

定量微生物组分析揭示 鸡肠道微生物发育轨迹 及其与宿主代谢的关系

封雨晴，张美红，刘艳，杨新月，魏福晓，金晓露，刘丹，
昝于明，胡永飞

中国农业大学动物科学技术学院动物营养学国家重点实验室



Yuqing Feng, Meihong Zhang, Yan Liu, Xinyue Yang, Fuxiao Wei, Xiaolu Jin, Dan Liu, Yuming Guo, and Yongfei Hu. 2023. "Quantitative Microbiome Profiling Reveals the Developmental Trajectory of the Chicken Gut Microbiota and its Connection to Host Metabolism". *iMeta* e105. <https://doi.org/10.1002/imt2.105>



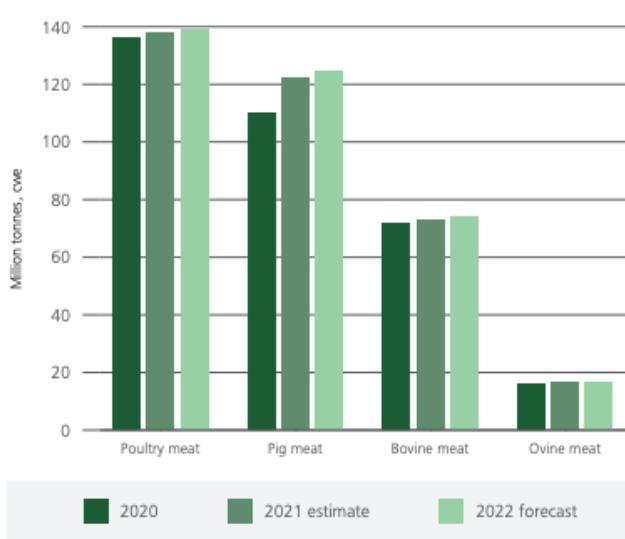
背景

鸡肉已成为全世界消费最多的肉类。

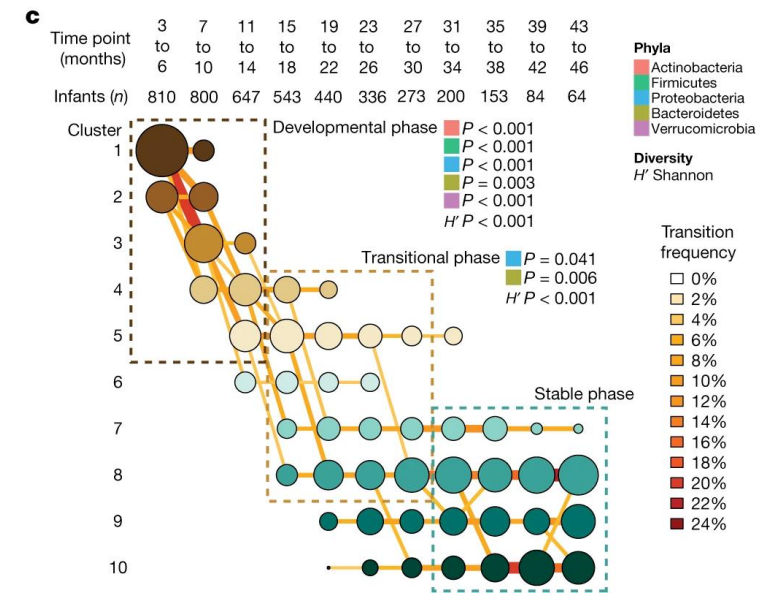
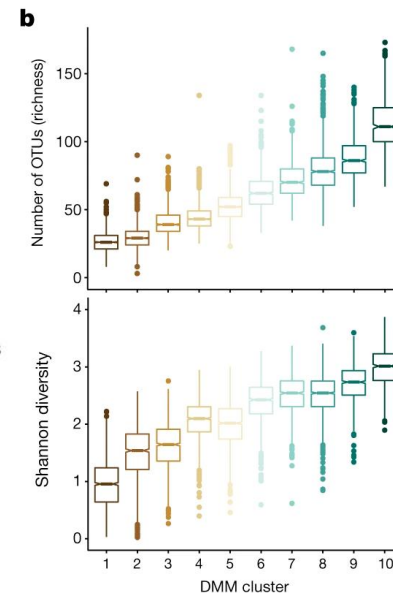
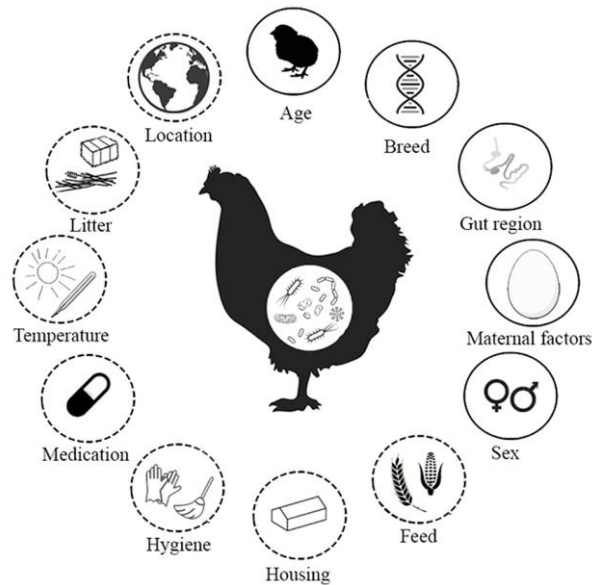
鸡肠道微生物影响着宿主免疫、营养物质消化和饲料转化率。

