

瘤胃产甲烷微生物菌群的研究

周宁一

(《微生物学通报》编委会 北京 100101)

甲烷是最简单的有机物,是天然气、沼气、油田气及坑气等的主要成分。大气中的甲烷排放主要来自煤炭开采产生的瓦斯、石油开采中的天然气、海底可燃冰分解以及生物因素。政府间气候变化专门委员会(IPCC)第四次评估报告指出,甲烷已成为全球第二大温室气体^[1]。作为甲烷排放重要生物因素之一的反刍动物瘤胃甲烷排放占全球甲烷排放量的13%–19%^[2]。反刍动物瘤胃甲烷形成是一个氧化还原反应过程,由瘤胃微生物共代谢产生^[3]。此代谢过程既消耗了能量,又增加了温室气体负荷,因此近年来减少反刍动物甲烷排放的措施及反刍动物瘤胃甲烷生成机理受到了广泛关注。产甲烷菌为原核生物,具有专性严格厌氧、生长繁殖缓慢、培养分离比较困难的特点。目前国内外已开展了相关生态学方面的研究,如:共存于真菌分离培养液中甲烷菌的种类及其多样性^[4]及瘤胃产甲烷菌多态性分析^[5–7]。但存在于瘤胃内的微生物是混合的、相互作用的一个群体,因此研究瘤胃内的微生物种群及其共培养代谢产物种类和多样性等,能为研究甲烷排放以及预测气候环境效应和全球变化所带来的影响和作用提供一定的理论基础。

本刊于2015年第3期刊登了李袁飞、成艳芬等的论文“T-RFLP分析厌氧真菌传代频率对共存产甲烷菌菌群的影响”^[8]。作者根据产甲烷菌*mcrA*基因特点,利用合适的内切酶,结合毛细管电泳,建立了产甲烷菌T-RFLP分析方法;并以来源于瘤胃的厌氧真菌与产甲烷菌的共培养物为研究对象,研究了不同传代频率对厌氧真菌与产甲烷菌共培养系统中产甲烷菌菌群的影响。快速可行的瘤胃产甲烷菌T-RFLP方法分析表明,传代频率显著影响了厌氧真菌与产甲烷菌共培养液中产甲烷菌的菌群结构,发现3 d较5 d与7 d的传代共培养液内产甲烷菌菌群与瘤胃内容物更为相似。该研究为揭示瘤胃内厌氧真菌与产甲烷菌间相互关系提供了一定基础。期待作者在本研究基础上进一步开展厌氧真菌及共培养代谢产物的多样性及其变化的研究,从而更好地揭示瘤胃中微生物种群多样性及其共代谢与产甲烷之间的关系。

关键词: 瘤胃, 甲烷, 微生物, 群落

参考文献

- [1] Pachauri RK, Reisinger A. IPCC, 2007: Climate Change 2007: Synthesis Report. Contribution of Working Groups I, II and III to the Fourth Assessment Report of the Intergovernmental Panel on Climate Change. In: IPCC, 2008, 104
IPCC. 气候变化 2007: 综合报告. 政府间气候变化专门委员会第四次评估报告第一、第二和第三工作组的报告[核心撰写组, Pachauri, RK 和 Reisinger, A(编辑)]. IPCC, 瑞士, 日内瓦, 2008: 104
- [2] Liu Y, Whitman WB. Metabolic, phylogenetic, and ecological diversity of the methanogenic archaea[J]. Annals of the New York Academy of Sciences, 2008, 1125(1): 171–189
- [3] Hungate RE, Smith W, Bauchop T, et al. Formate as an intermediate in the bovine rumen fermentation[J]. Journal of Bacteriology, 1970, 102(2): 389–397
- [4] Cheng YF, Mao SY, Pei CX, et al. Detection and diversity analysis of rumen methanogens in the co-cultures with anaerobic fungi[J]. Acta Microbiologica Sinica, 2006, 46(6): 879–883
成艳芬, 毛胜勇, 裴彩霞, 等. 共存于厌氧真菌分离培养液中瘤胃甲烷菌的检测及其多样性分析[J]. 微生物学报, 2006, 46(6): 879–883
- [5] Luton PE, Wayne JM, Sharp RJ, et al. The *mcrA* gene as an alternative to 16S rRNA in the phylogenetic analysis of methanogen populations in landfill[J]. Microbiology, 2002, 148(11): 3521–3530
- [6] Guo XF, Li HW, Li CQ, et al. RFLP analysis of *mcrA* gene from rumen liquid of Inner Mongolian cashmere goats on different grazing stages[J]. Journal of Shanxi Normal University (Natural Science Edition), 2008, 22(3): 68–72
郭雪峰, 李华伟, 李长青, 等. 内蒙古白绒山羊不同放牧期瘤胃甲烷菌 *mcrA* 基因的 RFLP 分析[J]. 山西师范大学学报: 自然科学版, 2008, 22(3): 68–72
- [7] Ozutsumi Y, Tajima K, Takenaka A, et al. The *mcrA* gene and 16S rRNA gene in the phylogenetic analysis of methanogens in the rumen of faunated and unfauinated cattle[J]. Animal Science Journal, 2012, 83(11): 727–734
- [8] Li YF, Cheng YF, Zhu WY. Effects of transfer frequency on community of methanogens co-cultured with anaerobic fungi by T-RFLP[J]. Microbiology China, 2015, 42(3): 609–619
李袁飞, 成艳芬, 朱伟云. T-RFLP 分析厌氧真菌传代频率对共存产甲烷菌菌群的影响[J]. 微生物学通报, 2015, 42(3): 609–619

Community of methane-producing microbes in the rumen

ZHOU Ning-Yi

(The Editorial Board of Microbiology China, Beijing 100101, China)

Keywords: Rumen, Methane, Microbes, Community