

استفاده پایدار و حفاظت از میکروارگانیسم‌های مرتبط با هضم در نشخوارکنندگان



مترجمان:

دکتر رها عابدینی، دکتر مریم موسیوند و دکتر سید محمود نصرالهی

بِسْمِ اللَّهِ الرَّحْمَنِ الرَّحِيمِ



استفاده پایدار و حفاظت از میکروارگانیسم‌های مرتبط با هضم در نشخوارکنندگان

مترجمان:

دکتر رها عابدینی، دکتر مریم موسیوند

و دکتر سید محمود نصرالهی



**Food and Agriculture
Organization of the
United Nations**

**COMMISSION ON
GENETIC RESOURCES
FOR FOOD AND
AGRICULTURE**

استفاده پایدار و حفاظت از میکروارگانیسم‌های مرتبط با هضم در نشخوارکنندگان

Linda B. Oyama and Christopher J. Creevey, Sharon A. Huws

دانشکده علوم زیستی، مؤسسه امنیت جهانی غذا، دانشگاه کوئینز بلفاست، بلفاست،
پادشاهی متحد بریتانیای کبیر و ایرلند شمالی

سازمان خواربار و کشاورزی ملل متحد (FAO)، رم، ۲۰۲۴

ISBN: 978-622-363-167-2

شابک ۹۷۸-۶۲۲-۳۶۳-۱۶۷-۲



وزارت جهاد کشاورزی

سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی

مرکز ملی مدیریت منابع ژنتیکی کشاورزی و منابع طبیعی کشور

عنوان: استفاده پایدار و حفاظت از میکروارگانیسم‌های مرتبط با هضم در نشخوارکنندگان

مترجمان: رها عابدینی، مریم موسیوند و دکتر سید محمود نصرالهی

ناشر: مرکز ملی مدیریت منابع ژنتیکی کشاورزی و منابع طبیعی کشور

نوبت چاپ: اول / ۱۴۰۵

شمارگان: محدود

قیمت: ۵,۵۰۰,۰۰۰ ریال

مسئولیت صحت مطالب این کتاب با نویسندگان است.

این اثر با شماره ۳۱۴۰۵۳۳ در تاریخ ۱۴/۰۶/۱۴۰۵ در مرکز فناوری اطلاعات و اطلاع

رسانی کشاورزی ثبت شده است.

آدرس: کرج، بلوار شهید فهمیده، مجموعه موسسات تحقیقاتی کشاورزی کشور، مرکز ملی

مدیریت منابع ژنتیکی کشاورزی و منابع طبیعی

میکروارگانیسیم‌های مرتبط با هضم در نشخوارکنندگان نقش اساسی در سلامت دام، بهره‌وری تولید، امنیت غذایی و پایداری محیط‌زیست ایفا می‌کنند. تحولات علمی دهه‌های اخیر در حوزه‌های میکروبیوم، ژنومیک، زیست‌فناوری و تغذیه دام، جایگاه این میکروارگانیسیم‌ها را در نظام‌های نوین تولید دام بیش از پیش برجسته ساخته و ضرورت شناخت دقیق، بهره‌برداری پایدار و حفاظت اصولی از آن‌ها را آشکارتر کرده است. در چنین بستری، سازمان خواربار و کشاورزی ملل متحد (FAO) با انتشار کتاب «استفاده پایدار و حفاظت از میکروارگانیسیم‌های مرتبط با هضم در نشخوارکنندگان»، تصویری جامع از آخرین دستاوردهای علمی، چالش‌ها، سیاست‌ها و راهکارهای مدیریتی این حوزه ارائه کرده است.

با عنایت به اهمیت روزافزون این موضوع در عرصه‌های علمی، آموزشی و اجرایی کشور، ترجمه این اثر را گامی ضروری در جهت تسهیل دسترسی جامعه دانشگاهی، پژوهشگران، متخصصان علوم دامی، دامپزشکی، میکروبیولوژی و دیگر حوزه‌های مرتبط به یکی از منابع معتبر بین‌المللی در این زمینه دانستیم.

در فرایند ترجمه، کوشش شده است ضمن پایبندی به امانت‌داری علمی در قبال متن اصلی، از معادل‌های دقیق، رایج و پذیرفته‌شده فارسی بهره گرفته شود تا مفاهیم تخصصی اثر، با بیشترین میزان روشنی و انسجام، در اختیار خوانندگان قرار گیرد. امید آن است که انتشار این ترجمه بتواند زمینه‌ساز گسترش مباحث علمی در حوزه میکروبیوم نشخوارکنندگان، تقویت پژوهش‌های بنیادی و کاربردی، و تعمیق نگرش‌های مبتنی بر پایداری در نظام‌های تولید دامی کشور باشد.

قدردانی.....	ص
علامت اختصاری.....	ض
خلاصه گزارشات اجرایی.....	ظ
۱- دامنه مطالعه.....	۱
۲- وضعیت کشاورزی مبتنی بر نشخوارکنندگان.....	۱
۳. وضعیت دانش موجود درباره میکروارگانیسم‌های شکمبه دخیل در هضم نشخوارکنندگان.....	۱۰
۱.۳ باکتری.....	۱۰
۲.۳ آرکی‌ها.....	۱۸
۳.۳ پروتوزوا.....	۲۱
۴.۳ قارچ‌ها.....	۲۸
۵.۳ ویروس‌ها.....	۳۰
۶.۳ معماری بیوفیلم.....	۳۱
۴. روندهای تنوع میکروارگانیسم‌های مرتبط با هضم نشخوارکنندگان و عوامل زیستی موثر بر آن.....	۳۳
۵. مدیریت و حفاظت از میکروارگانیسم‌های شکمبه.....	۴۳
۱.۵ اصلاح نژاد نشخوارکنندگان برای کاهش اثرات تغییرات اقلیمی از طریق دستکاری میکروبیوم شکمبه.....	۴۴

۲.۵ مداخلات تغذیه‌ای نشخوارکنندگان برای کاهش اثرات تغییرات اقلیمی از طریق دستکاری میکروبیوم شکمبه	۴۷
۳.۵ مجموعه‌های حفاظتی و مجموعه‌های کشت	۵۷
۶. میکروبیوم‌های دستگاه گوارش دام و پیامدهای آن برای رویکرد «سلامت واحد»	۶۱
۷. سیاست‌ها و مقررات	۶۵
۱.۷ سیاست‌های جهانی اقلیم	۶۵
۲.۷ پروتکل ناگویا	۷۰
۳.۷ دسترسی به اطلاعات	۷۰
۴.۷ مداخلات تغذیه‌ای	۷۲
۸. نهادهای کلیدی در مدیریت میکروارگانیسم‌های مرتبط با هضم در نشخوارکنندگان	۷۵
۹. خلأها و نقاط ضعف	۸۲
۱.۹ خلأهای پژوهشی	۸۲
۲.۹ حفاظت و مجموعه‌های کشت	۸۸
۳.۹ سیاست‌ها و مقررات	۸۸
۱۰. راهکارهای بالقوه‌ای که کمیسیون و اعضای آن می‌توانند برای رفع خلأها و ضعف‌های موجود در استفاده پایدار و حفاظت از میکروارگانیسم‌های مرتبط با هضم در نشخوارکنندگان ارائه دهند	۹۰

منابع	۹۲
-------------	----

کادر

- کادر ۱. دیدگاه‌های متخصصان درباره وضعیت و روندهای تنوع میکروارگانیسم‌های مرتبط با هضم در نشخوارکنندگان..... ۴۰
- کادر ۲. دیدگاه متخصصان درباره وضعیت کنونی اجرای فعالیت‌های مربوط به ترویج استفاده پایدار و حفاظت از میکروارگانیسم‌های مرتبط با هضم در نشخوارکنندگان ۵۴
- کادر ۳. پروژه شاخص «گسترش، تحلیل و بهره‌برداری از مجموعه کشت میکروبی شکمبه Hungate»..... ۵۹
- کادر ۴. نتایج کارگاه کورونیوا درباره «بهبود نظام‌های مدیریت دام، از جمله سامانه‌های تولید کشاورزی-دامداری و سایر نظام‌ها» (موضوع ۲ [e] کنوانسیون UNFCCC). ۶۸
- کادر ۵. دیدگاه‌های کارشناسان درباره وضعیت کنونی توسعه و اجرای سیاست‌ها، قوانین و ترتیبات نهادی برای مدیریت میکروارگانیسم‌های مرتبط با هضم در نشخوارکنندگان..... ۶۹
- کادر ۶. دیدگاه‌های کارشناسان درباره وضعیت کنونی همکاری میان سازمان‌هایی که در استفاده پایدار و حفاظت از میکروارگانیسم‌های مرتبط با هضم نشخوارکنندگان نقش دارند ۷۷

شکل‌ها

- شکل ۱. انتشار جهانی متان ۴
- شکل ۲. تخمیر کربوهیدرات‌ها و متانوژنز در شکمبه ۶
- شکل ۳. مروری بر مراحل تجزیه مواد گیاهی در شکمبه و نمونه‌هایی از باکتری‌های دخیل در این فرایند ۷
- شکل ۴. تصویر میکروسکوپ نوری از محتویات شکمبه یک نشخوارکننده با تنوع پروتوزوایی نوع B که برهم‌کنش نزدیک گونه‌های Epidinium با مواد گیاهی را نشان می‌دهد. ۲۴
- شکل ۵. اجتماع بیوفیلمی تشکیل‌شده بر سطح ری‌گراس چندساله تازه پس از انکوباسیون در شرایط درون آزمایشگاهی در حضور مایع شکمبه. ۲۷
- شکل ۶. نمونه‌های سرشماری جهانی شکمبه، میزبان‌ها و ترکیب‌های عمده‌ی جوامع باکتریایی و آرکیایی در مناطق مختلف جهان ۳۶
- شکل ۷. راهبردهای کاهش انتشار متان و اثر آن‌ها بر انتشار متان (A) (CH_4) و شاخص‌های عملکرد حیوان (B) ۵۵
- شکل ۸. نمودار ون نشان‌دهنده تعداد ژن‌های مقاومت ضد میکروبی مشترک و اختصاصی در میان میکروبیوم‌های خاک و دستگاه گوارش خوک، طیور و نشخوارکنندگان. ۶۴
- شکل A1. توزیع پاسخ‌ها به پرسش‌های نظرسنجی ۱۲۰

جدول‌ها

- جدول ۱. وضعیت تأیید مقرراتی برای مداخلات تغذیه‌ای در نشخوارکنندگان ۷۴
- جدول ۲. مهم‌ترین مؤسسات دانشگاهی دارای ظرفیت و توانمندی برای گسترش پژوهش در زمینه عملکرد میکروبی و نگهداری مجموعه‌های کشت مرتبط با تنوع ژنتیکی میکروارگانیسم‌های دستگاه گوارش ۷۹
- جدول ۳. خلاصه‌ای از خلاهای پژوهشی موجود ۸۵
- جدول A1. مناطق جغرافیایی و گروه‌های ذی‌نفع پاسخ‌دهندگان به نظرسنجی ۱۱۹

قدردانی

نویسندگان از اعضای شبکه «ژنومیک میکروبی شکمبه» در ائتلاف جهانی پژوهش (GRA)¹ که با تکمیل پرسشنامه و ارائه دیدگاه‌های خود درباره آینده استفاده پایدار و حفاظت از میکروارگانیسم‌های مرتبط با هضم در نشخوارکنندگان همکاری کردند، صمیمانه قدردانی می‌کنند. همچنین از حمایت مسئولان سازمان خواربار و کشاورزی ملل متحد (FAO) از جمله Julie Bélanger, Paul Boettcher, Madhur Dhingra, Fanette Fontaine, Irene Hoffmann, Anne Mottet و Dafydd Pilling نیز قدردانی می‌شود. علاوه بر این، از Hayden Montgomery (ائتلاف جهانی پژوهش و «مرکز جهانی متان») و Sinead Waters (مؤسسه Teagasc ایرلند و رئیس مشترک گروه دام‌های بزرگ در GRA) و نیز داوران مستقل و ناشناس از برزیل، کانادا و هلند که پیش از نهایی‌سازی سند آن را بررسی کردند، قدردانی می‌کنیم.

¹ Global Research Alliance

علامت اختصاری

AMR:^۱ مقاومت میکروبی

DFM:^۲ مکمل میکروبی خوراکی مستقیم

DHP:^۳ ۴- هیدروکسی - ۴(H) - پیریدون

EPS:^۴ مواد پلیمری خارج سلولی

FAO:^۵ سازمان غذا و کشاورزی سازمان ملل متحد

FAOSTAT:^۶ سازمان غذایی و کشاورزی بانک آمار سازمان ملل متحد

GH:^۷ گلوکوزیل هیدرولاز

GHG:^۸ گاز گلخانه‌ای

GRA:^۹ ائتلاف تحقیقات جهانی

GWP:^{۱۰} پتانسیل گرمایش جهانی

ICSP:^{۱۱} کمیته بین‌المللی رده‌بندی پروکاریوت‌ها

IPCC:^{۱۲} هیات بین‌دولتی تغییرات آب و هوا

¹ Antimicrobial resistance

² Direct-fed microbials

³ 4-hydroxy-4(H)-pyridone

⁴ Extracellular polymeric substances

⁵ Food and Agriculture Organization of the United Nations

⁶ Food and Agriculture Organization of the United Nations Statistical Database

⁷ glycosyl hydrolase

⁸ greenhouse gas

⁹ Global Research Alliance

¹⁰ Global warming potential

¹¹ International Committee of Systematics of Prokaryotes

¹² Intergovernmental Panel on Climate Change

LAB^۱: باکتری‌های اسید لاکتیک

MAG^۲: ژنوم مونتاژشده از داده‌های متاژنومی

3-NOP^۳: ۳-نیتروکسی پروپانول

UN^۴: سازمان ملل

UNFCCC^۵: کنوانسیون چارچوب سازمان ملل در مورد تغییر اقلیم

VFA^۶: اسید چرب فرار

WHO^۷: سازمان بهداشت جهانی

¹ Lactic acid bacteria

² Metagenomically assembled genome

³ 3-nitrooxypropanol

⁴ United Nations

⁵ United Nations Framework Convention on Climate Change

⁶ Volatile fatty acid

⁷ World Health Organization

خلاصه گزارشات اجرایی

برآورد می‌شود که بیش از ۱۱/۷ درصد از جمعیت جهان به غذای کافی دسترسی ندارند و در نتیجه از کمبود مواد مغذی و مشکلاتی مانند کم‌خونی و کوتاه‌قدی رنج می‌برند. علاوه بر این، پیش‌بینی می‌شود جمعیت جهان در دهه ۲۰۸۰ به حدود ۱۰/۴ میلیارد نفر برسد. محصولات حاصل از نشخوارکنندگان سرشار از پروتئین و ریزمغذی‌ها هستند. با این حال، تولید دام‌های نشخوارکننده یکی از منابع مهم انتشار متان (CH_4)^۱ به شمار می‌رود و به عنوان گازی گلخانه‌ای (GHG)^۲ قلمداد می‌شود که پتانسیل گرمایش جهانی (GWP)^۳ آن بین ۲۷ تا ۳۰ برابر دی‌اکسید کربن (CO_2) است.

بهره‌وری نشخوارکنندگان و میزان انتشار متان عمدتاً نتیجه فرایندهای بیوشیمیایی است که در شکمبه — بخش اصلی پیش‌معدة در دام‌های نشخوارکننده — رخ می‌دهد و جایی است که کربوهیدرات‌های جیره غذایی توسط میکروب‌های شکمبه تجزیه می‌شوند. این فرایند منجر به تولید اسیدهای چرب فرّار (VFAs)^۴ می‌شود که منبع مهمی از انرژی برای حیوان فراهم می‌کنند، اما هم‌زمان با تولید هیدروژن نیز همراه است. این هیدروژن توسط میکروارگانیسم‌های متانوژن موجود در شکمبه عمدتاً برای تبدیل دی‌اکسید کربن (CO_2) به متان مورد استفاده قرار می‌گیرد. تولید برخی از اسیدهای چرب فرّار می‌تواند باعث مصرف بیشتر هیدروژن شده و در نتیجه آن را از مسیر متانوژنز منحرف کند. از این رو، ضرورت درک عمیق‌تر میکروبیوم شکمبه بیش از هر زمان دیگری احساس می‌شود.

شکمبه یک اکوسیستم پیچیده و پویا است که از باکتری‌های بی‌هوازی، پروتوزوآ، قارچ‌های بی‌هوازی، آرکی‌های متانوژن و نیز باکتریوفاژهایی تشکیل شده است که هنوز به‌طور گسترده مورد مطالعه قرار نگرفته‌اند. رابرت هونگیت به عنوان «پدر

¹ Methane intensity

² Greenhouse gas

³ Global warming potential

⁴ Volatile fatty acids

میکروبیولوژی شکمبه» شناخته می‌شود. پژوهش‌های او به توسعه بسیاری از روش‌های کشت برای باکتری‌ها و آرکی‌های بی‌هوازی که امروزه مورد استفاده قرار می‌گیرند انجامید و نشان داد که باکتری‌ها فراوان‌ترین و متنوع‌ترین گروه از میکروارگانیسم‌های این محیط هستند. این باکتری‌ها دارای کارکردهای متعددی هستند. برای مثال، برخی از آن‌ها آمیلولیتیک^۱ (توانایی تجزیه نشاسته را دارند)، سلولولیتیک^۲ (توانایی تجزیه سلولز را دارند)، پروتئولیتیک^۳ (توانایی تجزیه پروتئین را دارند) و برخی نیز لیپولیتیک^۴ (توانایی تجزیه لیپیدها یا چربی‌ها را دارند) هستند. بسیاری از این باکتری‌ها به‌عنوان میکروارگانیسم‌های «عمومی» شناخته می‌شوند، یعنی دامنه عملکرد گسترده‌ای دارند، در حالی که برخی دیگر دارای عملکردی تخصصی‌تر هستند.

در حالی که باکتری‌های شکمبه از نظر تعداد فراوان‌ترین میکروارگانیسم‌های این محیط هستند، پروتوزوای شکمبه بیشترین حجم فضای شکمبه را اشغال می‌کنند (تا حدود ۵۰ درصد). با این حال، این گروه همچنان کمتر مورد مطالعه قرار گرفته‌اند. وضعیت مشابهی برای قارچ‌های شکمبه نیز وجود دارد، هرچند در سال‌های اخیر توجه بیشتری به آن‌ها شده و تاکنون در مجموع ۱۸ جنس از این قارچ‌ها شناسایی شده است. پروتوزوای و قارچ‌های شکمبه در کنار یکدیگر با عنوان «یوکاریوتوم»^۵ یا «یوکاریوم»^۶ شناخته می‌شوند. برخی از پروتوزوای شکمبه (مانند گونه‌های *Entodinium spp.* و *Epidinium spp.*) دارای فعالیت فیبرولیتیک هستند، در حالی که برخی دیگر (مانند گونه‌های *Dastrychia spp.* و *Isotrichia spp.*) از کربوهیدرات‌های ساده استفاده می‌کنند؛ در نتیجه به تجزیه علوفه کمک کرده و دسترسی میزبان به مواد مغذی را افزایش می‌دهند. به همین ترتیب، قارچ‌های

¹ Amylolytic

² Cellulolytic

³ Proteolytic

⁴ Lipolytic

⁵ Eukaryotome

⁶ Eukaryome

بی‌هوازی شکمبه نیز به دلیل داشتن مجموعه گسترده‌ای از آنزیم‌های تجزیه‌کننده کربوهیدرات، تجزیه‌کنندگان بسیار قوی فیبر به شمار می‌روند. با این حال، پروتوزوای شکمبه با فرایند متانوژنز نیز ارتباط دارند. مشخص شده است که نشخوارکنندگان «پروتوزوآزادایی شده»^۱ (حیواناتی که پروتوزوای شکمبه آن‌ها به صورت شیمیایی حذف شده‌اند) به طور متوسط حدود ۱۱ درصد متان کمتری نسبت به حیوانات دارای پروتوزوآ تولید می‌کنند. این حیوانات همچنین از نظر افزایش وزن روزانه یا تولید شیر معمولاً عملکرد بهتری دارند؛ احتمالاً به این دلیل که مصرف و هضم باکتری‌ها توسط پروتوزوای شکمبه در آن‌ها حذف می‌شود. با این حال، این مزایا باید در کنار اثرات احتمالی حذف پروتوزوآ بر فرآورده‌های تخمیری شکمبه نیز مورد توجه قرار گیرد.

متان عمدتاً از طریق مسیر هیدروژن دوست (هیدروژنوتروفیک)^۲ تولید می‌شود؛ مسیری که در آن متان از هیدروژن و دی‌اکسید کربن (CO_2) تشکیل می‌شود. با این حال، مقادیر اندکی از متان نیز می‌تواند از طریق استفاده از گروه‌های متیل (مسیر متیل برداری) یا در مواردی حتی کمتر از استات (مسیر تجزیه استات (استوکلاستیک)^۳) تولید شود. متانوژن‌های هیدروژن دوست شامل جنس *Methanobrevibacter (Mbb.)* هستند که به دو تبار^۴ تقسیم می‌شود: تبار SGM (Mbb. *Smithii*) و تبار RO (Mbb. *ruminantium*) و *Mbb. millerae*، *Mbb. gottschalkii* و *Mbb. thaurei*) و تبار *Mbb. olleyae*). این گروه‌ها فراوان‌ترین متانوژن‌های موجود در شکمبه به شمار می‌روند. به طور خاص، تبارهای *Mbb. gottschalkii* و *Mbb. ruminantium* به عنوان دو گروه بزرگ اصلی شناخته شده‌اند و در مجموع حدود ۷۴ درصد از کل آرک‌های شکمبه در سطح جهان را تشکیل می‌دهند. متانوژن‌های متیلوتروفیک فراوانی کمتری دارند و شامل گروه‌هایی مانند Methanosarcinales، Methanospaera و

¹ Defaunated ruminants

² Hydrogenotrophic pathway

³ Acetoclastic passway

⁴ Clade

Methanomassiliicoccaceae هستند. اعضای راسته Methanosarcinales علاوه بر مسیر متیلوتروفیک، می‌توانند متان را از طریق مسیر تجزیه استات نیز تولید کنند.

تحقیقات نشان داده است که در شکمبه یک جامعه میکروبی هسته‌ای وجود دارد که تنوع آن در درجه نخست تحت تأثیر نوع جیره غذایی قرار می‌گیرد، اما گونه و نژاد حیوان میزبان نیز بر آن اثرگذار هستند. پژوهش‌های اخیر همچنین بر اساس برآوردهای وراثت‌پذیری نشان داده‌اند که امکان اصلاح نژادی برای دستیابی به میکروبیوم‌های خاص انتخاب‌شده توسط میزبان به‌ویژه در ارتباط با هدف کاهش انتشار گازهای گلخانه‌ای وجود دارد. همچنین مشخص شده است که برخی گروه‌های کوچک‌تر از میکروارگانیسم‌های شکمبه دارای ویژگی‌های جغرافیایی خاص هستند؛ موضوعی که احتمالاً ناشی از تغییرات اقلیمی مؤثر بر نوع گیاهان مصرفی یا مرتبط با نژادهای محلی نشخوارکنندگان است.

شواهدی براساس تعداد محدودی از مقالات منتشر شده وجود دارد که افزایش تمرکز بر کارایی شکمبه و کاهش انتشار گازهای گلخانه‌ای در بخش دامداری به کاهش تنوع باکتریایی شکمبه مرتبط است. اگر این موضوع درست باشد، آنگاه روش‌های کنونی کاهش تنوع باکتریایی ممکن است به از دست رفتن گروه‌های کامل میکروب‌های شکمبه منجر شوند؛ میکروب‌هایی که هرچند نقش فرعی در عملکردهای اصلی تخمیر دارند، اما ممکن است تنوع زیستی لازم برای مقاومت در برابر شرایط آب‌وهوایی در حال تغییر را فراهم کنند. این موضوع بر ضرورت ثبت و فهرست‌برداری از جوامع طبیعی موجود باکتری‌ها، آرکی‌ها، قارچ‌ها، پروتوزوا و ویروس‌های شکمبه تأکید می‌کند، زیرا خطر از دست رفتن آن‌ها وجود دارد. پاسخ‌دهندگان به یک نظرسنجی از اعضای شبکه «ژنومیک میکروبی شکمبه» (RGM)^۱ وابسته به «ائتلاف جهانی پژوهش» (GRA)^۲ که برای این مطالعه انجام شد و افرادی از دانشگاه‌ها، صنعت و

^۱ Rumen Microbial Genomics

^۲ Global Research Alliance

نهادهای دولتی در آفریقا، اروپا، آمریکای شمالی و آمریکای لاتین و دیگر مناطق را دربر می‌گرفت، به خطر از دست رفتن تنوع میکروبی اشاره کردند با این حال، آنان اشاره کردند که چشم‌اندازشان نسبت به وضعیت سلامت تنوع میکروبیوم شکمبه در دهه آینده مثبت است؛ این امر عمدتاً به دلیل پیشرفت‌ها در تولید دانش و همچنین افزایش ظرفیت‌ها بوده و نویدی که ابتکارها و برنامه‌های موجود در حوزه کشت و فهرست‌برداری از میکروبیوم فراهم می‌کنند.

مدیریت مؤثر میکروبیوم شکمبه می‌تواند به کاهش انتشار متان از نشخوارکنندگان منجر شود. یک میکروبیوم «بهینه»^۱ در شکمبه- از نظر بهره‌وری، سلامت دام و سلامت محیط‌زیست- را می‌توان از طریق برنامه‌های اصلاح نژادی یا مداخلات تغذیه‌ای به دست آورد. تلاش‌ها برای پرورش نشخوارکنندگانی با چنین میکروبیوم «بهینه‌ای» هم‌اکنون در سطح جهان به‌طور جدی در جریان است و داده‌های فراوانی نیز در این زمینه تولید شده است. با این حال، تبدیل این رویکرد به گزینه‌ای از نظر تجاری قابل اجرا، مستلزم گردآوری داده‌های بیشتر از تعداد بیشتری حیوان است. با وجود این، شواهد اولیه نشان می‌دهد که برنامه‌های اصلاح نژادی می‌توانند- بر اساس شاخص انتشار متان باقیمانده- به کاهش‌هایی تا حدود ۳۰ درصد در انتشار متان منجر شوند، هرچند برای تأیید این موضوع به داده‌های بسیار بیشتری نیاز است.

مداخلات تغذیه‌ای را می‌توان به‌طور کلی در چند دسته اصلی طبقه‌بندی کرد: راهبردهای مبتنی بر گیاه (برای مثال استفاده از گیاهانی با مقدار بالای ترکیبات ثانویه مانند تانن‌ها)، مهارکننده‌های اختصاصی متان (مانند 3-NOP که با نام تجاری «Bovaer»[®] عرضه می‌شود)، روغن‌ها و دانه‌های روغنی، و «چاهک‌های هیدروژن»^۲ (مانند مواد شیمیایی یا میکروارگانیسم‌هایی که هیدروژن را مصرف می‌کنند و در نتیجه هیدروژن کمتری برای فرایند متانوژنز در دسترس باقی می‌ماند). راهبردهای مبتنی بر

¹ Optimum

² Hydrogen sinks

مدیریت بخش علوفه جیره می‌توانند بر اساس شدت انتشار متان در تولید شیر (گرم متان به ازای هر کیلوگرم شیر) تا حدود ۱۸ درصد از انتشار متان بکاهند. همچنین مداخلات مدیریتی در بخش علوفه جیره- به جای تغییر نوع علوفه- مانند استفاده از علوفه‌های جوان تر و کمتر بالغ، می‌تواند بر همین مبنا تولید متان را تا حدود ۱۳ درصد کاهش دهد. مهارکننده‌های متان، به‌ویژه 3-NOP (Bovaer®)، قادرند بر اساس شاخص شدت متان و اندازه‌گیری‌های روزانه انتشار متان، کاهش‌هایی در حدود ۳۵ درصد ایجاد کنند. با این حال، تأثیر این ترکیبات بر عملکرد تولیدی دام هنوز به‌طور کامل روشن نیست.

مداخلات تغذیه‌ای جدیدتری که اخیراً برای کاهش انتشار متان توسعه یافته‌اند، شامل استفاده از ماکرو جلبک‌ها در جیره غذایی است. جلبک قرمز *Asparagopsis taxiformis* با مهار متانوژن‌ها و در نتیجه مهار فرایند متانوژن عمل می‌کند و از این رو می‌توان آن را نوعی مهارکننده متان به شمار آورد. نشان داده شده است که استفاده از این جلبک می‌تواند شدت انتشار متان و میزان انتشار روزانه آن را در دام‌های شیری و گوشتی تا حدود ۸۰ درصد کاهش دهد که تاکنون بیشترین میزان کاهش گزارش شده محسوب می‌شود. ترکیب فعال موجود در *A. taxiformis* ماده‌ای به نام بروموفرم^۱ است که خاصیت سرطان‌زایی دارد؛ بنابراین به مطالعات بیشتری در زمینه سلامت دام و انسان نیاز است تا پیامدها و ملاحظات احتمالی این راهبرد به‌طور دقیق بررسی و پایش شود. از جمله راهبردهای بالقوه آینده- که با حجم رو به افزایشی از داده‌های پژوهشی پشتیبانی می‌شوند- می‌توان به استفاده از چاهک‌های هیدروژن و نیز به کارگیری مکمل میکروبی خوراکی مستقیم^۲ اشاره کرد. پاسخ‌دهندگان در نظرسنجی تخصصی نیز بر ضرورت گسترش دانش درباره میکروب‌های شکمبه و راهبردهای مدیریتی مؤثر در ارتقای کارایی تولید دام تأکید کردند.

¹ Bromoform

² Direct-fed microbes

پیوستگی و ارتباط متقابل میکروارگانیسم‌ها در محور «انسان-حیوان-محیط زیست» توسط بسیاری از پژوهشگران نشان داده شده است و پیامدهای این ارتباط باید به‌ویژه در ارتباط با چالش‌های رویکرد «سلامت واحد»^۱، مانند گسترش مقاومت به مواد ضد میکروبی (AMR)^۲، مورد توجه قرار گیرد. نشان داده شده است که باکتری‌های شکمبه دارای ژن‌های مقاومت به مواد ضد میکروبی بر روی عناصر ژنتیکی یکپارچه‌ای هستند که به راحتی می‌توانند به سایر باکتری‌ها منتقل شوند؛ موضوعی که اهمیت باکتری‌های شکمبه را در گسترش ژن‌های مقاومت به مواد ضد میکروبی نشان می‌دهد. در عین حال، میکروب‌های شکمبه منبعی از ترکیبات زیست فعال کمتر شناخته شده نیز به شمار می‌آیند که می‌توان از آن‌ها برای ارتقای سلامت سیاره‌ای بهره برد؛ برای نمونه در توسعه درمانی داروهای ضد میکروبی نوین.

سیاست‌های کنونی که بر مدیریت میکروارگانیسم‌های مرتبط با تغذیه نشخوارکنندگان تأثیر می‌گذارند، شامل سیاست‌های مرتبط با تغییرات اقلیمی و همچنین مقررات مربوط به «دسترسی به منابع ژنتیکی و تقسیم منافع حاصل از بهره‌برداری از آن‌ها» است؛ از جمله پروتکل ناگویا درباره دسترسی به منابع ژنتیکی و تقسیم منصفانه و عادلانه منافع ناشی از بهره‌برداری از آن‌ها در چارچوب کنوانسیون تنوع زیستی. سیاست‌های اقلیمی به‌طور فزاینده‌ای بر نحوه تخصیص بودجه‌های پژوهشی تأثیر می‌گذارند و بسیاری از نهادهای تأمین‌کننده مالی، فراخوان‌های پژوهشی خود را بر «بهینه‌سازی میکروبیوم شکمبه با هدف کاهش انتشار متان» متمرکز کرده‌اند. این سیاست‌ها همچنین بر روند نوآوری اثر گذاشته و موجب شده است تلاش بیشتری برای توسعه راهکارهای عملی و نوآورانه‌ای صورت گیرد که به درک بهتر از میکروبیوم «بهینه» شکمبه و شیوه دستیابی به آن کمک می‌کنند. با این حال، چارچوب‌های مقرراتی نیز می‌توانند به‌عنوان مانعی در مسیر به‌کارگیری چنین فناوری‌هایی عمل

¹ One Health² Antimicrobial resistance

کنند، زیرا دریافت مجوزهای لازم زمان‌بر است. برای مثال، NOP-3 در حال حاضر به‌عنوان یک افزودنی خوراکی برای گاوهای شیری در بسیاری از کشورها، از جمله استرالیا، برزیل، شیلی و کشورهای اتحادیه اروپا، تأیید شده است. با این حال، فرایند اخذ این مجوز حدود ده سال به طول انجامیده و برای ارائه شواهد لازم درباره کارایی و ایمنی^۱ این محصول، حجم گسترده‌ای از پژوهش‌ها مورد نیاز بوده است.

استفاده از افزودنی‌های خوراکی هزینه‌ای را بر دامداران تحمیل می‌کند و در نتیجه، پذیرش و به‌کارگیری آن‌ها محدود خواهد بود، مگر آنکه این هزینه‌ها توسط مصرف‌کنندگان یا تولیدکنندگان جبران شود، یا از طریق طرح‌های حمایتی دولتی در چارچوب سیاست‌های کاهش انتشار گازهای گلخانه‌ای تأمین گردد. پیامدهای اقتصادی استفاده از افزودنی‌های خوراکی همچنین مانعی برای کاربرد آن‌ها در کشورهای در حال توسعه به شمار می‌رود. گزینه‌های جایگزین برای این کشورها ممکن است شامل افزایش کارایی تولید در نشخوارکنندگان^۲ و/یا رویکردهای مبتنی بر مدیریت اراضی^۳ باشد؛ برای مثال استفاده بیشتر از لگوم‌های^۴ علوفه‌ای در جیره غذایی. با این حال، استفاده از لگوم‌ها به اندازه به‌کارگیری افزودنی‌هایی مانند NOP-3 در کاهش انتشار متان مؤثر نخواهد بود. پاسخ‌دهندگان در نظرسنجی تخصصی همچنین اشاره کردند که منابع مالی برای مطالعه و اجرای فناوری‌های کاهش انتشار متان به‌ویژه در کشورهای با درآمد پایین و متوسط ناکافی است.

در مورد به‌اشتراک‌گذاری منابع ژنتیکی میکروبی شکمبه باید توجه داشت که تشریفات اداری و مستندسازی لازم برای رعایت پروتکل ناگويا به مانعی در مسیر تبادل این منابع تبدیل شده است. هرچند روح و هدف این پروتکل قابل تقدیر است، اما لازم است این الزامات ساده‌تر شوند تا حفاظت از منابع ژنتیکی میکروبی شکمبه در سطح جهانی

¹ Efficacy and safety

² Improving ruminant efficiency

³ Land management- based approaches

⁴ Legumes

تضمین گردد. به همین ترتیب، نبود دسترسی آزاد به کشت‌های میکروبی شکمبه نیز یکی از موانع مهم به شمار می‌آید؛ به‌گونه‌ای که بسیاری از این کشت‌ها در فریزرهای آزمایشگاهی در سراسر جهان نگهداری می‌شوند و بنابراین در معرض خطر از دست رفتن قرار دارند. بیشتر نهادهای تأمین‌کننده مالی پژوهش و مجلات علمی سیاست دسترسی آزاد به داده‌ها را دنبال می‌کنند و بر این اساس، هنگام ارسال مقاله برای داوری، همه داده‌ها باید به‌صورت عمومی در دسترس باشند. با این حال، این الزام در مورد پژوهش‌های مربوط به جدایه‌های میکروبی جدید صدق نمی‌کند و در نتیجه دسترسی به این جدایه‌ها برای ادامه تحقیقات و بهره‌مندی جامعه محدود می‌شود. این موضوع چالشی مهم است و نیازمند اصلاحات اساسی است. البته باید توجه داشت که اجرای چنین تغییراتی مستلزم تقویت زیرساخت‌های مجموعه‌های نگهداری کشت‌های میکروبی موجود است تا بتوانند تعداد بیشتری از جدایه‌ها را نگهداری کرده و در دسترس پژوهشگران قرار دهند.

پاسخ‌دهندگان در نظرسنجی تخصصی بیان کردند که به اعتقاد آنان در حال حاضر هیچ اقدام مشخصی برای تدوین سیاست‌ها، قوانین و سازوکارهای نهادی در زمینه مدیریت میکروارگانیسم‌های مرتبط با هضم در نشخوارکنندگان در حوزه‌های قضایی مربوط به خود در جریان نیست. آنان همچنین بر این باور بودند که پیشرفت در این حوزه ضروری است تا این بخش بتواند در مسیر مواجهه با چالش‌های کنونی خود گام بردارد و به پیشرفت دست یابد.