大多数研究主要精力集中在鸡肠道内细菌，对真菌关注较少。

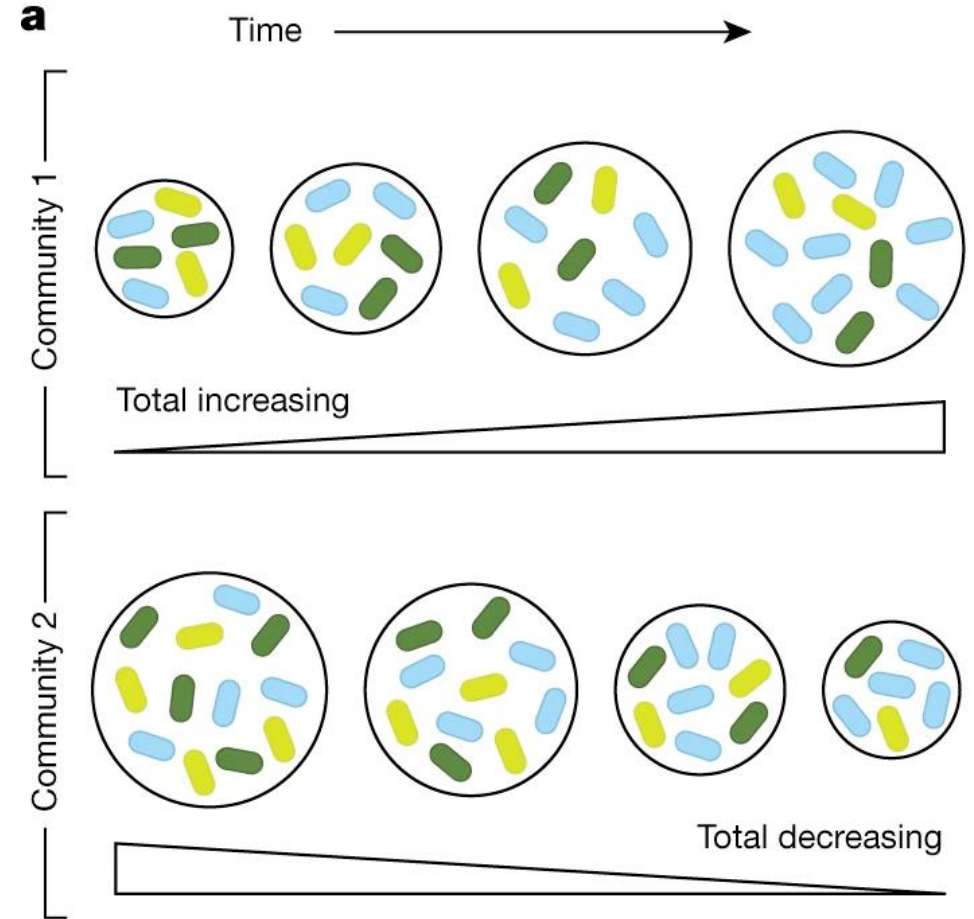
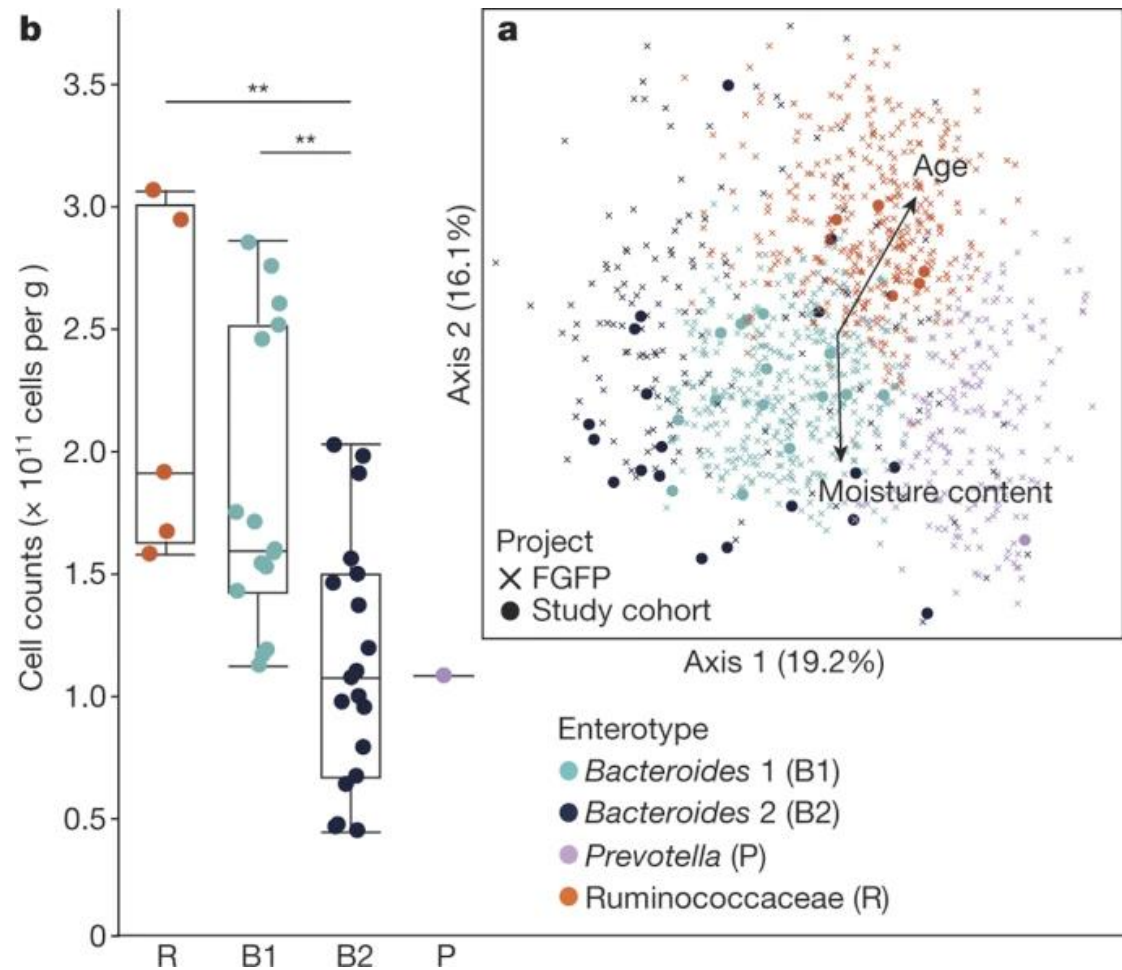
肠道微生物在生命早期的发育对宿主健康有着深远影响。



Source: FAO.



