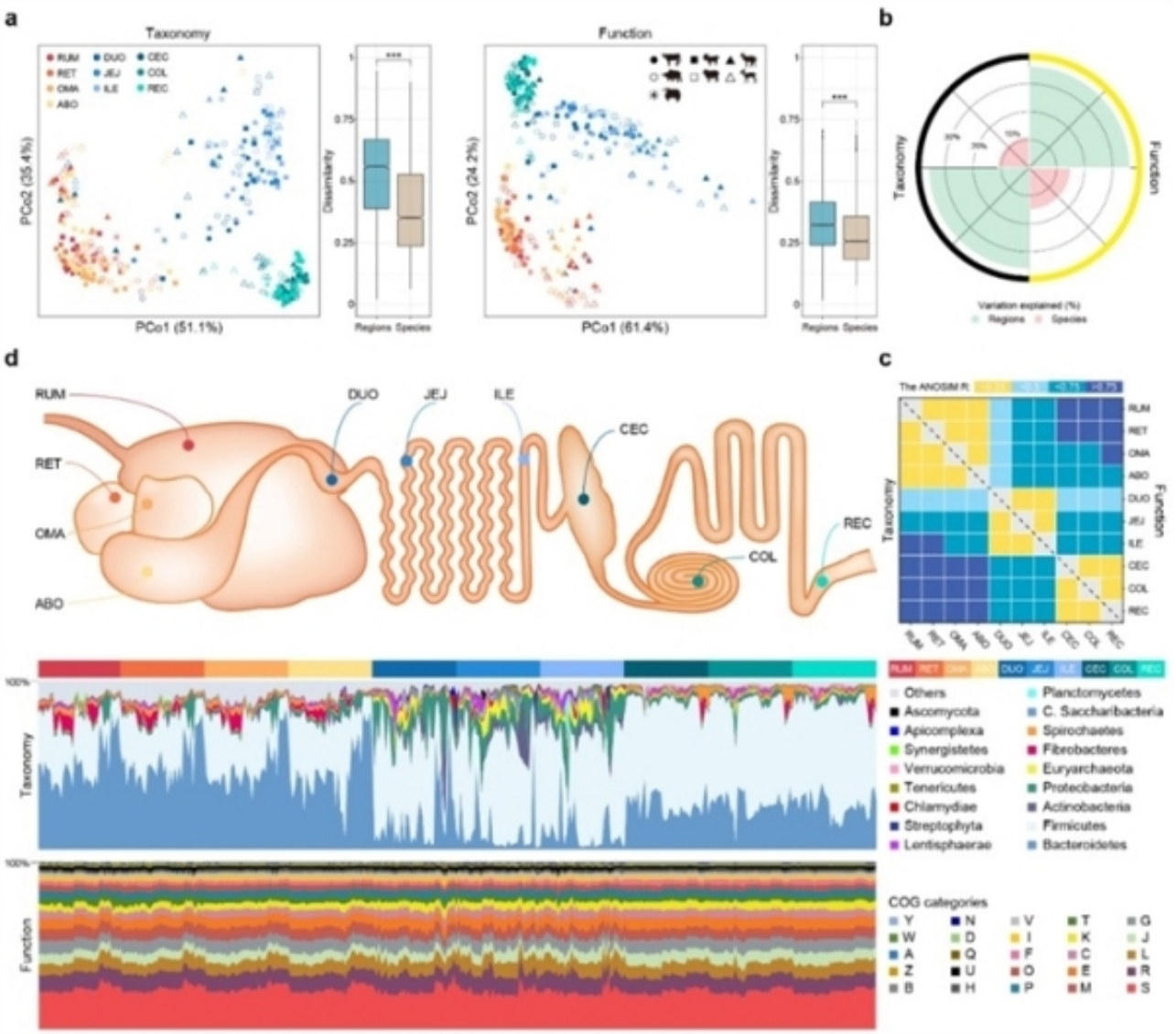
本文仅供学习交流之用，版权归原作者所有，请勿用于商业用途！

反刍动物可利用植物纤维生产肉奶等高营养价值的食品，同时排放温室气体甲烷。长期以来，科学家重点关注反刍动物瘤胃微生物的菌群组成和功能，而全消化道微生物对饲料利用效率、甲烷生成和宿主健康的功能解析尚未完成。

