



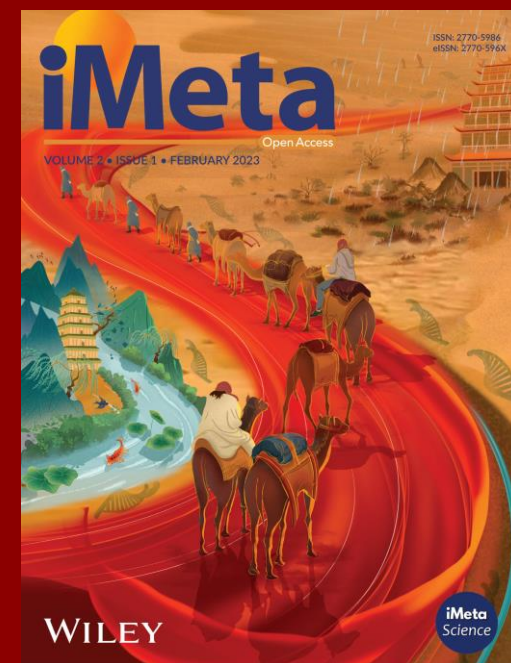
# 破译瘤胃微生物的功能群及其在塑造宿主表型中的潜在因果关系

薛茗元<sup>1,2</sup>, 谢云怡<sup>1</sup>, 臧新威<sup>1</sup>, 钟一帆<sup>1</sup>, 马晓娇<sup>1</sup>,  
孙会增<sup>1,3</sup>, 刘建新<sup>1,3</sup>

<sup>1</sup>浙江大学动物科学学院,

<sup>2</sup>湘湖实验室 (农业浙江省实验室)