背景



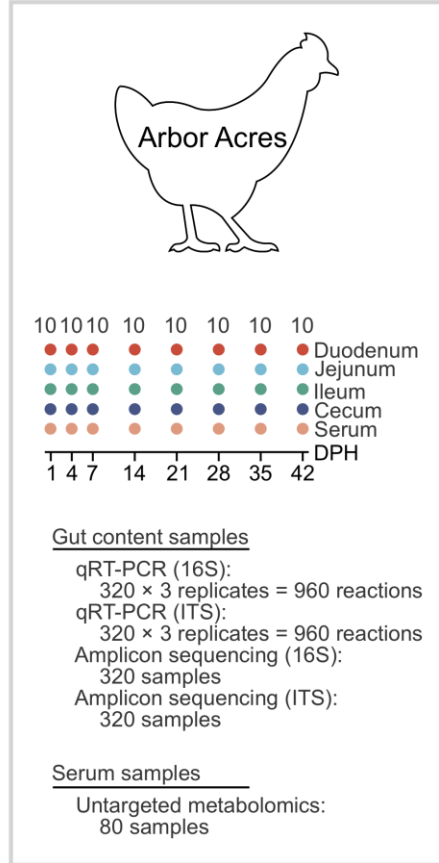
(Vandeputte, 2017, Nature; Rao, et al., 2021, Nature)