بر اساس بررسی داده‌های علمی موجود، سیاست‌ها و مقررات جاری و همچنین دیدگاه‌های مطرح‌شده توسط متخصصان، نویسندگان پیشنهاد می‌کنند که کمیسیون و اعضای آن می‌توانند از طریق راهکارهای بالقوه زیر به رفع خلأها و کاستی‌ها در استفاده پایدار و حفاظت از میکروارگانیسم‌های مرتبط با هضم در نشخوارکنندگان کمک کنند:

- ایجاد یک گروه جهانی از متخصصان برای کار بر روی اولویت‌بندی فعالیت‌های مرتبط با مدیریت میکروارگانیسم‌های مربوط به هضم در نشخوارکنندگان و نیز شناسایی تهدیدهایی که استفاده پایدار و حفاظت از این موجودات را با خطر مواجه می‌کند؛
- تأمین منابع مالی و پشتیبانی کافی برای پژوهش‌های مبتکرانه جهانی در زمینه کشت، فهرست‌برداری و مدیریت میکروب‌های شکمبه؛
- ترویج سیاست‌های دسترسی آزاد به گونه‌ای که همه جدایه‌های میکروبی کشت خالص پیش از انتشار هرگونه داده مرتبط با آن‌ها، در مجموعه‌های نگهداری کشت‌های میکروبی سپرده‌گذاری شوند؛
- تقویت ظرفیت مجموعه‌های جهانی نگهداری کشت‌های میکروبی برای پاسخگویی به افزایش تقاضایی که در نتیجه اجرای سیاست‌های دسترسی آزاد و الزام به سپرده‌گذاری جدایه‌ها در این مجموعه‌ها ایجاد خواهد شد؛
- ترویج و حمایت از تأمین مالی پژوهش‌ها در زمینه نوآوری‌های مرتبط با مدیریت میکروبیوم شکمبه، به‌ویژه در ارتباط با اصلاح نژاد نشخوارکنندگان و نوآوری‌های تغذیه‌ای؛
- بهبود فرصت‌های تأمین مالی برای توسعه پایگاه‌های داده مربوط به ژنوم و فنوتیپ جدایه‌ها، و در عین حال تقویت تخصص‌های محاسباتی لازم برای تبدیل این داده‌های زیربنایی به حاشیه‌نویسی‌های متاژنومیکی دقیق‌تر و در نهایت امکان استنباط ظرفیت‌های تخمیری و میزان دسترسی مواد مغذی برای میزبان؛
- ایجاد اصلاحاتی در پروتکل ناگویا به‌منظور تسهیل تبادل جهانی نمونه‌ها و میکروارگانیسم‌ها؛ و

- فراهم کردن محرک‌ها و مشوق‌هایی برای تقویت همکاری‌های جهانی، به‌ویژه همکاری‌هایی که کشورهای با درآمد پایین و متوسط را نیز شامل شود.

۱- دامنه مطالعه

این مطالعه بنا به درخواست دبیرخانه کمیسیون منابع ژنتیکی برای غذا و کشاورزی سازمان خواربار و کشاورزی ملل متحد (FAO) تهیه شده است. هدف این گزارش آن است که موارد زیر را در اختیار سیاست‌گذاران، پژوهشگران، متخصصان تغذیه دام و تولیدکنندگان دام قرار دهد:

۱. ارائه مقدمه‌ای درباره میکروارگانیسم‌های مرتبط با هضم در نشخوارکنندگان و نقش‌های آن‌ها؛

۲. ارائه مروری بر روندهای تنوع میکروارگانیسم‌های مرتبط با هضم در نشخوارکنندگان، اهمیت این روندها و عوامل مؤثر بر آن‌ها؛

۳. ارائه مروری بر وضعیت کنونی استفاده پایدار و حفاظت از میکروارگانیسم‌های مرتبط با هضم در نشخوارکنندگان در سطح جهان (از جمله اهمیت آن‌ها در حوزه‌هایی مانند سازگاری با تغییرات اقلیمی، کاهش آثار آن و سلامت انسان)، همراه با بررسی وضعیت پژوهش‌های مرتبط، محدودیت‌های موجود در پیشبرد فعالیت‌ها در این حوزه و راهکارهای بالقوه برای رفع این محدودیت‌ها؛

۴. ارائه مروری بر وضعیت فعلی سیاست‌ها، قوانین و سازوکارهای نهادی مرتبط با مدیریت میکروارگانیسم‌های مؤثر در هضم نشخوارکنندگان در سطح جهان، از جمله در حوزه دسترسی و تقسیم منافع، و نیز بررسی خلأها و ضعف‌های موجود در این چارچوب‌ها و راهکارهای احتمالی برای برطرف کردن آن‌ها؛

۵. ارائه مروری بر سازمان‌های فعال در زمینه استفاده پایدار و حفاظت از میکروارگانیسم‌های مرتبط با هضم نشخوارکنندگان در سطح جهان، شامل بررسی خلأها و ضعف‌های موجود در همکاری‌ها در این حوزه، راهکارهای احتمالی برای رفع

این کاستی‌ها و همچنین زمینه‌های راهبردی بالقوه برای همکاری میان این سازمان‌ها با کمیسیون و اعضای آن؛ و

۶. ارائه مروری بر راهکارهای بالقوه‌ای که از طریق آن‌ها کمیسیون و اعضای آن می‌توانند در رفع خلأها و ضعف‌های موجود در زمینه استفاده پایدار و حفاظت از میکروارگانیسم‌های مرتبط با هضم نشخوارکنندگان مشارکت کنند.

این مطالعه بر پایه مرور منابع علمی اخیر و همچنین نتایج یک نظرسنجی انجام شده است که برای اعضای شبکه «ژنومیک میکروبی شکمبه» در «ائتلاف جهانی پژوهش»^۱ ارسال شد تا دیدگاه‌های آنان درباره استفاده پایدار و حفاظت از میکروارگانیسم‌های مرتبط با هضم در نشخوارکنندگان^۲ گردآوری شود. در مجموع ۲۰ پاسخ از سوی متخصصانی از مناطق جغرافیایی و بخش‌های مختلف دریافت شد (به پیوست ۱ مراجعه شود)

^۱ Global Research Alliance (<https://globalresearchalliance.org/research/livestock/rumen-microbial-genomics-network/>)

^۲ این پرسشنامه در نشانی زیر قابل دسترسی است:
<https://forms.gle/PF9mkyyu1XLR3Brj8>

۲- وضعیت کشاورزی مبتنی بر نشخوارکنندگان

نشخوارکنندگان دارای پیش‌مدهای متشکل از چهار بخش هستند: نگاری^۱، شکمبه^۲، هزارلا^۳ و شیردان^۴. شکمبه که بخش اصلی تخمیر در پیش‌مده به شمار می‌رود، یک اکوسیستم پیچیده و پویا است که از باکتری‌های بی‌هوازی، پروتوزوا، قارچ‌های بی‌هوازی، آرک‌های متانوزن و باکتریوفاژها تشکیل شده است. این میکروب‌ها به شیوه‌های گوناگونی با یکدیگر تعامل دارند و با میزبان خود یک رابطه همزیستی برقرار می‌کنند؛ به‌طوری که با تجزیه مواد گیاهی دارای فیبر بالا، انرژی مورد نیاز حیوان را فراهم می‌کنند. این توانایی نشخوارکنندگان موجب تبدیل خوراک‌های غیرقابل مصرف توسط انسان به غذاهای مغذی قابل مصرف برای انسان (مانند گوشت و شیر) می‌شود و همچنین با داشتن این توانایی، نشخوارکنندگان می‌توانند در زمین‌های حاشیه‌ای که برای کشت محصولات غذایی مناسب نیستند، زندگی و تولید داشته باشند (Kingston-Smith و همکاران، ۲۰۱۰). با توجه به اینکه برآورد می‌شود در سال ۲۰۲۱ حدود ۲۹/۳ درصد از جمعیت جهان — معادل ۲/۳ میلیارد نفر — با ناامنی غذایی متوسط یا شدید مواجه بوده‌اند و ۱۱/۷ درصد از جمعیت جهان (حدود ۹۲۳/۷ میلیون نفر) دچار ناامنی غذایی شدید بوده‌اند (WHO، WFP، UNICEF، IFAD، FAO)، و همچنین با در نظر گرفتن اینکه پیش‌بینی می‌شود جمعیت جهان در دهه ۲۰۲۲، و همچنین به حدود ۱۰/۴ میلیارد نفر برسد (بخش جمعیت اداره امور اقتصادی و اجتماعی سازمان ملل متحد، ۲۰۲۲)، اهمیت درک بهتر میکروبیوم شکمبه برای بهبود پایدار تولید و تضمین امنیت غذایی بیش از هر زمان دیگری آشکار شده است.

آرکی‌های موجود در شکمبه موجب تولید متان (CH_4) می‌شوند؛ گازی گلخانه‌ای که پتانسیل گرمایش جهانی (GWP) آن در بازه زمانی ۱۰۰ ساله حدود ۲۷ تا ۳۰ برابر

¹ Reticulum

² Rumen

³ Omasum

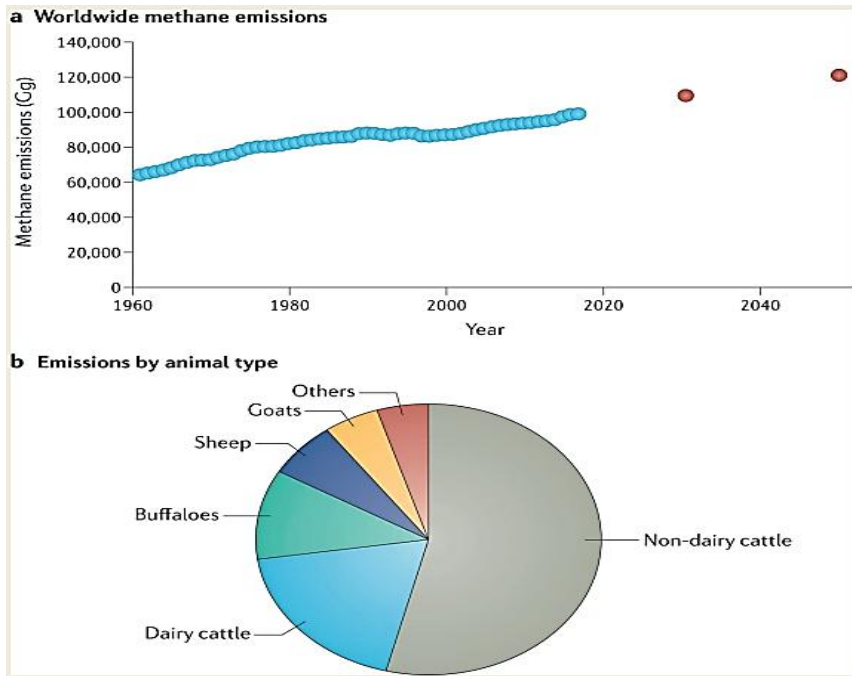
⁴ Abomasum

دی‌اکسید کربن (CO_2) برآورد شده است. پتانسیل گرمایش جهانی شاخصی است که نشان می‌دهد انتشار یک تن از یک گاز، در مقایسه با انتشار یک تن CO_2 ، در یک دوره زمانی مشخص چه میزان انرژی گرمایی را جذب می‌کند (IPCC, ۲۰۲۱). انتشار جهانی متان از نشخوارکنندگان - که بخش عمده آن ناشی از تخمیر دستگاه گوارش است - در دهه‌های گذشته به طور مداوم افزایش یافته است (شکل ۱). برآورد می‌شود این انتشار حدود ۳۰ درصد از کل انتشار متان ناشی از فعالیت‌های انسانی در جهان، ۱۷ درصد از انتشار گازهای گلخانه‌ای در سامانه غذایی جهانی و حدود ۵ درصد از کل انتشار گازهای گلخانه‌ای جهان را تشکیل دهد (Gerber و همکاران، ۲۰۱۳؛ Maasakkers و همکاران، ۲۰۱۹؛ Arndt و همکاران، ۲۰۲۲؛ شکل ۱). همچنین نشان داده شده است که تولید متان می‌تواند حدود ۶ تا ۱۲ درصد از انرژی قابل استفاده را از مسیرهای تولیدی منحرف کند (Johnson و Johnson، ۱۹۹۵). بنابراین، کاهش انتشار متان ممکن است از طریق افزایش رشد یا تولید شیر به پایداری تولید دام کمک کند. با این حال باید توجه داشت که داده‌های دقیق درباره این مقادیر ۶ تا ۱۲ درصد در سیستم‌های مختلف تغذیه‌ای محدود است و این میزان می‌تواند بسته به نژاد دام و نوع جیره غذایی تفاوت قابل توجهی داشته باشد.

شاخص جدیدتری با عنوان GWP^* نیز توسعه یافته است که با هدف در نظر گرفتن تفاوت اثرات گازهای گلخانه‌ای کوتاه‌عمر و بلندعمر ارائه شده است. برای مثال، نیمه‌عمر متان در جو حدود ۱۲ سال است، در حالی که دی‌اکسید کربن می‌تواند هزاران سال در جو باقی بماند (Cain و همکاران، ۲۰۱۹). بر اساس شاخص GWP^* ، مقدار برآورد شده برای اثر گرمایش متان بسیار کمتر از مقدار ۲۷ تا ۳۰ برابر CO_2 است که در محاسبات استاندارد GWP گزارش می‌شود (Cain و همکاران، ۲۰۱۹؛ Lynch و همکاران، ۲۰۲۰). هیئت بین‌دولتی تغییرات اقلیم (IPCC)^۱ در گزارش‌های خود از هر دو روش محاسبه، یعنی GWP استاندارد و GWP^* ، استفاده می‌کند.

^۱ Intergovernmental Panel on Climate Change

استفاده نشخوارکنندگان از نیتروژن نیز می‌تواند باعث آزاد شدن مقادیر اضافی نیتروژن در محیط شود و این نیتروژن توسط میکروب‌های محیطی (برای مثال در کود دامی و خاک) به اکسید نیتروژن (N_2O) تبدیل می‌شود. پتانسیل گرمایش جهانی N_2O در یک دوره ۱۰۰ ساله حدود ۲۷۳ برابر دی‌اکسید کربن (CO_2) است (IPCC, ۲۰۲۱). دست‌کم طی ۵۰ سال گذشته، گرایش فزاینده‌ای به سمت شیوه‌های دامداری فشرده با هدف اصلی افزایش بهره‌وری وجود داشته است. افزایش بهره‌وری از طریق اصلاح نژاد مؤثر و همچنین تأمین بیش از حد پروتئین در جیره غذایی حاصل شده است. اما راهبرد دوم از نظر زیست‌محیطی نامطلوب است، زیرا تنها حدود ۲۵ درصد از پروتئین مصرفی توسط نشخوارکننده مورد استفاده قرار می‌گیرد و بقیه عمدتاً از طریق ادرار دفع می‌شود (Huws و همکاران، ۲۰۱۸). مقادیر زیاد نیتروژن که در کود دامی تجمع می‌یابد و سپس روی خاک رسوب می‌کند، در ادامه به N_2O تبدیل می‌شود و در نتیجه چالش بزرگ‌تری از نظر انتشار گازهای گلخانه‌ای ایجاد می‌کند. بنابراین، افزایش کارایی استفاده از نیتروژن در نشخوارکنندگان از طریق تأمین منابع و سطوح مناسب پروتئین، یکی از راه‌های کاهش گرمایش جهانی به شمار می‌رود. در حال حاضر تأکید بیشتری بر ارزیابی منابع محلی پروتئین خوراکی که به شیوه‌ای پایدار تولید می‌شوند، همچنین تغذیه نشخوارکنندگان در سطوحی که برای سلامت و تولید آن‌ها بهینه است (که ممکن است کمتر از میانگین سطوح تغذیه‌ای سال‌های اخیر در راستای افزایش تولید باشد) و همچنین به حداقل رساندن رسوب غیرضروری نیتروژن در خاک وجود دارد.



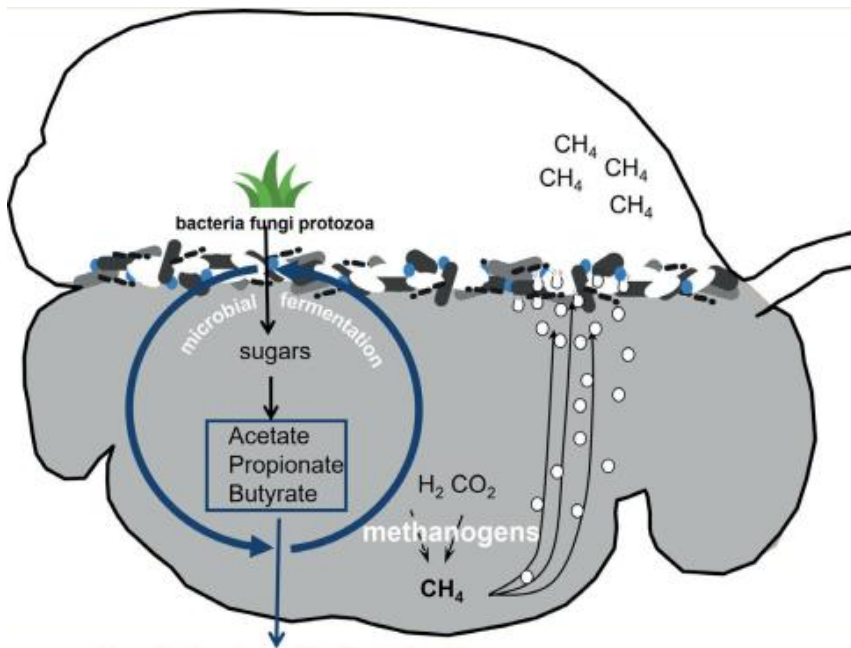
شکل ۱. انتشار جهانی متان

توضیح: برآوردهای انتشار متان بر اساس داده‌های تخمیر روده‌ای (enteric fermentation) سازمان خواربار و کشاورزی ملل متحد (FAOSTAT) محاسبه شده‌اند. این برآوردها بر اساس: الف) انتشار جهانی متان (نقاط قرمز در نمودار نشان‌دهنده انتشارهای پیش‌بینی شده هستند)، و ب) نوع حیوان (بخش «سایر» عمدتاً شامل انتشارهای مربوط به حیوانات غیرنشخوارکننده است) نمایش داده شده‌اند.

منبع:

Mizrahi, I., Wallace, R.J. & Morais, S. 2021. The rumen microbiome: balancing food security and environmental impacts. *Nature Reviews Microbiology*, 19(9): 553–566. <https://doi.org/10.1038/s41579-021-00543-6>.

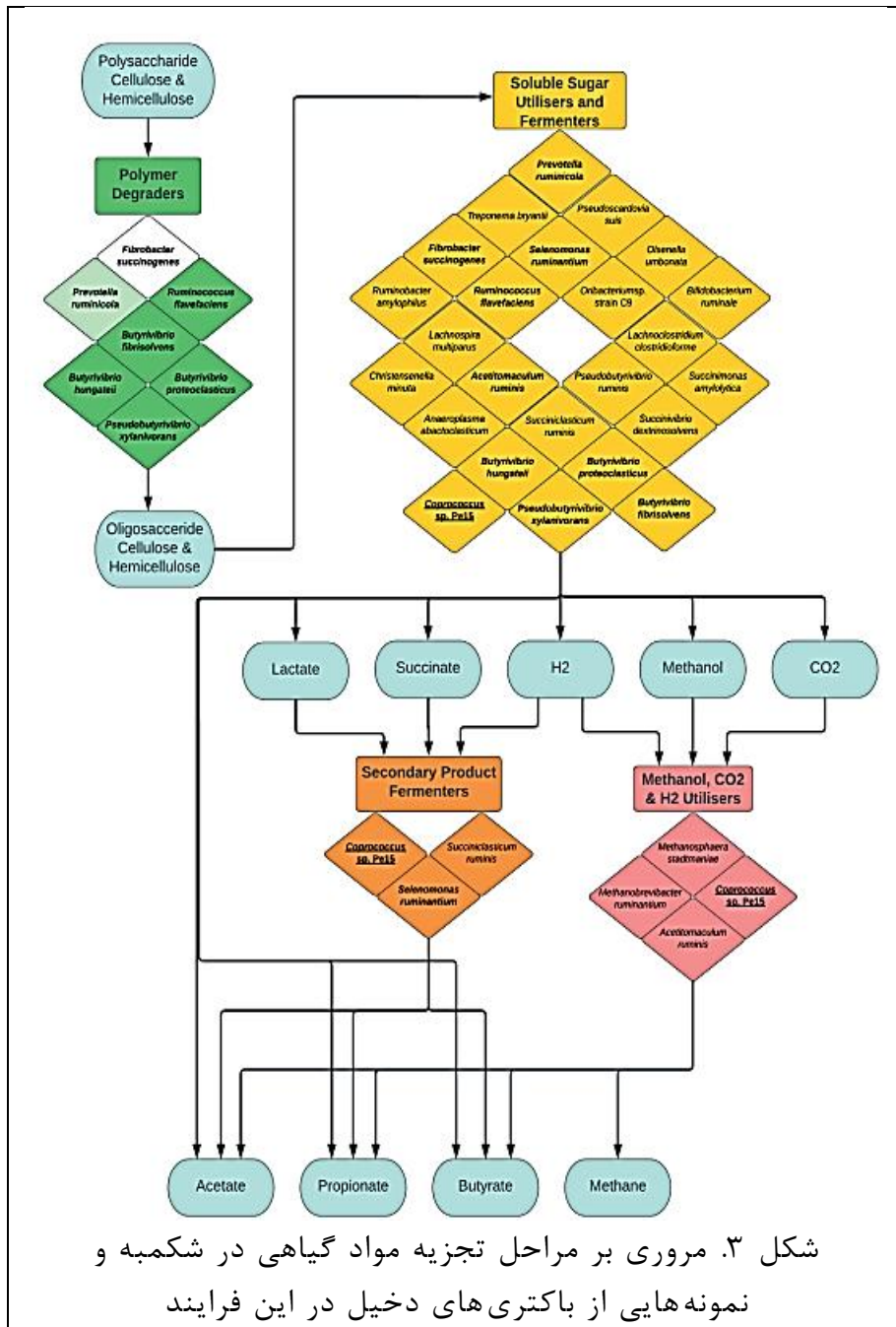
بهره‌وری و اثرات زیست‌محیطی دام تا حد زیادی نتیجه فرایندهای بیوشیمیایی هستند که با ورود خوراک به شکمبه و آغاز هضم رخ می‌دهند (Huws و همکاران، ۲۰۱۸؛ Ungerfeld، ۲۰۲۰؛ Mizrahi، Wallace و Moraïs، ۲۰۲۱). در اصل، کربوهیدرات‌های موجود در جیره غذایی توسط میکروب‌های شکمبه تجزیه می‌شوند (شکل‌های ۲ و ۳) و وارد فرایندهای بیوشیمیایی می‌شوند که در نهایت منجر به تولید اسیدهای چرب فرّار می‌شوند. این اسیدهای چرب فرّار به عنوان منبع اصلی انرژی برای حیوان عمل می‌کنند. این فرایند همچنین باعث تولید هیدروژن می‌شود و این هیدروژن عمدتاً توسط متانوژن‌ها برای تبدیل دی‌اکسید کربن (CO_2) به متان مورد استفاده قرار می‌گیرد. تولید برخی از اسیدهای چرب فرّار، به‌ویژه پروپیونات، هیدروژن بیشتری نسبت به سایر اسیدها مصرف می‌کند و بنابراین می‌تواند هیدروژن را از مسیر متانوژنز منحرف کند. همچنین نشان داده شده است که اسیدهای چرب فرّار می‌توانند پاسخ‌های ایمنی اپیتلیوم شکمبه را تحریک کنند و از این طریق به سلامت نشخوارکنندگان کمک نمایند (Zhan و همکاران، ۲۰۱۹).



شکل ۲. تخمیر کربوهیدرات ها و متانوژنز در شکمبه

منبع:

Attwood, G.T., Wakelin, S.A., Leahy, S.C., Rowe, S., Clarke, S., Chapman, D.F., Muirhead, R. and Jacobs, J.M. 2019. Applications of the soil, plant and rumen microbiomes in pastoral agriculture. *Frontiers in Nutrition*, 6:7. <https://doi.org/10.3389/fnut.2019.00107>.



شکل ۳. مروری بر مراحل تجزیه مواد گیاهی در شکمبه و نمونه‌هایی از باکتری‌های دخیل در این فرایند

توضیح:

این شکل نمونه‌هایی از گونه‌های باکتریایی را نشان می‌دهد که در نقش‌های مختلفی در شکمبه فعالیت می‌کنند، از جمله: تجزیه‌کنندگان پلیمرها، مصرف‌کنندگان قندهای محلول و تخمیرکنندگان آن‌ها، تخمیرکنندگان محصولات ثانویه، و همچنین مصرف‌کنندگان متانول، CO_2 و H_2 . بسیاری از میکروارگانیسم‌های شکمبه در مراحل خاصی از این فرایند تخصص دارند؛ با این حال، برخی از آن‌ها در دو مرحله (نام‌ها به صورت پررنگ مشخص شده‌اند) یا حتی در سه مرحله (نام‌ها به صورت پررنگ و زیرخط‌دار مشخص شده‌اند) فعال هستند. تجزیه‌کنندگان پلیمر شامل کلونیزه‌کنندگان اولیه (سبز روشن)، کلونیزه‌کنندگان ثانویه (سبز تیره) و گروهی هستند که الگوی زمانی مشخصی در مراحل اولیه کلونیزاسیون ندارند (رنگ سفید).

منبع:

تهیه و تدوین توسط نویسندگان این مطالعه پیش‌زمینه پژوهشی.

با وجود باقی ماندن برخی محدودیت‌ها، از جمله پیچیدگی‌های رده‌بندی (تاکسونومیک) و دشواری در کشت میکروارگانیسم‌ها، دهه اخیر شاهد نوآوری‌های مهمی در فناوری‌های «آمیکس»^۱ برای مطالعه اکوسیستم‌های میکروبی پیچیده بوده است. همچنین توانایی ما در کشت میکروارگانیسم‌ها از چنین اکوسیستم‌هایی بهبود یافته است. از زمان توسعه فناوری‌های «آمیکس» و ابزارهای محاسباتی مرتبط، انفجاری از دانش در حوزه بوم‌شناسی میکروبی رخ داده است. با این حال، گذار از درک صرف همبستگی‌ها به درک روابط علیت از طریق شناخت عملکردی همچنان چالش‌برانگیز بوده است؛ به‌ویژه زمانی که کل میکروبیوم شکمبه در نظر گرفته می‌شود، یعنی همه گروه‌های میکروبی به طور همزمان. بنابراین، این موضوع باید یکی از

¹ Omics

محورهای اصلی پژوهش‌های آینده باشد. توانایی ما در استخراج ژنوم‌ها از داده‌های متاژنومیک (ژنوم‌های مونتاژشده از داده‌های متاژنومی یا ¹MAGs، که مونتاژهای DNA متعلق به یک تاکسون واحد هستند و از توالی‌های DNA متاژنومیک به دست می‌آیند)، در کنار پیشرفت در کشت جدایه‌های خالص – که حتی می‌تواند شامل میکروارگانیسم‌های شناسایی‌شده از طریق MAGها نیز باشد – این امکان را فراهم می‌کند که به سمت درک روابط علیت حرکت کنیم. همچنین این پیشرفت‌ها منابع ژنتیکی و زیستی ارزشمندی برای بهره‌برداری‌های زیست‌فناورانه فراهم می‌کنند. وضعیت کنونی دانش در این حوزه، همراه با عوامل تسهیل‌کننده، موانع و فرصت‌های موجود، در ادامه مورد بحث قرار می‌گیرد

¹ Metagenomically assembled genome

۳. وضعیت دانش موجود درباره میکروارگانیسم‌های شکمبه دخیل در هضم نشخوارکنندگان

۱.۳ باکتری

رابرت هانگیت^۱، دانشمند آمریکایی که ابتدا در دانشگاه تگزاس فعالیت می‌کرد، سپس به دانشگاه ایالتی واشینگتن رفت و در نهایت در سال ۱۹۵۶ به دانشگاه کالیفرنیا، دیویس پیوست، به‌طور گسترده به عنوان «پدر میکروبیولوژی شکمبه» شناخته می‌شود. بسیاری از فناوری‌های کشت باکتری‌های بی‌هوازی که او توسعه داد (Hungate, ۱۹۶۶) هنوز هم در سراسر جهان به‌طور گسترده مورد استفاده قرار می‌گیرند. این روش‌های کشت نشان داده‌اند که باکتری‌ها فراوان‌ترین و متنوع‌ترین گروه از میکروارگانیسم‌های شکمبه هستند و عملکردهای متعددی دارند. برای مثال، آن‌ها می‌توانند آمیلولیتیک^۲ (تجزیه‌کننده نشاسته)، سلولولیتیک^۳ (تجزیه‌کننده سلولز)، پروتئولیتیک^۴ (تجزیه‌کننده پروتئین) یا لیپولیتیک^۵ (تجزیه‌کننده لیپیدها/چربی‌ها) باشند. بسیاری از آن‌ها به عنوان میکروارگانیسم‌های عمومی^۶ با دامنه عملکرد گسترده توصیف می‌شوند، در حالی که برخی دیگر تخصصی‌تر هستند (شکل ۳). با وجود پیشرفت‌های فناورانه قابل توجه در دهه گذشته، عملکرد باکتری‌های شکمبه و تعاملات آن‌ها با میزبان و سایر اعضای میکروبیوم شکمبه هنوز به‌خوبی شناخته نشده است. این کمبود دانش تلاش‌ها برای دستکاری هدفمند میکروبیوم شکمبه به منظور بهبود فنوتیپ نشخوارکنندگان (برای مثال افزایش تولید) و کاهش

¹ Robert Hungate

² Amylolytic

³ Cellulolytic

⁴ Proteolytic

⁵ Lipolytic

⁶ Generalists

اثرات زیست‌محیطی را محدود کرده است. بنابراین، یک تلاش جهانی هماهنگ و گسترده برای پر کردن این خلا دانشی ضروری است.

یکی از چالش‌های مهمی که توانایی ما را برای درک عملکرد باکتری‌های شکمبه محدود می‌کند، به تعریف دقیق رده‌بندی (تاکسونومی) این باکتری‌ها مربوط می‌شود. به‌طور کلاسیک، باکتری‌های شکمبه در شاخه‌های *Firmicutes*، *Bacteroidetes*، *Proteobacteria* و *Actinobacteria* (به ترتیب کاهش فراوانی) طبقه‌بندی شده‌اند (Henderson و همکاران، ۲۰۱۵). با این حال، تلاش‌های اخیر برای سامان‌دهی و یکپارچه‌سازی رده‌بندی باکتری‌ها از طریق «کمیت‌بین‌المللی سیستماتیک پروکاریوت‌ها» (ICSP)^۱ منجر به تغییر نام برخی از این شاخه‌ها شده است. بر این اساس، نام‌های *Bacteroidetes* و *Actinobacteria* به ترتیب به *Bacteroidota* و *Actinobiota* تغییر یافته‌اند. در این سند از نام‌های جدید استفاده شده است.

در شاخه *Firmicutes*، خانواده غالب *Lachnospiraceae* و جنس‌های غالب *Butyrivibrio* و *Pseudobutyrvibrio* هستند؛ در حالی که در شاخه *Bacteroidota*، خانواده *Prevotellaceae* و جنس *Prevotella* بیشترین غلبه را دارند (Henderson و همکاران، ۲۰۱۵).

جنس *Prevotella* به‌طور کلاسیک به عنوان یکی از پروتئولیتیک‌ترین جنس‌ها در میکروبیوم شکمبه شناخته می‌شود (White، Griswold و Mackie، ۱۹۹۹). از سوی دیگر، جنس‌های *Butyrivibrio* و *Pseudobutyrvibrio* به تولید اسید چرب فرار بوتیرات معروف هستند و به دلیل برخورداری از مجموعه‌ای از آنزیم‌های فعال بر کربوهیدرات‌ها (یا CAZymes)^۲، که به آن‌ها گلیکوزیل هیدرولازها (GHs)^۳ نیز گفته

^۱ International Committee on Systematics of Prokaryotes

^۲ Carbohydrate-active enzymes

^۳ Glycosyl hydrolases

می‌شود، نقش مهمی در تجزیه مواد گیاهی ایفا می‌کنند (Palevich و همکاران، ۲۰۱۹؛ Pidcock و همکاران، ۲۰۲۱).

به‌طور کلاسیک، جنس‌های *Butyrivibrio* و *Pseudobutyrvibrio* در قالب شش گونه طبقه‌بندی شده‌اند که شامل *B. proteoclasticus*، *B. fibrisolvans*، *B. hungatei*، *Butyrivibrio* sp، *P. ruminis* و *P. xylanovorans* هستند (Palevich و همکاران، ۲۰۱۹؛ Pidcock و همکاران، ۲۰۲۱). با این حال، یک مطالعه اخیر که ۷۱ ژنوم از جنس‌های *Butyrivibrio* و *Pseudobutyrvibrio* را با استفاده از رویکرد پان‌ژنومیکس^۱ و شاخص شباهت متوسط نوکلئوتیدی (ANI)^۲ بررسی کرد، نشان داد که این دو جنس احتمالاً در واقع از ۳۲ جنس و ۴۲ گونه تشکیل شده‌اند (Pidcock و همکاران، ۲۰۲۱). اگرچه *Butyrivibrio*، *Pseudobutyrvibrio* و *Prevotella* از نظر عددی در اکوسیستم شکمبه غالب هستند، اما شکمبه حاوی بسیاری از باکتری‌های دیگر با فراوانی کمتر نیز هست که در غیاب آن‌ها، این اکوسیستم به‌شدت متفاوت می‌شد یا حتی ممکن بود به‌طور کامل از کار بیفتد (Berry و Widder، ۲۰۱۴). برای مثال، یک مطالعه اخیر نشان داد که خانواده‌های باکتریایی *Flammeovirigaceae* و *Enterobacteriaceae* در شکمبه، با وجود تراکم پایین، احتمالاً به‌عنوان خانواده‌های «کلیدی»^۳ عمل می‌کنند؛ به این معنا که با ایفای نقشی همچون «چسب»^۴ برای حفظ انسجام اجتماعات میکروبی، به تجزیه علوفه تازه چاودار چندساله^۵ کمک می‌کنند (Huws و همکاران، ۲۰۲۱).

تحقیقات مبتنی بر توالی‌یابی در سال‌های اخیر فراتر از رده‌بندی (تاکسونومی) حرکت کرده و تلاش می‌کنند تا عملکرد میکروارگانیسم‌ها را نیز از طریق روش متاژنومیکس

¹ Pangenomics

² Average nucleotide identity

³ Keystone

⁴ Glue

⁵ Perennial ryegrass

شاتگان^۱ تعریف کنند. در این روش، تمام DNA موجود در یک محیط نمونه‌برداری شده توالی‌یابی می‌شود. هدف عمومی این روش، به دست آوردن DNA همه سلول‌های زنده در نمونه محیطی است، اما همچنین DNA سلول‌های مرده و DNA آزاد^۲ نیز ممکن است استخراج شود. این رویکرد بدون هدف‌گیری خاص^۳ معایبی نیز دارد؛ از جمله تحلیل داده‌های به‌دست‌آمده بسیار پیچیده است و خطر نمایش کمتر از حد DNA موجودات با فراوانی بسیار کم را دارد. با این حال، این روش مزیتی دارد که نسبت به گروه‌ها و گونه‌های میکروبی بی‌طرف است و محدود به نوع خاصی از ژن‌ها نیست. بنابراین، می‌تواند کل ژنوم‌ها و بخش‌هایی از ژنوم‌ها را در کل میکروبیوم ثبت کند، که امکان پیش‌بینی ژن‌ها، پروفایل‌سازی آنزیم‌ها و بازسازی مسیرهای متابولیکی کامل موجودات محیط را فراهم می‌سازد. این قابلیت می‌تواند منجر به کشف آنزیم‌ها و مسیرهای جدید شود و اجازه می‌دهد تا فراوانی عناصر ژنومی عملکردی (مانند ژن‌ها) در میان نمونه‌ها و بین نمونه‌ها کمی‌سازی شود. با این حال، تحقق این امکان تنها در صورتی ممکن است که ژن‌ها قابل حاشیه‌نویسی^۴ باشند؛ در حال حاضر بسیاری از ژن‌ها همچنان ناشناخته باقی مانده‌اند.

روش متاژنومیکس شاتگان برای اولین بار در شکمبه به کار گرفته شد تا بتوان آنزیم‌های جدید تجزیه‌کننده زیست‌توده مرتبط با میکروب‌های مرتبط با سوئیچ‌گراس^۵ را کشف کرد (Hess و همکاران، ۲۰۱۱). پس از آن، متاژنومیکس برای مطالعه جنبه‌های مختلف میکروبیولوژی شکمبه به کار گرفته شد، از جمله:

- انتشار متان از گاو (Wallace و همکاران، ۲۰۱۵) و گوسفند (Shi و همکاران، ۲۰۱۴)

¹ Shotgun metagenomics

² Naked DNA

³ Untargeted

⁴ Annotation

⁵ Switchgrass

- نشانگرهای زیستی برای پیش‌بینی متانوژنز شکمبه‌ای (Auffret و همکاران، ۲۰۱۸)
- تأثیر نسبت تبدیل خوراک، نژاد و ژنتیک میزبان بر ترکیب میکروبیوم شکمبه (Roehe و همکاران، ۲۰۱۶)
- جذب و دسترسی به مواد مغذی (Mayorga و همکاران، ۲۰۱۶؛ Rubino و همکاران، ۲۰۱۷)
- اثر رژیم غذایی (Auffret و همکاران، ۲۰۱۷)
- تأثیر افزودنی‌های خوراکی بر فراوانی ژن‌های مقاومت ضد میکروبی (AMR) (Thomas و همکاران، ۲۰۱۷)

شکمبه همچنین منبعی ارزشمند از ترکیبات زیست‌فعال برای صنعت بیوتکنولوژی به شمار می‌رود و متاژنومیکس ابزار کلیدی برای این نوع جستجوهای زیستی^۱ است (Oyama و همکاران، ۲۰۱۷؛ Roumpeka و همکاران، ۲۰۱۷).

