反刍动物消化道微生物膳食选择驱动纤维动态利用过程研究取得进展

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：https://www.iikx.com/news/progress/33303.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！

反刍动物消化道微生物膳食选择驱动纤维动态利用过程研究取得进展。

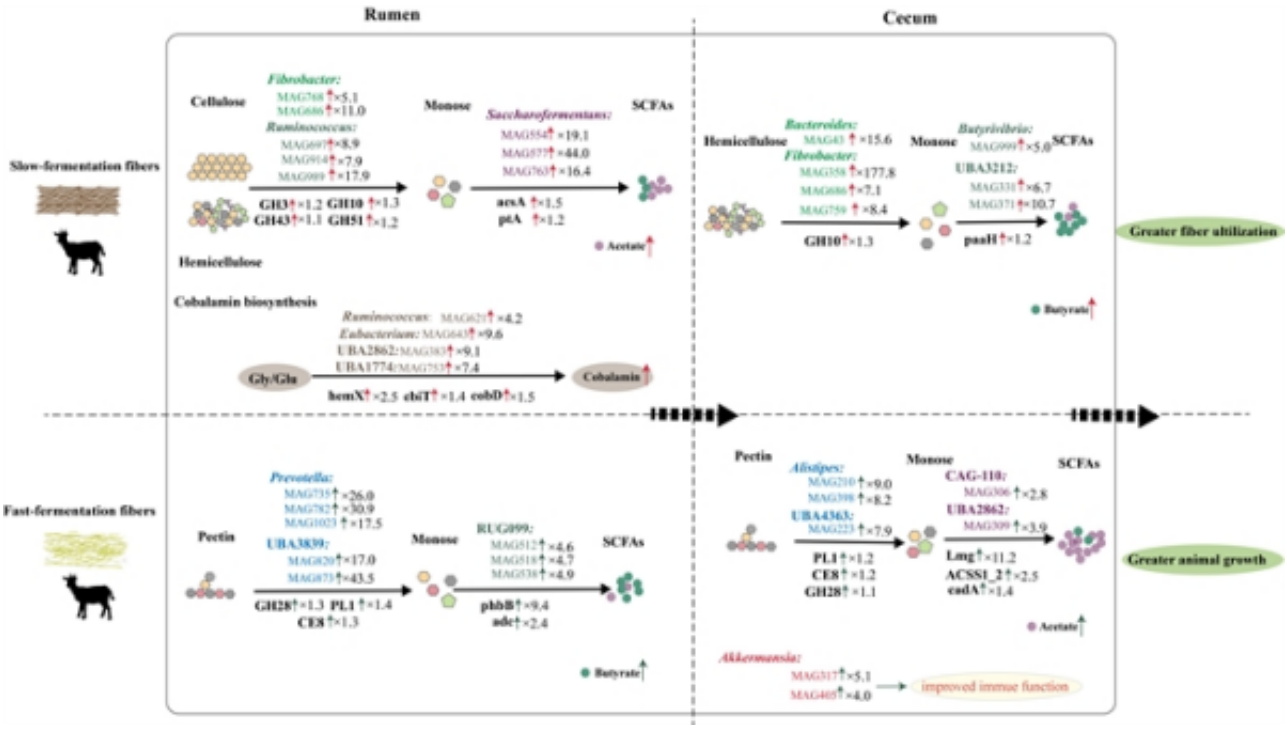
牛羊等反刍家畜生产面临着饲草料供需失衡和饲料效率低等瓶颈，阻碍了高质量草食畜牧业的发展。膳食纤维作为反刍动物的主要营养来源，其利用效率直接影响动物的生长性能和健康状况。然而，不同纤维类型在反刍动物消化道的动态利用过程尚不明晰，尤其是消化道微生物在此过程中扮演的角色仍缺乏系统研究。

近日，中国科学院亚热带农业生态研究所研究员谭支良团队针对提高纤维利用率的现实需求，基于微生物分解纤维的速率差异，以山羊为试验动物，构建了快速发酵型纤维（FF组，纤维素16.6%、半纤维素10.1%、果胶3.4%）和慢速发酵型纤维（SF组，纤维素22.8%、半纤维素13.7%、果胶1.3%）模型，构建了“纤维解聚→糖酵解→短链脂肪酸生成”级联代谢图谱。研究发现，SF组显著富集了瘤胃和盲肠中的纤维素降解菌Fibrobacter和Ruminococcus，而FF组富集了果胶降解菌Prevotella，并通过提高果胶酶（PL1、GH28、CE8）的基因丰度提升动物生长性能。与此同时，慢速发酵型纤维可通过增强维生素B_{12}介导的瘤胃微生物纤维级联代谢提升生长羊纤维利用效率。

此研究从全消化道的角度解析了哪些微生物、酶和途径参与了不同纤维组分利用的动态过程，可为靶向消化道微生物提升反刍动物纤维利用效率提供理论依据。

相关研究成果以*Dietary selection of distinct gastrointestinal microorganisms drives fiber utilization dynamics in goats*为题，发表在《微生物组》（*Microbiome*）上。研究工作得到国家自然科学基金委、湖南省自然科学基金、湖南省和中国科学院等的支持。

论文链接



山羊消化道微生物纤维代谢图谱

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