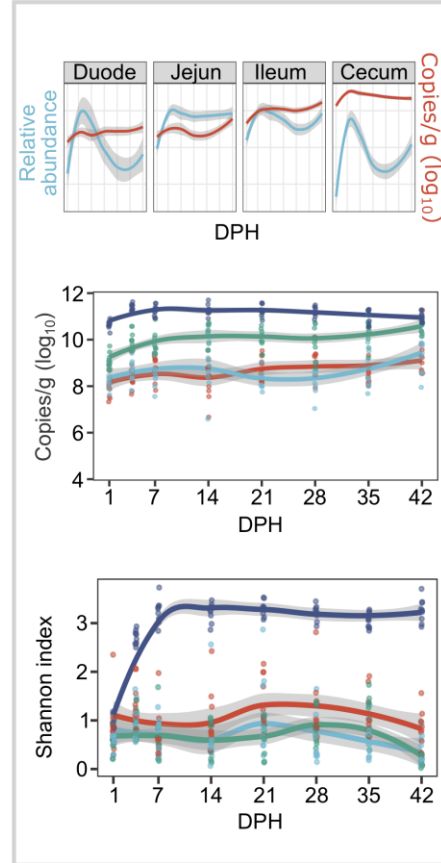
结果

实验内容

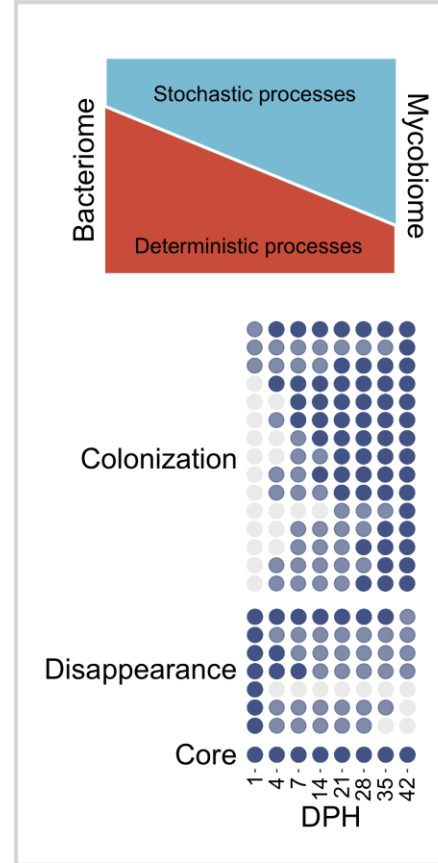
Study design



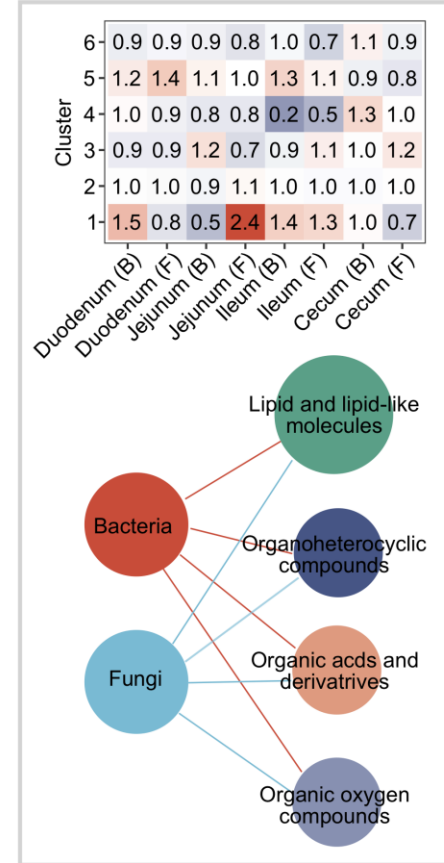
Quantitative microbiome profiling



Driving force and patterns



Microbe-metabolite interactions



结果

鸡肠道微生物丰度和多样性在7日龄达到平台期