یکی دیگر از پیشرفت‌های مهم در درک ظرفیت و توانایی‌های باکتری‌های شکمبه، افزایش توانایی ما در به‌دست‌آوردن ژنوم‌های باکتریایی تک‌سویه^۲ از طریق ژنوم‌های مونتاژشده از داده‌های متاژنومی (MAGs) بوده است. این رویکرد نخستین بار توسط Tyson و همکاران (۲۰۰۴) برای یک میکروبیوم اسیدوفیل به کار گرفته شد. سپس Hess و همکاران (۲۰۱۱) برای اولین بار آن را در نشخوارکنندگان استفاده کردند و ۱۵ ژنوم پیش‌نویس MAG را از میکروبیوم مرتبط با سوئیچ‌گراس در شکمبه گاو مونتاژ کردند. در ادامه، Svartström و همکاران (۲۰۱۷) تعداد ۹۹ ژنوم میکروبی MAG را از شکمبه گوزن شمالی^۳ مونتاژ کردند. همچنین Stewart و همکاران (۲۰۱۸) تعداد

¹ Bioprospecting

² Single-strain

³ Moose

MAG ۹۱۳ از شکمبه گاو و Parks و همکاران (۲۰۱۷) نیز بیش از ۸۰۰۰ MAG جدید را از ۱۵۰۰ مجموعه داده عمومی مونتاژ کردند که برخی از آن‌ها مربوط به شکمبه بودند. در سال‌های اخیر نیز تعداد ۴۲۸ MAG دیگر به دست آمده است. افزون بر این، پژوهشگران نرم‌افزاری با نام MAGPhase توسعه داده‌اند که قادر است دودمان‌های موجودات مرتبط را با تمایز میان هاپلوتیپ‌های متغیر در طول صدها کیلوباز از توالی ژنومی از یکدیگر تفکیک کند (Bickhart و همکاران، ۲۰۲۲).

توانایی به دست آوردن MAGها کمک شایانی به افزایش درک ما از میکروبیوم شکمبه کرده است. با این حال، برای آزمون فرضیه‌های علمی و بهره‌برداری از این میکروارگانیسم‌ها در کاربردهای زیست‌فناورانه، لازم است این MAGها در شرایط کشت نیز به دست آیند؛ برای مثال به منظور استفاده به عنوان مکمل‌های میکروبی خوراکی مستقیم (DFMs) یا برای بهره‌برداری از آنزیم‌های آن‌ها. همچنین، همانند اغلب مطالعات مبتنی بر توالی‌یابی ژن 16S rDNA یا متاژنومیکس شاتگان، این رویکردها معمولاً بر نمونه‌های شکمبه‌ای متکی هستند که در یک زمان مشخص جمع‌آوری شده‌اند. در حالی که تنوع و عملکرد میکروبیوم شکمبه در طول زمان تغییر می‌کند؛ بنابراین داده‌های به دست آمده تا حدی دارای سوگیری زمانی هستند. در نهایت، یکی از مسائل مهم دیگر، لزوم بهبود کیفیت MAGهای به دست آمده از نظر میزان کامل بودن ژنوم است. این امر امکان دستیابی به MAGهای با کیفیت بالا (HQ-MAGs) را فراهم می‌کند؛ ژنوم‌هایی که شامل ژن‌های rRNA نیز هستند، به طوری که شناسایی تاکسونومیک آن‌ها آسان‌تر شده و در نتیجه تعیین عملکردشان نیز با دقت بیشتری امکان‌پذیر خواهد بود.

پروژه اخیر Hungate Collection Joint Genome Initiative^۱ نیز گام مهم و تحول‌آفرینی در افزایش درک ما از میکروبیوم شکمبه محسوب می‌شود. مجموعه Hungate یکی از پروژه‌های شاخص ائتلاف تحقیقات جهانی در زمینه گازهای

^۱ <https://genome.jgi.doe.gov/portal/HungateCollection/HungateCollection.info.html>

گلخانه‌ای کشاورزی بود که مأموریت آن گرد هم آوردن کشورها برای یافتن راه‌هایی جهت افزایش تولید غذا بدون افزایش انتشار گازهای گلخانه‌ای است. این پروژه در مجموع ۵۰۱ ژنوم از باکتری‌ها و آرک‌های شکمبه را فراهم کرد (Seshadri و همکاران، ۲۰۱۸). این دستاورد بسیار چشمگیر است، زیرا نه تنها توانایی ما را برای درک میکروبیوم شکمبه به‌طور قابل‌توجهی افزایش داد، بلکه از نظر علمی نیز تأثیر گسترده‌ای داشت و منجر به انتشار مقالات پژوهشی متعددی شد. همچنین انتظار می‌رود این پروژه در آینده نزدیک از طریق تجاری‌سازی نوآوری‌ها آثار اجتماعی و کاربردی قابل‌توجهی ایجاد کند. با این حال، این پروژه اکنون به پایان رسیده است؛ نه به این دلیل که دیگر کشت‌های میکروبی شکمبه در دسترس نیستند، بلکه عمدتاً به دلیل کمبود منابع مالی. در نتیجه، ژنوم بسیاری از میکروارگانیسم‌های شکمبه هنوز در دسترس قرار نگرفته است. در مجموعه Hungate، شاخه Bacteroidota و خانواده Bacteroidaceae نسبت به میزان حضورشان در مجموعه داده‌های سرشماری جهانی شکمبه^۱ (پروژه شاخص پیشین GRA) کمتر نمایندگی شده‌اند. همچنین ژنوم‌های مربوط به باکتری‌های به‌اصطلاح غیرقابل کشت شکمبه و نیز MAGها نیز به‌طور قابل توجهی کمتر در این مجموعه حضور دارند.

با وجود این محدودیت‌ها، پیشرفت در فناوری‌های توالی‌یابی با خوانش بلند^۲ که امکان دستیابی به HQ-MAGها را فراهم می‌کند، این فرصت را ایجاد خواهد کرد که راهبردهای کشت مبتنی بر تعریف دقیق مواد مغذی برای جداسازی این MAGها توسعه یابد؛ موضوعی که باید یکی از محورهای اصلی پژوهش‌های آینده باشد.

در زمینه پیشرفت‌های حاصل در کشت پر حجم و گسترده شکمبه‌ای^۳، توانایی کشت باکتری‌های شکمبه در سال‌های اخیر به‌طور قابل توجهی بهبود یافته است. این پیشرفت عمدتاً به دلیل توسعه محیط‌های کشت جدید با ترکیبات تغذیه‌ای

^۱ Global Rumen Census dataset

^۲ Long-read sequencing

^۳ Rumen culturomics

اختصاصی‌تر برای میکروارگانیسم‌ها، همراه با استفاده از روش رقیق‌سازی تا حد نابودی^۱ بوده است. ترکیب این رویکردها امکان کشت میکروب‌هایی با نیازهای تغذیه‌ای پیچیده‌تر را فراهم کرده و در نتیجه به جداسازی تعداد بیشتری از سویه‌های جدید منجر شده است. برای نمونه، توسعه محیط کشت پیشرفته باکتریایی شکمبه با نام RMO2 و به‌کارگیری روش رقیق‌سازی تا حد نابودی منجر به جداسازی ۵۴ باکتری جدید شد (Kenters و همکاران، ۲۰۱۱). افزون بر این، پژوهشگران دانشگاه کوئینز بلفاست^۲ در بریتانیا و دانشگاه بن‌گوریون^۳ در اسرائیل نیز اخیراً تمرکز قابل توجهی بر کشت پر حجم و گسترده باکتری‌های شکمبه داشته‌اند و موفق به به‌دست‌آوردن بیش از ۴۰۰ جدایه جدید در کشت خالص شده‌اند (بر اساس توالی‌یابی ژن 16S rDNA؛ هنوز منتشر نشده). در میان این جدایه‌ها، نمونه‌هایی وجود دارند که از نظر فیلوژنتیکی نزدیک‌ترین خویشاوندان باکتری‌هایی محسوب می‌شوند که پیش‌تر «غیرقابل کشت» تلقی می‌شدند؛ موضوعی که توان بالقوه این رویکردها را به‌خوبی نشان می‌دهد. چنین تلاش‌هایی بدون تردید بستری برای درک عمیق‌تر و بهره‌برداری زیست‌فناورانه از میکروبیوم شکمبه فراهم می‌کند. از جمله کاربردهای بالقوه می‌توان به استفاده از آنزیم‌های این میکروارگانیسم‌ها در فرایندهای صنعتی و همچنین به‌کارگیری برخی از این باکتری‌ها به عنوان DFM‌ها در جیره نشخوارکنندگان اشاره کرد؛ رویکردی که می‌تواند هیدروژن را از مسیرهای بیوشیمیایی تولید متان منحرف کند. به‌ویژه در صورت استفاده همزمان با افزودنی‌های کاهنده متان، این DFM‌ها بالقوه می‌توانند نه تنها انتشار متان را بیش از پیش کاهش دهند، بلکه با هدایت هیدروژن به سمت تشکیل اسیدهای چرب فرار مفید که منبع انرژی برای میزبان هستند، موجب افزایش تولید به شیوه‌ای پایدار نیز شوند. بنابراین، به‌وضوح لازم است که ذی‌نفعان این حوزه در آینده تلاش‌ها برای کشت، تعیین ژنوتیپ و تعیین فنوتیپ میکروارگانیسم‌های جدید شکمبه

¹ Dilution-to-extinction

² Queen's University Belfast

³ Ben-Gurion University

را در مقیاس جهانی در اولویت قرار دهند. از جمله میکروارگانیسم‌هایی که با گونه‌ها، نژادها و رژیم‌های غذایی مختلف نشخوارکنندگان مرتبط هستند. تحقق این امر می‌تواند تحولی اساسی در توانایی ما برای نوآوری در این حوزه ایجاد کند.

۲.۳ آرکی‌ها

آرکی‌های متانوژن که اغلب با عنوان متانوژن‌ها^۱ شناخته می‌شوند، به عنوان مصرف‌کننده‌های مهم الکترون در شکمبه عمل می‌کنند و مسئول تولید متان هستند؛ متانی که سپس از طریق آروغ^۲ از بدن حیوان خارج و وارد محیط می‌شود (Mizrahi, 2021؛ Leahy و همکاران، ۲۰۲۲). متانوژن‌ها به شاخه Euryarchaeota تعلق دارند و در راسته‌های مختلفی از جمله *Methanobacteriales*، *Methanococcales*، *Methanomicrobiales*، *Methanopyrales*، *Methanomassiliicoccales* و *Methanosarcinales* قرار می‌گیرند. آرکی‌ها یکی از دودمان‌های بسیار کهن میکروارگانیسم‌ها محسوب می‌شوند که اگرچه از نظر فنوتیپی شباهت‌هایی با باکتری‌ها دارند، اما از نظر فیلوژنتیکی از آن‌ها متمایز هستند.

متانوژن‌ها معمولاً در محیط‌های غنی از کربن زندگی می‌کنند و در فرایند متابولیسم کربن حاصل از خوراک، به عنوان پذیرنده‌های نهایی الکترون و کاهنده‌های نهایی ترکیبات کربنی عمل می‌کنند (Attwood and Leahy, 2020). همان‌گونه که پیش‌تر اشاره شد، جیره نشخوارکنندگان عمدتاً از کربوهیدرات‌های پیچیده تشکیل شده است. این ترکیبات ابتدا توسط باکتری‌ها تجزیه شده و به قندهای ساده تبدیل می‌شوند و سپس در ادامه به اسیدهای چرب فرار تبدیل می‌گردند (شکل ۲). بسیاری از این

¹ Methanogens

² Eructation

اسیدهای چرب فرّار و سایر فرآورده‌های حاصل از تجزیه کربوهیدرات‌های پیچیده می‌توانند به عنوان منابع انرژی برای متانوژن‌ها مورد استفاده قرار گیرند (Zinder, 1993). همچنین همان‌گونه که پیش‌تر ذکر شد، برخی مسیرهای متابولیکی از هیدروژن در فرایندهای خود استفاده می‌کنند و بدین ترتیب مقدار هیدروژن در دسترس برای متانوژن‌ها را کاهش می‌دهند. انحراف هیدروژن از مسیر متانوژن‌ها احتمالاً یکی از دلایلی است که باعث می‌شود نشخوارکنندگانی که به طور طبیعی متان کمتری تولید می‌کنند، اغلب شاخص‌های تولیدی بهتری نیز داشته باشند. با این حال، صرف‌نظر از این موضوع، متان در شکمبه عمدتاً از طریق مسیر هیدروژن‌دوست تولید می‌شود؛ مسیری که در آن متان از هیدروژن و دی‌اکسیدکربن (CO_2) تشکیل می‌گردد (شکل ۲). مقادیر اندکی از متان نیز می‌تواند از طریق استفاده از گروه‌های متیل (مسیر متیلوتروفیک)^۱ یا، به مراتب کمتر، با استفاده از استات به عنوان سوبسترا (مسیر تجزیه استات)^۲ تولید شود (Morgavi و همکاران، ۲۰۱۰؛ Tapio و همکاران، ۲۰۱۷). با این حال، در یک روش آزمایشگاهی^۳ نشان داده شد که حدود ۱۸ درصد متان شکمبه از فرمات تولید می‌شود، در حالی که هنوز اطلاعات اندکی درباره نحوه تولید فرمات در شکمبه در دسترس است (Hungate, 1970).

متانوژن‌های هیدروژن‌دوست شامل جنس *Methanobrevibacter* (Mbb) هستند که خود به دو تبار اصلی تقسیم می‌شود: تبار SGMT (شامل *Mbb. smithii*، *Mbb.* *gottschalkii*، *Mbb. millerae* و *Mbb. thaueri*) و تبار RO (شامل *Mbb. ruminantium* و *Mbb. olleyae*). این گروه‌ها فراوان‌ترین متانوژن‌های موجود در شکمبه به شمار می‌روند (Tapio و همکاران، ۲۰۱۷). به‌طور مشخص، تبارهای *Mbb. gottschalkii* و *Mbb. ruminantium* به عنوان دو گروه غالب تأیید شده‌اند و در مجموع ۷۴ درصد از کل آرکی‌های شکمبه در سطح جهان را تشکیل می‌دهند

¹ Methylophilic pathway

² Acetoclastic pathway

³ *in vitro*

(Henderson و همکاران، ۲۰۱۵). در مقابل، متانوژن‌های متیلوتروفيك فراوانی کمتری دارند و شامل گروه‌هایی مانند Methanosarcinales، Methanospaera و Methanomassiliicoccaceae هستند (Attwood and Leahy، ۲۰۲۰). Methanosarcinales علاوه بر مسیر متیلوتروفيك، قادر است متان را از طریق مسیر تجزیه استات (استفاده از استات) نیز تولید کند (Morgavi و همکاران، ۲۰۱۰). این متانوژن‌ها بی‌هوازی‌های اجباری هستند و رشد آن‌ها در خارج از محیط شکمبه بسیار دشوار است، زیرا برای رشد به پتانسیل اکسایش-کاهش بسیار پایین (حدود -340 میلی‌ولت) نیاز دارند. با این حال، امکان کشت آن‌ها در شرایط آزمایشگاهی فراهم شده است و بخش عمده‌ای از دانش موجود درباره توانایی‌های عملکردی این میکروارگانیسم‌ها از مطالعات انجام‌شده بر روی کشت‌های خالص جداسازی‌شده به دست آمده است. در واقع، امکان کشت آزمایشگاهی این میکروارگانیسم‌ها باعث شده است که ژنوم ۱۴ سویه از متانوژن‌ها توالی‌یابی شود؛ از جمله سه متانوژن ناشناخته شکمبه‌ای، *Methanobacterium formicium*، دو سویه از *Mbb. ruminantium*، *Mbb. olleyae*، *Mbb. millerae*، *Mbb. gottschalkii*، *Mbb. boviskoreani* و *Methanosarcina barkeri* و یک *Mbb. sp* (Seshadri و همکاران، ۲۰۱۸). کشت درون‌آزمایشگاهی این موجودات همچنین نشان داده است که بسیاری از متانوژن‌های شکمبه ارتباط نزدیکی با پروتوزوآ و قارچ‌های تولیدکننده هیدروژن دارند و این همزیستی توانایی آن‌ها برای تولید متان را افزایش می‌دهد (Hungate، ۱۹۷۰؛ Vogels، Hopper and Stumm، ۱۹۸۰؛ Bauchop and Mountfort، ۱۹۸۱؛ Cheng و همکاران، ۲۰۰۹؛ Belanche، de la Fuente and Newbold، ۲۰۱۴). با این حال، نرخ‌های اختصاصی تولید متان در گونه‌های مختلف آرکی‌های متانوژن هنوز به‌طور دقیق تعیین نشده است. علاوه بر این، تغییر در ترکیب این جمعیت‌ها در اثر تغییرات جیره غذایی یا استفاده از افزودنی‌ها می‌تواند بر میزان کلی تولید متان تأثیر بگذارد. به‌طور مشابه، متانوژن‌های شکمبه نیز توزیع یکنواختی

در محیط شکمبه ندارند و جمعیت‌های سلولی ساکن/متصل^۱ و آزاد شناور^۲ می‌توانند از نظر نرخ تولید متان با یکدیگر تفاوت داشته باشند.

۳.۳ پروتوزوآ

در حالی که باکتری‌های شکمبه از نظر تعداد فراوان‌ترین میکروارگانیسم‌های این محیط هستند، پروتوزوآی شکمبه از نظر حجمی بیشترین سهم را دارند و می‌توانند تا ۵۰ درصد از حجم میکروبی شکمبه را به خود اختصاص دهند؛ با این حال، این گروه همچنان نسبتاً کمتر مورد مطالعه قرار گرفته است (Williams and Coleman, 1997؛ Williams, McEwan and Huws, 2020). پروتوزوآی شکمبه نخستین بار در سال ۱۸۴۳ توسط Gruby و Delafond گزارش شدند و همراه با قارچ‌ها مجموعه‌ای از موجودات یوکاریوتی شکمبه را تشکیل می‌دهند که به آن «یوکاریوتوم شکمبه»^۳ یا گاهی «یوکاریوم»^۴ گفته می‌شود (Williams and Coleman, 1997؛ Newbold و همکاران، ۲۰۱۵).

بیشتر پروتوزوآی موجود در شکمبه از نوع مژک‌داران^۵ هستند، هرچند تعدادی گونه تاژک‌دار^۶ نیز در این محیط حضور دارند، تنها تعداد کمی تاژک‌دار واقعی در شکمبه شناسایی شده‌اند؛ از جمله *Trichomonas* sp.، *Monoecromonas* sp. و *Chilomastix* sp. (Williams and Coleman, 1997). نشخوارکنندگان معمولاً از زمان تولد دارای جمعیت‌های مشخصی از پروتوزوآی شکمبه هستند و تنوع این جمعیت‌ها در طول زندگی تغییر چندانی نمی‌کند، اگرچه فراوانی آن‌ها ممکن است

¹ Sessile/attached cells

² Planktonic cells

³ Rumen eukaryotome

⁴ Eukaryome

⁵ Ciliates

⁶ Flagellates

نوسان داشته باشد. به عنوان مثال، جمعیت‌های پروتوزوایی شکمبه می‌توانند به چند تیپ اصلی تقسیم شوند، از جمله:

- تیپ A: با فراوانی بالای *Polyplastron multivesiculatum*
- تیپ B: با فراوانی بالای *Epidinium caudatum* یا *Eudiplodinium maggii*
- تیپ O: با فراوانی بالای *Entodinium*، *Dastrychia* و *Isotrichia*
- تیپ K: با فراوانی بالای *Elytroplastron bubali*

به دلیل دشواری‌های موجود در کشت آزمایشگاهی پروتوزوای شکمبه و همچنین انجام مطالعات ژنومی بر روی آن‌ها — که این مسئله تا حد زیادی ناشی از ساختار ژنتیکی پیچیده این موجودات است — این گروه از میکروارگانیسم‌ها همچنان به‌طور قابل ملاحظه‌ای کمتر مورد مطالعه قرار گرفته‌اند (Williams, McEwan and Huws, 2020). به علت همین پیچیدگی ژنتیکی، تاکنون تنها ژنوم یک پروتوزوای شکمبه‌ای به طور کامل توالی‌یابی شده است و آن گونه *Epidinium caudatum* است (Park و همکاران، ۲۰۲۱). علاوه بر این، در حال حاضر امکان کشت پروتوزوای شکمبه به صورت آگزینیک^۱، یعنی در غیاب سایر میکروارگانیسم‌ها، در شرایط آزمایشگاهی وجود ندارد. حتی کشت آن‌ها به صورت مونوآگزینیک^۲، یعنی در حضور تنها یک گونه باکتریایی نیز امکان‌پذیر نیست. این موضوع تعیین دقیق نقش عملکردی پروتوزوای شکمبه را بسیار دشوار می‌کند (Williams, McEwan and Huws, 2020). در نتیجه، نقش عملکردی پروتوزوای شکمبه همچنان تا حدی بحث‌برانگیز باقی مانده است. با این حال، مشخص شده است که حیوانات می‌توانند پس از حذف پروتوزوای شکمبه

¹ Axenic

² Monoaxenic

نیز زنده بمانند؛ فرایندی که به آن دیفائوناسیون^۱ گفته می‌شود (Williams and Newbold؛ Coleman, 1992 و همکاران، ۲۰۱۵).

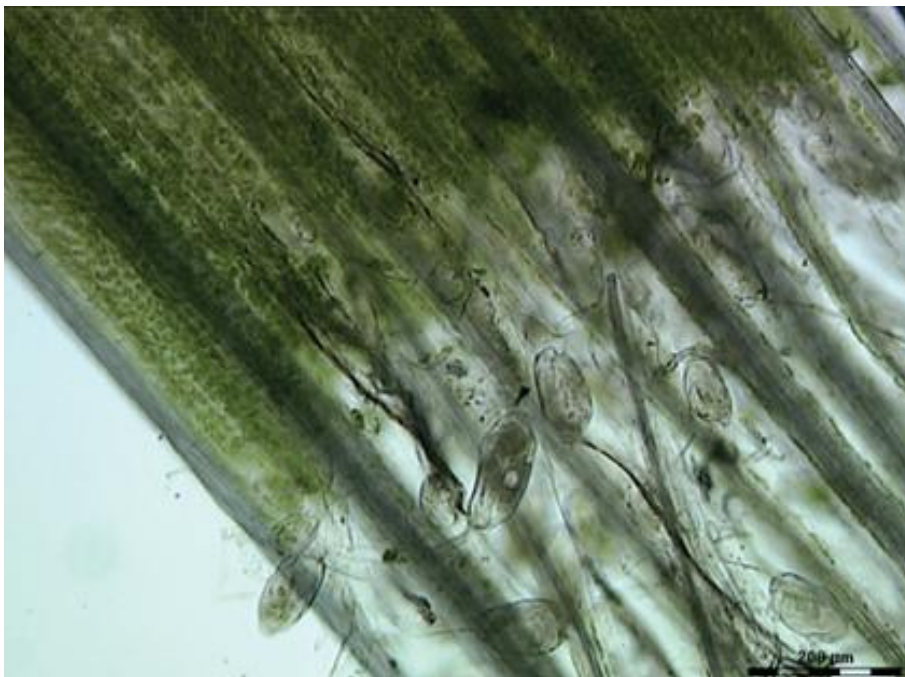
یک فراتحلیل مبتنی بر ۲۳ مطالعه درون تنی که توسط نیوبولد و همکاران (۲۰۱۵) برای روشن شدن اثر حذف پروتوزوآ و استنباط نقش پروتوزوآی شکمبه انجام شد، نشان داد که نبود پروتوزوآ باعث کاهش تجزیه ماده آلی، به‌ویژه الیاف شوینده خنثی (NDF)^۲ و الیاف شوینده اسیدی (ADF)^۳ می‌شود. این نتایج داده‌های ویلیامز و کلمن (۱۹۹۲) را تأیید می‌کند که نشان داده بودند برخی از پروتوزوآی شکمبه‌ای مانند گونه‌های *Entodinium* و *Polyplastron* دارای توانایی فیبرولیتیک هستند.

در واقع، مشاهده محتویات شکمبه با میکروسکوپ نوری به‌وضوح نشان می‌دهد که گونه‌های *Epidinium* ارتباط نزدیکی با مواد گیاهی دارند و می‌توان آن‌ها را در حال برداشت و مصرف کلروپلاست‌های گیاهی مشاهده کرد؛ کلروپلاست‌هایی که غنی از پروتئین و لیپید هستند (Huws et al., 2009; Huws et al., 2012؛ شکل ۴). همچنین با استفاده از متاترنسکریپتومیکس، چندین آنزیم فعال در تجزیه کربوهیدرات‌های تولیدشده توسط پروتوزوآ شناسایی شده است. از میان آن‌ها، بیشترین میزان بیان مربوط به خانواده‌های گلیکوزید هیدرولاز ۵ و ۱۱، پلی‌ساکارید لیازها، داستیلازها، زایلانازها و آنزیم‌های فعال بر پکتین، مانان و کیتین است. آنزیم‌های تجزیه‌کننده کیتین احتمالاً برای هضم قارچ‌های شکمبه‌ای به کار می‌روند، زیرا دیواره سلولی این قارچ‌ها سرشار از کیتین است (Williams et al., 2020). بنابراین، حذف پروتوزوآ می‌تواند تخمیر شکمبه‌ای جیره غذایی را کاهش دهد؛ موضوعی که به نوبه خود باعث کاهش تولید هیدروژن و در نهایت کاهش متانوژنز می‌شود.

¹ Defaunation

² Neutral detergent fiber

³ Acid detergent fiber



شکل ۴. تصویر میکروسکوپ نوری از محتویات شکمبه یک نشخوارکننده با تنوع پروتوزوایی نوع B که برهم کنش نزدیک گونه‌های Epidinium با مواد گیاهی را نشان می‌دهد. یادداشت: مقیاس تصویر ۲۰۰ میکرومتر است.

منبع:

Huws, S.A., Creevey, C.J., Oyama, L.B., Mizrahi, I., Denman, S.E., Popova, M., Muñoz-Tamayo, R. *et al.* 2018. Addressing global ruminant agricultural challenges through understanding the rumen microbiome: past, present, and future. *Frontiers in Microbiology*, 9: 2161. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2018.02161>.

در سال‌های اخیر، پیشرفت چشمگیری در درک ما از پروتوزوای شکمبه با تلفیق روش توالی‌یابی تک‌سلولی^۱ و یک خط مونتاژ و شناسایی ژنومی^۲ حاصل شده است. این رویکرد امکان به‌دست‌آوردن ۵۲ ژنوم باکیفیت از مژک‌داران شکمبه‌ای متعلق به ۲۲ گونه ریختی^۳ را فراهم کرد (Li et al., 2022). این ژنوم‌ها امکان بازنگری دقیق در چارچوب رده‌بندی و فیلوژنتیکی را فراهم کردند؛ به‌طوری‌که ۲۲ گونه ریختی مورد مطالعه در قالب ۱۹ گونه و در ۱۳ جنس طبقه‌بندی شدند. همچنین این نتایج منجر به بازنگری در جایگاه رده‌بندی جنس *Dasytricha* شد و این جنس از خانواده *Isotrichidae* به خانواده جدیدی به نام *Dasytrichidae* منتقل گردید (Li et al., 2022).

پروتیست‌ها^۴ بر اساس این یافته که حذف پروتوزوای می‌تواند تولید متان را حدود ۱۱ درصد کاهش دهد، با فرایند متانوژن مرتبط دانسته شده‌اند (Hegarty, 1999؛ Morgavi et al., 2010؛ Newbold et al., 2015). به احتمال زیاد این امر به این دلیل رخ می‌دهد که پروتوزوای توسط آرکی‌های متانوژن کلونیزه می‌شوند و از این طریق به‌طور غیرمستقیم در تولید متان نقش دارند (Belanche, de la Fuente and Newbold, 2014). احتمالاً متانوژن‌ها به این دلیل پروتوزوای شکمبه را کلونیزه می‌کنند که این پروتوزوای دارای هیدروژن‌زوم هستند؛ اندامک‌هایی که در نتیجه تخمیر بی‌هوازی مقدار زیادی هیدروژن آزاد می‌کنند. این هیدروژن توسط متانوژن‌ها در مسیر هیدروژن‌دوست برای تولید متان مورد استفاده قرار می‌گیرد (Vogels, Hopper and Stumm, 1980). این موضوع نشان می‌دهد که حذف پروتوزوای می‌تواند راهکاری برای کاهش انتشار متان روده‌ای باشد. با این حال، باید توجه داشت که پروتوزوای شکمبه از نظر نقش در تجزیه مواد گیاهی و تولید متان تفاوت قابل‌توجهی با یکدیگر دارند. برای مثال، همان‌گونه که پیش‌تر اشاره شد، گونه‌های *Epidinium* سهم قابل‌توجهی

¹ Single-cell sequencing

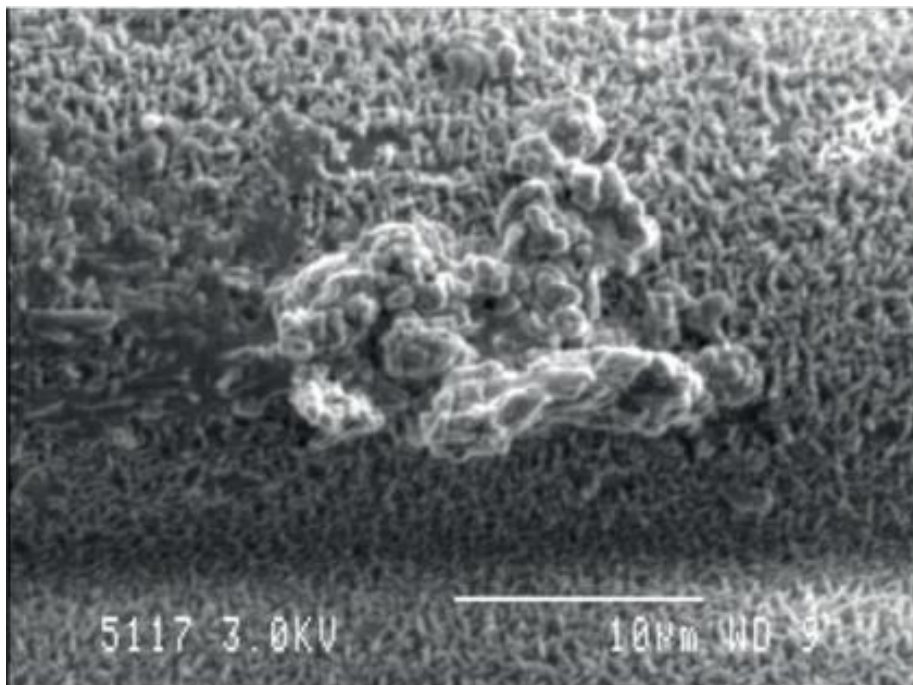
² Single-cell sequencing and an assembly-and-identification pipeline

³ Morphospecies

⁴ Protists

در تجزیه مواد گیاهی دارند (Huws *et al.*, 2009؛ شکل ۵)، در حالی که متانوژن‌های اصلی و بخش عمده متانوژنر عمدتاً توسط پروتوزوای هولوتریک^۱ پشتیبانی می‌شوند (Belanche, de la Fuente and Newbold, 2014). بنابراین، راهبردی که به حذف کامل همه پروتوزوآ منجر شود، لزوماً گزینه بهینه‌ای نخواهد بود. با این حال، حذف زیرگروه‌های خاصی از پروتوزوآ در حال حاضر از نظر فناوری چالش‌برانگیز است. داده‌های موجود نشان می‌دهد که در حیوانات فاقد پروتوزوآ، تولید شیر یا افزایش وزن روزانه به‌طور متوسط افزایش می‌یابد. احتمالاً این امر به این دلیل است که در نبود پروتوزوآ، باکتری‌های شکمبه از هضم شدن توسط آن‌ها می‌گریزند و در نتیجه سنتز پروتئین میکروبی افزایش یافته و مقدار پروتئین در دسترس برای میزبان بیشتر می‌شود؛ همچنین احتمالاً این شرایط به تجزیه کارآمدتر مواد گیاهی نیز کمک می‌کند (Newbold *et al.*, 2015).

¹ Holotrich



شکل ۵. اجتماع بیوفیلیمی تشکیل شده بر سطح ری گراس چندساله تازه پس از انکوباسیون در شرایط درون آزمایشگاهی در حضور مایع شکمبه. یادداشت: مقیاس تصویر ۱۰ میکرومتر است.

منبع:

Huws, S.A., Mayorga, O.L., Theodorou, M.K., Kim, E.J., Cookson A., Newbold, J.C. & Kingston-Smith, A.H. 2014. Differential colonization of plant parts by the rumen microbiota is likely to be due to different forage chemistries. *Journal of Microbial & Biochemical Technology*, 6(2): 80–86. doi: 10.4172/1948-5948.1000126.

۴.۳ قارچ‌ها

زوئوسپورهای تاژک‌دار^۱ از قارچ‌های بی‌هوازی (Neocallimastigomycetes) نخستین بار در اوایل قرن بیستم مشاهده شدند. با این حال، تا دهه ۱۹۶۰ هویت واقعی آن‌ها به‌طور قطعی تأیید نشد (Orpin, 1974, 1977a). این موجودات در ابتدا به اشتباه به‌عنوان پروتوزوآ طبقه‌بندی شده بودند، اما بعدها در شاخه قارچی Chytridiomycetes قرار گرفتند (Barr, 1980, 1988). در سال ۲۰۰۷، آن‌ها به‌عنوان یک شاخه مستقل قارچی با نام Neocallimastigomycota به رسمیت شناخته شدند (Hibbett *et al.*, 2007). شاخه Neocallimastigomycota تنها شامل یک راسته (Neocallimastigales) و یک خانواده (Neocallimastigaceae) است و تاکنون ۱۸ جنس در آن توصیف شده است. این جنس‌ها عبارت‌اند از: جنس‌های تک‌مرکزی با ریزوئید شامل *Neocallimastix*, *Piromyces*, *Oontomyces*, *Buwchfawromyces*, *Pecoromyces*, *Liebetanzomyces*, *Feromyces*, *Agriosomyces*, *Aklioshbomyces*, *Capellomyces*, *Ghazallomyces*, *Joblinomyces*, *Khoyollomyces* و *Tahromyces*؛ جنس‌های چندمرکزی با ریزوئید شامل *Anaeromyces* و *Orpinomyces*؛ و جنس‌های دارای ساختار پیازی‌شکل یعنی *Caecomyces* و *Cyllamyces* (Hess *et al.*, 2020). شناسایی و تثبیت این ۱۸ جنس دستاوردی نسبتاً جدید به شمار می‌رود؛ به‌طوری‌که تا سال ۲۰۱۸ تنها ۹ جنس شناخته شده بود (Huws *et al.*, 2018). شکل‌گیری این طبقه‌بندی جدید حاصل تلاش گسترده پژوهشگران در سراسر جهان بوده است.

قارچ‌های بی‌هوازی قوی‌ترین موجودات تجزیه‌کننده فیبر در دنیای زیستی شناخته‌شده به شمار می‌روند. این توانایی عمدتاً به دلیل مجموعه گسترده و کارآمد آنزیم‌های آن‌ها برای تجزیه پلیمرهای ساختاری گیاهان است (Solomon *et al.*, 2016) و همچنین به دلیل توانایی آن‌ها در نفوذ فیزیکی به موانع ساختاری بافت گیاهی (Orpin,)

¹ Flagellated zoospores

(1977a,b). این نفوذ فیزیکی برای سایر میکروارگانیسم‌های شکمبه نیز سودمند است، زیرا سطح در دسترس برای کلونیزاسیون میکروبی را افزایش می‌دهد. این قارچ‌ها علاوه بر این دارای فعالیت آمیلولیتیک نیز هستند (Gordon and Phillips, 1998). همچنین مشخص شده است که آرکی‌های متانوزن به‌طور فیزیکی به توده زیستی قارچ‌های بی‌هوازی متصل می‌شوند تا از هیدروژنی که این قارچ‌ها در هنگام تجزیه مواد گیاهی تولید می‌کنند استفاده کنند (Cheng *et al.*, 2009). قارچ‌های بی‌هوازی به‌وضوح از میکروارگانیسم‌های مفید شکمبه محسوب می‌شوند و نشان داده شده است که می‌توانند مصرف خوراک، قابلیت هضم خوراک، کارایی مصرف خوراک، افزایش وزن روزانه و تولید شیر را بهبود بخشند (Dey *et al.*, 2004؛ Lee, Ha and Cheng, 2000؛ Puniya *et al.*, 2004؛ Saxena *et al.*, 2010؛ Tripathi *et al.*, 2007؛ Paul *et al.*, 2004). اندازه‌گیری کیتین (Rezaeian, Beakes and Parker, 2004) و فراوانی رونوشت‌ها (Elekwachi *et al.*, 2017) rRNA نشان می‌دهد که قارچ‌های بی‌هوازی از نظر فراوانی حدود ۱۰ تا ۲۰ درصد از میکروبیوم شکمبه را تشکیل می‌دهند. با این حال، همانند پروتوزوا، با وجود در دسترس بودن روش‌های مناسب مستقل از کشت برای مطالعه آن‌ها (Edwards *et al.*, 2017)، این گروه از میکروارگانیسم‌ها به‌طور معمول مورد بررسی قرار نمی‌گیرند.