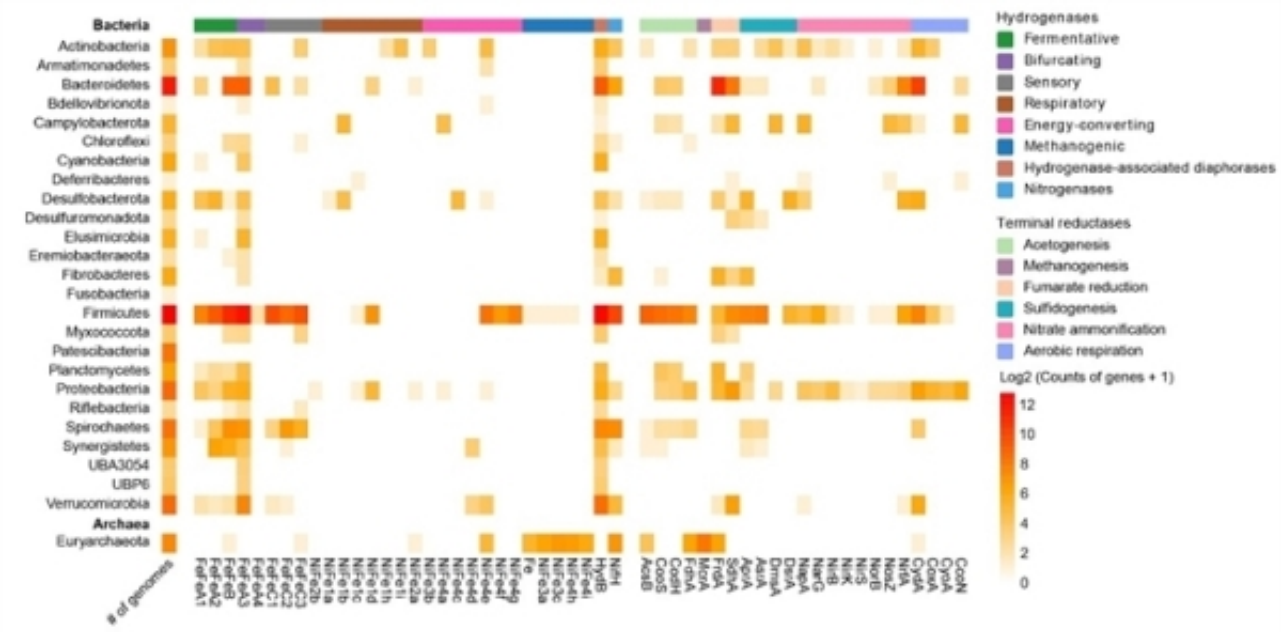
中国科学院亚热带农业生态研究所、南京农业大学等联合开展反刍动物全消化道微生物组的结构和功能研究。科研人员选取奶牛、水牛、牦牛、山羊、绵羊、狍子和獐子7种代表性反刍动物，采集了瘤胃、小肠等全消化道10个区段的食糜样品共370个样品。研究人员构建出反刍动物全消化道微生物基因集（非冗余基因>154M），同时组装超过10,000个非冗余的微生物基因组，且在种水平上鉴定出8,745个新基因组。这些新基因组拓展了反刍动物全消化道微生物基因组资源，在分类学上大幅提升了对反刍动物消化道微生物的分辨率。研究人员对组装微生物基因组的氢酶分布进行系统解析，发现反刍动物全消化道约60%微生物基因组编码氢酶基因具有代谢氢的能力。这些微生物分布在24个门（主要是*Firmicutes*和*Bacteroidetes*）、72个目（主要是*Bacteroidales*和*Oscillospirales*）、304个属（主要是*Prevotella*）中。其中，约50%微生物基因组能通过发酵途径产生氢分子（主要是*Firmicutes*），有95个甲烷菌基因组能利用氢生成甲烷，其他消耗氢微生物有352个。该研究首次构建了反刍动物氢代谢微生物基因组数据库，证实了全消化道微生物具有广泛代谢氢的能力，这将为提高饲料利用效率和减少甲烷排放提供科技支撑。

相关研究成果以*An integrated gene catalog and over 10,000 metagenome-assembled genomes from the gastrointestinal microbiome of ruminants*为题，发表*Microbiome*上。研究工作得到国家自然科学基金等的支持。

论文链接



反刍动物全消化道微生物基因集和基因组分布



反刍动物全消化道微生物基因组氢酶和还原酶分布

研究团队单位：亚热带农业生态研究所

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