首次构建反刍动物氢代谢微生物基因组数据库

作者：writer 来源：爱科学

本文原地址：https://www.iikx.com/news/progress/14716.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！

首次构建反刍动物氢代谢微生物基因组数据库。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。近日，中国科学院亚热带农业生态研究所（以下简称亚热带生态所）、南京农业大学等单位联合开展反刍动物全消化道微生物组的结构和功能研究，相关研究成果发表于《微生物组》。

研究选取了奶牛、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。该项目首次构建了反刍动物全消化道微生物基因集（非冗余基因>154 M），同时组装了超过10,000个非冗余的微生物基因组，且在种水平上鉴定出了8,745个新基因组。来自新西兰的Nikola博士认为，这些新基因组极大地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。

同时，研究团队对组装微生物基因组的氢酶分布进行了系统解析。结果发现，反刍动物消化道中约60%的微生物编码氢酶基因能够进行氢代谢。这些微生物分布在24个门、72个目和304个属中。其中，约50%微生物基因组能通过发酵途径产生氢分子，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。亚热带生态所研究员王敏告诉《中国科学报》。（来源：中国科学报李昕茹）

相关论文信息：https://doi.org/10.1186/s40168-021-01078-x

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：王敏等 来源：《微生物组》

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