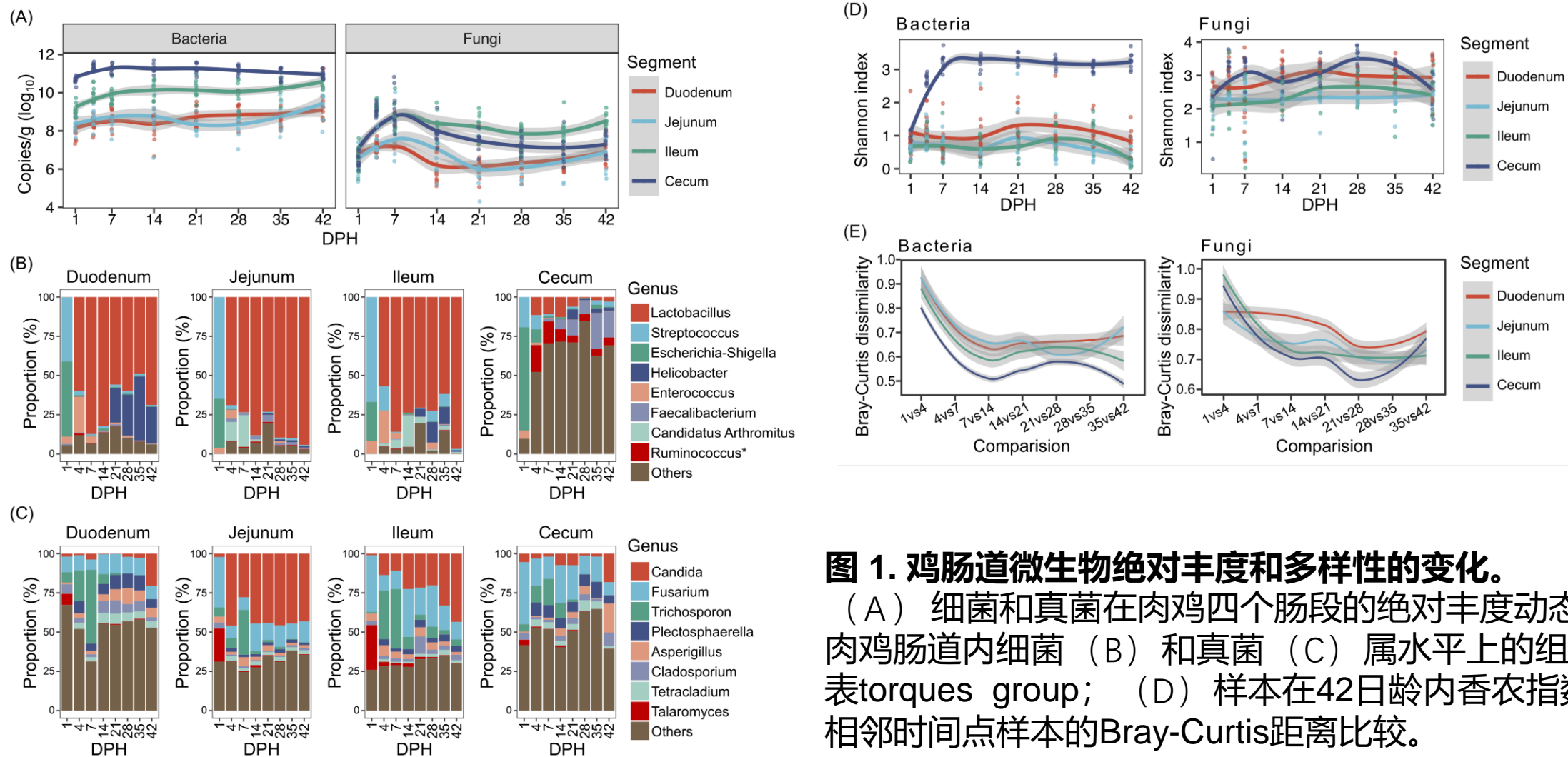


图 1. 鸡肠道微生物绝对丰度和多样性的变化。

(A) 细菌和真菌在肉鸡四个肠段的绝对丰度动态变化；肉鸡肠道内细菌 (B) 和真菌 (C) 属水平上的组成, *代表torques group; (D) 样本在42日龄内香农指数; (E) 相邻时间点样本的Bray-Curtis距离比较。



结果

相对丰度揭示的鸡肠道微生物发育和相互关系有偏差

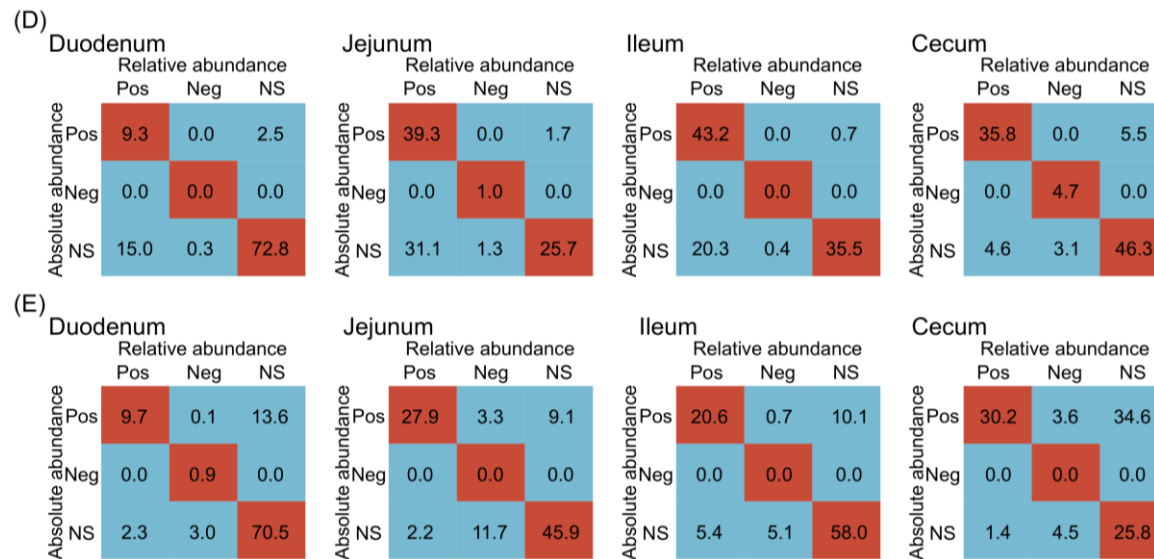
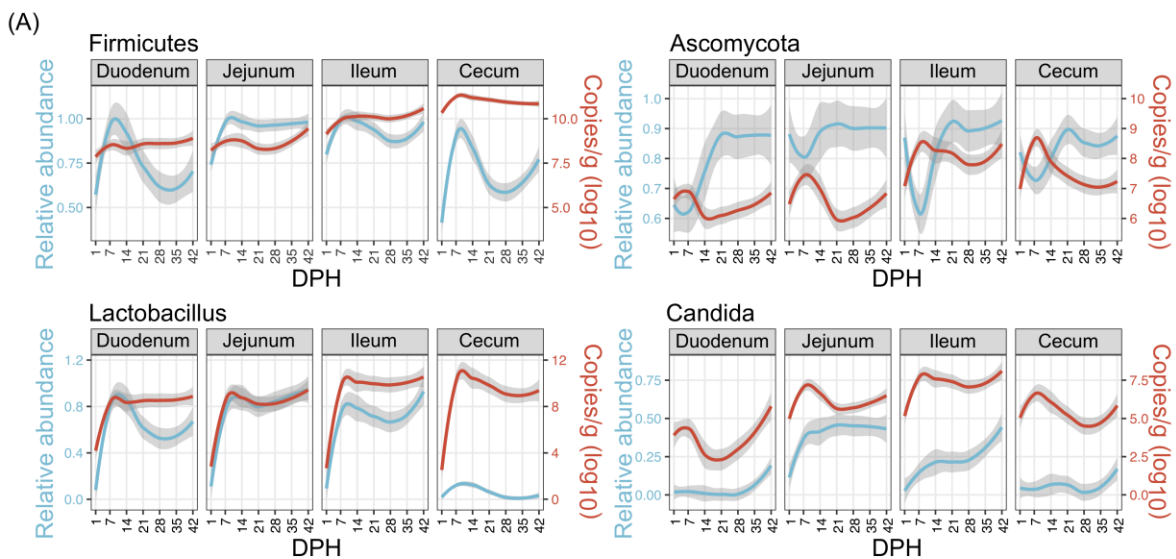