با وجود اهمیت شناخته‌شده یوکاریوتوم شکمبه (شامل قارچ‌ها و پروتوزوا)، درک ما از این بخش از میکروبیوم شکمبه در مقایسه با باکتری‌های شکمبه بسیار محدودتر است. فراتر از آنچه از طریق مطالعه آنزیم‌های تجزیه‌کننده فیبر به دست آمده، بخش زیادی از فعالیت‌ها و متابولیسم قارچ‌های بی‌هوازی همچنان ناشناخته باقی مانده است؛ موضوعی که تا حد زیادی به دلیل حاشیه‌نویسی و تفسیر محدود توالی‌های متعدد ژنومی و ترنسکرپتومی موجود است (Edwards *et al.*, 2017). از این رو، هنوز چالش‌های متعددی وجود دارد که باید بر آن‌ها غلبه شود تا امکان مطالعه جامع

میکروبیوم شکمبه به‌عنوان یک کل فراهم شود؛ به‌ویژه در ارتباط با چالش‌های مهم تولید دام، از جمله تضمین امنیت غذایی و کاهش اثرات زیست‌محیطی.

۵.۳ ویروس‌ها

ویروس‌ها میکروارگانیسم‌های عفونی هستند که از یک قطعه اسید نوکلئیک (DNA یا RNA) تشکیل شده‌اند که توسط پوششی پروتئینی احاطه شده است. ویروس‌ها قادر به تکثیر مستقل نیستند و برای تکثیر و بقا از سلول میزبان استفاده می‌کنند. فاژها (باکتریوفاژها) زیرگروهی از ویروس‌ها هستند که باکتری‌ها را به‌عنوان میزبان خود مورد استفاده قرار می‌دهند. فاژها می‌توانند در دو حالت لیزوژنیک^۱ (خفته) یا لیتیک^۲ (در حال تکثیر که منجر به مرگ باکتری می‌شود) وجود داشته باشند. برخی از فاژها به‌طور مکرر بین این دو حالت جابه‌جا می‌شوند، در حالی که برخی دیگر تمایل دارند بیشتر در یکی از این دو حالت، یعنی لیزوژنیک یا لیتیک، باقی بمانند.

فاژهای لیتیک نخستین‌بار در سال ۱۹۶۶ از جنس‌های باکتریایی *Serratia* و *Streptococcus* در مایع شکمبه جداسازی شدند (Adams et al., 1966)، اما از آن زمان تاکنون توجه چندانی به مطالعه ویروس‌های شکمبه نشده است. هرچند در دهه‌های ۱۹۷۰ و ۱۹۸۰ برخی پژوهش‌ها در زمینه جداسازی فاژها انجام شد، تنها فاژهایی که دارای کاربردهای بالقوه بیوتکنولوژیک بودند به‌طور کامل‌تر شناسایی شده و در مجموعه‌های کشت نگهداری شدند (Gilbert and Klieve, 2015). در سال‌های اخیر، گیلبرت و همکاران (۲۰۱۷) فاژهای لیتیکی را که قادر به آلوده‌سازی جنس‌های *Bacteroides*، *Ruminococcus* و *Streptococcus* بودند جداسازی کرده و توالی کامل ژنوم آن‌ها را تعیین کردند؛ تمامی این فاژها به راسته Caudovirales تعلق داشتند.

^۱ Lysogenic

^۲ Lytic

پس از آن نیز پنج باکتریوفاژ جدید که *Bacteroides fibrisolvens* را آلوده می‌کنند جداسازی شده و ژنوم آن‌ها مورد شناسایی و توصیف قرار گرفته است (Friedersdorf et al., 2020). مشخص شده است که در بسیاری از اکوسیستم‌ها، فاژها با کشتن برخی باکتری‌ها و همچنین از طریق تبادل ژن میان باکتری‌ها در فرایندی موسوم به ترانس‌داکشن^۱، بر بوم‌شناسی و تکامل جوامع میکروبی تأثیر می‌گذارند (Koskella and Brockhurst, 2014). با این حال، اثرات فاژها بر میکروبیوم شکمبه هنوز به‌طور کامل مشخص نشده است.

۶.۳ معماری بیوفیلم

مانند بسیاری از میکروبیوم‌های طبیعی دیگر، میکروبیوم شکمبه نیز عمدتاً از میکروب‌هایی تشکیل شده است که در قالب بیوفیلم زندگی می‌کنند. بیوفیلم به اجتماعاتی از میکروارگانیسم‌ها گفته می‌شود که به یک سطح متصل شده و درون مواد پلیمری خارج‌سلولی (EPS)^۲ تولیدشده توسط خودشان محصور شده‌اند (شکل ۵؛ Cheng and Costerton, 1980؛ Cheng, McCowan and Costerton, 1979؛ McAllister et al., 1994؛ Huws et al., 2013, 2014, 2016؛ Zhao et al., 2018). ساختار بیوفیلم مزایای متعددی دارد؛ از جمله تمرکز آنزیم‌های گوارشی درون ماتریکس EPS و در مجاورت بستر غذایی، که این آرایش امکان هیدرولیز مؤثر مواد گیاهی در شکمبه را فراهم می‌کند (Minato et al., 1966؛ Wolin, Miller and Stewart, 1997؛ Michalet-Doreau et al., 2001؛ Leng, 2014). ماتریکس مواد پلیمری خارج‌سلولی سرشار از DNA، پروتئین و لیپید است که احتمالاً در پایداری بیوفیلم نقش دارند و همچنین پس از خروج از شکمبه و ورود به بخش‌های پایین‌تر دستگاه گوارش می‌توانند به‌عنوان منبع مواد مغذی برای نشخوارکننده مورد استفاده

¹ Transduction.

² Extracellular polymeric substances

قرار گیرند (Shukla and Rao, 2017؛ Sugimoto *et al.*, 2018). اگرچه غلظت پروتئین در مواد پلیمری خارج سلولی بیشتر از باکتری‌های متصل به آن است، اما تاکنون توجه اندکی به نقش این ساختار در تأمین مواد مغذی برای میزبان شده است. بنابراین، درک و توجه به اهمیت فنوتیپ بیوفیلم در شکمبه از اهمیت بسیار زیادی برخوردار است.

۴. روندهای تنوع میکروارگانیسم‌های مرتبط با هضم نشخوارکنندگان و عوامل زیستی موثر بر آن

بخش قبلی دانش موجود درباره این‌که کدام میکروارگانیسم‌ها با هضم در نشخوارکنندگان مرتبط هستند و چه نقشی دارند را بیان کرد. در این بخش، دانش ما درباره ارتباط این میکروارگانیسم‌ها با هم^۱ و ارتباط آن با منطقه جغرافیایی، نوع جیره غذایی، گونه حیوان و عوامل ژنتیکی توصیف می‌شود.

اگرچه از دهه ۱۹۶۰ میکروب‌های منفرد شکمبه جداسازی و شناسایی شده‌اند، اما تنها در دهه‌های اخیر و با ظهور فناوری‌های پیشرفته توالی‌یابی DNA، مطالعاتی برای بررسی تنوع جهانی این میکروارگانیسم‌ها انجام شده است. در میان این پژوهش‌ها، مطالعه انجام‌شده توسط Henderson و همکاران (۲۰۱۵) گسترده‌ترین نمونه‌برداری جغرافیایی را تا به امروز ارائه کرده است. در این تحقیق، داده‌هایی از جمعیت‌های باکتری‌ها، آرکی‌ها و پروتوزوا در ۷۴۲ نمونه شکمبه از ۳۲ گونه حیوانی و ۳۵ کشور جمع‌آوری شد (شکل ۶). نتایج این مطالعه نشان داد که یک اجتماع میکروبی هسته-ای^۲ در شکمبه وجود دارد که با نوع جیره غذایی و میزبان تغییر می‌کند. نکته جالب توجه این بود که باکتری‌ها و آرکی‌های مشابهی تقریباً در تمام نمونه‌ها غالب بودند، اما تنها ۱۴ درصد از باکتری‌ها تا سطح گونه نام‌گذاری شده و فقط ۳۰ درصد تا سطح جنس به‌طور رسمی شناخته‌شده قابل شناسایی بودند. همچنین مشخص شد که پنج گروه شناخته‌شده متانوزن، حدود ۸۹ درصد از جامعه آرکی‌های شناسایی‌شده در سراسر جهان را تشکیل می‌دهند. در مورد پروتوزوا نیز داده‌های توالی‌یابی نشان داد که بیش از ۹۹/۹ درصد توالی‌ها تنها به ۱۲ گروه پروتوزوایی معادل جنس اختصاص دارند.

¹ Co-association

² Core microbial community

به‌طور کلی، با وجود تفاوت در جیره‌های غذایی و راهبردهای تغذیه‌ای، مطالعه Henderson و همکاران (۲۰۱۵) نشان داد که باکتری‌های مشابهی در جوامع میکروبی شکمبه در سراسر جهان فراوان هستند. در واقع، ۸۹ درصد از کل داده‌ها تنها از ۳۰ گروه باکتریایی به‌دست آمده بود که در بیش از ۹۰ درصد نمونه‌ها حضور داشتند. همچنین میکروارگانیسم‌های متعلق به جنس‌های *Prevotella*، *Butyrivibrio* و *Ruminococcus* در تمام نمونه‌ها مشاهده شدند. در میان آرکی‌ها نیز گونه‌های *Methanobrevibacter ruminantium* و *Methanobrevibacter gottschalkii* تقریباً در همه نمونه‌ها یافت شدند. در مورد پروتوزوآ نیز جنس‌های *Entodinium* و *Epidinium* در بیش از ۹۰ درصد نمونه‌ها در سطح جهانی حضور داشتند.

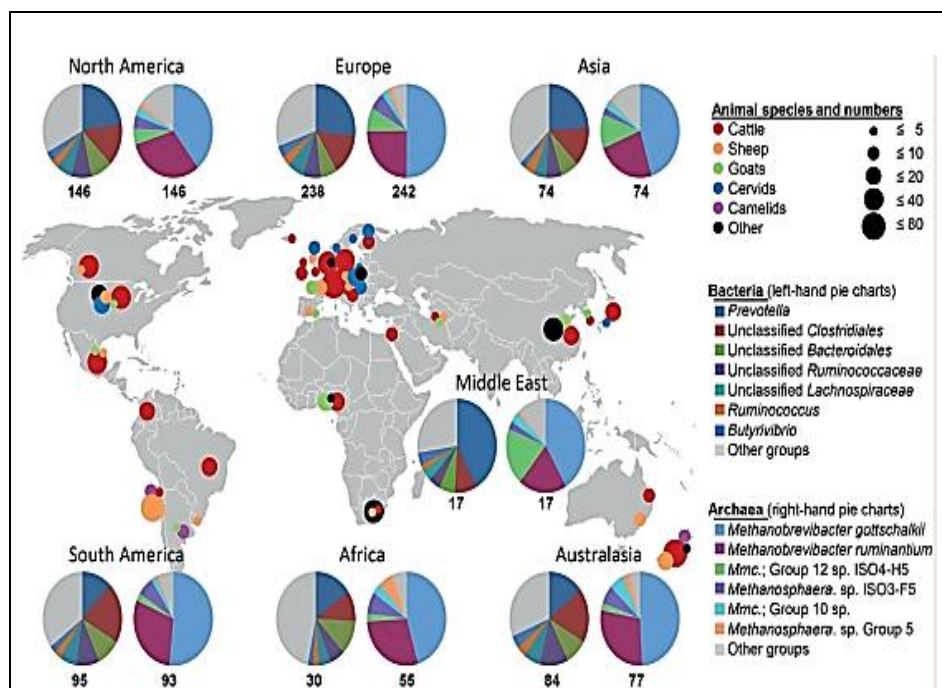
همچنین ارتباط‌های مشخصی میان نوع جیره مصرفی نشخوارکننده و ترکیب میکروارگانیسم‌های شکمبه را Henderson و همکاران (۲۰۱۵) شناسایی کردند. بیشترین تفاوت در فراوانی میکروبیوم بین حیواناتی که با جیره‌های مبتنی بر علوفه^۱ تغذیه می‌شدند و حیواناتی که جیره‌های کنسانتره^۲ دریافت می‌کردند مشاهده شد. جیره‌های علوفه‌ای با افزایش تعداد باکتری‌های Bacteroidales طبقه‌بندی‌نشده و باکتری‌های خانواده Ruminococcaceae مرتبط بودند، در حالی که جیره‌های کنسانتره با افزایش باکتری‌های جنس *Prevotella* و باکتری‌های Succinivibrionaceae طبقه‌بندی‌نشده ارتباط داشتند (Henderson et al., 2015). همچنین شواهدی وجود داشت که نشان می‌داد برخی میکروارگانیسم‌ها بیشتر با میزبان‌های خاصی مرتبط هستند. برای مثال، Veillonellaceae طبقه‌بندی‌نشده بیشتر با گوسفند، گوزن و شترسانان مرتبط بودند، در حالی که اعضای جنس

¹ Forage-based

² Concentrate-based

کنسانتره‌ها خوراک‌هایی هستند که در مقایسه با علوفه‌ها دارای فیبر کمتر و انرژی بیشتری بوده و میزان پروتئین آن‌ها نیز می‌تواند در سطوح متفاوتی قرار داشته باشد.

Fibrobacter بیشتر با گاوها ارتباط داشتند. این تفاوت احتمالاً بازتابی از تفاوت‌های آناتومیکی و دفعات تغذیه میان این گروه‌های حیوانی است.



شکل ۶. نمونه‌های سرشماری جهانی شکمبه، میزبان‌ها و ترکیب‌های عمده‌ی جوامع باکتریایی و آرکیایی در مناطق مختلف جهان

منبع:

Henderson, G., Cox, F., Ganesh, S., Jonker, A., Young, W., Global Rumen Census Collaborators & Janssen, P.H. 2015. Rumen microbial community composition varies with diet and host, but a core microbiome is found across a wide geographical range. Scientific Reports, 5: 14567. <https://doi.org/10.1038/srep14567>.

میکروبیوم شکمبه در طول عمر حیوان ثابت نیست. گوساله‌های تازه متولد شده معمولاً به عنوان «پیش‌نشخوارکننده»^۱ توصیف می‌شوند. برخلاف حیوان بالغ، شیردان بزرگ‌ترین بخش دستگاه گوارش آن‌ها را تشکیل می‌دهد؛ موضوعی که نشان می‌دهد دستگاه گوارش نابالغ آن‌ها از نظر عملکردی بیشتر به یک حیوان تک‌معدده‌ای جوان شباهت دارد تا به یک نشخوارکننده بالغ (Huws و همکاران، ۲۰۱۸). گذار از مرحله پیش‌نشخوارکنندگی به نشخوارکنندگی معمولاً بین چهار تا هشت هفتگی رخ می‌دهد و ارتباط نزدیکی با کلونیزاسیون و استقرار میکروبیوم اولیه در ابتدای زندگی دارد. در واقع نشان داده شده است که اسیدهای چرب فرار حاصل از فعالیت میکروبی، رشد و تکامل مخاط شکمبه را تحریک می‌کنند (Mentschel و همکاران، ۲۰۰۱). همچنین تفاوت‌هایی در نحوه بهره‌برداری متابولیکی بین میکروبیوم شکمبه در مراحل اولیه زندگی و شکمبه بالغ گزارش شده است؛ برای مثال، تعداد باکتری‌های مصرف‌کننده لاکتات در شکمبه اولیه بیشتر از شکمبه بالغ است (Jami و همکاران، ۲۰۱۳؛ Koringa و همکاران، ۲۰۱۹).

شواهد نشان می‌دهد که گروهی هسته‌ای از میکروارگانیسم‌ها در اوایل زندگی مستقر شده و تا دوران بلوغ پایدار می‌مانند؛ از جمله میکروب‌های شناخته‌شده شکمبه از خانواده‌های Bacteroidaceae، Ruminococcaceae و Prevotellaceae (Furman و همکاران، ۲۰۲۰). با این حال، تعداد آن‌ها در طول زمان تغییر می‌کند (Wang و همکاران، ۲۰۱۹) و همچنین پیشنهاد شده است که در فاصله زمانی بین تولد تا بلوغ، مراحل متمایزی از کلونیزاسیون میکروبی رخ می‌دهد (Rey و همکاران، ۲۰۱۴؛ Zhang و همکاران، ۲۰۱۹).

با وجود این، ترکیب اجتماعات میکروبی مشاهده‌شده در اوایل زندگی در مطالعات مختلف متفاوت گزارش شده است (Jami و همکاران، ۲۰۱۳؛ Zhang و همکاران، ۲۰۱۹؛ Malmuthuge، Liang و Guan، ۲۰۱۹). این تفاوت‌ها ممکن است ناشی از

¹ Preruminants

تفاوت‌های محیطی یا مدیریتی باشد. شواهد نشان می‌دهد عواملی مانند روش زایش (Furman و همکاران، ۲۰۲۰)، تغذیه پیش از شیرگیری (Abecia و همکاران، ۲۰۱۷)، سن شیرگیری (Meale و همکاران، ۲۰۱۷)، جیره غذایی اوایل زندگی پس از شیرگیری (Dill-McFarland و همکاران، ۲۰۱۹) و تلقیح با مایع شکمبه (Palma-Hidalgo و همکاران، ۲۰۲۱) می‌توانند بر میکروبیوم اوایل زندگی تأثیر بگذارند.

شواهد همچنین نشان داده‌اند که ژنتیک میزبان بر میکروبیوم شکمبه تأثیر می‌گذارد (Roehe و همکاران، ۲۰۱۶؛ Difford و همکاران، ۲۰۱۸؛ Li و همکاران، ۲۰۱۹؛ Wallace و همکاران، ۲۰۱۹؛ Zhang و همکاران، ۲۰۲۰). این مطالعات نشانگرهای ژنتیکی میزبان را که به‌طور اختصاصی با حضور یا فراوانی بیشتر برخی میکروب‌های همزیست خاص مرتبط هستند، را شناسایی کرده‌اند. این موضوع بیانگر آن است که ژنوتیپ میزبان تا حدی در استقرار این میکروارگانیسم‌ها (که احتمالاً مفید هستند) نقش تعیین‌کننده دارد. برآوردها از سهم کل میکروب‌های شکمبه که تحت انتخاب میزبان قرار می‌گیرند متفاوت است؛ به‌طوری‌که این میزان از حدود ۶ درصد برای تاکسون‌های باکتریایی و ۱۲ درصد برای تاکسون‌های آرکیایی (Difford و همکاران، ۲۰۱۸) تا حدود ۳۴ درصد برای همه تاکسون‌های میکروبی (Li و همکاران، ۲۰۱۹) و ۰/۵ تا ۱/۲ درصد برای تمامی ژن‌های میکروبی (Roehe و همکاران، ۲۰۱۶) گزارش شده است. ارگانیسم‌هایی که فراوانی آن‌ها با ژنتیک میزبان مرتبط است شامل تاکسون‌های شناخته‌شده شکمبه از راسته‌های باکتریایی Bacteroidales و Clostridiales و همچنین گروه‌های دیگر، که معمولاً در مقادیر کمتر حضور دارند، می‌شود. جالب آن‌که برخی از قارچ‌های شکمبه‌ای از جنس *Neocallimastix* نیز در این میان مشاهده شده‌اند (Wallace و همکاران، ۲۰۱۹). این یافته‌ها با شواهد حاصل از مطالعات دیگر درباره ارتباط میان فراوانی میکروارگانیسم‌ها و ویژگی‌های میزبان، همچنین ارتباط بین فراوانی میکروبی و صفات عملکردی (White, Jami و Mizrahi، ۲۰۱۴؛ Xue و همکاران، ۲۰۱۸)، کارایی مصرف خوراک (White, Jami و Mizrahi،

۲۰۱۴؛ Sasson و همکاران، ۲۰۱۷؛ Li و همکاران، ۲۰۱۹b) و انتشار متان (Pinares-Patiño و همکاران، ۲۰۱۱؛ Roehé و همکاران، ۲۰۱۶؛ Difford و همکاران، ۲۰۱۸؛ Li و همکاران، ۲۰۱۹b؛ Wallace و همکاران، ۲۰۱۹؛ Zhang و همکاران، ۲۰۲۰؛ Smith و همکاران، ۲۰۲۱، ۲۰۲۲؛ Martínez-Álvaro و همکاران، ۲۰۲۲) همخوانی دارد. با این حال، این شواهد عمدتاً بر نتایج توصیفی حاصل از مطالعات مبتنی بر DNA استوار هستند. اثبات رابطه علیت مستلزم انجام مطالعات یکپارچه و جامع، شامل مطالعات کشت میکروبی و پژوهش‌های مبتنی بر رویکردهای «أمیکس»^۱ خواهد بود.

مسئله نگران‌کننده این است که با صنعتی‌تر و یکنواخت‌تر شدن شیوه‌های مدیریت دام در سراسر جهان، خطر از دست رفتن این تنوع بومی افزایش یابد. برای مثال، افزودن کربوهیدرات‌هایی که به راحتی هضم می‌شوند به جیره پایه — که در نظام‌های پرورش فشرده‌تر (مانند واحدهایی با تراکم دامی بالا و ورودی‌های انرژی زیاد) رایج است — با ساده‌تر شدن جامعه میکروبی شکمبه ارتباط دارد (Fernando و همکاران، ۲۰۱۰). این امر منجر به کاهش تنوع باکتریایی و کاهش غلظت میکروب‌های فیبرولیتیک می‌شود (Belanche و همکاران، ۲۰۱۲). به طور مشابه، با توجه به ضرورت تأمین پایدار غذای مورد نیاز جمعیت رو به رشد جهان، یکی از اهداف اصلی دامپروری، افزایش کارایی مصرف خوراک در نشخوارکنندگان است درحالی‌که این امر با کاهش غنای محتوای ژنی میکروبیوم شکمبه مرتبط دانسته شده است (Shabat و همکاران، ۲۰۱۶). همچنین راهبردهای استفاده از افزودنی‌های خوراکی با هدف کاهش تولید متان در نشخوارکنندگان با ایجاد وضعیت‌های پایدار جایگزینی در جامعه میکروبی مرتبط بوده‌اند (Wallace، Mizrahi و Moraïs، ۲۰۲۱)؛ وضعیتی که ممکن است به یکنواخت‌تر شدن میکروبیوم نشخوارکنندگان در مقیاس جهانی منجر شود. در نتیجه، محدود شدن دامنه کارکردهای میکروبیوم می‌تواند احتمال کاهش توانایی حیوان

¹ Omics

میزبان برای مقابله با اختلالات و تغییرات محیطی را افزایش دهد. خطر دیگر چنین روندی کاهش دسترسی به آنزیم‌هایی است که می‌توانند بالقوه در فرایندهای صنعتی مورد بهره‌برداری قرار گیرند.

خطر از دست رفتن تنوع میکروبی شکمبه و ناتوانی در جبران اثرات زیان‌بار از طریق بازمعرفی میکروب‌های از دست‌رفته، ضرورت اقدام برای حفاظت از این تنوع را برجسته می‌کند. این مسئله موجب شده است که درخواست‌هایی برای اجرای ابتکاراتی به‌منظور ثبت و کشت نماینده‌ای کامل‌تر از میکروبیوم‌های شکمبه مطرح شود؛ اقدامی که هم به حفظ ویژگی‌های منحصربه‌فرد آن‌ها کمک می‌کند و هم امکان درک بهتر سازگاری‌ها و ظرفیت‌های بالقوه زیست‌فناورانه آن‌ها را فراهم می‌سازد (Creevey و همکاران، ۲۰۱۴؛ Seshadri و همکاران، ۲۰۱۸؛ Huws و همکاران، ۲۰۱۸). این نکات همچنین توسط پاسخ‌دهندگان به نظرسنجی کارشناسان که برای این مطالعه انجام شد برجسته گردید (نگاه کنید به بخش ۱). از آن‌ها خواسته شده بود درباره وضعیت و روندهای تنوع میکروارگانیسم‌های مرتبط با هضم در نشخوارکنندگان، چالش‌های مرتبط و عوامل تسهیل‌کننده موردنیاز برای غلبه بر این چالش‌ها اظهار نظر کنند (کادر ۱).

کادر ۱. دیدگاه‌های متخصصان درباره وضعیت و روندهای تنوع

میکروارگانیسم‌های مرتبط با هضم در نشخوارکنندگان

پاسخ‌دهندگان به نظرسنجی اظهار داشتند که اگرچه دانش عمومی ما درباره تنوع میکروارگانیسم‌ها افزایش یافته است، اما هنوز قادر نیستیم به‌طور کامل توضیح دهیم که این تنوع چگونه بر هضم، کارایی مصرف خوراک، انتشار متان، سلامت و سایر جنبه‌ها تأثیر می‌گذارد. آنان بیان کردند که افزایش تنوع میکروبی برای هضم خوراک و عملکرد دستگاه گوارش ضروری و حائز اهمیت است. همچنین

میکروارگانسیم‌های مهم شکمبه‌ای برای بهره‌برداری بهینه از خوراک‌های خشبی، به‌ویژه در مناطق گرمسیری که خوراک‌ها فیبری‌تر هستند، در حال شناسایی‌اند. تعداد مقالات علمی که به بررسی تنوع میکروارگانسیم‌های شکمبه می‌پردازند نیز به‌صورت نمایی در حال افزایش است.

با این حال، این تنوع عمدتاً از طریق تحلیل‌های مبتنی بر توالی‌یابی آشکار شده است و تنها تعداد بسیار اندکی از میکروب‌های شناسایی‌شده شکمبه به‌صورت کشت خالص جداسازی و نگهداری شده‌اند. هنوز محدودیت‌های فنی در سطوح بنیادی و کاربردی وجود دارد و بسیاری از پژوهشگران و مسئولان مجموعه‌های میکروبی قادر به کشت میکروارگانسیم‌های حساس دستگاه گوارش نیستند. اطلاعات مربوط به تاکسون‌های غیر باکتریایی که در تنوع میکروارگانسیم‌های مرتبط با هضم نشخوارکنندگان نقش دارند نیز همچنان محدود است. از آنجا که هنوز تصویر کاملی از تنوع میکروب‌های شکمبه و عملکردهای آن‌ها در دست نیست، استفاده از این میکروارگانسیم‌ها در توسعه DFM همچنان محدود باقی مانده است.

کارشناسان بیان کردند که طیف گسترده‌ای از تنوع میکروبی شکمبه در سیستم تولیدی در کشورهای مختلف حفظ شده است؛ جایی که گونه‌های مختلف نشخوارکنندگان با جیره‌های غذایی متنوع تغذیه می‌شوند. به همین دلیل احتمال زیادی وجود دارد که وضعیت این تنوع در دهه آینده همچنان مطلوب باقی بماند. علاقه فراوان و همکاری‌های پژوهشی میان محققان، تأکید روبه‌رشد بر کشت و جداسازی میکروارگانسیم‌ها و افزایش چشمگیر تولیدات علمی در این حوزه به حفظ این تنوع کمک می‌کند.

با این حال، برخی از پاسخ‌دهندگان تأکید کردند که روندهای آینده در تولید دام احتمالاً از نژادها و جیره‌های سنتی به سمت سیستم‌های تولیدی استانداردشده حرکت خواهد کرد؛ سیستم‌هایی که در آن‌ها تنوع گونه‌های دامی، نژادها و جیره‌های غذایی کمتر است و این امر می‌تواند به کاهش تنوع میکروب‌های شکمبه در مقیاس جهانی منجر شود. آنان همچنین اشاره کردند که وضعیت مطلوب تنوع

میکروارگانیسم‌های مرتبط با هضم در نشخوارکنندگان در سطح جهان با این واقعیت تهدید می‌شود که تنها بخش کوچکی از میکروب‌های شکمبه به‌صورت کشت‌های نگهداری‌شده حفظ شده‌اند و مجموعه‌های تخصصی محدودی برای نگهداری این کشت‌ها وجود دارد.

منبع:

پاسخ‌های ارائه‌شده در نظرسنجی کارشناسان انجام‌شده برای این مطالعه.

۵. مدیریت و حفاظت از میکروارگانیسم‌های شکمبه

یکی از نخستین نمونه‌هایی که در آن درک میکروبیوم شکمبه به توانایی دستکاری مؤثر آن منجر شد، ماجرای «لوکائنا»^۱ است. گیاه سوبابل^۲ یک گیاه لگومینوز و سرشار از پروتئین است که در کشورهای گرمسیری به‌عنوان خوراک نشخوارکنندگان مورد استفاده قرار می‌گیرد. با این حال، این گیاه دارای خواص سمی نیز هست که می‌تواند علائمی مانند افزایش ترشح بزاق، کاهش وزن زنده و به‌طور کلی کاهش عملکرد دام را ایجاد کند. اثر سمی *L. leucocephala* عمدتاً به دلیل ترکیبی به نام میموزین^۳ است که در شکمبه به ۴-هیدروکسی-۴(H)-پیریدون (DHP) تبدیل می‌شود (Wallace، ۲۰۰۸). نشان داده شد که میکروبیوم شکمبه بزها در هاوایی قادر است اثرات سمی این گیاه را تحمل کند (Jones و Megarrity، ۱۹۸۶). بررسی‌های بیشتر آشکار کرد که شکمبه این بزها حاوی باکتری به نام *Synergistes jonesii* است که توانایی تجزیه DHP را دارد. تجویز *S. jonesii* به‌عنوان مکمل میکروبی به نشخوارکنندگان این امکان را فراهم می‌کند که بدون بروز اثرات سمی از *L. leucocephala* تغذیه کنند. این موضوع نمونه‌ای موفق و برجسته است که نشان می‌دهد درک نقش باکتری‌های شکمبه چگونه می‌تواند تغذیه دام را متحول کند؛ به‌گونه‌ای که امروزه باکتری *S. jonesii* در بسیاری از کشورهای گرمسیری به‌عنوان مایه تلقیح^۴ مورد استفاده قرار می‌گیرد (Wallace، ۲۰۰۸).

از زمان موفقیت حاصل از استفاده از لوکائنا، موارد محدودی نیز وجود داشته است که در آن‌ها میکروبیوم شکمبه به‌طور مؤثر به‌ویژه در ارتباط با کاهش انتشار متان دستکاری شده است. به‌طور کلی چهار راهکار اصلی برای کاهش انتشار متان از نشخوارکنندگان مورد پذیرش قرار گرفته است: بهبود مدیریت پرورش

^۱ Leucaena

^۲ *Leucaena leucocephala*

^۳ Mimosine

^۴ Inoculum

نشخوارکنندگان؛ اصلاح نژادی دام‌هایی که متان کمتری تولید می‌کنند؛ اصلاح و تطبیق راهبردهای تغذیه‌ای؛ و کاهش اندازه گله‌ها یا رمه‌ها (گزینه‌ای که می‌تواند برای افرادی که امنیت غذایی آن‌ها به تولید نشخوارکنندگان وابسته است پیامدهای گسترده‌ای داشته باشد). راهبردهای اصلاح نژادی و تغذیه‌ای نشان داده‌اند که می‌توانند از طریق ایجاد تغییرات مفید در میکروبیوم شکمبه به کاهش انتشار متان کمک کنند. با این حال، همان‌گونه که پیش‌تر اشاره شد، توسعه این مسیر نوآوری و درک کامل پیامدها و مبادله‌های احتمالی آن نیازمند زمان و داده‌های بیشتری خواهد بود.

۱.۵ اصلاح نژاد نشخوارکنندگان برای کاهش اثرات تغییرات اقلیمی از طریق دستکاری میکروبیوم شکمبه

اصلاح نژاد نشخوارکنندگان در طول زمان تغییر کرده است و امروزه صفات مرتبط با رفاه و سلامت دام به اندازه صفات کلاسیک تولیدی اهمیت پیدا کرده‌اند (Miglior و همکاران، ۲۰۱۷). داده‌های جهانی اخیر نشان می‌دهد که امکان اصلاح نژاد نشخوارکنندگانی با انتشار متان کمتر وجود دارد (Pickering و همکاران، ۲۰۱۵؛ de Haas و همکاران، ۲۰۱۷؛ Beauchemin و همکاران، ۲۰۲۰؛ Smith و همکاران، ۲۰۲۱، ۲۰۲۲). این رویکرد می‌تواند به‌طور بالقوه انتشار متان را تا حدود ۳۰ درصد براساس انتشار روزانه متان (گرم در روز)، بازده متان (گرم متان به ازای هر کیلوگرم ماده خشک مصرفی)، شدت متان (گرم متان به ازای هر کیلوگرم یا لیتر محصول تولیدی) کاهش دهد زیرا ژنوم میزبان بر ترکیب و فعالیت میکروبیوم شکمبه تأثیر می‌گذارد (Roehe و همکاران، ۲۰۱۶؛ Difford و همکاران، ۲۰۱۸؛ Li و همکاران، ۲۰۱۹a، ۲۰۱۹b؛ Wallace و همکاران، ۲۰۱۹؛ Zhang و همکاران، ۲۰۲۰؛ Smith و همکاران، ۲۰۲۱، ۲۰۲۲؛ Martínez-Álvaro و همکاران، ۲۰۲۲).

مطالعات Roche و همکاران (۲۰۱۶) و Martínez-Álvaro و همکاران (۲۰۲۲) نشان دادند که برخی از میکروب‌های شکمبه قابل انتقال به نسل بعد هستند و تعدادی از ژن‌های میکروبی شکمبه با کاهش انتشار متان ارتباط دارند؛ از جمله ژن‌های *cofG*، *RP-L35* و *TSTA3*، *ABC.P.E.P*، *pccb*، *bcd* می‌توان نشخوارکنندگانی را اصلاح نژاد کرد که میکروبیومی حاوی این ژن‌های میکروبی داشته باشند؛ موضوعی که می‌تواند تحول بزرگی در برنامه‌های اصلاح نژادی ایجاد کند. همچنین Li و همکاران (۲۰۱۹a) نشان دادند که فراوانی برخی میکروب‌ها نیز ارثی است و میزان وراثت‌پذیری آن‌ها در حد متوسط (مساوی یا بزرگتر از ۰/۱۵) گزارش شده است. در این مطالعه مشخص شد که ۱۲ کروموزوم گاوی با این وراثت‌پذیری مرتبط هستند که بر امکان اصلاح نژاد دام‌هایی با یک میکروبیوم شکمبه “ایده‌آل”^۱ را دوباره مطرح می‌کند. در این برنامه‌های اصلاح نژادی مشخص شده است که اندازه شکمبه نیز تغییر می‌کند. برای مثال، گوسفندانی که متان بیشتری تولید می‌کنند معمولاً حجم شکمبه بزرگ‌تری نسبت به گوسفندان با انتشار متان کمتر دارند (Goopy و همکاران، ۲۰۱۴). برنامه‌های اصلاح نژادی برای تولید گوسفندان با انتشار متان پایین همچنین تفاوت‌هایی در رفتار تغذیه‌ای بین گوسفندان با سطوح مختلف انتشار متان نشان داده‌اند. گوسفندان با انتشار متان کمتر معمولاً در دفعات بیشتر اما با مقدار کمتر غذا می‌خورند که منجر به شکمبه کوچک‌تر می‌شود؛ در حالی که گوسفندان با انتشار متان بالا در هر وعده مقدار بیشتری خوراک مصرف می‌کنند که باعث شکمبه بزرگ‌تر می‌شود (Goopy و همکاران، ۲۰۱۴). این تفاوت در رفتار تغذیه‌ای در نسل‌های مختلف گوسفندانی که بر اساس میزان انتشار متان اصلاح نژاد شده‌اند نیز مشاهده شده است و نشان می‌دهد که رفتار تغذیه‌ای نقش مهمی در این برنامه‌های اصلاح نژادی دارد (Johnson و همکاران، ۲۰۲۲). به‌طور کلی، اصلاح نژاد نشخوارکنندگانی که متان کمتری تولید می‌کنند می‌تواند راهی برای دستیابی به

¹ Utopian

میکروبیوم شکمبه مطلوب باشد. با این حال، مکانیسم‌های زیربنایی این پدیده هنوز نیاز به بررسی بیشتر دارند و داده‌هایی که از آن به عنوان یک استراتژی پشتیبانی می‌کنند، باید گسترش یابند، برای مثال لازم است تأیید شود که کاهش متان در جیره‌های مختلف و مناطق جغرافیایی متفاوت نیز رخ می‌دهد و همچنین مزایا و معایب^۱ این استراتژی به‌طور دقیق بررسی شود.

^۱ Trade-off

۲.۵ مداخلات تغذیه‌ای نشخوارکنندگان برای کاهش اثرات تغییرات اقلیمی از طریق دستکاری میکروبیوم شکمبه

مدت‌هاست مشخص شده است که جیره غذایی احتمالاً مهم‌ترین عامل مؤثر بر میکروبیوم شکمبه و در نتیجه سطح انتشار متان در نشخوارکنندگان است (Henderson و همکاران، ۲۰۱۵). تغییر جیره غذایی همچنین سریع‌ترین و عملی‌ترین راه برای ایجاد تغییر فوری در میکروبیوم شکمبه و بهبود فنوتیپ دام محسوب می‌شود. مداخلات تغذیه‌ای برای مدیریت میکروبیوم شکمبه با هدف کاهش انتشار متان را می‌توان به‌طور کلی در چند دسته اصلی تقسیم کرد:

- راهبردهای گیاهی: مانند مدیریت علوفه و استفاده از گیاهانی که دارای ترکیبات ثانویه بالا هستند (برای مثال تانن‌ها).
- مهارکننده‌های اختصاصی متان: مانند 3-NOP که به‌صورت تجاری با نام Bovaer® شناخته می‌شود.
- روغن‌ها و دانه‌های روغنی در جیره.
- مصرف‌کننده‌های هیدروژن^۱: شامل مواد شیمیایی یا میکروب‌هایی که هیدروژن را مصرف می‌کنند و در نتیجه هیدروژن کمتری برای متانوز در دسترس قرار می‌گیرد.

