

## 成都生物所揭示中温沼气工程微生物群落形成的可能机制

我国是世界上对沼气开发较早的国家，截至2010年底，各类大、中、小型工程沼气达7万余处，其中发酵底物以猪粪和牛粪为主。微生物是厌氧发酵产沼气的执行者，但目前仍然不了解这些工程沼气系统中是否普遍存在核心菌群和特异菌群，以及影响该系统内微生物群落形成的主要因素。

中国科学院成都生物研究所研究员李香真课题组李家宝等利用高通量测序技术调查了全国20余处中温沼气工程中的微生物群落。研究发现，底物类型和发酵液游离氨氮（FA）浓度是微生物群落分异的主要驱动因子。不同底物类型的发酵液中，影响微生物群落结构的因子区别明显。碳氮比（C:N）和游离氨氮浓度分别是牛粪和猪粪沼气工程微生物群落形成的重要影响因子。

FA通过选择性筛选作用富集后壁菌门（Firmicutes），表明Firmicutes，尤其是梭菌属（Clostridium），在高氨氮环境中起重要作用。而FA对潜在的互营菌可能具有抑制作用。这些沼气工程无论是地理距离还是工程运行条件相差较大，但仍发现有25个核心微生物存在于所有工程沼液中，且占有所有微生物34%的相对含量，表明他们在沼气工程中具有重要作用。同时还发现不同底物富集特有的微生物，这可能反映了不同发酵底物和工程运行条件的差异。

该研究揭示了沼气工程微生物群落形成的可能机制，研究成果发表在Frontiers in Microbiology。

原文地址：<http://www.china-nengyuan.com/tech/88319.html>