图 2. 定量微生物组和相对定量微生物组方法在解析鸡肠道微生物的差异。

(A) 主要的门 (厚壁菌门和子囊菌门) 和主要的属 (乳酸菌属和念珠菌属) 的绝对丰度和相对丰度的变化。(B) 细菌和真菌的绝对丰度和相对丰度之间的相关性的普氏分析。(C) 由个体、肠段和日龄等因素解释的肠道微生物群变异百分比。基于绝对丰度和相对丰度的细菌 (D) 和真菌 (E) 物种间相关性结果的一致性分析。



结果

确定性和随机过程塑造肠段特异的群落类型

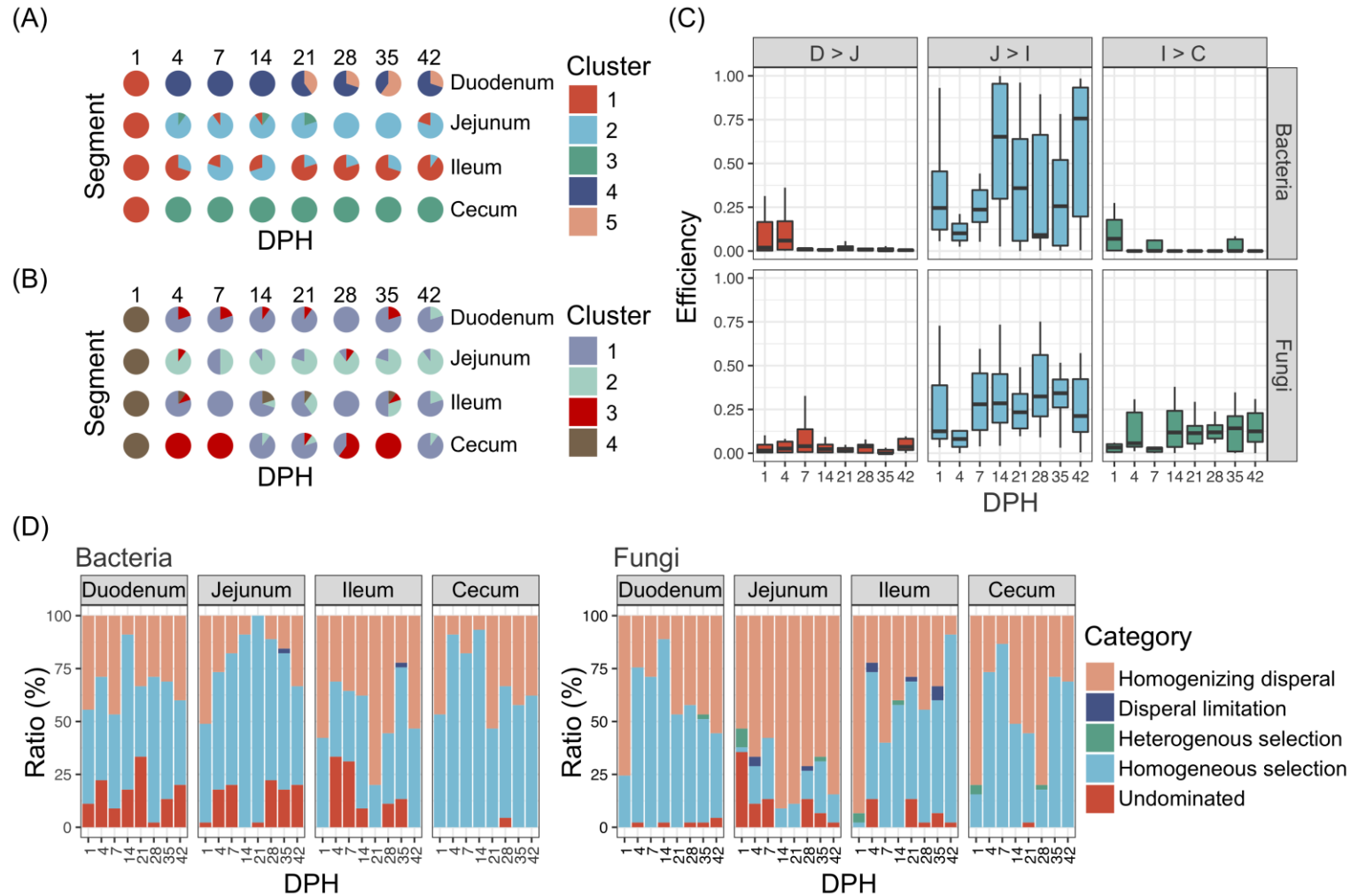


图 3. 细菌和真菌菌群的聚类与肠段和选择压力有关。

细菌菌群 (A) 和真菌菌群 (B) 的DMM聚类。不同颜色代表不同的DMM类型。 (C) 前面的肠微生物对邻近的后面的肠微生物的相对贡献。 (D) 不同的生态过程的重要性。