نکته مهم این است که جیره پایه^۲ می‌تواند بر نتیجه این راهبردها تأثیر بگذارد و همچنین استفاده همزمان از چند روش ممکن است اثربخشی آن‌ها را افزایش دهد.

بهبود کیفیت و قابلیت هضم علوفه معمولاً باعث افزایش انتشار متان روزانه (g/day) می‌شود و تغذیه با علف در مراحل رشدی جوان‌تر می‌تواند انتشار متان بر اساس شدت

¹ Hydrogen sinks

² Basal diet

انتشار متان نسبت به مقدار شیر تولیدی ($\text{g CH}_4/\text{kg milk}$) را تا حدود ۱۳ درصد کاهش دهد (Bannik, de Souza Congio و Mogollon, ۲۰۲۱؛ Arndt و همکاران، ۲۰۲۲؛ Beauchemin و همکاران، ۲۰۲۲). با این حال، اگرچه مشخص است که مرحله بلوغ گیاهان علوفه‌ای بر میزان انتشار متان تأثیر دارد، مکانیسم دقیق این اثر از نظر تغییرات در میکروبیوم شکمبه هنوز به خوبی شناخته نشده است.

تحقیقات نشان داده شده است که استفاده از لگوم‌ها (گیاهان خانواده بقولات) در سیستم‌های تغذیه‌ای نشخوارکنندگان می‌تواند انتشار متان را حدود ۱۸ درصد کاهش دهد. این کاهش بر اساس شدت انتشار متان نسبت به مقدار شیر تولیدی ($\text{g CH}_4/\text{kg milk}$) محاسبه شده است و دلیل آن وجود ترکیبات ثانویه گیاهی، به‌ویژه تانن‌ها در لگوم‌ها است (Enriquez-Hidalgo و همکاران، ۲۰۱۴؛ Klumpp, Eugène و Sauvant, ۲۰۲۱؛ Arndt و همکاران، ۲۰۲۲؛ Beauchemin و همکاران، ۲۰۲۲). تانن‌های گیاهی ترکیبات پلی‌فنولی هستند که از نظر ساختار شیمیایی معمولاً به دو دسته تانن‌های متراکم^۱ و تانن‌های قابل هیدرولیز^۲ تقسیم می‌شوند. این ترکیبات توانایی اتصال به پروتئین‌ها و لیپیدها را دارند و به‌طور طبیعی خاصیت ضد میکروبی دارند. در یک مطالعه جدید نشان داده شد که تغذیه نشخوارکنندگان با گیاهان گرمسیری غنی از تانن مانند *Calliandra calothyrsus*, *Gliricidia sepium* و *Leucaena leucocephala* باعث کاهش تراکم باکتری *Fibrobacter succinogenes* متصل به ذرات گیاهی و همچنین کاهش آرکی‌های متانوژن در شکمبه می‌شود. کاهش آرکی‌های متانوژن در نهایت منجر به کاهش تولید متان در شکمبه می‌گردد (Rira و همکاران، ۲۰۲۲).

یک مقاله مروری اخیر (Ku-Vera و همکاران، ۲۰۲۰) داده‌های مربوط به اثرات تانن‌های متراکم حاصل از منابع مختلف گیاهی بر میکروبیوم شکمبه را گردآوری کرده

¹ Condensed

² Hydrolysable

است. برخی از نتایج این بررسی با یافته‌های Rira و همکاران (۲۰۲۲) مشابه بود؛ با این حال، اثرات تانن‌ها همواره یکنواخت و ثابت نبود. برای مثال، در برخی موارد مشاهده شد که بعضی از تانن‌ها حتی باعث افزایش جمعیت متانوژن‌ها می‌شوند. بنابراین، اگرچه استفاده از لگوم‌های غنی از تانن در جیره نشخوارکنندگان رویکردی امیدوارکننده محسوب می‌شود، باید توجه داشت که بیشتر داده‌های موجود از روش‌های آزمایشگاهی به دست آمده‌اند. به همین دلیل، برای ارزیابی دقیق مزایای استفاده از لگوم‌ها در جیره نشخوارکنندگان، مطالعات درون‌تنی^۱ بیشتری لازم است. همچنین داده‌هایی درباره استفاده از مراتع چندگونه‌ای^۲ که شامل لگوم‌ها و گیاهان علفی مختلف هستند در تغذیه گاوهای گوشتی نشان می‌دهد که این نوع تغذیه می‌تواند افزایشی در میانگین افزایش وزن روزانه ایجاد کند. چنین افزایشی احتمالاً باعث کاهش شدت انتشار متان می‌شود، زیرا حیوانات سریع‌تر به وزن کشتار می‌رسند (Boland و همکاران، ۲۰۱۳).

مهارکننده‌های متان به‌عنوان ابزارهایی هدفمندتر برای دستکاری میکروبیوم شکمبه و کاهش انتشار متان در نشخوارکنندگان توسعه یافته‌اند. شناخته‌شده‌ترین آن‌ها 3-NOP است (Beauchemin و همکاران، ۲۰۲۰؛ Arndt و همکاران، ۲۰۲۲؛ Beauchemin و همکاران، ۲۰۲۲). این ترکیب آخرین مرحله در فرایند متانوژن در شکمبه را مهار می‌کند و در نتیجه حدود ۳۵ درصد کاهش در انتشار متان (بر اساس بازده و شدت انتشار) ایجاد می‌کند، بدون اینکه اثرات منفی بر سلامت و رفاه حیوان داشته باشد (Hristov و همکاران، ۲۰۱۵). در حال حاضر 3-NOP در استرالیا، برزیل، شیلی و اتحادیه اروپا برای استفاده تأیید شده است (در اتحادیه اروپا معمولاً به‌عنوان افزودنی خوراک طبقه‌بندی می‌شود) و در بسیاری از کشورهای دیگر نیز توسط نهادهای نظارتی در حال بررسی است. با این حال، در برخی کشورها مانند کانادا و ایالات متحده آمریکا به دلیل طبقه‌بندی آن به‌عنوان داروی دامپزشکی روند تأیید با تأخیر مواجه شده است.

¹ *in vivo*

² Multispecies swards

نکته امیدوارکننده این است که 3-NOP به نظر می‌رسد اثر بسیار اندکی بر تنوع پروتوزوآ و باکتری‌های شکمبه داشته باشد (Romero-Perez و همکاران، ۲۰۱۴؛ Haisan و همکاران، ۲۰۱۶).

در سال‌های اخیر مشخص شده است که افزودن برخی جلبک‌های دریایی به جیره گاوهای گوشتی و شیری می‌تواند انتشار متان شکمبه را به‌طور قابل توجهی کاهش دهد. جلبک‌هایی مانند *Alaria esculenta*، *Asparagopsis taxiformis* و *Chondrus crispus* در صورت استفاده در جیره قادرند انتشار متان را حدود ۱۰ تا ۸۰ درصد (بر اساس بازده تولید متان) کاهش دهند. در میان آن‌ها، استفاده از *A. taxiformis* بیشترین کاهش را نشان داده است (Wang و همکاران، ۲۰۰۸؛ Machado و همکاران، ۲۰۱۵؛ Kinley و همکاران، ۲۰۱۶؛ Ramin و همکاران، ۲۰۱۸؛ Abbott و همکاران، ۲۰۲۰؛ Lean و همکاران، ۲۰۲۱؛ Roque و همکاران، ۲۰۲۱؛ Beauchemin و همکاران، ۲۰۲۲). این کاهش عمدتاً به دلیل وجود ترکیب زیست‌فعال بروموفرم^۱ در برخی جلبک‌ها است. این ماده به‌ویژه در جلبک‌های قرمز مانند گونه‌های *Asparagopsis* یافت می‌شود و با مهار فرایند متانوژنز در شکمبه باعث کاهش تولید متان می‌گردد (Abbott و همکاران، ۲۰۲۰). مطالعات نشان داده‌اند که افزودن ماکروجلبک‌ها به خوراک نشخوارکنندگان در کوتاه‌مدت می‌تواند تنوع جامعه میکروبی شکمبه را تغییر دهد؛ با این حال، این اثر با گذشت زمان کاهش می‌یابد که احتمالاً به دلیل سازگاری میکروبیوم با جیره جدید است (Roque و همکاران، ۲۰۱۹). با وجود این نتایج امیدوارکننده، باید توجه داشت که بروموفرم خاصیت سرطان‌زایی دارد؛ بنابراین انجام مطالعات بیشتر برای ارزیابی ایمنی آن از نظر سلامت حیوان و انسان ضروری است.

امکان استفاده از مصرف‌کننده‌های هیدروژن به‌تنهایی یا در ترکیب با افزودنی‌های خوراکی برای کاهش تولید متان قابل توجه است. نشان داده شده است که افزودن

¹ Bromoform

فلوروگلوکوسینول^۱ همراه با 3-NOP می‌تواند هیدروژن اضافی حاصل از مهار متانوژنز را جذب کند و در نتیجه متابولیت‌های مفیدی برای میزبان تولید نماید (Martinez-Fernandez و همکاران، ۲۰۱۷).

علاوه بر این، DFM‌ها محصولاتی خوراکی هستند که حاوی میکروارگانیسم‌های زنده و طبیعی می‌باشند (Brashears, Amezcuita و Jaroni، ۲۰۰۵). استفاده از آن‌ها به‌عنوان یک مداخله تغذیه‌ای، چه به‌تنهایی و چه در ترکیب با مهارکننده‌های متان، می‌تواند سازوکاری برای هدایت هیدروژن به مسیرهای تولید انرژی به جای تولید متان فراهم کند.

برای مثال، باکتری‌های اسیدلاکتیک (LAB) به‌عنوان یکی از گزینه‌های بالقوه در راهبردهای کاهش متان مطرح شده‌اند (Hristov و همکاران، ۲۰۱۳؛ Takahashi، ۲۰۱۳؛ Jeyanathan، Martin و Morgavi، ۲۰۱۴؛ Knapp و همکاران، ۲۰۱۴؛ Varnava، Ronimus و Sarojini، ۲۰۱۷؛ Doyle و همکاران، ۲۰۱۹؛ Ban و Guan، ۲۰۲۱).

با این حال، تحقیقات در این زمینه هنوز محدود است و داده‌ها نشان می‌دهند که برخی از مصرف‌کننده‌های هیدروژن کارایی کمتری دارند. بنابراین، شناسایی ویژگی‌های کلیدی میکروب‌هایی که به‌عنوان DFM مؤثر عمل می‌کنند برای کاربرد موفق آن‌ها در سیستم‌های تولید نشخوارکنندگان بسیار مهم خواهد بود.

افزودن باکتری‌های استئوژنیک^۲ شکمبه برای حذف هیدروژن اضافی نیز به‌طور گسترده به‌عنوان یک راهکار پیشنهادی مطرح شده است؛ به‌ویژه زمانی که این روش با افزودنی‌های مهارکننده متانوژنز ترکیب شود (Klieve و Wright، ۲۰۱۱). مطالعه‌ای توسط Nolllet و همکاران (۱۹۹۸) نشان داد که افزودن سوپرناتانت بدون سلول باکتری

^۱ Phloroglucinol

^۲ Acetogenic

80 *Lactobacillus plantarum* به نمونه‌های شکمبه در شرایط *in vitro* در صورت ترکیب با باکتری استتوژنیک *Peptostreptococcus productus* ATCC 35344، باعث کاهش ۳۰/۶ درصدی تولید متان شد. در ادامه، یک مطالعه *in vivo* نشان داد که ترکیب سوپرناتانت LP80 با *P. productus* می‌تواند انتشار متان را تا ۸۰ درصد (mmol/6h) در سه روز اول کاهش دهد؛ اما این اثر پایدار نبود. در مطالعه‌ای دیگر، Cao و همکاران (۲۰۱۰a) اثر *Lactobacillus plantarum* Chikuso-1 را در یک جیره کامل مخلوط سیلو شده بررسی کردند و مشاهده شد که تولید متان ۸/۶ درصد کمتر از سیلوی تیمار نشده بود. آزمایش‌های بعدی *in vivo* نشان داد که خوراک دام سیلو شده^۱ تلقیح‌شده با این باکتری در گوسفند باعث افزایش قابلیت هضم و کاهش ۲۴/۷ درصدی تولید متان شکمبه نسبت به خوراک دام سیلو شده شاهد شد (Cao و همکاران، ۲۰۱۰b). باکتری *Propionibacterium* از لاکتات برای تولید پروپیونات استفاده می‌کند؛ اما زمانی که به‌عنوان DFM در شرایط *in vivo* مورد آزمایش قرار گرفت، تأثیری بر تولید کل اسیدهای چرب فرار یا متان روده‌ای در تلیسه‌های گوشتی با جیره‌های پرعلوفه (Vyas و همکاران، ۲۰۱۴) یا گاوهای پرواری با جیره‌های پرکنسانتره (Narvaez و همکاران، ۲۰۱۴) نشان نداد. در این مطالعات افزایشی در غلظت پروپیونات شکمبه نیز مشاهده نشد. پژوهشگران احتمال دادند که این موضوع به دلیل پایداری متوسط سویه‌های باکتریایی و/یا سطح بالای تولید پروپیونات از تخمیر ناشسته در جیره باشد (Narvaez و همکاران، ۲۰۱۵؛ Vyas و همکاران، ۲۰۱۴، ۲۰۱۵).

Morgavi و Martin، Jeyanathan (۲۰۱۶) تعداد ۴۵ باکتری مختلف شامل سویه‌هایی از باکتری‌های اسید لاکتیک، بیفیدوباکتری‌ها و پروپیونی‌باکتری‌ها را در شرایط *in vitro* از نظر توانایی کاهش متانوژن غربالگری کردند. سپس سه سویه برای آزمایش *in vivo* در گوسفند انتخاب شد و یکی از آن‌ها یعنی *Lactobacillus pentosus* D31

¹ Silage

توانست طی چهار هفته پس از مصرف روزانه $10^{10} \times 6$ واحد تشکیل‌دهنده کلنی در هر حیوان (cfu/animal/day)، کاهش ۱۳ درصدی در بازده تولید متان ایجاد کند. همچنین Astuti و همکاران (۲۰۱۸) چهارده سویه *Lactobacillus plantarum* را در شرایط *in vitro* بررسی کردند و سویه U32 را به‌عنوان قوی‌ترین مهارکننده تولید متان شناسایی کردند. با این حال، برخی مطالعات دیگر مانند Ellis و همکاران (۲۰۱۶) که در آن گاوهای شیری با خوراک‌های سیلو شده تلقیح‌شده با سویه‌های LAB تغذیه شدند، هیچ تغییری در انتشار متان (بر حسب g/day، g/DMI، یا g/kg milk) مشاهده نکردند. با وجود این نتایج متناقض، مجموعه مطالعات نشان می‌دهد که برخی DFM‌ها خاص که مستقیماً به نشخوارکنندگان داده می‌شوند می‌توانند تخمیر شکمبه‌ای را به‌گونه‌ای تغییر دهند که هم شاخص‌های تولیدی بهبود یابد و هم تولید متان کاهش پیدا کند. همچنین این احتمال وجود دارد که استفاده همزمان این میکروب‌ها با مهارکننده‌های متان اثر قوی‌تری بر کاهش متان و بهبود عملکرد تولیدی حیوان داشته باشد. به همین دلیل، جداسازی و شناسایی DFM‌ها بالقوه از دستگاه گوارش نشخوارکنندگان یک مسیر تحقیقاتی مهم و ارزشمند محسوب می‌شود و باید در تحقیقات آینده مورد توجه ویژه قرار گیرد.

بازار جهانی افزودنی‌های خوراک دام یک صنعت چندمیلیون‌دلاری است. با این حال، سهم بازار DFM‌ها و سایر افزودنی‌هایی که برای دستکاری میکروبیوم شکمبه استفاده می‌شوند احتمالاً بسیار کوچک است، زیرا تنها تعداد محدودی از این محصولات به مرحله تجاری‌سازی رسیده‌اند. در حال حاضر برخی محصولات طبیعی در بازار وجود دارند؛ برای مثال جلبک‌های قرمز دریایی، همچنین روغن‌هایی مانند روغن بذر کتان^۱ و محصولات مبتنی بر نیترات عرضه می‌شوند. با این حال، مشخص نیست که چه میزان از این محصولات واقعاً با هدف کاهش انتشار متان در سیستم‌های تولید دام مورد استفاده قرار می‌گیرند.

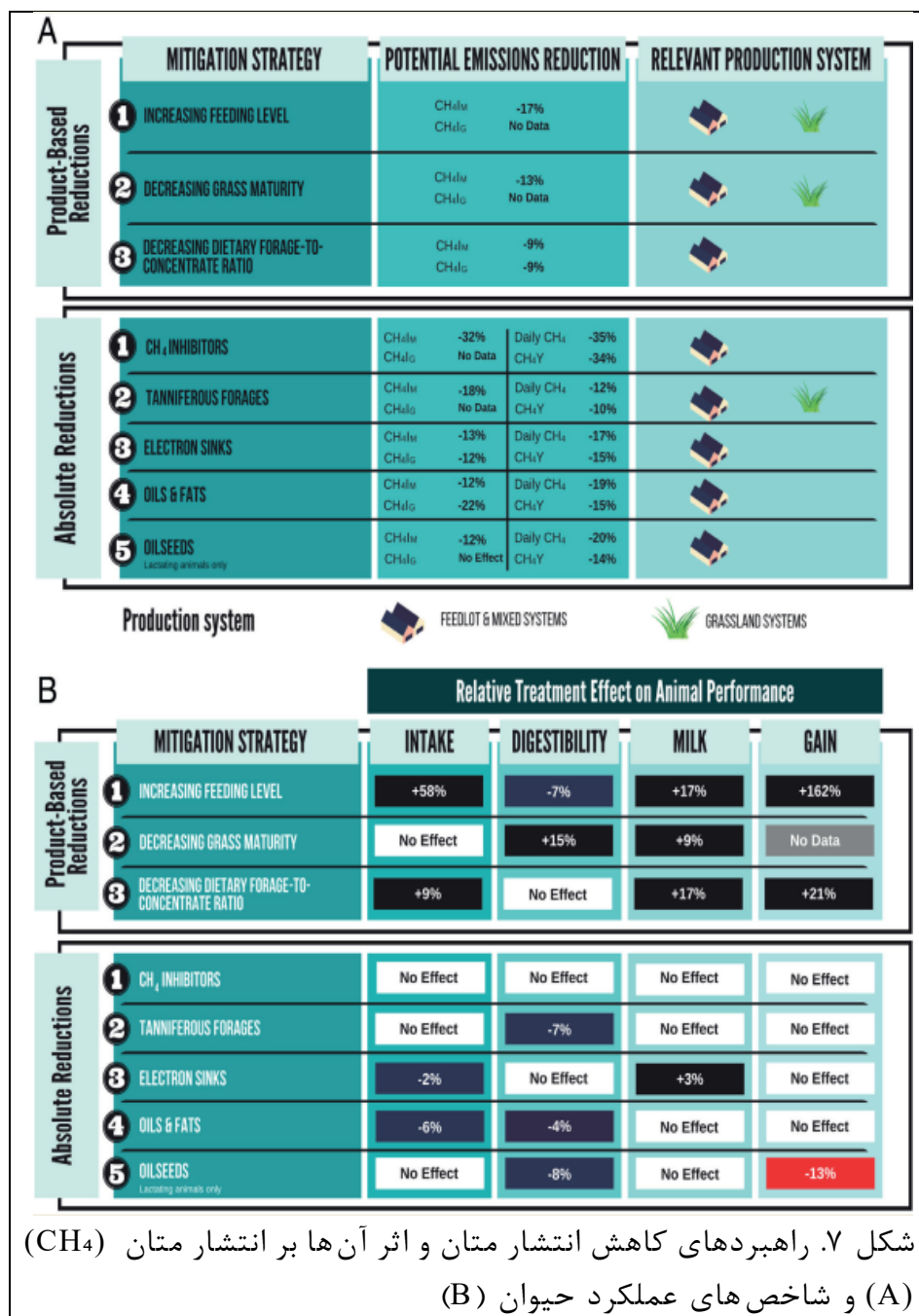
^۱ Linseed

کادر ۲. دیدگاه متخصصان درباره وضعیت کنونی اجرای فعالیت‌های مربوط به ترویج استفاده پایدار و حفاظت از میکروارگانیسم‌های مرتبط با هضم در نشخوارکنندگان

پاسخ‌دهندگان به نظرسنجی تخصصی اشاره کردند که دانش درباره فعالیت‌های میکروارگانیسم‌های شکمبه در شرایط درون تنی (*in vivo*) هنوز ناکافی است. بخشی از این مسئله به این دلیل است که نگهداری مجموعه‌ای از ایزوله‌های میکروبی فرآیندی زمان‌بر و پرهزینه است. آن‌ها همچنین بیان کردند که تعداد ایزوله‌های موجود برای مطالعه مؤثر عملکرد میکروبی کافی نیست. این موضوع به‌ویژه اهمیت دارد زیرا حفاظت از میکروارگانیسم‌های شکمبه بر پایه میکروب‌شناسی بی‌هوازی است و در عین حال بیشتر گونه‌های میکروبی شکمبه هنوز قابل کشت نیستند. علاوه بر این، اشاره شد که در حال حاضر هیچ مجموعه کشت عمومی برای قارچ‌های بی‌هوازی شکمبه در دسترس نیست. همچنین پاسخ‌دهندگان اظهار داشتند که از وجود هیچ سیاست ملی در داخل کشورها برای حمایت از حفاظت از میکروب‌های مهم در هضم نشخوارکنندگان آگاهی ندارند (نگاه کنید به کادر ۵).

منبع:

پاسخ‌های نظرسنجی متخصصان انجام‌شده برای این مطالعه.



یادداشت:

CH₄ IM: شدت انتشار متان نسبت به تولید شیر (گرم CH₄ به ازای هر کیلوگرم

شیر)

CH₄ IG: شدت انتشار متان نسبت به افزایش وزن (گرم CH₄ به ازای هر

کیلوگرم افزایش وزن در حیوانات در حال رشد)

Daily CH₄: انتشار روزانه متان (گرم متان به ازای هر حیوان در روز)

Digestibility: قابلیت هضم ظاهری فیبر نامحلول در شوینده خنثی (NDF)

(درصد)

Gain: افزایش وزن روزانه متوسط (کیلوگرم در روز)

Intake: مصرف ماده خشک (کیلوگرم در روز)

Milk: تولید شیر (کیلوگرم در روز)

در این شکل، هر جا مقدار عددی ذکر شده است، اثر معنی‌دار آماری مشاهده شده

است ($P \leq 0.05$)، و در صورتی که عددی ثبت نشده است، اثر معنی‌دار آماری

مشاهده نشده است ($P \geq 0.05$).

منبع:

Arndt, C., Hristov, A.N., Price, W.J., McClelland, S.C., Pelaez, A.M., Cueva, S.F., Oh, J. *et al.* 2022. Full adoption of the most effective strategies to mitigate methane emissions by ruminants can help meet the 1.5 °C target by 2030 but not 2050. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 119(20): e2111294119. <https://doi.org/10.1073/pnas.2111294119>.

۳.۵ مجموعه‌های حفاظتی و مجموعه‌های کشت

تا امروز، بیشتر مطالعاتی که مدیریت میکروبیوم شکمبه را بررسی کرده‌اند ماهیتی همبستگی‌محور^۱ (بر پایه ارتباط آماری) داشته‌اند و پژوهش‌هایی که مکانیسم‌های شناسایی و زیربنایی یک راهبرد مدیریتی مؤثر را مشخص کنند بسیار محدود بوده‌اند. حرکت به سمت درک روابط علیت در سطح کل شکمبه ضروری است تا مدیریت میکروبیوم شکمبه بتواند به‌طور مؤثر در مواجهه با چالش‌های جهانی امنیت غذایی و تغییرات اقلیمی نقش ایفا کند. پاسخ‌دهندگان به نظرسنجی تخصصی نیز تأکید کردند که دانش ما باید به‌طور قابل‌توجهی افزایش یابد و بر لزوم دستیابی به کشت‌های خالص از میکروب‌های شکمبه به‌عنوان گامی تحول‌آفرین برای درک بهتر میکروبیوم شکمبه و توسعه نوآوری‌های بیشتر برای مدیریت آن تأکید کردند (کادر ۱ و ۲). به‌طور مشخص، به‌دست آوردن ایزوله‌های خالص از میکروب‌های شکمبه به ما اجازه می‌دهد فرضیه‌هایی را که از مطالعات همبستگی به دست آمده‌اند آزمایش کنیم؛ یعنی اگر یک میکروب خاص با یک فنوتیپ خاص مرتبط شناخته شده باشد، باید بتوان بررسی کرد که آیا واقعاً علت آن است یا خیر. به عبارت دیگر، این کار امکان حرکت از همبستگی به علیت را فراهم می‌کند. در این زمینه، مجموعه Hungate Collection یک پیشرفت مهم ایجاد کرده است. برای مثال، ابزار CowPI^۲ بر اساس داده‌های اولیه این مجموعه طراحی شد (Wilkinson و همکاران، ۲۰۱۸) تا بتوان از داده‌های تنوع مبتنی بر rDNA که هزینه کمتری دارند، استنباط‌های عملکردی انجام داد. این موضوع نوعی تغییر پارادایم ایجاد کرد و به‌ذی‌نفعانی که زیرساخت‌های کمتری دارند اجازه داد درک بهتری از عملکرد شکمبه به دست آورند. همچنین گسترش مجموعه‌های کشت به ما کمک می‌کند تا درک کنیم افزودنی‌های غذایی در سطح مولکولی چگونه عمل می‌کنند؛ دانشی که برای دریافت تأییدیه‌های قانونی و نظارتی ضروری است. افزون بر این، کشت‌های خالص ایزوله‌ها منبع مهمی از ترکیبات زیست‌فعال هستند که می‌توانند

^۱ Correlative

^۲ <https://www.cowpi.org/>

توسط صنعت زیست‌فناوری مورد بهره‌برداری قرار گیرند. با وجود این اهمیت، نویسندگان اشاره می‌کنند که هیچ سیاست یا چارچوب ملی مشخصی برای حفاظت از میکروب‌های مهم در فرایندهای گوارشی شکمبه وجود ندارد و پاسخ‌دهندگان نظرسنجی تخصصی نیز چنین سیاست‌هایی را گزارش نکردند (کادر ۲).

به دلیل نیاز به مجموعه‌های کشت جامع‌تر از میکروب‌های شکمبه، یک پروژه شاخص جدید در چارچوب GRA با عنوان RUMEN Gateway تصویب شده است (کادر ۳). هدف این پروژه پر کردن خلأهای موجود در مجموعه‌های کشت و اطمینان از دسترسی همه ذی‌نفعان به میکروب‌ها و اطلاعات فنوتیپی و ژنوتیپی آنها است؛ اقدامی که می‌تواند تحولی اساسی در درک، مدیریت و بهره‌برداری از میکروبیوم شکمبه ایجاد کند. با این حال، اجرای این پروژه پیشرو نیازمند تقویت زیرساخت‌ها است تا پژوهشگران از کشورهای توسعه یافته و در حال توسعه بتوانند در آن مشارکت داشته باشند.

کادر ۳. پروژه شاخص «گسترش، تحلیل و بهره‌برداری از مجموعه کشت میکروبی شکمبه Hungate»

اعضای شبکه ژنتیک میکروبی شکمبه در ائتلاف تحقیقات جهانی در مورد گازهای گلخانه‌ای کشاورزی اخیراً یک پروژه شاخص در حوزه کشت پرحجم و گسترده شکمبه‌ای (culturomics) پیشنهاد کرده‌اند. کشورهای عضو GRA از ایجاد پروژه‌ای با عنوان «گسترش، تحلیل و بهره‌برداری از مجموعه کشت میکروبی شکمبه Hungate»^۱ حمایت کرده‌اند که دانشگاه Queen's University Belfast رهبری آن را بر عهده دارد.

این پروژه بر پیشرفت مهمی که توسط مجموعه Hungate^۲ در دانش میکروبیوم شکمبه ایجاد شد بنا شده است. این مجموعه باعث شد کاتالوگ ژنومی میکروب‌های شکمبه از ۱۴ به ۵۰۱ ژنوم افزایش یابد، اما در عین حال خلاهای بزرگی در تنوع میکروبی موجود در مجموعه‌های کشت جهانی را نیز آشکار کرد.

این پروژه جامعه علمی جهانی را گرد هم می‌آورد تا نمونه‌های بیشتری از شکمبه از نقاط مختلف جهان را به اشتراک بگذارند، کشت دهند و تحلیل کنند و از این طریق نوآوری‌های آینده برای کاهش انتشار گازهای گلخانه‌ای از دام را توسعه دهند. نتایج این پروژه شامل موارد زیر خواهد بود:

- ایجاد جامع‌ترین مجموعه کشت میکروبی شکمبه در جهان همراه با منابع زیستی و بیوانفورماتیکی شامل اطلاعات فنوتیپی و ژنوتیپی که توسط متخصص‌ترین میکروبیولوژیست‌های بی‌هوازی جهان توسعه داده می‌شود.
- فراهم کردن دسترسی آزاد به این مجموعه تا پژوهشگران بتوانند آن را برای کشف ترکیبات زیست‌فعال جدید و DFM‌ها بررسی کنند؛ با هدف کاهش انتشار متان، افزایش کارایی استفاده از نیتروژن و بهبود بهره‌وری دام به شکل پایدار.

- ایجاد شبکه‌ای از مراکز تخصصی (hubs) که قادر باشند باکتری‌های جدید شکمبه را جداسازی، تعیین فنوتیپ و تعیین ژنوتیپ کنند؛ یا در صورتی که کشت‌های جدید از قبل موجود باشند، حداقل دو مرحله آخر (فنوتیپ و ژنوتیپ) را انجام دهند.

¹ <https://globalresearchalliance.org/flagship-projects/mining-rumen-data/>

² <https://genome.jgi.doe.gov/portal/HungateCollection/HungateCollection.info.html>

۶. میکروبیوم‌های دستگاه گوارش دام و پیامدهای آن برای رویکرد «سلامت واحد»^۱

بر اساس تعریفی که توسط «هیئت عالی کارشناسان سلامت واحد»^۲ ارائه شده است، سلامت واحد یک رویکرد یکپارچه و همگرا است که هدف آن ایجاد توازن پایدار و بهینه‌سازی سلامت انسان‌ها، حیوانات و اکوسیستم‌ها است. این رویکرد بر این نکته تأکید دارد که سلامت انسان، حیوانات اهلی و وحشی، گیاهان و محیط زیست گسترده‌تر (از جمله اکوسیستم‌ها) به‌طور نزدیک به یکدیگر مرتبط و وابسته هستند (OHHLEP *et al.*, 2022). ارتباط و پیوستگی میکروب‌ها در محور انسان-حیوان-محیط زیست توسط پژوهشگران متعددی نشان داده شده است. برای نمونه، پال و همکاران (Pal *et al.*, 2016) نشان دادند که بسیاری از جنس‌های باکتریایی (حدود ۲۹ تا ۸۴ درصد از کل جنس‌های شناسایی‌شده) میان میکروبیوم‌های دستگاه گوارش انسان و حیوان و همچنین فاضلاب و لجن مشترک هستند. این موضوع ضرورت بررسی این میکروبیوم‌ها را در چارچوب گسترده‌تر مسائل مرتبط با رویکرد «سلامت واحد»، از جمله گسترش مقاومت ضد میکروبی (AMR)، برجسته می‌کند.

یکی از چالش‌های مهم در چارچوب سلامت واحد، مقاومت ضد میکروبی (AMR) است. باکتری‌های مقاوم به عوامل ضد میکروبی در بسیاری از محیط‌ها یافت می‌شوند و بنابراین تهدیدی برای سلامت انسان، حیوانات و خاک‌ها به شمار می‌روند. سازمان جهانی بهداشت گزارش داده است که گسترش کنترل‌نشده مقاومت ضد میکروبی می‌تواند موجب افزایش چشمگیر هزینه‌های بهداشتی و وارد آمدن آسیب به سامانه‌های غذایی و معیشت شود و در نهایت به افزایش سطح فقر و نابرابری منجر گردد (WHO, 2019). تعداد مطالعاتی که به بررسی فراوانی و تنوع ژن‌های AMR در میکروبیوم‌ها — از جمله میکروبیوم‌های انسان، دام و محیط زیست — می‌پردازند، رو به افزایش است. برای مثال، سابینو و همکاران (Sabino *et al.*, 2019) با تحلیل ۴۳۵ ژنوم باکتریایی

¹ One Health

² One Health High Level Expert Panel

شکمه گزارش کردند که ژن‌های رمزکننده مقاومت به تتراسایکلین فراوانی بالایی دارند. همچنین شواهدی نشان داد که ژن *tet(W)* (کدکننده مقاومت به تتراسایکلین) در یک عنصر ژنتیکی نوین از نوع «عنصر یکپارچه‌شونده و قابل انتقال» (ICE)^۱ در چندین ژنوم باکتریایی شکمه قرار گرفته است؛ عناصری که می‌توانند نسبتاً به‌سادگی به سایر میکروب‌ها منتقل شوند. مطالعه دیگری درباره تحلیل «رزیستوم»^۲ در میکروبیوم‌های جهانی دام و خاک نشان داد که ۵۵ ژن مقاومت میان میکروبیوم‌های خاک، طیور، نشخوارکنندگان و خاک مزارع در ۳۷ کشور مشترک هستند (Lawther *et al.*, 2022؛ شکل ۸). بنابراین، علاوه بر نقش باکتری‌های شکمه در تغذیه و انتشار گازهای گلخانه‌ای، توجه به اهمیت آن‌ها در گسترش مقاومت ضد میکروبی نیز ضروری است.

در مقابل، تنوع و فراوانی گونه‌های موجود در میکروبیوم دستگاه گوارش دام‌ها منبعی غنی برای زیست‌کاوی^۳ و کشف ترکیبات جدید به شمار می‌آید که می‌توانند در حل برخی از چالش‌های مرتبط با رویکرد «سلامت واحد» نقش داشته باشند. این ترکیبات شامل - اما محدود به - آنزیم‌های دارای اهمیت صنعتی مانند اولوان‌لیازها^۴، گلیکوزید هیدرولازها (GHs) و استرازها، همچنین پروبیوتیک‌ها، متابولیت‌های قابل استفاده به عنوان پست‌بیوتیک‌ها، و ترکیبات ضد میکروبی جدید هستند که می‌توانند در بهبود سلامت دام، افزایش کارایی تولید و مقابله با AMR مؤثر باشند. در واقع، باکتری‌های تولیدکننده آنتی‌بیوتیک به‌طور گسترده در طبیعت وجود دارند و به‌ویژه در شکمه فراوان هستند (Oyama *et al.*, 2017, 2022؛ Azevedo *et al.*, 2015؛ Anderson and Fernando, 2021؛ de Oliveira *et al.*, 2022). این امر نشان می‌دهد که این

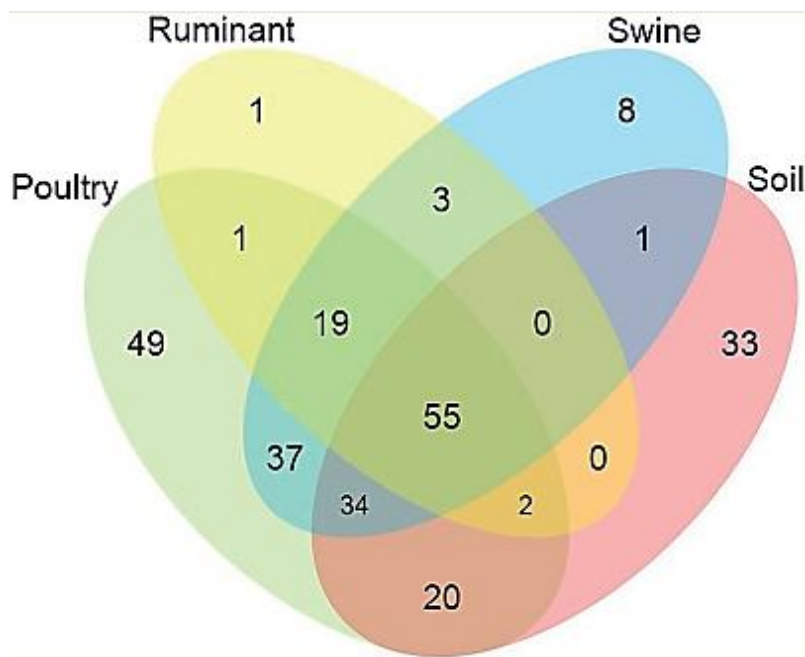
¹ Integrative and Conjugative Element

² Resistome

³ Bioprospecting

⁴ Ulvan lyases

میکروارگانیزم‌ها ظرفیت بالایی برای توسعه درمان‌های جدید جهت مقابله با بسیاری از بیماری‌ها دارند.



شکل ۸. نمودار ون^۱ نشان‌دهنده تعداد ژن‌های مقاومت ضد میکروبی مشترک و اختصاصی در میان میکروبیوم‌های خاک و دستگاه گوارش خوک، طیور و نشخوارکنندگان.

منبع:

Lawther, K., Santos, F.G., Oyama, L.B., Rubino, F., Morrison, S., Creevey, C.J., McGrath, J.W. & Huws, S.A. 2022. Resistome analysis of global livestock and soil microbiomes. *Frontiers in Microbiology*, 13: 897905. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2022.897905>.

