



面向世界科技前沿，面向国家重大需求，面向国民经济主战场，率先实现科学技术跨越发展，率先建成国家创新人才高地，率先建成国家高水平科技智库，率先建设国际一流科研机构。

——中国科学院办院方针

- 首页
- 组织机构
- 科学研究
- 成果转化
- 人才教育
- 学部与院士
- 科学普及
- 党建与科学文化
- 信息公开

首页 > 科研进展

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

2021-06-28 来源：亚热带农业生态研究所

【字体：大 中 小】

语音播报

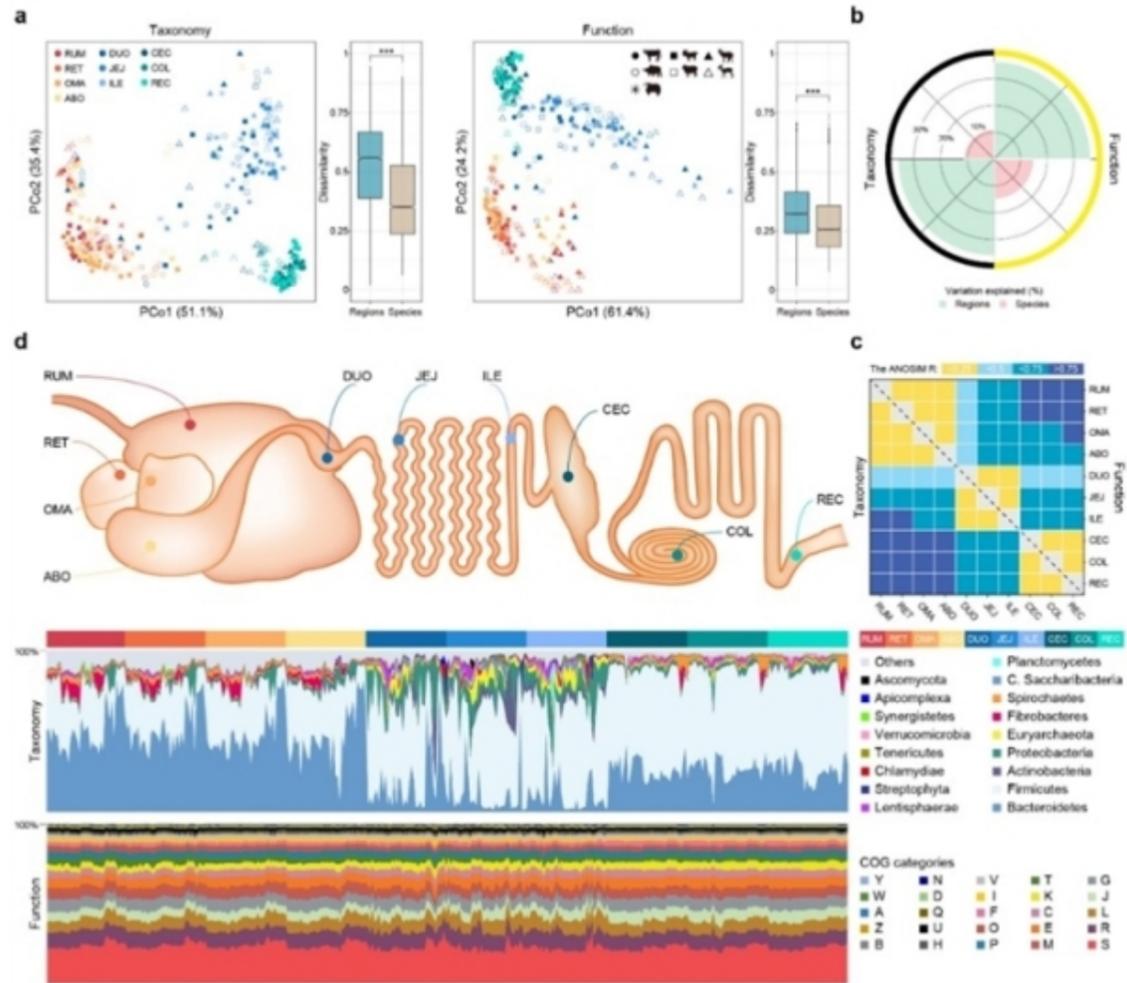
反刍动物可利用植物纤维生产肉奶等高营养价值的食品，同时排放温室气体甲烷。长期以来，科学家重点关注反刍动物瘤胃微生物的菌群组成和功能，而全消化道微生物对饲料利用效率、甲烷生成和宿主健康的功能解析尚未完成。

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、孢子和獐子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。

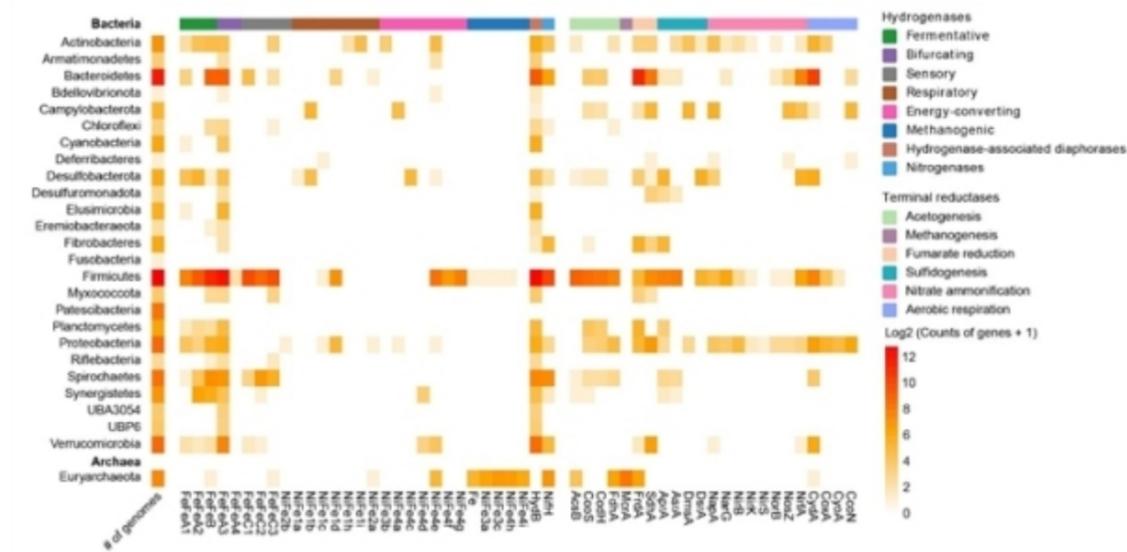
相关研究成果以An integrated gene catalog and over 10,000 metagenome-assembled genomes from the gastrointestinal microbiome of ruminants为题，发表Microbiome上。研究工作得到国家自然科学基金等的支持。

[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



上一篇： 马里亚纳海沟俯冲岩石圈三维形变研究取得进展

下一篇： 研究揭示二维荧光功能金属有机框架材料纳米片在水中离子检测传感的应用优势



扫一扫在手机打开当前页