结果

鸡肠道中微生物定植能力不同

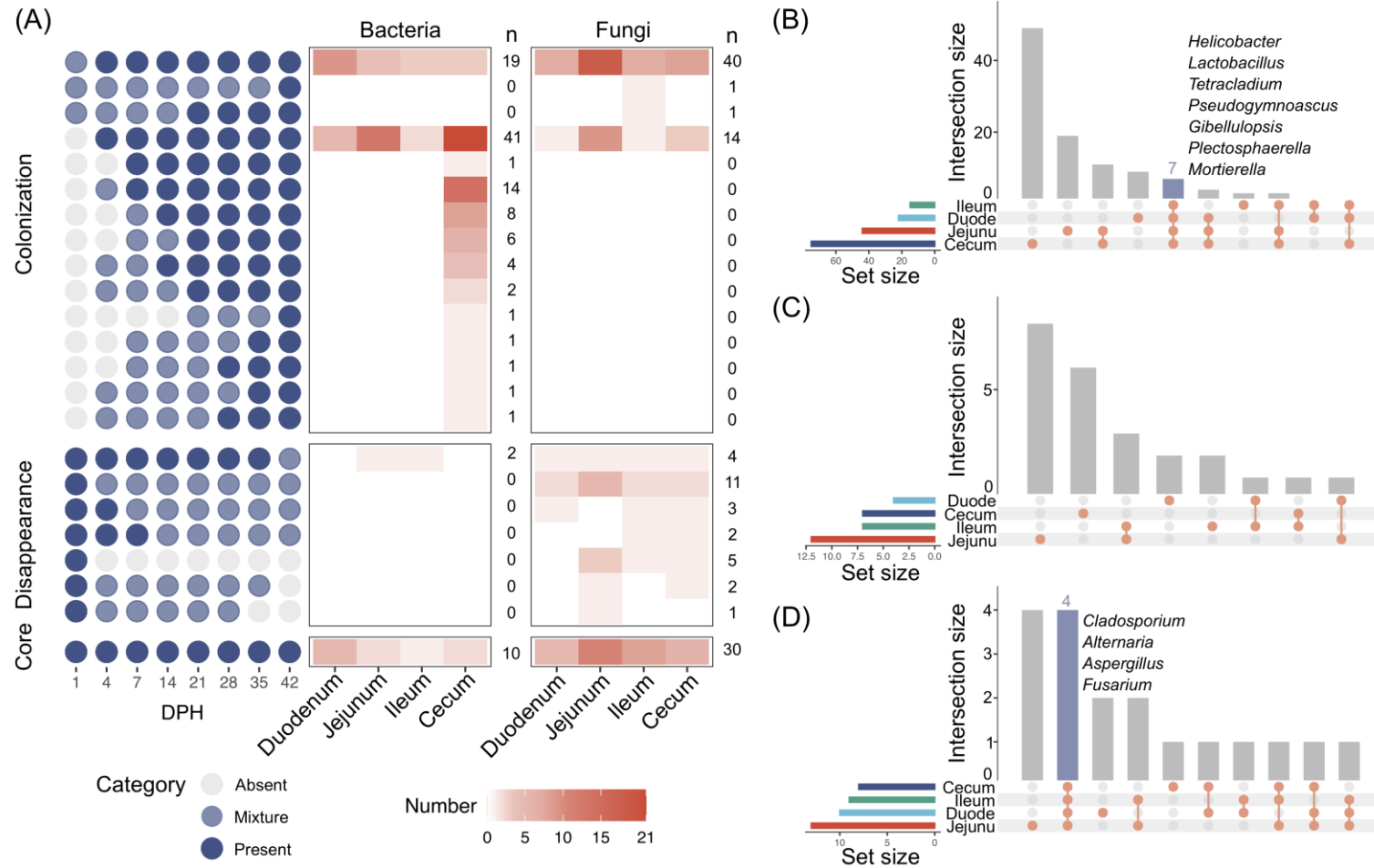


图 4. 四个肠段中微生物属水平发育模式和变化。

(A) 四个肠段中发育模式总结成三个分类（核心、消失和定植）。UpSetR图展示定植 (B)、消失 (C) 和核心 (D) 分类的交集。



结果

共现网络揭示鸡肠道内微生物之间更多的正相关关系

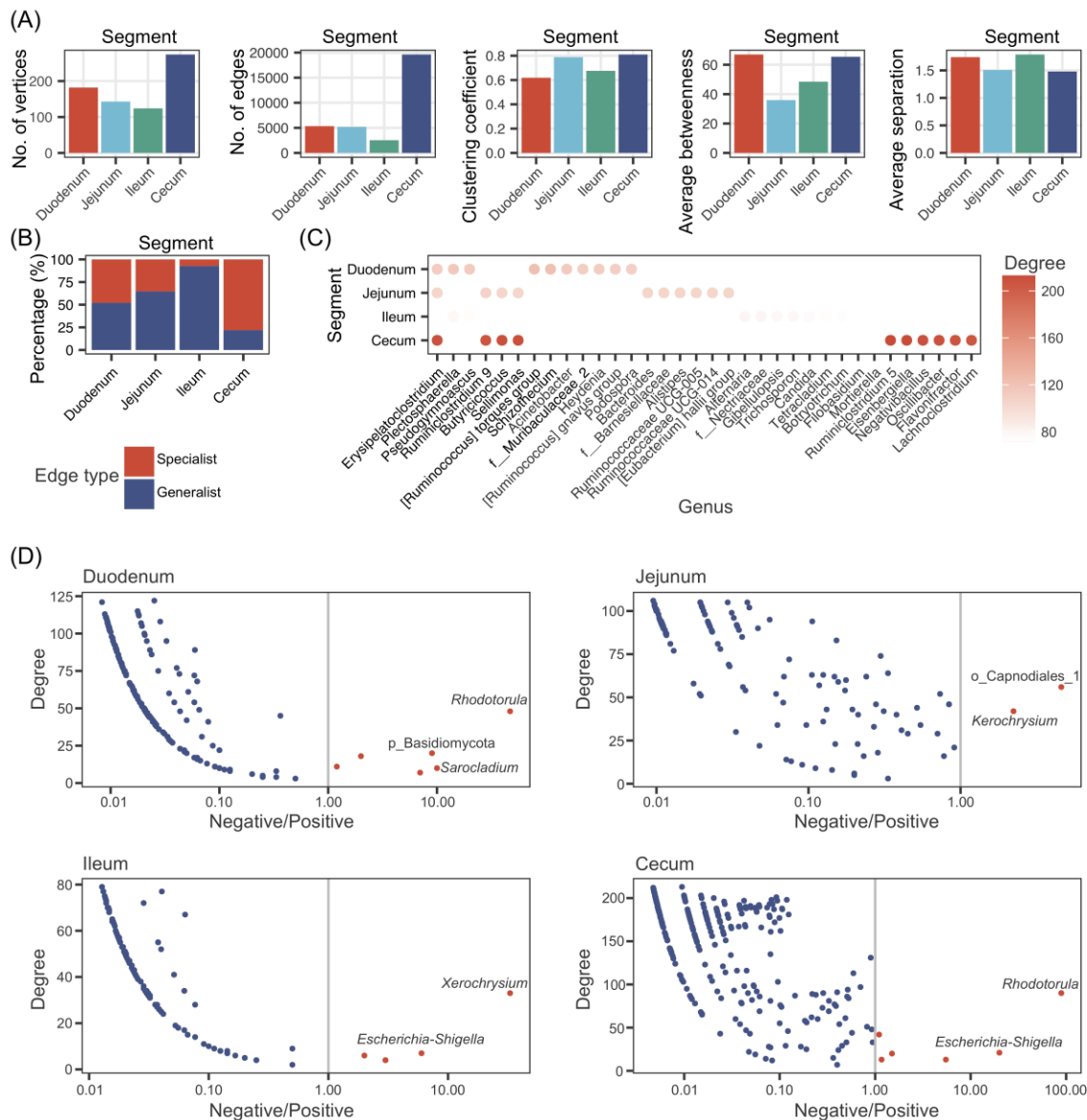


图 5. 四个肠段肠道微生物共现网络。

(A) 基于微生物绝对丰度推断出的微生物共现网络的拓扑学特性。(B) 四个微生物共现网络中共有边和特异边的比例。四个微生物共现网络中共有边和特异边的比例。(C) 四个肠道段中的前10个关键微生物。每个点的颜色代表每个微生物的平均度。空白位置表示该微生物不是一个关键微生物。(D) 负相关关系数量和正相关关系数量比例的对数转换 (\log_{10}) 与微生物度的值的散点图。

结果

血清代谢物丰度伴随着鸡的发育而变化

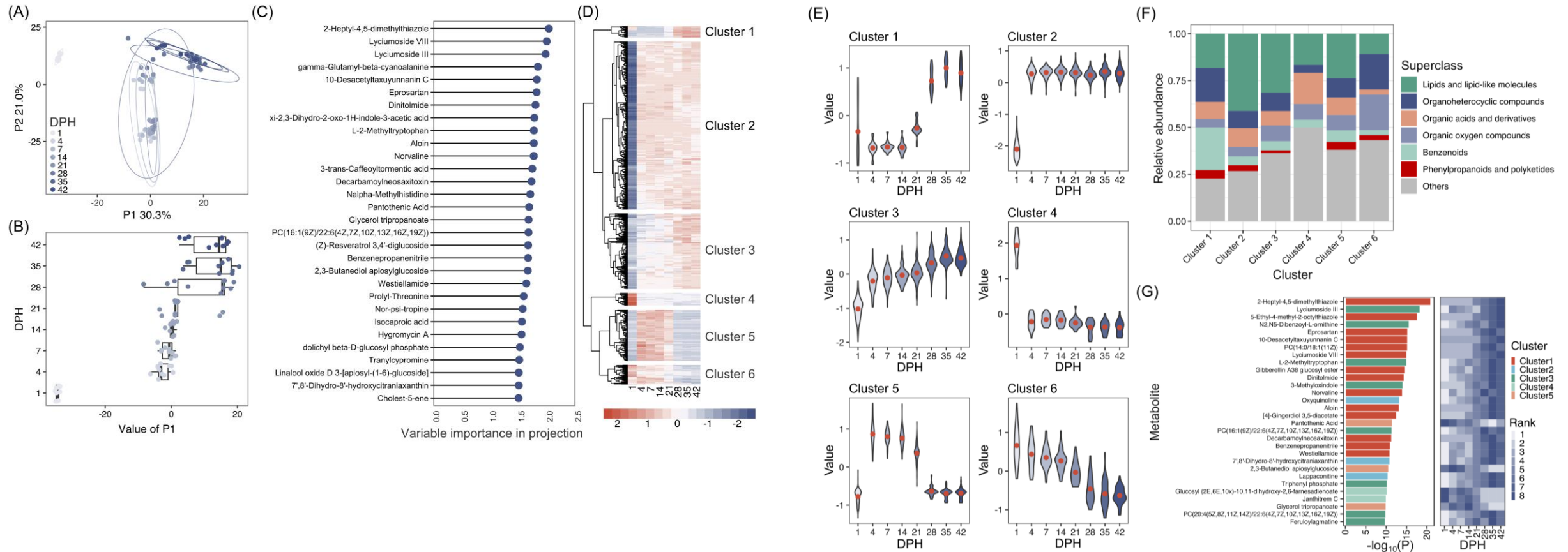


图 6. 肉鸡生长过程中血清代谢物的变化。

(A) 不同时间点鸡血清代谢谱的OPLS-DA图。 (B) 不同时间点的OPLS-DA结果的P1值。 (C) 按VIP值排列的代谢物重要性。 (D) 随时间显著改变的代谢物丰度热图 (一般线性模型, $FDR < 0.05$)。根据分层聚类, 将代谢物分为六个簇。 (E) 六个簇的代谢物丰度随时间变化趋势。 (F) 每个簇代谢通路分析总结。 (G) 根据一般线性模型结果, 前30随着时间的推移显著变化的代谢物。