¹ Venn diagram

۷. سیاست‌ها و مقررات

تعداد کمی از سیاست‌ها تلاش‌های ما را برای درک، مدیریت و حفظ میکروب‌های شکمبه تسهیل می‌کنند، که اصلی‌ترین آنها مربوط به انتشار گازهای گلخانه‌ای و تغییرات اقلیمی است. با این حال، برخی از آنها به طور بالقوه توانایی ما را برای تبادل و حفظ میکروب‌های شکمبه در سطح جهانی مهار می‌کنند، به عنوان مثال پروتکل ناگویا در مورد دسترسی به منابع ژنتیکی و تقسیم عادلانه و منصفانه مزایای ناشی از استفاده از آنها در کنوانسیون تنوع زیستی^۱ (پروتکل ناگویا).

۱.۷ سیاست‌های جهانی اقلیم

«هیئت بین‌دولتی تغییر اقلیم» (IPCC)^۲ نقش مهمی در تسهیل بحث‌ها و فرایندهای مرتبط با تدوین سیاست‌های تغییر اقلیم ایفا کرده است. نخستین گزارش این هیئت در سال ۱۹۹۰ منتشر شد و مبنایی برای تدوین «کنوانسیون چارچوب سازمان ملل متحد درباره تغییر اقلیم» (UNFCCC)^۳ در سال ۱۹۹۱ فراهم کرد. این کنوانسیون در اجلاس زمین در ریودوژانیرو در سال ۱۹۹۲ توسط ۱۶۶ کشور امضا شد و در سال ۱۹۹۴ لازم‌الاجرا گردید. کنوانسیون UNFCCC هدف مشخصی برای کاهش گازهای گلخانه‌ای تعیین نکرده بود، اما چارچوب‌ها و مبنای مهمی را برای بحث‌ها و فرایندهای بعدی مرتبط با تغییر اقلیم فراهم کرد. «پروتکل کیوتو»^۴ که در سال ۱۹۹۷ در چارچوب این کنوانسیون تصویب شد، نخستین گام در جهت کاهش قابل توجه انتشار گازهای گلخانه‌ای به شمار می‌رفت. این پروتکل برای کشورهای توسعه‌یافته اهداف

^۱ Convention on Biological Diversity (CBD)

^۲ Intergovernmental Panel on Climate Change

^۳ United Nations Framework Convention on Climate Change

^۴ Kyoto Protocol

الزام‌آوری تعیین کرد تا انتشار گازهای گلخانه‌ای خود را تا سال ۲۰۱۲ به میزان ۸ درصد کمتر از سطح سال ۱۹۹۰ کاهش دهند.

تمرکز مشخص بر نقش بخش‌های کشاورزی در کاهش آثار تغییر اقلیم تنها با تصویب «کار مشترک کورونیوا در زمینه کشاورزی»^۱ (تصمیم 4/CP.236) در سال ۲۰۱۵ شکل گرفت. در چارچوب این برنامه، کارگاه‌هایی با موضوعات زیر برگزار شده است: بهبود کربن خاک، سلامت و حاصل‌خیزی خاک در مراتع و اراضی زراعی و همچنین در سامانه‌های یکپارچه از جمله مدیریت آب؛ بهبود کارایی مصرف مواد مغذی و مدیریت کود دامی با هدف دستیابی به نظام‌های کشاورزی پایدار و تاب‌آور؛ و بهبود نظام‌های مدیریت دام (UNFCCC، ۲۰۲۳). کارگاه کورونیوا درباره بهبود نظام‌های مدیریت دام، از جمله نظام‌های تولید کشاورزی-دامداری و سایر نظام‌ها، در سال ۲۰۲۰ برگزار شد. خلاصه‌ای از نتایج و جمع‌بندی‌های این کارگاه در کادر ۴ ارائه شده است.

توافق‌نامه پاریس در سال ۲۰۱۵ (UNFCCC، ۲۰۱۶) هدف محدود کردن افزایش دمای جهانی به حداکثر ۱/۵ درجه سلسیوس نسبت به سطح پیش از صنعتی‌شدن را تعیین کرد. بر این اساس، برای متان ناشی از نشخوارکنندگان هدف کاهش ۱۱ تا ۳۰ درصد تا سال ۲۰۳۰ و ۲۴ تا ۴۷ درصد تا سال ۲۰۵۰ نسبت به سطح سال ۲۰۱۰ در نظر گرفته شده است (Arndt و همکاران، ۲۰۲۲). این اهداف بر شکل‌گیری سیاست‌های اختصاصی کشورها تأثیر گذاشته‌اند. بررسی تفصیلی سیاست‌های ملی فراتر از دامنه این مقاله است، اما اغلب این سیاست‌ها دستیابی به انتشار خالص صفر^۲ حداکثر تا سال ۲۰۵۰ را هدف‌گذاری کرده‌اند. این سیاست‌ها همچنین جهت‌گیری فراخوان‌های تأمین مالی پژوهش را تعیین کرده و در نتیجه نوآوری‌هایی در حوزه میکروبیوم شکمبه، از جمله توسعه افزودنی‌های هدفمند، را هدایت کرده‌اند.

^۱ Koronivia Joint Work on Agriculture

^۲ Net Zero

بر اساس گزارش فائو، بیشتر مشارکت‌های ملی در کاهش انتشار (۷۹ درصد) را جنگل‌داری در بر می‌گیرد و بسیاری از آن‌ها زیربخش‌های زراعت (۵۱ درصد) و دامداری (۳۶ درصد) را نیز شامل می‌شوند (Crumpler و همکاران، ۲۰۲۱). اقدامات مرتبط با دامداری شامل مجموعه‌ای از راهکارهای کاهشی در حوزه دام و مراتع است که از بهبود شیوه‌های تغذیه دام تا احیای مراتع را در بر می‌گیرد (همان منبع). با وجود اینکه برخی دولت‌ها، مانند نیوزیلند و ایرلند، پژوهش در زمینه میکروبیوم شکمبه را برای مدیریت انتشار متان و بهبود کارایی خوراک در اولویت قرار داده‌اند، در بسیاری از کشورها چنین رویکردی مشاهده نمی‌شود. از این رو، میکروبیوم شکمبه همواره در کانون سیاست‌های مرتبط با کاهش انتشار گازهای گلخانه‌ای قرار ندارد.

کادر ۴. نتایج کارگاه کورونیوا درباره «بهبود نظام‌های مدیریت دام، از جمله سامانه‌های تولید کشاورزی-دامداری و سایر نظام‌ها» (موضوع ۲[e] کنوانسیون UNFCCC)

«پس از بررسی گزارش کارگاه مربوط به موضوع ۲(e) در نقشه راه کورونیوا، نهاد مشورتی علمی و فناوری (SBSTA) و نهاد فرعی اجرا (SBI) اذعان کردند که نظام‌های مدیریت دامداری در برابر آثار تغییر اقلیم بسیار آسیب‌پذیر هستند. در عین حال، نظام‌های دامداری که به‌صورت پایدار مدیریت می‌شوند، از ظرفیت بالایی برای سازگاری و تاب‌آوری در برابر تغییر اقلیم برخوردارند و در حفاظت از امنیت غذایی و تغذیه‌ای، معیشت‌ها، پایداری، چرخه مواد مغذی و مدیریت کربن نقش‌های گسترده‌ای ایفا می‌کنند.

همچنین اشاره شد که بهبود تولید پایدار و سلامت دام، با هدف کاهش انتشار گازهای گلخانه‌ای در بخش دامداری و در عین حال افزایش ظرفیت جذب کربن در مراتع و اراضی چرای، می‌تواند در دستیابی به اهداف بلندمدت اقلیمی مؤثر باشد؛ البته با در نظر گرفتن تفاوت در نظام‌های تولیدی و شرایط ملی کشورها.»

یادداشت:

SBSTA: نهاد فرعی مشاوره علمی و فناوری؛ SBI: نهاد فرعی اجرا

منبع:

Paragraph 6. UNFCCC. 2021. *Koronivia joint work on agriculture. Draft conclusions*. Subsidiary Body for Implementation/ Subsidiary Body for Scientific and Technological Advice, Fifty-second to fifty-fifth session Glasgow, 31 October to 6 November 2021. FCCC/SB/2021/L.1. Bonn, Germany. <https://unfccc.int/documents/309895>.

کادر ۵. دیدگاه‌های کارشناسان درباره وضعیت کنونی توسعه و اجرای سیاست‌ها، قوانین و ترتیبات نهادی برای مدیریت میکروارگانسیم‌های مرتبط با هضم در نشخوارکنندگان

بیش از نیمی از پاسخ‌دهندگان به نظرسنجی کارشناسی اعلام کردند که در حوزه‌های قضایی مربوط به خود، در حال حاضر هیچ فعالیتی برای تدوین سیاست‌ها، قوانین و ترتیبات نهادی مرتبط با مدیریت میکروارگانسیم‌های مؤثر در هضم نشخوارکنندگان در جریان نیست؛ در حالی که بیشتر سایر پاسخ‌دهندگان نیز از وضعیت موجود اطمینان نداشتند. آن‌ها تفاوت در سیاست‌های مربوط به انتقال مواد زیستی و مسائل مرتبط با مالکیت فکری میان مؤسسات را از جمله عواملی دانستند که توسعه و اجرای توافق‌نامه‌ها میان کشورها را با مانع مواجه می‌کند. به طور کلی توافق نظر وجود داشت که با وجود نیاز به مستندسازی و فرایندهای اداری گسترده، تدوین سیاست‌ها و قوانین در این حوزه امکان‌پذیر است.

منبع:

پاسخ‌های ارائه‌شده در نظرسنجی کارشناسی انجام‌شده برای این مطالعه.

۲.۷ پروتکل ناگویا

پروتکل ناگویا^۱ درباره «دسترسی به منابع ژنتیکی و تسهیم عادلانه و منصفانه منافع حاصل از بهره‌برداری از آن‌ها» در چارچوب کنوانسیون تنوع زیستی، یک توافق تکمیلی برای کنوانسیون تنوع زیستی مصوب سال ۱۹۹۲ است که در سال ۲۰۱۰ به تصویب رسید. این پروتکل با هدف تضمین تسهیم عادلانه و منصفانه منافع حاصل از استفاده از منابع ژنتیکی تدوین شد و از این طریق به حفاظت و بهره‌برداری پایدار از تنوع زیستی کمک می‌کند. بر اساس این پروتکل، کشورهای عضو موظفاند اقداماتی را در زمینه دسترسی به منابع ژنتیکی، تسهیم منافع و رعایت الزامات قانونی اتخاذ کنند. تا دسامبر ۲۰۲۳، این پروتکل توسط ۱۴۰ عضو شامل ۱۳۹ کشور عضو سازمان ملل متحد و اتحادیه اروپا به تصویب رسیده است.

پروتکل ناگویا سطح بوروکراسی مربوط به مبادله نمونه‌ها و میکروارگانیسم‌ها را افزایش داده است و از این رو برای افرادی که در پایش، جمع‌آوری و شناخت تنوع زیستی میکروبی فعالیت می‌کنند، چالشی مهم به شمار می‌رود و به‌طور بالقوه می‌تواند پیشرفت‌های پژوهشی و نوآوری را محدود کند. کارشناسانی که در نظرسنجی انجام‌شده در چارچوب این مطالعه شرکت کرده بودند نیز اشاره کردند که اجرای سیاست‌های کاهش گازهای گلخانه‌ای ممکن است به دلیل الزامات پروتکل ناگویا با کندی یا توقف مواجه شود.

۳.۷ دسترسی به اطلاعات

بیشتر نهادهای تأمین‌کننده بودجه و مجلات علمی از سیاست دسترسی آزاد^۲ پیروی می‌کنند. به‌طور خاص، هنگامی که مقالاتی شامل داده‌های «آمیکس» به مجلات ارسال

^۱ Nagoya Protocol

^۲ Open Access

می‌شوند، لازم است تمام داده‌ها در زمان ارسال مقاله برای داوری به‌صورت عمومی در دسترس باشند. با این حال، این الزام درباره جدایه‌های میکروبی جدید وجود ندارد و همین موضوع موجب شده است که اشتراک‌گذاری آزاد این جدایه‌ها برای ادامه پژوهش و بهره‌مندی جامعه به‌خوبی انجام نشود. یکی از توصیه‌های کلیدی این مقاله آن است که سیاست دسترسی آزاد باید به جدایه‌های میکروبی نیز گسترش یابد، چه در مرحله پیش از انتشار و چه در زمان انتشار مقاله. بیشتر جدایه‌های میکروبی که به‌طور آزاد در دسترس قرار دارند، از جمله جدایه‌های دستگاه گوارش نشخوارکنندگان، در مجموعه‌های کشت میکروبی قابل دسترس عمومی نگهداری می‌شوند. این مجموعه‌ها عمدتاً در مؤسسه لایب نیتز DSMZ (مجموعه آلمانی میکروارگانیسم‌ها و کشت‌های سلولی) یا در مجموعه آمریکائی کشت‌های مرجع (ATCC)^۱ قرار دارند. این مجموعه‌ها نقشی اساسی در حفظ تنوع ژنتیکی میکروبی در سطح جهانی و تضمین دسترسی آزاد برای همه ذی‌نفعان ایفا می‌کنند. با این حال، بسیاری از جدایه‌ها در این کلکسیون‌ها سپرده‌گذاری نمی‌شوند، زیرا الزام قانونی برای انجام این کار وجود ندارد. علاوه بر این، اگر یک میکروب دارای پتانسیل تجاری باشد، نگرانی‌ها درباره نقض حقوق مالکیت فکری سبب می‌شود که در کلکسیون‌های کشت سپرده‌گذاری نشود و بسیاری از آن‌ها حتی پس از ثبت اختراع و انتشار مقاله نیز در نگهداری‌های فردی باقی بمانند. نمونه‌ای روشن از این مسئله در مورد جدایه‌های میکروبی روده نشخوارکنندگان دیده می‌شود. از میان ۴۱۰ میکروبی که ژنوم آن‌ها در مجموعه Hungate تعیین توالی شده و به‌طور آزاد در دسترس قرار گرفته است، تنها حدود ۴۰ مورد مربوط به کشت‌هایی هستند که در DSMZ یا ATCC موجودند و حدود ۳۷۰ مورد دیگر همچنان در فریزرهای شخصی نگهداری می‌شوند (Seshadri و همکاران، ۲۰۱۸)، هرچند برنامه‌هایی برای در دسترس قرار دادن آزاد آن‌ها در آینده وجود دارد. این تنها یکی از نمونه‌های متعدد است و نشان می‌دهد که خطر از دست رفتن تنوع میکروبی شکمبه وجود دارد؛ زیرا

¹ American Type Culture Collection

قابلیت کشت و اشتراک‌گذاری این جدایه‌ها به زیرساخت‌های پژوهشی و نیز تمایل پژوهشگران به اشتراک‌گذاری وابسته است. همچنین لازم است پایگاه‌های داده و سامانه‌های تحلیلی ویژه میکروب‌های شکمبه تمامی داده‌های ژنومی و فنوتیپی این جدایه‌ها را یکپارچه کنند تا اثرگذاری چنین فعالیت‌هایی به حداکثر برسد.

۴.۷ مداخلات تغذیه‌ای

مداخلات تغذیه‌ای، مانند تغذیه دام با گیاهان حاوی تانن، معمولاً نیازی به تأیید مقرراتی ندارند. با این حال، زمانی که این مداخلات شامل استفاده از محصولاتی باشد که به‌عنوان افزودنی خوراک یا پروبیوتیک طبقه‌بندی می‌شوند، لازم است از سوی نهادهای نظارتی تأیید شوند. چنین الزاماتی تضمین می‌کند که این محصولات هم برای تغذیه نشخوارکنندگان ایمن باشند و هم ادعاهای مطرح‌شده درباره تأثیر آن‌ها بر کاهش انتشار متان یا پایداری قابل اعتماد باشد. فرایندهای تأیید معمولاً زمان‌بر هستند و به داده‌های فراوانی نیاز دارند. اگرچه این فرایندها برای اطمینان از ایمنی محصولات ضروری‌اند، اما می‌توانند مانعی جدی در برابر پذیرش سریع نوآوری‌ها باشند و از نظر زمانی با چالش‌های جهانی و فوریت آن‌ها همخوانی نداشته باشند. افزون بر این، افزودنی‌های خوراک در کشورهای مختلف در مراحل متفاوتی از تأیید مقرراتی قرار دارند (جدول ۱). برچسب‌گذاری محصولات غذایی حاصل از دام‌هایی که با افزودنی‌های خوراکی تغذیه شده‌اند و به‌عنوان محصولاتی با انتشار متان کاهش‌یافته معرفی می‌شوند، حوزه‌ای نسبتاً جدید است که غالباً تحت مقررات سخت‌گیرانه قرار دارد و در بسیاری از کشورها اخذ مجوز برای آن زمان زیادی می‌برد. نخستین محصولات گوشتی حاصل از گاوهایی که با جلبک دریایی *Asparagopsis taxiformis* تغذیه شده بودند، در اواسط سال ۲۰۲۲ در سوئد عرضه شدند (Askew, ۲۰۲۲). همچنین باید توجه داشت که رویکردهای مبتنی بر افزودنی‌های خوراک در کشورهای در حال توسعه با

چالش‌هایی در اجرا روبه‌رو هستند؛ زیرا هزینه‌های بالا و کمبود منابع مالی یا سیاست‌های حمایتی می‌تواند مانع به‌کارگیری آن‌ها شود. در این کشورها، بهبود کارایی تولید در نشخوارکنندگان و/یا استفاده از گیاهان غنی از تانن در جیره غذایی راهکارهایی کم‌هزینه‌تر و آسان‌تر برای اجرا به شمار می‌روند. با این حال، استفاده از گیاهان غنی از تانن به اندازه افزودنی‌های خوراک در کاهش انتشار متان مؤثر نیست. با وجود این، بهبود سطح تولید در کشورهای در حال توسعه می‌تواند با کاهش قابل توجه شدت انتشار متان، اثرات اقلیمی آن‌ها را به میزان زیادی کاهش دهد.

جدول ۱. وضعیت تأیید مقرراتی برای مداخلات تغذیه‌ای در نشخوارکنندگان

کشورهای دارای تأییدیه	وضعیت تأیید برای مصرف در دام	نوع مداخله تغذیه‌ای
نیاز به تأیید مقرراتی ندارد	بله، برای نشخوارکنندگان همه	گیاهان حاوی ترکیبات ثانویه (مانند تاننها)
اتحادیه اروپا، استرالیا، برزیل و شیلی	بله، در گاوهای شیری	مهارکننده متان: 3-NOP (Bovaer®)
در بیشتر کشورها به‌عنوان یک ماده خوراکی	بله، برای نشخوارکنندگان همه	مهارکننده <i>Asparagopsis</i> <i>taxiformis</i>
همه کشورها	بله، برای نشخوارکنندگان همه	روغن‌ها و دانه‌های روغنی

۸. نهادهای کلیدی در مدیریت میکروارگانیسم‌های مرتبط با هضم در نشخوارکنندگان

سازمان‌های دانشگاهی اصلی که از ظرفیت و توانایی قابل‌توجهی برای جداسازی و نگهداری میکروب‌های دستگاه گوارش برخوردارند، در جدول ۲ فهرست شده‌اند. این نهادها همگی مجموعه‌های کشت میکروبی سازمانی^۱ را در اختیار دارند، هرچند تنها تعداد اندکی از این جدایه‌های میکروبی در کلکسیون‌های کشت در دسترس عموم نگهداری و ثبت شده‌اند.

دانشگاه‌ها، سازمان‌های پژوهشی و شبکه‌های دولتی یا بین‌المللی دیگری نیز در سراسر جهان در استفاده پایدار و حفاظت از میکروارگانیسم‌های مرتبط با هضم در نشخوارکنندگان نقش دارند. از جمله این نهادها می‌توان به موارد زیر اشاره کرد: مؤسسه بین‌المللی کشاورزی گرمسیری Bioscience (IITA)^۲ در نیجریه؛ مرکز پژوهش پایداری محیط‌زیست (ESRC)^۳ در بریتانیا؛ مؤسسه پژوهشی روث در دانشگاه ابردین بریتانیا^۴؛ دانشگاه لیوبلیانا در اسلونی^۵؛ مرکز زیست‌علوم، مؤسسه فیزیولوژی حیوانات آکادمی علوم اسلواکی در اسلواکی^۶؛ و آزمایشگاه اُمالی^۷ در دانشگاه کالیفرنیا، سانتا باربارا در ایالات متحده آمریکا^۸. همچنین ائتلاف جهانی پژوهش در کشاورزی و گازهای گلخانه‌ای (نگاه کنید به بخش ۱.۳) یک شبکه مهم جهانی به شمار می‌رود، زیرا کشورها را گرد هم می‌آورد تا راهکارهایی برای افزایش تولید غذا بدون افزایش انتشار گازهای گلخانه‌ای بیابند. این ائتلاف دارای گروه پژوهش دام (LRG)^۹ است که

¹ Institutional culture collections

² International Institute of Tropical Agriculture

³ Environmental Sustainability Research Centre

⁴ Rowett Research Institute, University of Aberdeen, United Kingdom

⁵ University of Ljubljana, Slovenia

⁶ Centre of Biosciences, Institute of Animal Physiology, Slovak Academy of Sciences, Slovakia

⁷ O'Malley Lab

⁸ University of California Santa Barbara, United States of America

⁹ Livestock Research Group; <https://globalresearchalliance.org/research/livestock>

فعالیت‌های آن، از جمله، بر پایه شبکه میکروبیوم شکمبه (RMG)^۱ استوار است. علاوه بر این، برخی از ذی‌نفعان صنعتی نیز ممکن است جدایه‌های کشت خالص از میکروب‌های شکمبه را در اختیار داشته باشند (برای مثال شرکت DSM Novozymes). با این حال، به دلیل ملاحظات مربوط به مالکیت فکری، اطلاع دقیق از آنچه در اختیار دارند دشوار است و احتمالاً این اطلاعات نیز به‌صورت عمومی منتشر نخواهد شد.

^۱ Rumen Microbial Genomics

کادر ۶. دیدگاه‌های کارشناسان درباره وضعیت کنونی همکاری میان سازمان‌هایی که در استفاده پایدار و حفاظت از میکروارگانیسم‌های مرتبط با هضم نشخوارکنندگان نقش دارند

پاسخ‌دهندگان به نظرسنجی بیان کردند که همکاری‌های پژوهشی وجود دارد و این همکاری‌ها فرصت‌هایی برای توسعه بیشتر نوآوری‌های تحقیقاتی فراهم می‌کند. چندین سازمان بزرگ، پروژه‌های بین‌المللی و شبکه‌های علمی از همکاری میان آزمایشگاه‌ها برای گسترش پژوهش در زمینه استفاده پایدار و حفاظت از میکروارگانیسم‌های مرتبط با هضم نشخوارکنندگان حمایت می‌کنند؛ به‌ویژه در اروپا. با این حال، همکاری میان قاره‌ها بسیار کمتر است، به‌ویژه در ارتباط با کشورهای با درآمد پایین و متوسط. یکی از دلایل این وضعیت ممکن است آن باشد که این حوزه پژوهشی برای بسیاری از بنیادهای علمی موضوعی با اولویت بالا محسوب نمی‌شود یا برای برخی کشورها از اهمیت کمتری برخوردار است؛ در نتیجه، در بسیاری از کشورها منابع مالی بسیار محدودی برای آن اختصاص می‌یابد. دسترسی به منابع مالی برای مشارکت فعال در این ابتکارها همچنان برای بسیاری از پژوهشگران — چه در کشورهای توسعه‌یافته و چه در کشورهای با درآمد پایین و متوسط — یک چالش به شمار می‌رود.

پاسخ‌دهندگان به طور کلی توافق داشتند که افزون بر چالش‌های مالی، دشواری‌های مربوط به امور اداری در توافق‌نامه‌های انتقال مواد و فناوری، مسائل مربوط به مالکیت فکری و سایر موانع اداری نیز همکاری میان سازمان‌ها را با مشکل مواجه می‌کند. با این حال، آنان اشاره کردند که بیشتر همکاران علمی تمایل به همکاری دارند و معمولاً اشتراک‌گذاری یا دریافت سویه‌های میکروبی از سایر گروه‌ها نسبتاً آسان است.

پاسخ‌دهندگان همچنین بیان کردند که لازم است «پروتکل ناگویا» مورد بازنگری و اصلاح قرار گیرد تا انتقال مواد ژنتیکی میان کشورها با سهولت بیشتری انجام شود.

آنان همچنین بر ضرورت ایجاد برنامه‌های تأمین مالی بین‌المللی تأکید کردند که امکان اختصاص منابع مالی به شرکای بین‌المللی خارج از اروپا را فراهم کند؛ زیرا بیشتر ابتکارهای موجود در حال حاضر در اروپا متمرکز هستند.

منبع:

پاسخ‌های به‌دست‌آمده از نظرسنجی کارشناسان که برای این مطالعه انجام شده است.

جدول ۲. مهم‌ترین مؤسسات دانشگاهی دارای ظرفیت و توانمندی برای گسترش پژوهش در زمینه عملکرد میکروبی و نگهداری مجموعه‌های کشت مرتبط با تنوع ژنتیکی میکروارگانیسم‌های دستگاه گوارش

پژوهشگران دانشگاهی	موسسه
پروفسور Tim McAllister	Agriculture and Agri-Food Canada (AAFC)، کانادا
دکتر Hugo Jiminez	Agrosavia، کلمبیا
دکتر William Kelly دکتر Graeme Attwood دکتر Peter Janssen دکتر Sinead Leahy	AgResearch، نیوزیلند
پروفسور Itzik Mizrahi	Ben-Gurion University، اسرائیل
پروفسور Shengguo Zhao	Chinese Academy of Agricultural Science، چین
دکتر Chris McSweeney دکتر Stuart Denman	Commonwealth Scientific and Industrial Research Organisation (CSIRO)، استرالیا
دکتر Diego Morgavi دکتر Milka Poppova دکتر Cecile Martin دکتر Evelyn Forano	National Research Institute for Agriculture, Food and Environment (INRAE)، فرانسه

پژوهشگران دانشگاهی	موسسه
پروفسور Weiyun Zhu پروفسور Yanfen Chen	Nanjing Agricultural University، چین
پروفسور Sharon Huws پروفسور Chris Creevey	Queen's University Belfast، بریتانیا
دکتر David Yanez-Ruiz	Spanish National Research Council (CSIC) اسپانیا
پروفسور Sinead Waters	Teagasc، ایرلند
دکتر Matthias Hess	University of California, Davis (UC Davis) ایالات متحده آمریکا
دکتر Hilario Mantovani دکتر Garret Suen	University of Wisconsin–Madison، ایالات متحده آمریکا
پروفسور Leluo Guan	University of Alberta، کانادا
پروفسور Rod Mackie	University of Illinois Urbana–Champaign ایالات متحده آمریکا

پژوهشگران دانشگاهی	موسسه
پروفسور Hauke Smidt	Wageningen University & Research پادشاهی هلند

در زمینه همکاری میان ذی‌نفعان، چندین پروژه بزرگ از جمله پروژه‌های «افق ۲۰۲۰» اتحادیه اروپا^۱ مانند MASTER^۲ و Holoruminant^۳ نقش مهمی ایفا می‌کنند. با این حال، پاسخ‌دهندگان به نظرسنجی کارشناسی اشاره کردند که همکاری برای پژوهشگران کشورهای با درآمد پایین و متوسط چالش‌برانگیزتر است که این امر عمدتاً به دلیل عدم وجود منابع مالی کافی است (کادر ۶).

^۱ Union Horizon Horizon 2020 projects

^۲ <https://www.master-h2020.eu>

^۳ <https://holoruminant.eu>

۹. خلاها و نقاط ضعف

۱.۹. خلاهای پژوهشی

در بیست سال گذشته، پیشرفت قابل توجهی در پژوهش‌ها و فناوری‌ها اتفاق افتاده است که امکان تعریف دقیق‌تر از مفهوم میکروبیوم «بهینه» شکمبه برای دستیابی به اهدافی مانند کاهش انتشار متان و نیز چگونگی دستیابی به چنین میکروبیومی را فراهم کرده‌اند. با این حال، همچنان خلاهای مهمی در درک علمی ما و همچنین در توانایی ما برای ایجاد تأثیرات ملموس در سطح جامعه وجود دارد. برای نمونه، طی حدود دو دهه گذشته تمرکز اصلی پژوهش‌ها بر توالی‌یابی مبتنی بر اسیدهای نوکلئیک در میکروبیوم شکمبه بوده است تا تنوع و کارکرد آن در چارچوب فرضیه‌های مختلف ارزیابی شود. با وجود آنکه این مطالعات در ایجاد ارتباط میان میکروبیوم شکمبه و فنوتیپ میزبان مفید بوده‌اند، اغلب قادر نیستند تأیید کنند که آیا ارتباط مشاهده شده با یک میکروارگانیسم یا ژن خاص واقعی است یا خیر؛ به عبارت دیگر، این روش‌ها معمولاً امکان گذار از «همبستگی»^۱ به «رابطه علیت»^۲ را فراهم نمی‌کنند. این گام زمانی قابل تحقق است که جدایه مورد نظر یا یک خویشاوند نزدیک آن در کشت خالص در دسترس باشد، زیرا در این صورت می‌توان فرضیه‌های حاصل از مطالعات «آمیک» را به‌طور تجربی آزمون کرد. با این حال، در دوران گسترش فناوری‌های آمیک، حوزه کشت و پرورش میکروارگانیسم‌ها تا حد زیادی مورد غفلت قرار گرفته است. در عین حال، نیاز به کشت میکروبی پیشرفته (کشت پر حجم و گسترده) و سپس تعیین توالی ژنوم آن‌ها هرگز تا این اندازه اهمیت نداشته است. در واقع، این رویکرد در سایر اکوسیستم‌ها، از جمله دستگاه گوارش انسان، به سرعت در حال پیشرفت است؛ زیرا امروزه بیشتر دانشمندان به این نتیجه رسیده‌اند که توالی‌یابی به‌تنهایی نمی‌تواند

¹ Correlation

² Causation

اطلاعات دقیق مورد نیاز برای آزمون فرضیه‌ها را فراهم کند (Lagier و همکاران، ۲۰۱۸؛ Forster و همکاران، ۲۰۱۹).

امکان استفاده از جدایه‌های میکروبی به‌عنوان DFM‌ها، به‌ویژه در ترکیب با افزودنی‌های کاهنده متان، می‌تواند به کاهش بیشتر تولید متان و افزایش تولید کمک کند؛ به‌طوری‌که با هدایت هیدروژن به سوی اسیدهای چرب فرار کلیدی، کارایی تولید بهبود یابد. همچنین، این جدایه‌ها می‌توانند زمینه تسریع نوآوری‌های مهمی را فراهم کنند؛ از جمله توسعه واکسن‌های ضد متان مبتنی بر پروتئین‌های سطح سلولی متانوژن‌ها. این پروتئین‌ها در حال حاضر تا حد زیادی ناشناخته هستند، زیرا تعداد متانوژن‌های قابل دسترس در کشت خالص بسیار محدود است. علاوه بر این، وجود این جدایه‌ها امکان درک بهتر چگونگی انتقال هیدروژن در شکمبه را فراهم می‌کند و در نتیجه توسعه راهکارهای نوآورانه برای هدایت هیدروژن به سمت تولید انرژی، به جای متانوژن، تسهیل خواهد شد. ژنوم‌های میکروبی به‌دست‌آمده نیز توانایی ما را برای استنباط عملکرد از مطالعات توالی‌یابی مبتنی بر تنوع میکروبی را به طور قابل توجهی افزایش می‌دهند؛ به‌ویژه از طریق تقویت پایگاه داده CowPI (نگاه کنید به بخش ۳.۵). همچنین جدایه‌های میکروبی برای ارزیابی خطرات مقاومت ضد میکروبی - که از چالش‌های مهم آینده در رویکرد «سلامت واحد»^۱ به شمار می‌روند - اهمیت زیادی دارند و در عین حال امکان کشف و بهره‌برداری از ترکیبات زیست‌فعال جدید را نیز فراهم می‌کنند.

بدیهی است که کشت میکروارگانیسم‌ها باید برای تمامی میکروب‌های شکمبه انجام شود تا امکان اتخاذ یک رویکرد جامع و کل‌نگر نسبت به این سامانه فراهم گردد. با این حال، پروتوزوای شکمبه از جمله میکروارگانیسم‌هایی هستند که کشت آن‌ها در خارج از محیط شکمبه با چالش‌های ویژه‌ای همراه است. به طور کلی، شناخت تنوع کنونی میکروارگانیسم‌های مرتبط با هضم در نشخوارکنندگان - به گونه‌ای که بتوان

¹ One Health

هرگونه کاهش احتمالی در این تنوع را در آینده پایش و ردیابی کرد — یکی از نیازهای اساسی پژوهشی به شمار می‌رود.

به همین ترتیب، اگرچه پیشرفت‌های قابل توجهی در درک اثر مداخلات تغذیه‌ای بر میکروبیوم شکمبه و در نهایت بر فنوتیپ حیوان حاصل شده است، پژوهش در این حوزه باید همچنان ادامه یابد تا بتوان رژیم‌های غذایی بهینه برای عملکرد مطلوب میکروبیوم شکمبه را در میان گونه‌های مختلف نشخوارکننده و در مناطق جغرافیایی گوناگون شناسایی کرد. این موضوع به‌ویژه از نظر تأمین امنیت خوراک نشخوارکنندگان اهمیت دارد؛ زیرا می‌تواند وابستگی به برخی اجزای خوراک — به‌ویژه مواد اولیه غنی از پروتئین مانند سویا که نیازمند واردات هستند — را کاهش دهد. چنین رویکردی همچنین به کاهش ردپای کربنی خوراک نشخوارکنندگان کمک خواهد کرد (Pexas, Doherty و Kyriazakis، ۲۰۲۳). در نهایت، پژوهش در زمینه اصلاح نژاد نشخوارکنندگانی که دارای میکروبیوم بهینه هستند و در نتیجه فنوتیپ مطلوب‌تری از خود نشان می‌دهند نیز باید ادامه یابد. اصلاح نژاد یک راهبرد بلندمدت است و بنابراین به تأمین مالی پایدار و طولانی‌مدت نیاز دارد تا طی نسل‌های متوالی، صفات مطلوب و ارزش‌های اصلاحی برآوردشده شکل گرفته و سپس در صنعت مورد استفاده قرار گیرند. مهم‌ترین خلاهای پژوهشی موجود در حال حاضر در جدول ۳ خلاصه شده‌اند.

جدول ۳. خلاصه‌ای از خلاهای پژوهشی موجود

خلا	نیازمندی برای رفع خلا	نمونه‌هایی از مزایای رفع این خلا
دسترس‌پذیری پایین کشت‌های خالص از میکروارگانیسم‌های شکمبه از جمله ژنوم‌های مونتاژشده از متاژنوم که حاوی rRNA هستند؛ یعنی داده‌های ژنوم مونتاژشده از داده‌های متاژنومی با کیفیت بالا	تامین بودجه و ایجاد زیرساخت‌هایی که امکان کشت جهانی، ژنوتیپ‌یابی و فنوتیپ‌یابی میکروارگانیسم‌های شکمبه را با استفاده از فناوری‌های نوین فراهم کند؛ از جمله تقویت مخازن کشت با دسترسی آزاد و توسعه پایگاه‌های داده حاوی داده‌های ژنوم مونتاژشده از داده‌های متاژنومی با کیفیت بالا که دارای ژن‌های rRNA هستند.	- افزایش توانایی در تفسیر داده‌های متاژنومیک و در نهایت بهبود درک مکانیکی از میکروبیوم شکمبه. - امکان آزمون فرضیه‌ها به صورت علیت، نه صرفاً همبستگی؛ یعنی بررسی اینکه آیا یک میکروب واقعاً عملکردی را که داده‌های همبستگی نشان می‌دهند انجام می‌دهد یا خیر. - امکان بررسی جریان‌های هیدروژن در شکمبه در ارتباط با نیاز به کاهش انتشار متان از نشخوارکنندگان. - افزایش ظرفیت توسعه نوآوری‌های هدفمند مبتنی بر میکروبیوم برای حل چالش‌های تولید در نشخوارکنندگان؛ برای مثال، ترکیب 3-NOP به طور اختصاصی برای هدف قرار دادن

خلا	نیازمندی برای رفع خلا	نمونه‌هایی از مزایای رفع این خلا
		آخرین آنزیم در مسیر متانوژنز توسعه یافته است. افزایش دسترسی به میکروارگانیسم‌ها و مواد زیست‌فعال برای صنعت زیست‌فناوری.
درک مداخلات تغذیه‌ای/افزودنی‌ها و سازوکار اثر آن‌ها	افزایش بودجه و زیرساخت برای بررسی اثر طیف گسترده‌ای از جیره‌ها و افزودنی‌های بالقوه موجود در سراسر جهان بر فنوتیپ نشخوارکنندگان، همراه با درک اثرات آن‌ها بر میکروبیوم شکمبه؛ یعنی مشخص شدن اینکه چگونه جیره غذایی از طریق تأثیر بر میکروبیوم باعث تغییر فنوتیپ می‌شود.	- توسعه مداخلات جدید تغذیه‌ای و افزودنی‌های خوراکی که اثرات مثبتی بر عملکرد نشخوارکنندگان در مزرعه داشته باشند، مانند افزایش تولید و کاهش انتشار متان. - درک مکانیسمی بهتر از مداخلات مبتنی بر افزودنی‌ها که احتمال دریافت مجوزهای قانونی برای استفاده از آن‌ها را افزایش داده و زمان مورد نیاز برای این فرایند را کاهش می‌دهد.
درک پتانسیل اصلاح نژاد و سازوکارهای اثر آن	افزایش بودجه و ایجاد زیرساخت‌هایی برای آزمون راهبردهای اصلاح	روشی بلندمدت برای دستیابی به فنوتیپ‌های مورد نیاز

خلا	نیازمندی برای رفع خلا	نمونه‌هایی از مزایای رفع این خلا
	نژاد به منظور بهبود فنوتیپ نشخوارکنندگان (به‌ویژه در زمینه کاهش انتشار متان)، همراه با درک اثر نژاد بر میکروبیوم شکمبه و بالعکس. راهبردهای اصلاح نژاد به‌ویژه نیازمند زمان طولانی و ارزیابی هزاران حیوان برای فنوتیپ مورد نظر هستند.	جهت تولید پایدار در نشخوارکنندگان. • به‌کارگیری راهبردهای بهینه اصلاح نژاد همراه با جیره‌های غذایی بهینه می‌تواند راه‌حل نهایی برای دستیابی به تولید پایدار در نشخوارکنندگان باشد.

