成都生物所在户用沼气发酵核心菌群及微生物网络研究中获进展

近年来，户用沼气技术在我国农村地区得到广泛应用。了解户用沼气发酵核心菌群的共发生（co-occurrence）关系，以及它们与环境因子之间的关系，将有助于提高户用沼气发酵系统的效率和稳定性。

中国科学院成都生物研究所研究员李香真课题组芮俊鹏、李家宝等用高通量测序方法调查了43个沼液样本中的微生物群落，这些样本来自8个省份的不同户用沼气池。研究发现Clostridium、Clostridium XI、Syntrophomonas、Cloacibacillus 等10个属构成了核心菌群。

在Beta多样性上，这43个样本的微生物群落分为两个截然不同的类群：Cluster I多样性较低，以Clostridium为主，铵态氮和COD是其主要影响因子；Cluster II以Spirochaetes、Bacteroidales、Clostridia为主导菌群，并富含互营菌和产甲烷菌，铵态氮、pH和磷酸盐浓度是其主要影响因子。基于菌群相关性的网络分析表明，沼液微生物网络可分为若干功能模块：Cluster I以初级发酵模块（由Clostridium驱动）和乙酸型产甲烷模块为主；Cluster II则复杂得多，主要由氢型和乙酸型两个产甲烷模块和初级发酵模块（由Spirochaetes、Bacteroidales、Clostridia共同驱动）组成，且受铵态氮浓度影响较大。

该研究揭示了户用沼气系统中的核心菌群普遍存在共发生关系，并认识到微生物功能冗余性对抵抗环境压力和维持发酵效率的重要性。

该研究的成果发表在生物能源刊物Biotechnology for biofuels。

原文地址：http://www.china-nengyuan.com/tech/85321.html