结果

基于定量微生物组建立微生物和鸡血清代谢物的关联

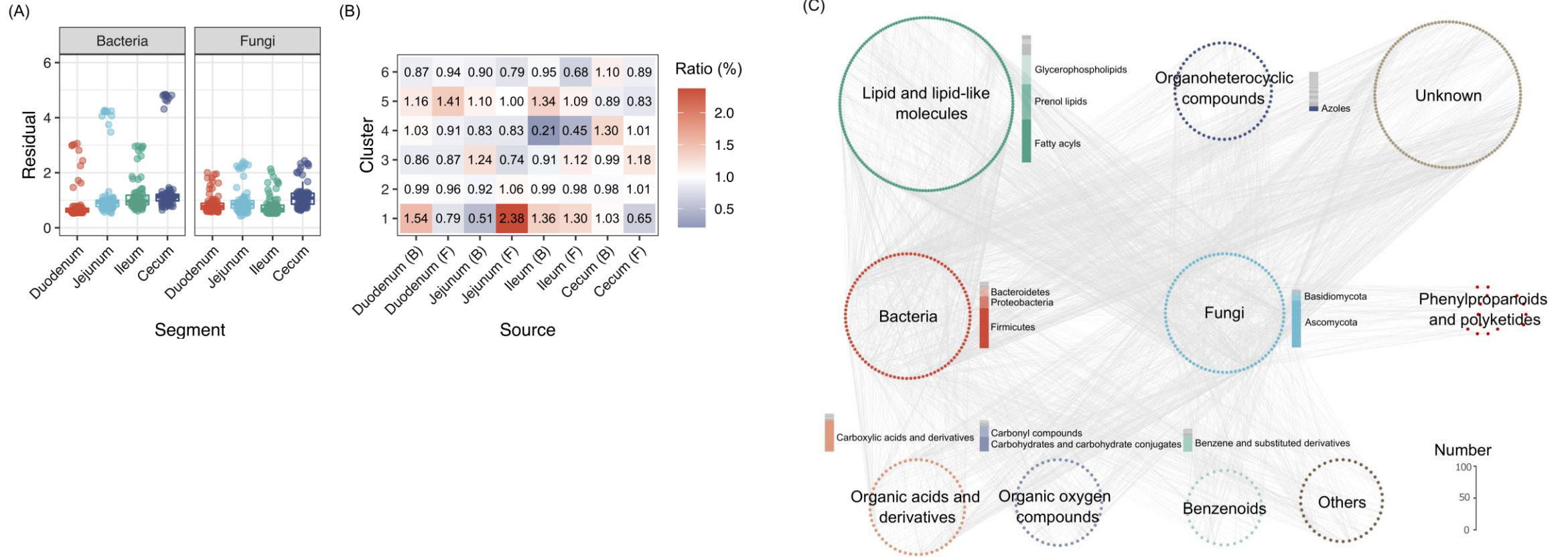


图 7. 微生物-代谢物的相互关联。

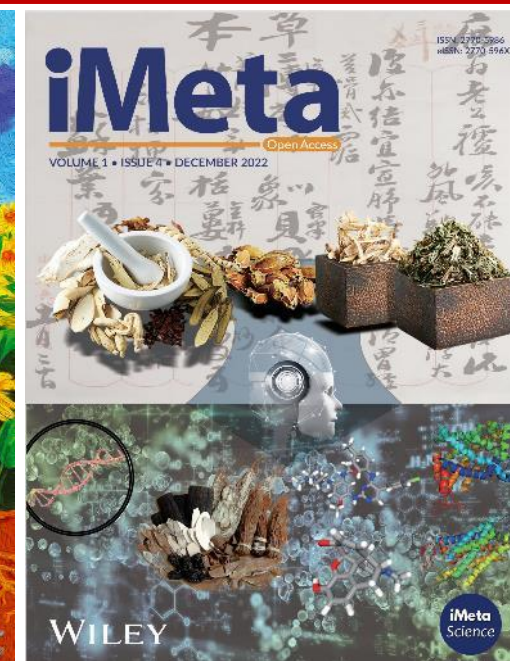
(A) 绝对丰度下不同肠段微生物-代谢物关联残差的差异。(B) 所有微生物-代谢物相互关联中前1%共现可能性的比率。红色单元格代表代谢物和微生物之间存在更多的相互关联；蓝色单元格代表代谢物和微生物之间存在较少的相互关联。(C) 使用mmvec从四个肠段发现的微生物-代谢物相互关联共现网络。

总结

- ◆ 通过定量微生物组分析揭示肉鸡肠道微生物发育轨迹。
- ◆ 鸡肠道微生物呈现出肠段特异的群落类型和生长阶段特异的微生物。
- ◆ 不同鸡肠道微生物定植能力不同，形成不同的发育模式。
- ◆ 鸡肠道微生物的发育与血清代谢物变化有关。

Yuqing Feng, Meihong Zhang, Yan Liu, Xinyue Yang, Fuxiao Wei, Xiaolu Jin, Dan Liu, Yuming Guo, and Yongfei Hu. 2023. "Quantitative Microbiome Profiling Reveals the Developmental Trajectory of the Chicken Gut Microbiota and its Connection to Host Metabolism". *iMeta* e105. <https://doi.org/10.1002/imt2.105>





“iMeta”由威立、肠菌分会和华人科学家出版的开放获取期刊，主编由中科院微生物所刘双江和荷兰格罗宁根大学傅静远教授共同担任。目的是发表原创研究、方法和综述以促进宏基因组学、微生物组和生物信息学发展。目标是发表前10%(IF > 15)的高影响力论文。期刊特色包括视频投稿、可重复分析、图片打磨、青年编委、前3年免出版费、50万用户的社交媒体宣传等。2022年的三月、六月、九月和十二月期已正式在线出版发行，相继被Google Scholar、PubMed(部分)、DOAJ、Scopus等数据库收录！

主页: <http://www.imeta.science>
出版社: <https://wileyonlinelibrary.com/journal/imeta>

投稿: <https://mc.manuscriptcentral.com/imeta>

 office@imeta.science

 [宣传片](#)

 [iMeta](#)