۲.۹ حفاظت و مجموعه‌های کشت

سیاست‌های دسترسی آزاد، به‌ویژه آن دسته از سیاست‌هایی که به انتشار پژوهش‌های مبتنی بر کشت‌های خالص مربوط می‌شوند، در حال حاضر پژوهشگران را ملزم به سپردن جدایه‌ها به مجموعه‌های کشت نمی‌کنند. در نتیجه، بسیاری از این جدایه‌ها در فریزرهای آزمایشگاه‌های دانشگاهی نگهداری می‌شوند. ما پیشنهاد می‌کنیم که مجلات علمی پیش از انتشار مقالات، سپردن جدایه‌ها به مجموعه‌های کشت را الزامی کنند تا سایر ذی‌نفعان نیز بتوانند به آن‌ها دسترسی داشته باشند. همان‌گونه که پیش‌تر اشاره شد، در نبود چنین سیاست‌هایی، این میکروارگانیسم‌ها در فریزرهای مختلف در سراسر جهان باقی می‌مانند و این وضعیت خطر قابل توجهی ایجاد می‌کند؛ زیرا ممکن است به مرور زمان زنده‌مانی خود را از دست بدهند و برای همیشه از دسترس جامعه علمی خارج شوند. بدیهی است اجرای چنین سیاستی مستلزم آن است که مجموعه‌های کشت از زیرساخت و ظرفیت لازم برای مدیریت افزایش تعداد میکروارگانیسم‌های سپرده‌شده برخوردار باشند.

۳.۹ سیاست‌ها و مقررات

دسترسی منصفانه و عادلانه به منابع ژنتیکی میکروبی شکمبه یکی از حوزه‌های مهمی است که نیازمند اصلاح و تغییر است. «پروتکل ناگویا» به دلیل میزان بالای بوروکراسی و حجم زیاد مدارک و تشریفات اداری مورد نیاز برای دریافت نمونه‌ها یا میکروارگانیسم‌ها از کشورهای عضو این پروتکل، به مانعی مهم در تبادل مواد ژنتیکی تبدیل شده است. با توجه به اهمیت چنین تبادلاتی در مواجهه با چالش‌های جهانی، مانند بهبود امنیت غذایی و کاهش اثرات تغییرات اقلیمی، کاهش این موانع از اهمیت اساسی برخوردار است. از این رو، پیشنهاد می‌شود یک رویه استاندارد و ساده برای تدوین سیاست‌ها، قوانین و ترتیبات نهادی مرتبط با تبادل منابع ژنتیکی میکروبی

شکمه طراحی و اجرا شود. همچنین بازنگری در قوانین مربوط به مالکیت فکری در حوزه میکروارگانیسم‌ها پیشنهاد می‌شود، زیرا این قوانین در وضعیت کنونی می‌توانند به مانعی برای همکاری‌های علمی تبدیل شوند و روند پیشرفت پژوهش را کند سازند.

بدیهی است که بخش دامپروری در حال حاضر تحت فشار شدید قرار دارد تا در بازه زمانی نسبتاً کوتاهی راهکارهای نوآورانه‌ای برای کاهش انتشار متان از نشخوارکنندگان ارائه دهد. ارائه افزودنی‌های خوراکی نوآورانه که بتوانند در پاسخ به این چالش مؤثر باشند، مستلزم ایجاد تغییراتی در چارچوب‌های مقرراتی است تا امکان تأیید و استفاده از آن‌ها با سرعت بیشتری فراهم شود؛ البته همچنان با حفظ ارزیابی‌های لازم در زمینه کارایی و ایمنی. مداخلات تغذیه‌ای برای کاهش انتشار متان ممکن است هزینه‌بر باشند و استفاده از آن‌ها برای دامداران بار مالی ایجاد کند. از این رو، همه ذی‌نفعان باید به‌طور فوری بررسی کنند که چگونه می‌توان این هزینه‌ها را به دامداران بازگرداند؛ برای مثال از طریق پرداخت از سوی مصرف‌کنندگان (یا خرده‌فروشان و فروشگاه‌های زنجیره‌ای) یا از طریق سازوکارهایی مانند چارچوب‌های کربنی دولتی که در آن‌ها به دامداران بر اساس وضعیت خالص کربنی فعالیتشان پرداخت انجام می‌شود. علم به‌زودی مجموعه‌ای از نوآوری‌ها را برای کاهش انتشار متان در نشخوارکنندگان ارائه خواهد داد. با این حال، این نوآوری‌ها تا زمانی که دامداران قادر نباشند هزینه‌های خود را جبران کنند، به‌طور گسترده مورد پذیرش قرار نخواهند گرفت.

۱۰. راهکارهای بالقوه‌ای که کمیسیون و اعضای آن می‌توانند برای رفع خلأها و ضعف‌های موجود در استفاده پایدار و حفاظت از میکروارگانیسم‌های مرتبط با هضم در نشخوارکنندگان ارائه دهند

بر اساس بررسی داده‌های علمی موجود، سیاست‌ها و مقررات جاری، و همچنین دیدگاه‌های مطرح‌شده توسط متخصصان، راهکارهای بالقوه زیر پیشنهاد می‌شود که از طریق آن‌ها کمیسیون و اعضای آن می‌توانند در رفع خلأها و ضعف‌های موجود در استفاده پایدار و حفاظت از میکروارگانیسم‌های مرتبط با هضم در نشخوارکنندگان مشارکت کنند:

- تشکیل یک گروه کارشناسی جهانی برای کار بر روی اولویت‌بندی فعالیت‌های مرتبط با مدیریت میکروارگانیسم‌های مؤثر در هضم نشخوارکنندگان و نیز شناسایی تهدیدهای موجود برای استفاده پایدار و حفاظت از این میکروارگانیسم‌ها؛
- اطمینان از تأمین منابع کافی برای ابتکارات و برنامه‌های پژوهشی جهانی در زمینه کشت، فهرست‌برداری و مدیریت میکروارگانیسم‌های شکمبه؛
- ترویج سیاست‌های دسترسی آزاد به گونه‌ای که بر اساس آن، تمامی جدایه‌های میکروبی حاصل از کشت خالص پیش از انتشار هرگونه داده مرتبط با ارگانیسم(های) مربوطه، در مجموعه‌های کشت ذخیره سازی شوند؛
- تقویت ظرفیت مجموعه‌های کشت در سطح جهانی برای پاسخ‌گویی به افزایش تقاضایی که در نتیجه اجرای سیاست الزام ذخیره سازی جدایه‌ها در مجموعه‌های کشت ایجاد خواهد شد؛
- ترویج تأمین مالی پژوهش‌ها در زمینه نوآوری‌های مرتبط با مدیریت میکروبیوم شکمبه، به‌ویژه در ارتباط با اصلاح نژاد نشخوارکنندگان و نوآوری‌های تغذیه‌ای؛

- بهبود فرصت‌های تأمین مالی برای توسعه پایگاه‌های داده مربوط به ژنوم‌ها و فنوتیپ‌های جدایه‌ها، همراه با تقویت تخصص‌های محاسباتی لازم برای تبدیل این داده‌های پایه به حاشیه‌نویسی‌های پیشرفته‌تر متاژنومیک و در نهایت امکان استنباط ظرفیت‌های تخمیری و میزان دسترسی مواد مغذی برای میزبان؛
- آغاز و پیگیری اصلاحاتی در پروتکل ناگویا به‌منظور تسهیل تبادل جهانی نمونه‌ها و میکروارگانیزم‌ها؛
- فراهم کردن مشوق‌هایی برای ترغیب همکاری‌های جهانی، به‌ویژه همکاری‌هایی که کشورهای با درآمد پایین و متوسط را در بر می‌گیرد.

Abbott, D.W., Aasen, I.M., Beauchemin, K.A., Grondahl, F., Gruninger, R., Hayes, M., Huws, S., *et al.* 2020. Seaweed and seaweed bioactives for mitigation of enteric methane: challenges and opportunities. *Animals* (Basel), 10(12): 2432. <https://doi.org/10.3390/ani10122432>

Abecia, L., Jiménez, E., Martínez-Fernández, G., Martín-García, A.I., Ramos-Morales, E., Pinloche, E., Denman, S.E., Newbold, C.J. & Yáñez-Ruiz, D.R. 2017. Natural and artificial feeding management before weaning promote different rumen microbial colonization but not differences in gene expression levels at the rumen epithelium of newborn goats. *PLoS ONE*, 12(8): e0182235. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0182235>

Adams, J.C., Gazaway, J.A., Brailsford, M.D., Hartman, P.A. & Jacobson, N.L. 1966. Isolation of bacteriophages from the bovine rumen. *Experientia*, 22(11): 717–718. <https://doi.org/10.1007/BF01901335>

Anderson, C.L. & Fernando, S.C. 2021. Insights into rumen microbial biosynthetic gene cluster diversity through genome-resolved metagenomics. *Communications Biology*, 4: 818. <https://doi.org/10.1038/s42003-021-02331-7>

Arndt, C., Hristov, A.N., Price, W.J., McClelland, S.C., Pelaez, A.M., Cueva, S.F., Oh, J., *et al.* 2022. Full adoption of the most effective strategies to mitigate methane emissions by ruminants can help meet the 1.5 °C target by 2030 but not 2050. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 119(20): e2111294119. <https://doi.org/10.1073/pnas.2111294119>

Askew, K. 2022. ‘We plan to sharply increase production in 2023–24’: Methane-reduced beef trial in Sweden ‘sold out in less than a week’. *Food Navigator Europe*. [Cited 8 December 2023]. <https://www.esmmagazine.com>

Astuti, W.D., Wiryawan, K.G., Wina, E., Widyastuti, Y., Suharti, S. & Ridwan, R. 2018. Effects of selected *Lactobacillus plantarum* as probiotic

on in vitro ruminal fermentation and microbial population. *Pakistan Journal of Nutrition*, 17(3): 131–139. <https://dx.doi.org/10.3923/pjn.2018.131.139>

Attwood, G.T. & Leahy, S.C. 2020. The rumen archaea. In: C.S. McSweeney & D.I. Mackie (eds.). *Improving rumen function*. pp. 133–189. Cambridge, UK: Burleigh Dodds Publishing.

Auffret, M.D., Dewhurst, R.J., Duthie, C.A., Rooke, J.A., Wallace, R., Freeman, T.C., Stewart, R., Watson, M. & Roehe, R. 2017. The rumen microbiome as a reservoir of antimicrobial resistance and pathogenicity genes is directly affected by diet in beef cattle. *Microbiome*, 5: 159. <https://doi.org/10.1186/s40168-017-0378-z>

Auffret, M.D., Stewart, R., Dewhurst, R.J., Duthie, C.A., Rooke, J.A., Wallace, R.J., Freeman, T.C., Snelling, T.J., Watson, M. & Roehe, R. 2018. Identification, comparison, and validation of robust rumen microbial biomarkers for methane emissions using diverse *Bos taurus* breeds and basal diets. *Frontiers in Microbiology*, 8: 2642. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2017.02642>

Azevedo, A.C., Bento, C.B., Ruiz, J.C., Queiroz, M.V. & Mantovani, H.C. 2015. Distribution and genetic diversity of bacteriocin gene clusters in rumen microbial genomes. *Applied and Environmental Microbiology*, 81(20): 7290–7304. <https://doi.org/10.1128/AEM.01223-15>

Ban, Y. & Guan, L.L. 2021. Implication and challenges of direct-fed microbial supplementation to improve ruminant production and health. *Journal of Animal Science and Biotechnology*, 12(1): 109. <https://doi.org/10.1186/s40104-021-00630-x>

Barr, D.J.S. 1980. An outline for the reclassification of the Chytridiales, and for a new order, the Spizellomycetales. *Canadian Journal of Botany*, 58: 2380–2394. <https://doi.org/10.1139/b80-276>

Barr, D.J.S. 1988. How modern systematics relates to the rumen fungi. *Biosystems*, 21(3–4): 351–356. [https://doi.org/10.1016/0303-2647\(88\)90032-9](https://doi.org/10.1016/0303-2647(88)90032-9)

Bauchop, T. & Mountfort, D.O. 1981. Cellulose fermentation by a rumen anaerobic fungus in both the absence and the presence of rumen

methanogens. *Applied and Environmental Microbiology*, 42(6): 1103–1110. <https://doi.org/10.1128/aem.42.6.1103-1110.1981>

Beauchemin, K.A., Ungerfeld, E.M., Eckard, R.J. & Wang, M. 2020. Review: fifty years of research on rumen methanogenesis: lessons learned and future challenges for mitigation. *Animal*, 14(S1): S2–S16. <https://doi.org/10.1017/S1751731119003100>

Beauchemin, K.A., Ungerfeld, E.M., Abdalla, A.L., Alvarez, C., Arndt, C., Becquet, P., Benchaar, C., *et al.* 2022. Invited review: Current enteric methane mitigation options. *Journal of Dairy Science*, 105(12): 9297–9326. <https://doi.org/10.3168/jds.2022-22091>

Belanche, A., de la Fuente, G. & Newbold, C.J. 2014. Study of methanogen communities associated with different rumen protozoal populations. *FEMS Microbiology Ecology*, 90(3): 663–677. <https://doi.org/10.1111/1574-6941.12423>

Belanche, A., Doreau, M., Edwards, J.E., Moorby, J.M., Pinloche, E. & Newbold, C.J. 2012. Shifts in the rumen microbiota due to the type of carbohydrate and level of protein ingested by dairy cattle are associated with changes in rumen fermentation. *The Journal of Nutrition*, 142(9): 1684–1692. <https://doi.org/10.3945/jn.112.159574>

Berry, D. & Widder, S. 2014. Deciphering microbial interactions and detecting keystone species with co-occurrence networks. *Frontiers in Microbiology*, 5: 219. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2014.00219>

Bickhart, D.M., Kolmogorov, M., Tseng, E., Portik, D.M., Korobeynikov, A., Tolstoganov, I., Uritskiy, G., *et al.* 2022. Generating lineage-resolved, complete metagenome-assembled genomes from complex microbial communities. *Nature Biotechnology*, 40: 711–719. <https://doi.org/10.1038/s41587-021-01130-z>

Boland, T.M., Quinlan, C., Pierce, K.M., Lynch, M.B., Kenny, D.A., Kelly, A.K. & Purcell, P.J. 2013. The effect of pasture pregrazing herbage mass on methane emissions, ruminal fermentation, and average daily gain of grazing beef heifers. *Journal of Animal Science*, 91: 3867–3874. <https://doi.org/10.2527/jas.2013-5900>

- Brashears, M.M., Amezcuita, A. & Jaroni, D. 2005. Lactic acid bacteria and their uses in animal feeding to improve food safety. *Advances in Food and Nutrition Research*, 50: 1–31. [https://doi.org/10.1016/S1043-4526\(05\)50001-9](https://doi.org/10.1016/S1043-4526(05)50001-9)
- Cain, M., Lynch, J., Allen, M.R., Fuglestedt, J.S., Frame, D.J. & Macey, A.H. 2019. Improved calculation of warming-equivalent emissions for short-lived climate pollutants. *npj Climate and Atmospheric Science*, 2: 29. <https://doi.org/10.1038/s41612-019-0086-4>
- Cao, Y., Takahashi, T., Horiguchi, K. & Yoshida, N. 2010a. Effect of adding lactic acid bacteria and molasses on fermentation quality and in vitro ruminal digestion of total mixed ration silage prepared with whole crop rice. *Grassland Science*, 56(1): 19–25. <https://doi.org/10.1111/j.1744-697X.2009.00168.x>
- Cao, Y., Takahashi, T., Horiguchi, K., Yoshida, N. & Cai, Y. 2010b. Methane emissions from sheep fed fermented or non-fermented total mixed ration containing whole-crop rice and rice bran. *Animal Feed Science and Technology*, 157(1–2): 72–78. <https://doi.org/10.1016/j.anifeedsci.2010.02.004>
- Cheng, K.-J. & Costerton, J.W. 1980. Adherent rumen bacteria-their role in the digestion of plant material, urea and epithelial cells. In: Y. Ruckebusch & P. Thivend (eds.). *Digestive physiology and metabolism. in ruminants*. Proceedings of the 5th International Symposium on Ruminant Physiology, held at Clermont-Ferrand, on 3rd–7th September 1979. pp 227–250. Dordrecht, Netherlands, Springer.
- Cheng, K.J., McCowan, R.P. & Costerton, J.W. 1979. Adherent epithelial bacteria in ruminants and their roles in digestive tract function. *The American Journal of Clinical Nutrition*, 32(1): 139–148. <https://doi.org/10.1093/ajcn/32.1.139>
- Cheng, Y.F., Edwards, J.E., Allison, G.G., Zhu, W.Y. & Theodorou, M.K. 2009. Diversity and activity of enriched ruminal cultures of anaerobic fungi and methanogens grown together on lignocellulose in consecutive batch culture. *Bioresource Technology*, 100(20): 4821–4828. <https://doi.org/10.1016/j.biortech.2009.04.031>

Creevey, C.J., Kelly, W.J., Henderson, G. & Leahy, S.C. 2014. Determining the culturability of the rumen bacterial microbiome. *Microbial Biotechnology*, 7(5): 467–479.

Crumpler, K., Abi Khalil, R., Tanganelli, E., Rai, N., Roffredi, L., Meybeck, A., Umulisa, V., Wolf, J. & Bernoux, M. 2021. 2021 (Interim) Global update report – agriculture, forestry and fisheries in the Nationally Determined Contributions. Environment and Natural Resources Management Working Paper No. 91. Rome: FAO. <https://doi.org/10.4060/cb7442en>

de Haas, Y., Pszczola, M., Soyeurt, H., Wall, E. & Lassen, J. 2017. Invited review: Phenotypes to genetically reduce greenhouse gas emissions in dairying. *Journal of Dairy Science*, 100(2): 855–870. <https://doi.org/10.3168/jds.2016-11246>

de Oliveira, I.M.F., Godoy-Santos, F., Oyama, L.B., Moreira, S.M., Dias, R.G., Huws, S.A., Creevey, C.J. & Mantovani, H.C. 2022. Whole-genome sequencing and comparative genomic analysis of antimicrobial producing *Streptococcus lutetiensis* from the rumen. *Microorganisms*, 10(3): 551. <https://doi.org/10.3390/microorganisms10030551>

de Souza Congio, S.F., Bannik, A. & Mogollon, O.L.M. 2021. Enteric methane mitigation strategies for ruminal livestock systems in the Latin America and Caribbean region. *Journal of Cleaner Production*, 312: 127693. <https://doi.org/10.1016/j.jclepro.2021.127693>

Dey, A., Sehgal, J.P., Puniya, A.K. & Singh, K. 2004. Influence of an anaerobic fungal culture (*Orpinomyces* sp.) administration on growth rate, ruminal fermentation and nutrient digestion in calves. *Asian-Australasian Journal of Animal Sciences*, 17(6): 820–824. <https://doi.org/10.5713/ajas.2004.820>

Difford, G.F., Plichta, D.R., Løvendahl, P., Lassen, J., Noel, S.J., Højberg, O., Wright, A.G., *et al.* 2018. Host genetics and the rumen microbiome jointly associate with methane emissions in dairy cows. *PLoS Genetics*, 14(10): e1007580. <https://doi.org/10.1371/journal.pgen.1007580>

Dill-McFarland, K.A., Weimer, P.J., Breaker, J.D. & Suen, G. 2019. Diet influences early microbiota development in dairy calves without long-term

impacts on milk production. *Applied and Environmental Microbiology*, 85(2): e02141-18. <https://doi.org/10.1128/AEM.02141-18>

Doyle, N., Mbandlwa, P., Kelly, W.J., Attwood, G., Li, Y., Ross, R.P., Stanton, C. & Leahy, S. 2019. Use of lactic acid bacteria to reduce methane production in ruminants: a critical review. *Frontiers in Microbiology*, 10: 2207. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2019.02207>

Edwards, J.E., Forster, R.J., Callaghan, T.M., Dollhofer, V., Dagar, S.S., Cheng, Y., Chang, J., *et al.* 2017. PCR and omics-based techniques to study the diversity, ecology and biology of anaerobic fungi: insights, challenges and opportunities. *Frontiers in Microbiology*, 8: 1657. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2017.01657>

Elekwachi, C.O., Wang, Z., Wu, X., Rabee, A. & Forster, R.J. 2017. Total rRNA-seq analysis gives insight into bacterial, fungal, protozoal and archaeal communities in the rumen using an optimized RNA isolation method. *Frontiers in Microbiology*, 8: 1814. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2017.01814>

Ellis, J.L., Hindrichsen, I.K., Klop, G., Kinley, R.D., Milora, N., Bannink, A. & Dijkstra, J. 2016. Effects of lactic acid bacteria silage inoculation on methane emission and productivity of Holstein Friesian dairy cattle. *Journal of Dairy Science*, 99(9): 7159–7174. <https://doi.org/10.3168/jds.2015-10754>

Enriquez-Hidalgo, D., Gilliland, T., Deighton, M.H., O'Donovan, M. & Hennessy, D. 2014. Milk production and enteric methane emissions by dairy cows grazing fertilized perennial ryegrass pasture with or without inclusion of white clover. *Journal of Dairy Science*, 97: 1400–1412. <https://doi.org/10.3168/jds.2013-7034>

Eugène, M., Klumpp, K. & Sauvant, D. 2021. Methane mitigating options with forages fed to ruminants. *Grass and Forage Science*, 76(2): 196–201. <https://doi.org/10.1111/gfs.12540>

Fernando, S.C., Purvis, H.T., Najar, F.Z., Sukharnikov, L.O., Krehbiel, C.R., Nagaraja, T.G., Roe, B.A. & da Silva, U. 2010. Rumen microbial population dynamics during adaptation to a high-grain diet. *Applied and*

Environmental Microbiology, 76: 7482–7490.
<https://doi.org/10.1128/AEM.00388-10>

Forster, S., Kumar, N., Anonye, B.O., Almeida, A., Viciani, E., Stares, M.D., Dunn, M., *et al.* 2019. A human gut bacterial genome and culture collection for improved metagenomic analyses. *Nature Biotechnology*, 37: 186–192. <https://doi.org/10.1038/s41587-018-0009-7>

Friedersdorff, J.C.A., Kingston-Smith, A.H., Pachebat, J.A., Cookson, A.R. & Rooke, J.A. 2020. The isolation and genome sequencing of five novel bacteriophages from the rumen active against *Butyrivibrio fibrisolvens*. *Frontiers in Microbiology*, 11: 1588. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2020.01588>

Furman, O., Shenhav, L., Sasson, G., Kokou, F., Honig, H., Jacoby, S., Hertz, T., *et al.* 2020. Stochasticity constrained by deterministic effects of diet and age drive rumen microbiome assembly dynamics. *Nature Communications*, 11: 1904. <https://doi.org/10.1038/s41467-020-15652-8>

Gerber, P.J., Steinfeld, H., Henderson, B., Mottet, A., Opio, C., Dijkman, J., Falcucci, A. & Tempio, G. 2013. Tackling climate change through livestock – a global assessment of emissions and mitigation opportunities. Rome: FAO. <https://www.fao.org/3/i3437e/i3437e.pdf>

Gilbert, R.A. & Klieve, A.V. 2015. Ruminal viruses (bacteriophages, archaeaphages). In: A. Puniya, R. Singh & D. Kamra (eds.). *Rumen microbiology: from evolution to revolution*. pp. 121–141. New Delhi: Springer. https://doi.org/10.1007/978-81-322-2401-3_9

Gilbert, R.A., Kelly, W.J., Altermann, E., Leahy, S.C., Minchin, C., Ouwerkerk, D. & Klieve, A.V. 2017. Toward understanding phage–host interactions in the rumen: complete genome sequences of lytic phages infecting rumen bacteria. *Frontiers in Microbiology*, 8: 2340. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2017.02340>

Goopy, J.P., Donaldson, A., Hegarty, R., Vercoe, P.E., Haynes, F., Barnett, M. & Oddy, V.H. 2014. Low-methane yield sheep have smaller rumens and shorter rumen retention time. *British Journal of Nutrition*, 111(4): 578–585. <https://doi.org/10.1017/S0007114513002936>

- Gordon, G.L. & Phillips, M.W. 1998. The role of anaerobic gut fungi in ruminants. *Nutrition Research Reviews*, 11(1): 133–168. <https://doi.org/10.1079/NRR19980009>
- Griswold, K.E., White, B.A. & Mackie, R.I. 1999. Diversity of extracellular proteolytic activities among *Prevotella* species from the rumen. *Current Microbiology*, 39(4): 187–194. <https://doi.org/10.1007/s002849900443>
- Gruby, D. & Delafond, H.M.O. 1843. Recherches sur des animalcules se développant en grand nombre dans l'estomac et dans les intestins, pendant la digestion des animaux herbivores et carnivores. *Comptes Rendus*, 17: 1304–1308.
- Haisan, J., Sun, Y., Guan, L., Beauchemin, K.A., Iwaasa, A., Duval, S., Kindermann, M., Barreda, D.R. & Oba, M. 2016. The effects of feeding 3-nitrooxypropanol at two doses on milk production, rumen fermentation, plasma metabolites, nutrient digestibility, and methane emissions in lactating Holstein cows. *Animal Production Science*, 57: 282–289. <https://doi.org/10.1071/AN15576>
- Hegarty, R.S. 1999. Reducing rumen methane emissions through elimination of rumen protozoa. *Australian Journal of Agricultural Research*, 50: 1321–1328. <https://doi.org/10.1071/AR99008>
- Henderson, G., Cox, F., Ganesh, S., Jonker, A., Young, W., Global Rumen Census Collaborators & Janssen, P.H. 2015. Rumen microbial community composition varies with diet and host, but a core microbiome is found across a wide geographical range. *Scientific Reports*, 5: 14567. <https://doi.org/10.1038/srep14567>
- Hess, M., Sczyrba, A., Egan, R., Kim, T.W., Chokhawala, H., Schroth, G., Luo, S. *et al.* 2011. Metagenomic discovery of biomass-degrading genes and genomes from cow rumen. *Science*, 331: 463–467. <https://doi.org/10.1126/science.1200387>
- Hess, M., Paul, S.S., Puniya, A.K., van der Giezen, M., Shaw, C., Edwards, J.E. & Fliegerová, K. 2020. Anaerobic fungi: past, present, and future. *Frontiers in Microbiology*, 11: 584893. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2020.584893>

- Hibbett, D.S., Binder, M., Bischoff, J.F., Blackwell, M., Cannon, P.F., Eriksson, O.E., Huhndorf, S. *et al.* 2007. A higher-level phylogenetic classification of the Fungi. *Mycological Research*, 111(5): 509–547. <https://doi.org/10.1016/j.mycres.2007.03.004>
- Hristov, A.N., Oh, J., Firkins, J.L., Dijkstra, J., Kebreab, E., Waghorn, G., Makkar, H.P. *et al.* 2013. Mitigation of methane and nitrous oxide emissions from animal operations: I. A review of enteric methane mitigation options. *Journal of Animal Science*, 91(11): 5045–5069. <https://doi.org/10.2527/jas.2013-6583>
- Hristov, A.N., Oh, J., Giallongo, F., Frederick, T.W., Harper, M.T., Weeks, H.L., Branco, A.F. *et al.* 2015. An inhibitor persistently decreased enteric methane emission from dairy cows with no negative effect on milk production. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 112(34): 10663–10668. <https://doi.org/10.1073/pnas.1504124112>
- Hungate, R.E. 1966. *The rumen and its microbes*. New York, USA: Academic Press.
- Hungate, R.E. 1970. Formate as an intermediate in the bovine rumen fermentation. *Journal of Bacteriology*, 102(2): 389–397.
- Huws, S.A., Kim, E.J., Kingston-Smith, A.H., Lee, M.R., Muetzel, S.M., Cookson, A.R., Newbold, C.J., Wallace, R.J. & Scollan, N.D. 2009. Rumen protozoa are rich in polyunsaturated fatty acids due to the ingestion of chloroplasts. *FEMS Microbiology Ecology*, 69(3): 461–471. <https://doi.org/10.1111/j.1574-6941.2009.00717.x>
- Huws, S.A., Lee, M.R., Kingston-Smith, A.H., Kim, E.J., Scott, M.B., Tweed, J.K. & Scollan, N.D. 2012. Ruminant protozoal contribution to the duodenal flow of fatty acids following feeding of steers on forages differing in chloroplast content. *British Journal of Nutrition*, 108: 2207–2214. <https://doi.org/10.1017/S0007114512000335>
- Huws, S.A., Mayorga, O.L., Theodorou, M.K., Onime, L.A., Kim, E.J., Cookson, A.R., Newbold, C.J. & Kingston-Smith, A.H. 2013. Successional colonization of perennial ryegrass by rumen bacteria. *Letters*

in Applied Microbiology, 56(3): 186–196.
<https://doi.org/10.1111/lam.12033>

Huws, S.A., Mayorga, O.L., Theodorou, M.K., Kim, E.J., Cookson, A., Newbold, C.J. & Kingston-Smith, A.H. 2014. Differential colonization of plant parts by the rumen microbiota is likely to be due to different forage chemistries. *Journal of Microbial & Biochemical Technology*, 6(2): 80–86.
<https://doi.org/10.4172/1948-5948.1000126>

Huws, S.A., Edwards, J.E., Creevey, C.J., Rees Stevens, P., Lin, W., Girdwood, S.E., Pachebat, J.A. & Kingston-Smith, A.H. 2016. Temporal dynamics of metabolically active rumen bacteria colonizing fresh perennial ryegrass. *FEMS Microbiology Ecology*, 92(1): fiv137.
<https://doi.org/10.1093/femsec/fiv137>

Huws, S.A., Creevey, C.J., Oyama, L.B., Mizrahi, I., Denman, S.E., Popova, M., Muñoz-Tamayo, R. *et al.* 2018. Addressing global ruminant agricultural challenges through understanding the rumen microbiome: past, present, and future. *Frontiers in Microbiology*, 9: 2161.
<https://doi.org/10.3389/fmicb.2018.02161>

Huws, S.A., Edwards, J.E., Lin, W., Rubino, F., Alston, M., Swarbreck, D., Caim, S. *et al.* 2021. Microbiomes attached to fresh perennial ryegrass are temporally resilient and adapt to changing ecological niches. *Microbiome*, 9: 143. <https://doi.org/10.1186/s40168-021-01087-w>

IPCC (Intergovernmental Panel on Climate Change). 2021. *Climate Change 2021: The Physical Science Basis. Contribution of Working Group I to the Sixth Assessment Report of the Intergovernmental Panel on Climate Change*. V. Masson-Delmotte, P. Zhai, A. Pirani, S.L. Connors, C. Péan, S. Berger, N. Caud, Y. Chen, L. Goldfarb, M.I. Gomis, M. Huang, K. Leitzell, E. Lonnoy, J.B.R. Matthews, T.K. Maycock, T. Waterfield, O. Yelekçi, R. Yu & B. Zhou (eds.). Cambridge, UK & New York, USA: Cambridge University Press. <https://www.ipcc.ch/report/ar6/wg1>

Jami, E., White, B.A. & Mizrahi, I. 2014. Potential role of the bovine rumen microbiome in modulating milk composition and feed efficiency. *PLoS ONE*, 9(1): e85423. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0085423>

Jami, E., Israel, A., Kotser, A. & Mizrahi, I. 2013. Exploring the bovine rumen bacterial community from birth to adulthood. The ISME Journal, 7(6): 1069–1079. <https://doi.org/10.1038/ismej.2013.2>

Jeyanathan, J., Martin, C. & Morgavi, D.P. 2014. The use of direct-fed microbials for mitigation of ruminant methane emissions: a review. Animal, 8(2): 250–261. <https://doi.org/10.1017/S1751731113002085>

Jeyanathan, J., Martin, C. & Morgavi, D.P. 2016. Screening of bacterial direct-fed microbials for their antimethanogenic potential in vitro and assessment of their effect on ruminal fermentation and microbial profiles in sheep. Journal of Animal Science, 94(2): 739–750. <https://doi.org/10.2527/jas.2015-9682>

Johnson, K.A. & Johnson, D.E. 1995. Methane emissions from cattle. Journal of Animal Science, 73(8): 2483–2492. <https://doi.org/10.2527/1995.7382483x>

Johnson, P.L., Hickey, S., Knowler, K., Wing, J., Bryson, B., Hall, M., Jonker, A., Janssen, P.H., Dodds, K.G., McEwan, J.C. & Rowe, S.J. 2022. Genetic parameters for residual feed intake, methane emissions, and body composition in New Zealand maternal sheep. Frontiers in Genetics, 13: 911639. <https://doi.org/10.3389/fgene.2022.911639>

Jones, R.J. & Megarrity, R.G. 1986. Successful transfer of DHP-degrading bacteria from Hawaiian goats to Australian ruminants to overcome toxicity of *Leucaena*. Australian Veterinary Journal, 63(8): 259–262. <https://doi.org/10.1111/j.1751-0813.1986.tb02990.x>

Kenters, N., Henderson, G., Jeyanathan, J., Kittelmann, S. & Janssen, P.H. 2011. Isolation of previously uncultured rumen bacteria by dilution to extinction using a new liquid culture medium. Journal of Microbiological Methods, 84(1): 52–60. <https://doi.org/10.1016/j.mimet.2010.10.011>

Kingston-Smith, A.H., Edwards, J.E., Huws, S.A., Kim, E.J. & Abberton, M. 2010. Plant-based strategies towards minimising “livestock’s long shadow”. Proceedings of the Nutrition Society, 69(4): 613–620. <https://doi.org/10.1017/S0029665110001953>

Kinley, R.D., de Nys, R., Vucko, M.J., Machado, L. & Tomkins, N.W. 2016. The red macroalgae *Asparagopsis taxiformis* is a potent natural

antimethanogenic that reduces methane production during in vitro fermentation with rumen fluid. *Animal Production Science*, 56(3): 282–289. <https://doi.org/10.1071/AN15576>

Kittelmann, S. & Janssen, P.H. 2011. Characterization of rumen ciliate community composition in domestic sheep, deer, and cattle feeding on varying diets by means of PCR-DGGE and clone libraries. *FEMS Microbiology Ecology*, 75(3): 468–481. <https://doi.org/10.1111/j.1574-6941.2010.01022.x>

Knapp, J.R., Laur, G.L., Vadas, P.A., Weiss, W.P. & Tricarico, J.M. 2014. Invited review: Enteric methane in dairy cattle production-quantifying the opportunities and impact of reducing emissions. *Journal of Dairy Science*, 97(6): 3231–3261. <https://doi.org/10.3168/jds.2013-7234>

Koringa, P.G., Thakkar, J.R., Pandit, R.J., Hinsu, A.T., Parekh, M.J., Shah, R.K., Jakhesara, S.J. & Joshi, C.G. 2019. Metagenomic characterisation of ruminal bacterial diversity in buffaloes from birth to adulthood using 16S rRNA gene amplicon sequencing. *Functional & Integrative Genomics*, 19(2): 237–247. <https://doi.org/10.1007/s10142-018-0640-x>

Koskella, B. & Brockhurst, M.A. 2014. Bacteria–phage coevolution as a driver of ecological and evolutionary processes in microbial communities. *FEMS Microbiology Reviews*, 38(5): 916–931. <https://doi.org/10.1111/1574-6976.12072>

Ku-Vera, J.C., Jiménez-Ocampo, R., Valencia-Salazar, S.S., Montoya-Flores, M.D., Molina-Botero, I.C., Arango, J., Gómez-Bravo, C.A., Aguilar-Pérez, C.F. & Solorio-Sánchez, F.J. 2020. Role of secondary plant metabolites on enteric methane mitigation in ruminants. *Frontiers in Veterinary Science*, 7: 584. <https://doi.org/10.3389/fvets.2020.00584>

Lagier, J.C., Dubourg, G., Million, M., Cadoret, F., Bilen, M., Fenollar, F., Levasseur, A., Rollain, J.M., Fournier, P.E. & Raoult, D. 2018. Culturing the human microbiota and culturomics. *Nature Reviews Microbiology*, 16: 540–550. <https://doi.org/10.1038/s41579-018-0041-0>

Lawther, K., Santos, F.G., Oyama, L.B., Rubino, F., Morrison, S., Creevey, C.J., McGrath, J.W. & Huws, S.A. 2022. Resistome analysis of global

livestock and soil microbiomes. *Frontiers in Microbiology*, 13: 897905.
<https://doi.org/10.3389/fmicb.2022.897905>

Leahy, S.C., Janssen, P.H., Attwood, G.T., Mackie, R.I., McAllister, T.A. & Kelly, W.J. 2022. Electron flow: key to mitigating ruminant methanogenesis. *Trends in Microbiology*, 30(3): 209–212.
<https://doi.org/10.1016/j.tim.2021.12.005>

Lean, I.J., Golder, H.M., Grant, T.M.D. & Moate, P.J. 2021. A meta-analysis of effects of dietary seaweed on beef and dairy cattle performance and methane yield. *PLoS ONE*, 16(7): e0249053.
<https://doi.org/10.1371/journal.pone.0249053>

Lee, S., Ha, J.K. & Cheng, K.J. 2000. Influence of an anaerobic fungal culture administration on in vivo ruminal fermentation and nutrient digestion. *Animal Feed Science and Technology*, 88(3–4): 201–217.
[https://doi.org/10.1016/S0377-8401\(00\)00216-9](https://doi.org/10.1016/S0377-8401(00)00216-9)

Leng, R.A. 2014. Interactions between microbial consortia in biofilms: a paradigm shift in rumen microbial ecology and enteric methane mitigation. *Animal Production Science*, 54(5): 519–543.
<https://doi.org/10.1071/AN13381>

Li, F., Li, C., Chen, Y., Liu, J., Zhang, C., Irving, B., Fitzsimmons, C., Plastow, G. & Guan, L.L. 2019. Host genetics influence the rumen microbiota and heritable rumen microbial features associate with feed efficiency in cattle. *Microbiome*, 7: 92. <https://doi.org/10.1186/s40168-019-0699-1>

Li, F., Hitch, T.C., Chen, Y., Creevey, C.J. & Guan, L.L. 2019b. Comparative metagenomic and metatranscriptomic analyses reveal the breed effect on the rumen microbiome and its associations with feed efficiency in beef cattle. *Microbiome*, 7: 6.
<https://doi.org/10.1186/s40168-019-0618-5>

Li, Z., Wang, X., Zhang, Y., Yu, Z., Zhang, T., Dai, X., Pan, X. *et al.* 2022. Genomic insights into the phylogeny and biomass-degrading enzymes of rumen ciliates. *The ISME Journal*, 16(12): 2775–2787.
<https://doi.org/10.1038/s41396-022-01306-8>

- Martinez-Fernandez, G., Denman, S.E., Cheung, J. & McSweeney, C.S. 2017. Phloroglucinol degradation in the rumen promotes the capture of excess hydrogen generated from methanogenesis inhibition. *Frontiers in Microbiology*, 8: 1871. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2017.01871>
- Mayorga, O.L., Kingston-Smith, A.H., Kim, E.J., Allison, G.G., Wilkinson, T.J., Hegarty, M.J., Theodorou, M.K., Newbold, C.J. & Huws, S.A. 2016. Temporal metagenomic and metabolomic characterization of fresh perennial ryegrass degradation by rumen bacteria. *Frontiers in Microbiology*, 7: 1854. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2016.01854>
- Lynch, J., Cain, M., Pierrehumbert, R. & Allen, M. 2020. Demonstrating GWP*: a means of reporting warming-equivalent emissions that captures the contrasting impacts of short- and long-lived climate pollutants. *Environmental Research Letters*, 15(4): 044023. <https://doi.org/10.1088/1748-9326/ab6d7e>
- McAllister, T.A., Bae, H.D., Jones, G.A. & Cheng, K.J. 1994. Microbial attachment and feed digestion in the rumen. *Journal of Animal Science*, 72(11): 3004–3018. <https://doi.org/10.2527/1994.72113004x>
- Maasakkers, J.D., Jacob, D.J., Sulprizio, M.P., Scarpelli, T.R., Nesser, H., Sheng, J.X., Zhang, Y. *et al.* 2019. Global distribution of methane emissions, emission trends, and OH concentrations and trends inferred from an inversion of GOSAT satellite data for 2010–2015. *Atmospheric Chemistry and Physics*, 19(11): 7859–7881. <https://doi.org/10.5194/acp-19-7859-2019>
- Meale, S.J., Li, S.C., Azevedo, P., Derakhshani, H., DeVries, T.J., Plaizier, J.C., Steele, M.A. & Khafipour, E. 2017. Weaning age influences the severity of gastrointestinal microbiome shifts in dairy calves. *Scientific Reports*, 7(1): 198. <https://doi.org/10.1038/s41598-017-00223-7>
- Machado, L., Kinley, R.D., Magnusson, M., de Nys, R. & Tomkins, N.W. 2015. The potential of macroalgae for beef production systems in Northern Australia. *Journal of Applied Phycology*, 27: 2001–2005. <https://doi.org/10.1007/s10811-014-0439-7>
- Mentschel, J., Leiser, R., Mülling, C., Pfarrer, C. & Claus, R. 2001. Butyric acid stimulates rumen mucosa development in the calf mainly by a

reduction of apoptosis. *Archiv für Tierernaehrung*, 55(2): 85–102. <https://doi.org/10.1080/17450390109386185>

Michalet-Doreau, B., Fernandez, I., Peyron, C., Millet, L. & Fonty, G. 2001. Fibrolytic activities and cellulolytic bacterial community structure in the solid and liquid phases of rumen contents. *Reproduction Nutrition Development*, 41(2): 187–194. <https://doi.org/10.1051/rnd:2001122>

Malmuthuge, N., Liang, G. & Guan, L.L. 2019. Regulation of rumen development in neonatal ruminants through microbial metagenomes and host transcriptomes. *Genome Biology*, 20: 172. <https://doi.org/10.1186/s13059-019-1786-0>

Martínez-Álvaro, M., Auffret, M.D., Duthie, C.A., Dewhurst, R.J., Cleveland, M.A., Watson, M. & Roehe, R. 2022. Bovine host genome acts on rumen microbiome function linked to methane emissions. *Communications Biology*, 5: 350. <https://doi.org/10.1038/s42003-022-03293-0>

Miglior, F., Fleming, A., Malchiodi, F., Brito, L.F., Martin, P. & Baes, C.F. 2017. A 100-Year Review: Identification and genetic selection of economically important traits in dairy cattle. *Journal of Dairy Science*, 100(12): 10251–10271. <https://doi.org/10.3168/jds.2017-12968>

Minato, H., Endo, A., Ootomo, Y. & Uemura, T. 1966. Ecological treatise on the rumen fermentation II. The amylolytic and cellulolytic activities of the fractionated bacterial portions attached to the rumen solids. *The Journal of General and Applied Microbiology*, 12(1): 53–69. <https://doi.org/10.2323/jgam.12.53>

Mizrahi, I., Wallace, R.J. & Moraïs, S. 2021. The rumen microbiome: balancing food security and environmental impacts. *Nature Reviews Microbiology*, 19(9): 553–566. <https://doi.org/10.1038/s41579-021-00543-6>

Morgavi, D.P., Forano, E., Martin, C. & Newbold, C.J. 2010. Microbial ecosystem and methanogenesis in ruminants. *Animal*, 4(7): 1024–1036. <https://doi.org/10.1017/S1751731110000546>

Narvaez, N., Alazze, A.Y., Wang, Y. & McAllister, T.A. 2014. Effect of *Propionibacterium acidipropionici* P169 on growth performance and

rumen metabolism of beef cattle fed a corn- and corn dried distillers' grains with solubles-based finishing diet. *Canadian Journal of Animal Science*, 94(2): 363–369. <https://doi.org/10.4141/cjas2013-130>

Newbold, C.J., De La Fuente, G., Belanche, A., Ramos-Morales, E. & McEwan, N.R. 2015. The role of ciliate protozoa in the rumen. *Frontiers in Microbiology*, 6: 1313. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2015.01313>

Nollet, L., Mbanzamihiho, L., Demeyer, D. & Verstraete, W. 1998. Effect of the addition of *Peptostreptococcus productus* ATCC 35244 on reductive acetogenesis in the ruminal ecosystem after inhibition of methanogenesis by cell-free supernatant of *Lactobacillus plantarum* 80. *Animal Feed Science and Technology*, 71(1–2): 49–66. [https://doi.org/10.1016/S0377-8401\(97\)00135-1](https://doi.org/10.1016/S0377-8401(97)00135-1)

OHHLEP (One Health High-Level Expert Panel), Adisasmito, W.B., Almuhairi, S., Behraves, C.B., Bilivogui, P., Bukachi, S.A., Casas, N. *et al.* 2022. One Health: A new definition for a sustainable and healthy future. *PLoS Pathogens*, 18(6): e1010537. <https://doi.org/10.1371/journal.ppat.1010537>

Orpin, C.G. 1974. The rumen flagellate *Callimastix frontalis*: does sequestration occur? *Journal of General Microbiology*, 84(2): 395–398. <https://doi.org/10.1099/00221287-84-2-395>

Orpin, C.G. 1977a. The rumen flagellate *Piromonas communis*: its life-history and invasion of plant material in the rumen. *Journal of General Microbiology*, 99(1): 107–117. <https://doi.org/10.1099/00221287-99-1-107>

Orpin, C.G. 1977b. Invasion of plant tissue in the rumen by the flagellate *Neocallimastix frontalis*. *Journal of General Microbiology*, 98(2): 423–430. <https://doi.org/10.1099/00221287-98-2-423>

Oyama, L.B., Girdwood, S.E., Cookson, A.R., Fernandez-Fuentes, N., Privé F., Vallin, H.E. & Wilkinson, T.J., 2017. The rumen microbiome: an underexplored resource for novel antimicrobial discovery. *NPJ Biofilms Microbiomes*, 3: 33. <https://doi.org/10.1038/s41522-017-0042-1>

Oyama, L.B., Girdwood, S.E., Cookson, A.R., Fernandez-Fuentes, N., Privé F., Vallin, H.E. & Wilkinson, T.J., 2017. The rumen microbiome: an

underexplored resource for novel antimicrobial discovery. *NPJ Biofilms Microbiomes*, 3: 33. <https://doi.org/10.1038/s41522-017-0042-1>

Pal, C., Bengtsson-Palme, J., Kristiansson, E. & Larsson, D.G.J. 2016. The structure and diversity of human, animal and environmental resistomes. *Microbiome*, 4:54. <https://doi.org/10.1186/s40168-016-0199-5>

Palevich, N., Kelly, W.J., Leahy, S.C., Denman, S., Altermann, E., Rakonjac, J. & Attwood, G.T. 2019. Comparative genomics of rumen *Butyrivibrio* spp. uncovers a continuum of polysaccharide-degrading capabilities. *Applied and Environmental Microbiology*, 86(1): e01993-19. <https://doi.org/10.1128/AEM.01993-19>

Palma-Hidalgo, J.M., Jiménez, E., Popova, M., Morgavi, D.P., Martín-García, A.I., Yáñez-Ruiz, D.R. & Belanche, A. 2021. Inoculation with rumen fluid in early life accelerates the rumen microbial development and favours the weaning process in goats. *Animal Microbiome*, 3: 11. <https://doi.org/10.1186/s42523-021-00073-9>

Park, T., Wijeratne, S., Meulia, T., Firkins, J.L. & Yu, Z. 2021. The macronuclear genome of anaerobic ciliate *Entodinium caudatum* reveals its biological features adapted to the distinct rumen environment. *Genomics*, 113(3): 1416–1427. <https://doi.org/10.1016/j.ygeno.2021.03.014>

Parks, D.H., Rinke, C., Chuvochina, M., Chaumeil, P.A., Woodcroft, B.J., Evans, P.N., Hugenholtz, P. & Tyson, G.W. 2017. Recovery of nearly 8,000 metagenome-assembled genomes substantially expands the tree of life. *Nature Microbiology*, 2: 1533–1542. <https://doi.org/10.1038/s41564-017-0012-7>

Paul, S.S., Kamra, D.N., Sastry, V.R.B., Sahu, N.P. & Agarwal, N. 2004. Effect of administration of an anaerobic gut fungus isolated from wild blue bull (*Boselaphus tragocamelus*) to buffaloes (*Bubalus bubalis*) on in vivo ruminal fermentation and digestion of nutrients. *Animal Feed Science and Technology*, 115: 143–157. <https://doi.org/10.1016/j.anifeedsci.2004.01.010>

Pexas, G., Doherty, B. & Kyriazakis, I. 2023. The future of protein sources in livestock feeds: implications for sustainability and food safety. *Frontiers*

in Sustainable Food Systems, 7: 1188467.
<https://doi.org/10.3389/fsufs.2023.1188467>

Pickering, N.K., Oddy, V.H., Basarab, J., Cammack, K., Hayes, B., Hegarty, R.S., Lassen, J. *et al.* 2015. Animal board invited review: genetic possibilities to reduce enteric methane emissions from ruminants. *Animal*, 9(9): 1431–1440. <https://doi.org/10.1017/S1751731115000968>

Pidcock, S.E., Skvortsov, T., Santos, F.G., Courtney, S.J., Siu-Ting, K., Creevey, C.J. & Huws, S.A. 2021. Pseudobutyrvibrio genomes illustrate vast taxonomic diversity, open genomes and an abundance of carbohydrate-active enzyme family isoforms. *Microbial Genomics*, 7(10): 000638. <https://doi.org/10.1099/mgen.0.000638>

Pinares-Patiño, C.S., Ebrahimi, S.H., McEwan, J.C., Dodds, K.G., Clark, H. & Luo, D. 2011. Is rumen retention time implicated in sheep differences in methane emission? *Proceedings of the New Zealand Society of Animal Production*, 71: 219–222.

Puniya, A.K., Salem, A.Z.M., Kumar, S., Dagar, S.S., Griffith, G.W., Puniya, M., Ravella, S.R., Kumar, N., Dhewa, T. & Kumar, R. 2015. Role of live microbial feed supplements with reference to anaerobic fungi in ruminant productivity: a review. *Journal of Integrative Agriculture*, 14(3): 550–560. [https://doi.org/10.1016/S2095-3119\(14\)60837-6](https://doi.org/10.1016/S2095-3119(14)60837-6)

Ramin, M., Franco, M., Roleda, M., Aasen, I.M., Hetta, M. & Steinshamn, H. 2018. In vitro evaluation of utilisable crude protein and methane production for a diet in which grass silage was replaced by different levels and fractions of extracted seaweed proteins. *Animal Feed Science and Technology*, 255: 114225. <https://doi.org/10.1016/j.anifeedsci.2019.114225>

Rey, M., Enjalbert, F., Combes, S., Cauquil, L., Bouchez, O. & Monteils, V. 2014. Establishment of ruminal bacterial community in dairy calves from birth to weaning is sequential. *Journal of Applied Microbiology*, 116(2): 245–257. <https://doi.org/10.1111/jam.12405>

Rezaeian, M., Beakes, G.W. & Parker, D.S. 2004. Distribution and estimation of anaerobic zoosporic fungi along the digestive tracts of sheep.

Mycological Research, 108(10): 1227–1233.
<https://doi.org/10.1017/S0953756204000929>

Rira, M., Morgavi, D.P., Popova, M., Maxin, G. & Doreau, M. 2022. Microbial colonisation of tannin-rich tropical plants: interplay between degradability, methane production and tannin disappearance in the rumen. *Animal*, 16(8): 100589. <https://doi.org/10.1016/j.animal.2022.100589>

Roehe, R., Dewhurst, R.J., Duthie, C.A., Rooke, J.A., McKain, N., Ross, D.W., Hyslop, J.J. *et al.* 2016. Bovine host genetic variation influences rumen microbial methane production with best selection criterion for low methane emitting and efficiently feed converting hosts based on metagenomic gene abundance. *PLoS Genetics*, 12(2): e1005846. <https://doi.org/10.1371/journal.pgen.1005846>

Romero-Perez, A., Okine, E.K., McGinn, S.M., Guan, L.L., Oba, M., Duval, S.M., Kindermann, M. & Beauchemin, K.A. 2014. The potential of 3-nitrooxypropanol to lower enteric methane emissions from beef cattle. *Journal of Animal Science*, 92(10): 4682–4693. <https://doi.org/10.2527/jas.2014-7573>

Roque, B.M., Brooke, C.G., Ladau, J., Polley, T., Marsh, L.J., Najafi, N., Pandey, P. *et al.* 2019. Effect of the macroalgae *Asparagopsis taxiformis* on methane production and rumen microbiome assemblage. *Animal Microbiome*, 1: 3. <https://doi.org/10.1186/s42523-019-0004-4>

Roque, B.M., Venegas, M., Kinley, R.D., de Nys, R., Duarte, T.L., Yang, X. & Kebreab, E. 2021. Red seaweed (*Asparagopsis taxiformis*) supplementation reduces enteric methane by over 80 percent in beef steers. *PLoS ONE*, 16(3): e0247820. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0247820>

Roumpeka, D.D., Wallace, R.J., Escalettes, F., Fotheringham, I. & Watson, M. 2017. A review of bioinformatics tools for bio-prospecting from metagenomic sequence data. *Frontiers in Genetics*, 8: 23. <https://doi.org/10.3389/fgene.2017.00023>

Rubino, F., Carberry, C., Waters, S.M., Kenny, D., McCabe, M.S. & Creevey, C.J. 2017. Divergent functional isoforms drive niche

specialisation for nutrient acquisition and use in rumen microbiome. The ISME Journal, 11(4): 932–944. <https://doi.org/10.1038/ismej.2016.172>

Sabino, Y.N.V., Santana, M.F., Oyama, L.B., Santos, F.G., Moreira, A.J.S., Huws, S.A. & Mantovani, H.C. 2019. Characterization of antibiotic resistance genes in the species of the rumen microbiota. Nature Communications, 10: 5252. <https://doi.org/10.1038/s41467-019-13118-0>

Sasson, G., Ben-Shabat, S.K., Seroussi, E., Doron-Faigenboim, A., Shterzer, N., Yaacoby, S. & Berg Miller, M.E. 2017. Heritable bovine rumen bacteria are phylogenetically related and correlated with the cow's capacity to harvest energy from its feed. mBio, 8: e00703-17. <https://doi.org/10.1128/mBio.00703-17>

Saxena, S., Sehgal, J.P., Puniya, A.K. & Singh, K. 2010. Effect of administration of rumen fungi on production performance of lactating buffaloes. Beneficial Microbes, 1(2): 183–188. <https://doi.org/10.3920/BM2009.0018>

Seshadri, R., Leahy, S.C., Attwood, G.T., Teh, K.H., Lambie, S.C., Cookson, A.L., Eloie-Fadrosch, E.A. *et al.* 2018. Cultivation and sequencing of rumen microbiome members from the Hungate1000 Collection. Nature Biotechnology, 36(4): 359–367. <https://doi.org/10.1038/nbt.4110>

Shabat, S.K.B., Sasson, G., Doron-Faigenboim, A., Durman, T., Yaacoby, S., Berg Miller, M.E., White, B.A., Shterzer, N. & Mizrahi, I. 2016. Specific microbiome-dependent mechanisms underlie the energy harvest efficiency of ruminants. The ISME Journal, 10(12): 2958–2972. <https://doi.org/10.1038/ismej.2016.62>

Shi, W., Moon, C.D., Leahy, S.C., Kang, D., Froula, J., Kittelmann, S., Fan, C. *et al.* 2014. Methane yield phenotypes linked to differential gene expression in the sheep rumen microbiome. Genome Research, 24: 1517–1525. <https://doi.org/10.1101/gr.168245.113>

Shukla, S.K. & Rao, T.S. 2017. Staphylococcus aureus biofilm removal by targeting biofilm-associated extracellular proteins. Indian Journal of Medical Research, 146(Suppl.): S1–S8. https://doi.org/10.4103/ijmr.IJMR_410_15

Smith, P.E., Waters, S.M., Kenny, D.A., Kirwan, S.F., Conroy, S. & Kelly, A.K. 2021. Effect of divergence in residual methane emissions on feed intake and efficiency, growth and carcass performance, and indices of rumen fermentation and methane emissions in finishing beef cattle. *Journal of Animal Science*, 99(11): skab275. <https://doi.org/10.1093/jas/skab275>

Smith, P.E., Waters, S.M., Kenny, D.A., Kirwan, S.F., Conroy, S. & Kelly, A.K. 2021. Effect of divergence in residual methane emissions on feed intake and efficiency, growth and carcass performance, and indices of rumen fermentation and methane emissions in finishing beef cattle. *Journal of Animal Science*, 99(11): skab275. <https://doi.org/10.1093/jas/skab275>

Smith, P.E., Kelly, A.K., Kenny, D.A. & Waters, S.M. 2022. Differences in the composition of the rumen microbiota of finishing beef cattle divergently ranked for residual methane emissions. *Frontiers in Microbiology*, 13: 855565. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2022.855565>

Solomon, K.V., Haitjema, C.H., Henske, J.K., Gilmore, S.P., Borges-Rivera, D., Lipzen, A., Brewer, H.M. *et al.* 2016. Early-branching gut fungi possess a large, comprehensive array of biomass-degrading enzymes. *Science*, 351(6278): 1192–1195. <https://doi.org/10.1126/science.aad1431>

Stewart, R.D., Auffret, M.D., Warr, A., Wiser, A.H., Press, M.O., Langford, K.W., Liachko, I. *et al.* 2018. Assembly of 913 microbial genomes from metagenomic sequencing of the cow rumen. *Nature Communications*, 9: 870. <https://doi.org/10.1038/s41467-018-03317-6>

Sugimoto, S., Sato, F., Miyakawa, R., Chiba, A., Onodera, S., Hori, S. & Mizunoe, Y. 2018. Broad impact of extracellular DNA on biofilm formation by clinically isolated methicillin-resistant and -sensitive strains of *Staphylococcus aureus*. *Scientific Reports*, 8: 2254. <https://doi.org/10.1038/s41598-018-20485-z>

Svartström, O., Alneberg, J., Terrapon, N., Lombard, V., de Bruijn, I., Malmsten, J., Dalin, A.M. *et al.* 2017. Ninety-nine de novo assembled genomes from the moose (*Alces alces*) rumen microbiome provide new

insights into microbial plant biomass degradation. *The ISME Journal*, 11: 2538–2551. <https://doi.org/10.1038/ismej.2017.108>

Takahashi, J. 2013. Lactic acid bacteria and mitigation of GHG emission from ruminant livestock. In: M. Kongo, ed. *Lactic acid bacteria – R & D for food, health and livestock purposes*, pp. 455–466. London, IntechOpen. <http://dx.doi.org/10.5772/50358>

Tapio, I., Snelling, T.J., Strozzi, F. & Wallace, R.J. 2017. The ruminal microbiome associated with methane emissions from ruminant livestock. *Journal of Animal Science and Biotechnology*, 8: 7. <https://doi.org/10.1186/s40104-017-0141-0>

Thomas, M., Webb, M., Ghimire, S., Blair, A., Olson, K., Fenske, G.J., Fonder, A.T., Christopher-Hennings, J., Brake, D. & Scaria, J. 2017. Metagenomic characterization of the effect of feed additives on the gut microbiome and antibiotic resistance of feedlot cattle. *Scientific Reports*, 7: 12257. <https://doi.org/10.1038/s41598-017-12481-6>

Tripathi, V.K., Sehgal, J.P., Puniya, A.K. & Singh, K. 2007. Effect of administration of anaerobic fungi isolated from cattle and wild blue bull (*Boselaphus tragocamelus*) on growth rate and fibre utilization in buffalo calves. *Archives of Animal Nutrition*, 61(5): 416–423. <https://doi.org/10.1080/17450390701556759>

Tyson, G.W., Chapman, J., Hugenholtz, P., Allen, E.E., Ram, R.J., Richardson, P.M., Solovyev, V.V., Rubin, E.M., Rokhsar, D.S. & Banfield, J.F. 2004. Community structure and metabolism through reconstruction of microbial genomes from the environment. *Nature*, 428: 37–43. <https://doi.org/10.1038/nature02340>

United Nations Department of Economic and Social Affairs, Population Division. 2022. *World Population Prospects 2022: Summary of Results*. UN DESA/POP/2022/TR/NO.3. New York, USA, United Nations. https://www.un.org/development/desa/pd/sites/www.un.org/development/desa/pd/files/wpp2022_summary_of_results.pdf

UNFCCC (United Nations Framework Convention on Climate Change). 2016. *The Paris Agreement*. Bonn, Germany.

https://unfccc.int/sites/default/files/resource/parisagreement_publication.pdf

UNFCCC. 2021. Koronivia joint work on agriculture. Draft conclusions. Subsidiary Body for Implementation/Subsidiary Body for Scientific and Technological Advice, Fifty-second to fifty-fifth session, Glasgow, 31 October to 6 November 2021. FCCC/SB/2021/L.1. Bonn, Germany. <https://unfccc.int/documents/309895>

UNFCCC. 2023. Issues related to agriculture and food security. [Cited 8 December 2023]. <https://unfccc.int/topics/land-use/workstreams/agriculture>

Ungerfeld, E.M. 2020. Metabolic hydrogen flows in rumen fermentation: principles and possibilities of interventions. *Frontiers in Microbiology*, 11: 589. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2020.00589>

Varnava, K.G., Ronimus, R.S. & Sarojini, V. 2017. A review on comparative mechanistic studies of antimicrobial peptides against archaea. *Biotechnology and Bioengineering*, 114(11): 2457–2473. <https://doi.org/10.1002/bit.26387>

Vogels, G.D., Hoppe, W.F. & Stumm, C.K. 1980. Association of methanogenic bacteria with rumen ciliates. *Applied and Environmental Microbiology*, 40(3): 608–612. <https://doi.org/10.1128/aem.40.3.608-612.1980>

Vyas, D., McGeough, E.J., Mohammed, R., McGinn, S.M., McAllister, T.A. & Beauchemin, K.A. 2014. Effects of *Propionibacterium* strains on ruminal fermentation, nutrient digestibility and methane emissions in beef cattle fed a corn grain finishing diet. *Animal*, 8(11): 1807–1815. <https://doi.org/10.1017/S1751731114001657>

Vyas, D., Alazeh, A., McGinn, S.M., McAllister, T.A., Harstad, O.M., Holo, H. & Beauchemin, K.A. 2015. Enteric methane emissions in response to ruminal inoculation of *Propionibacterium* strains in beef cattle fed a mixed diet. *Animal Production Science*, 56(7): 1035–1040. <https://doi.org/10.1071/AN14801>

Wallace, J.R. 2008. Gut microbiology – broad genetic diversity, yet specific metabolic niches. *Animal*, 2(5): 661–668. <https://doi.org/10.1017/S1751731108001687>

Wallace, R.J., Rooke, J.A., McKain, N., Duthie, C.A., Hyslop, J.J., Ross, D.W., Waterhouse, A., Watson, M. & Roehe, R. 2015. The rumen microbial metagenome associated with high methane production in cattle. *BMC Genomics*, 16: 839. <https://doi.org/10.1186/s12864-015-2032-0>

Wallace, R.J., Sasson, G., Garnsworthy, P.C., Tapio, I., Gregson, E., Bani, P., Huhtanen, P. *et al.* 2019. A heritable subset of the core rumen microbiome dictates dairy cow productivity and emissions. *Science Advances*, 5(7): eaav8391. <https://doi.org/10.1126/sciadv.aav8391>

Wang, L., Zhang, K., Zhang, C., Feng, Y., Zhang, X., Wang, X. & Wu, G. 2019. Dynamics and stabilization of the rumen microbiome in yearling Tibetan sheep. *Scientific Reports*, 9(1): 19620. <https://doi.org/10.1038/s41598-019-56206-3>

Wang, Y., Xu, Z., Bach, S.J. & McAllister, T.A. 2008. Effects of phlorotannins from *Ascophyllum nodosum* (brown seaweed) on in vitro ruminal digestion of mixed forage or barley grain. *Animal Feed Science and Technology*, 145(1–4): 375–395. <https://doi.org/10.1016/j.anifeedsci.2007.03.013>

WHO (World Health Organization). 2019. No time to wait: Securing the future from drug-resistant infections. Report to the Secretary-General of the United Nations. Geneva, Switzerland. <https://www.who.int/publications/i/item/no-time-to-wait-securing-the-future-from-drug-resistant-infections>

Wilkinson, T.J., Huws, S.A., Edwards, J.E., Kingston-Smith, A.H., Siu-Ting, K., Hughes, M., Rubino, F., Friedersdorff, M. & Creevey, C.J. 2018. CowPI: A rumen microbiome-focussed version of the PICRUSt functional inference software. *Frontiers in Microbiology*, 9: 1095. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2018.01095>

Williams, A.G. & Coleman, G.S. 1992. Role of protozoa in the rumen. In: P.N. Hobson & C.S. Stewart, eds. *The rumen microbial ecosystem*, pp.

317–347. New York, USA, Springer. https://doi.org/10.1007/978-94-009-1453-7_3

Williams, A.G. & Coleman, G.S. 1997. The rumen protozoa. In: P.N. Hobson & C.S. Stewart, eds. The rumen microbial ecosystem, pp. 73–139. Dordrecht, Netherlands, Springer.

Williams, C.L., McEwan, N.R. & Huws, S.A. 2020. Rumen ciliated protozoa. In: R. Mackie & C. McSweeney, eds. Improving rumen function. London, Burleigh Dodds Scientific Publishing.

Williams, C.L., Thomas, B.J., McEwan, N.R., Rees Stevens, P., Creevey, C.J. & Huws, S.A. 2020. Rumen protozoa play a significant role in fungal predation and plant carbohydrate breakdown. *Frontiers in Microbiology*, 11: 720. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2020.00720>

Wolin, M.J., Miller, T.L. & Stewart, C.S. 1997. Microbe-microbe interactions. In: P.N. Hobson & C.S. Stewart, eds. The rumen microbial ecosystem, pp. 467–491. Dordrecht, Netherlands, Springer.

Wright, A.-D.G. & Klieve, A.V. 2011. Does the complexity of the rumen microbial ecology preclude methane mitigation. *Animal Feed Science and Technology*, 166–167: 248–253. <https://doi.org/10.1016/j.anifeedsci.2011.04.015>

Xue, M., Sun, H., Wu, X., Guan, L.L. & Liu, J. 2018. Assessment of rumen microbiota from a large dairy cattle cohort reveals the pan and core bacteriomes contributing to varied phenotypes. *Applied and Environmental Microbiology*, 84(19): e00970-18. <https://doi.org/10.1128/AEM.00970-18>

Zhan, K., Gong, X., Chen, Y., Jiang, M., Yang, T. & Zhao, G. 2019. Short-chain fatty acids regulate the immune responses via G protein-coupled receptor 41 in bovine rumen epithelial cells. *Frontiers in Immunology*, 10: 2042. <https://doi.org/10.3389/fimmu.2019.02042>

Zhang, K., Li, B., Guo, M., Liu, G., Yang, Y., Wang, X., Chen, Y. & Zhang, E. 2019. Maturation of the goat rumen microbiota involves three stages of microbial colonization. *Animals*, 9(12): 1028. <https://doi.org/10.3390/ani9121028>

Zhang, Q., Difford, G., Sahana, G., Løvendahl, P., Lassen, J., Lund, M.S., Guldbrandtsen, B. & Janss, L. 2020. Bayesian modeling reveals host genetics associated with rumen microbiota jointly influence methane emission in dairy cows. *The ISME Journal*, 14(8): 2019–2033. <https://doi.org/10.1038/s41396-020-0663-x>

Zhao, S., Li, G., Zheng, N., Wang, J. & Yu, Z. 2018. Steam explosion enhances digestibility and fermentation of corn stover by facilitating ruminal microbial colonization. *Bioresource Technology*, 253: 244–251. <https://doi.org/10.1016/j.biortech.2018.01.024>

Zinder, S.H. 1993. Physiological ecology of methanogens. In: J.G. Ferry, ed. *Methanogenesis: ecology, physiology, biochemistry and genetics*, pp. 128–206. New York, USA, Chapman & Hall.

پیوست ۱: پاسخ‌های دریافت‌شده از نظرسنجی کارشناسان

این پیوست نتایج یک نظرسنجی را ارائه می‌کند که برای اعضای شبکه «ژنومیک میکروبی شکمبه» (RMG)^۱ وابسته به «ائتلاف جهانی پژوهش»^۲ ارسال شده بود تا دیدگاه‌های آنان درباره استفاده پایدار و حفاظت از میکروارگانیسم‌های مرتبط با هضم در نشخوارکنندگان جمع‌آوری شود. شبکه RMG یک مجمع جهانی برای پژوهشگران و ذی‌نفعانی است که از رویکردهای ژنومیکی برای درک میکروارگانیسم‌های مرتبط با هضم در نشخوارکنندگان استفاده می‌کنند؛ به‌ویژه در ارتباط با انتشار متان روده‌ای، سلامت دام و بهره‌وری تولید.

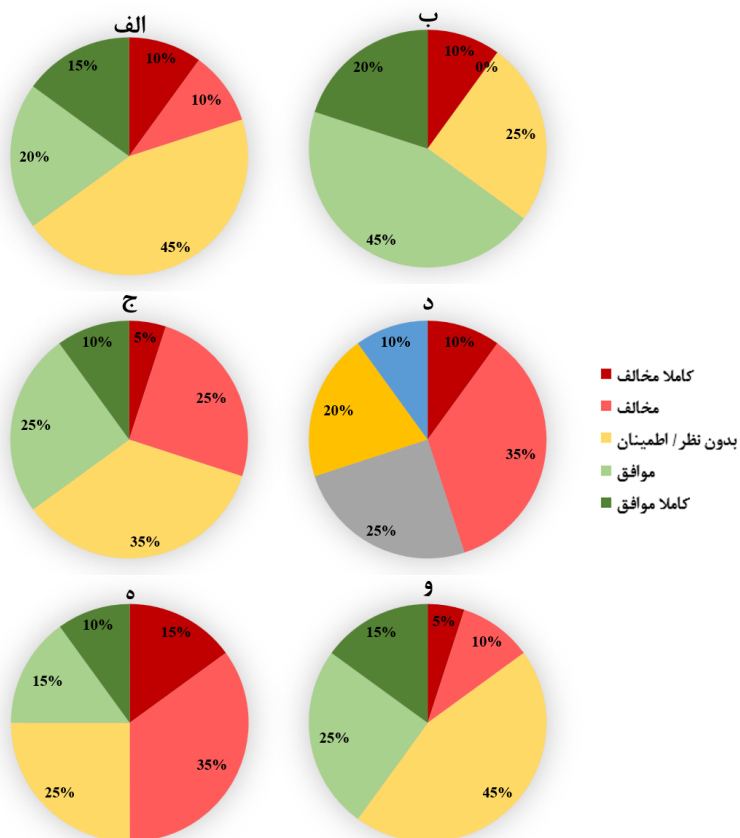
برای اجرای این نظرسنجی، با اعضای شبکه RMG که در کشورهای استرالیا، اتریش، بلژیک، برزیل، کانادا، شیلی، چین، کلمبیا، چک، اتیوپی، فنلاند، فرانسه، آلمان، هند، ایرلند، اسرائیل، ایتالیا، ژاپن، هلند (پادشاهی هلند)، نیوزیلند، نروژ، جمهوری کره، اسلوونی، اسپانیا، سوئد، سوئیس، تایلند، بریتانیا، ایالات متحده آمریکا و اروگوئه اقامت داشتند تماس گرفته شد:

^۱ Rumen Microbial Genomics

^۲ Global Research Alliance

جدول A1. مناطق جغرافیایی و گروه‌های ذی‌نفع پاسخ‌دهندگان به نظرسنجی

تعداد پاسخ‌ها	بر اساس گروه ذی‌نفع	تعداد پاسخ‌ها	بر اساس منطقه جغرافیایی
۸	دانشگاه/محیط‌های علمی	۲	آفریقا
۲	صنعت	۴	اروپا
۲	دولت	۲	آمریکای شمالی
۸	نامشخص	۲	آمریکای لاتین و کارائیب
		۸	نامشخص



شکل A1. توزیع پاسخ‌ها به پرسش‌های نظرسنجی

یادداشت: نمودارهای دایره‌ای به‌ترتیب به گزاره‌های زیر اشاره دارند:

الف) «وضعیت کنونی تنوع میکروارگانیسم‌های مرتبط با هضم در نشخوارکنندگان در سطح جهانی مطلوب است.»

ب) «روندهای کنونی در تنوع میکروارگانیسم‌های مرتبط با هضم در نشخوارکنندگان در سطح جهان نشان می‌دهد که وضعیت آن‌ها در دهه آینده نیز مطلوب باقی خواهد ماند.»

ج) «وضعیت کنونی اجرای فعالیت‌هایی که با هدف ترویج استفاده پایدار و حفاظت از میکروارگانیسم‌های مرتبط با هضم در نشخوارکنندگان انجام می‌شود، مناسب است.»

د) «وضعیت کنونی تدوین سیاست‌ها، قوانین و ترتیبات نهادی در حوزه قضایی شما برای مدیریت میکروارگانیسم‌های مرتبط با هضم در نشخوارکنندگان مطلوب است.»

ه) «وضعیت کنونی اجرای سیاست‌ها، قوانین و ترتیبات نهادی در حوزه قضایی شما برای مدیریت میکروارگانیسم‌های مرتبط با هضم در نشخوارکنندگان مطلوب است.»

و) «وضعیت کنونی همکاری میان سازمان‌هایی که در استفاده پایدار و حفاظت از میکروارگانیسم‌های مرتبط با هضم در نشخوارکنندگان در سطح جهانی نقش دارند، مطلوب است.»

ISBN 978-92-5-138652-1



9 789251 386521

CD0155EN/1/03.24



**Food and Agriculture
Organization of the
United Nations**

**COMMISSION ON
GENETIC RESOURCES
FOR FOOD AND
AGRICULTURE**

SUSTAINABLE USE AND CONSERVATION OF MICROORGANISMS OF RELEVANCE TO RUMINANT DIGESTION

**FOOD AND AGRICULTURE ORGANIZATION OF THE UNITED
NATIONS ROME, 2024**

Translated by:

Raha Abedini, Maryam Mosivand and Sayyed Mohmoud Nasrollahi