<sup>3</sup>浙江大学动物分子营养学教育部重点实验室

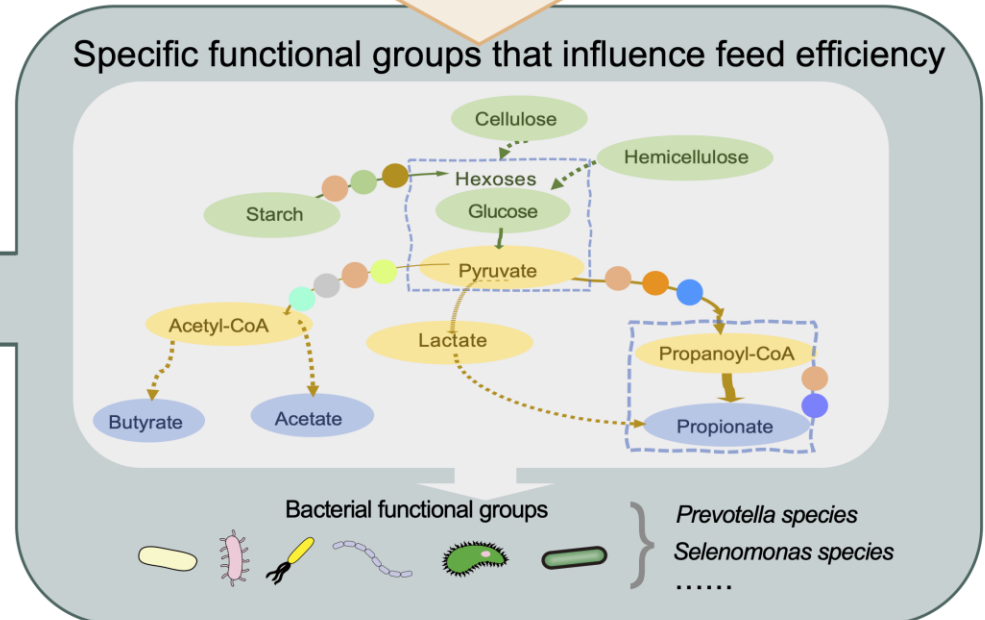
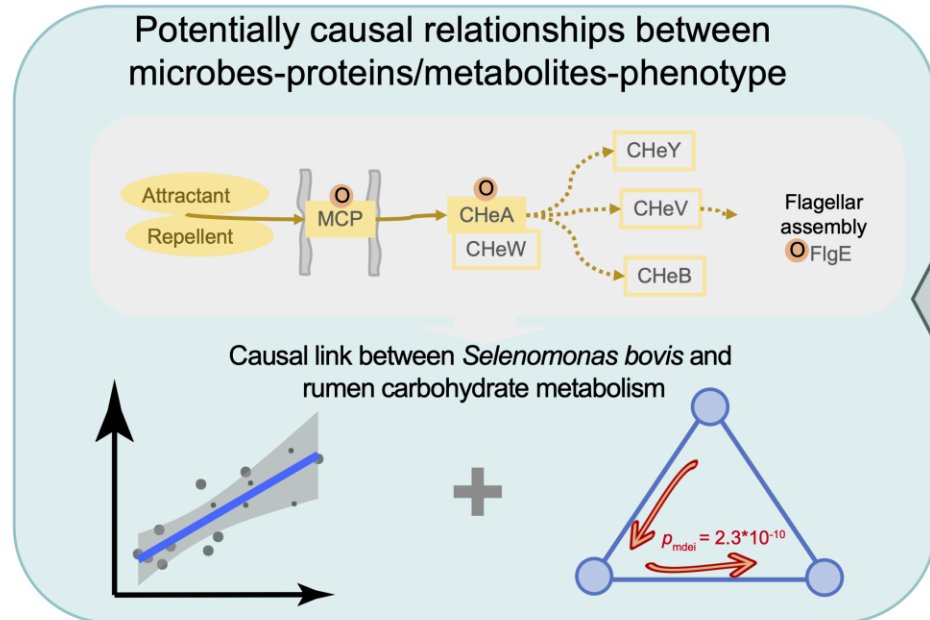
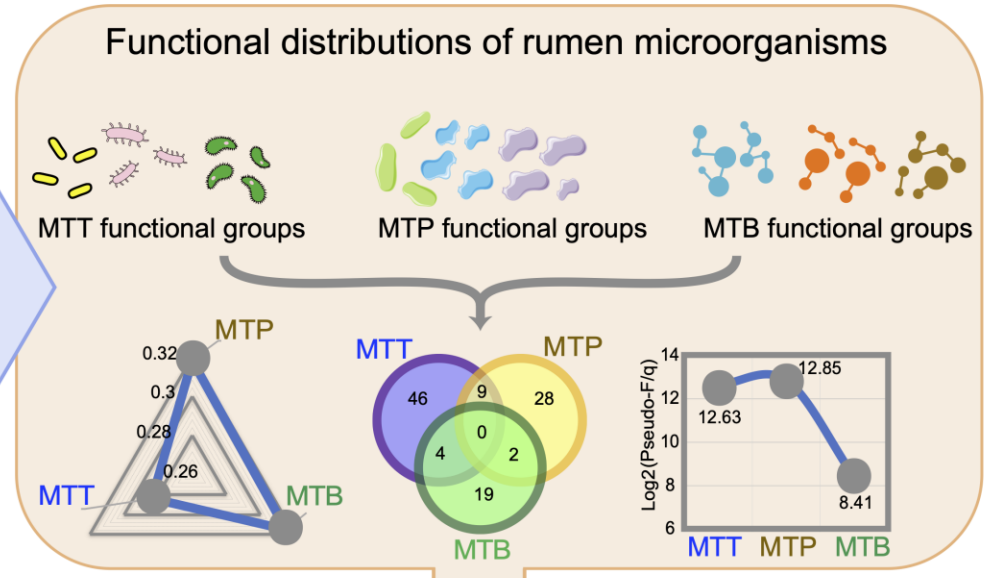
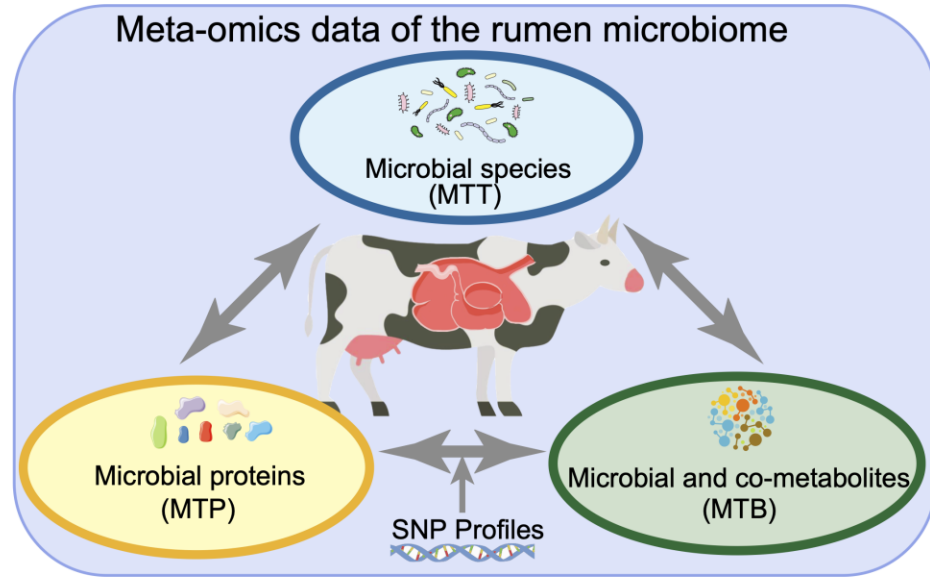


Mingyuan Xue, Yunyi Xie, Xinwei Zang, Yifan Zhong, Xiaojiao Ma, Huizeng Sun, Jianxin Liu. 2024. Deciphering functional groups of rumen microbiome and their underlying potentially causal relationships in shaping host traits.

*iMeta* 3: e225. <https://doi.org/10.1002/imt2.225>

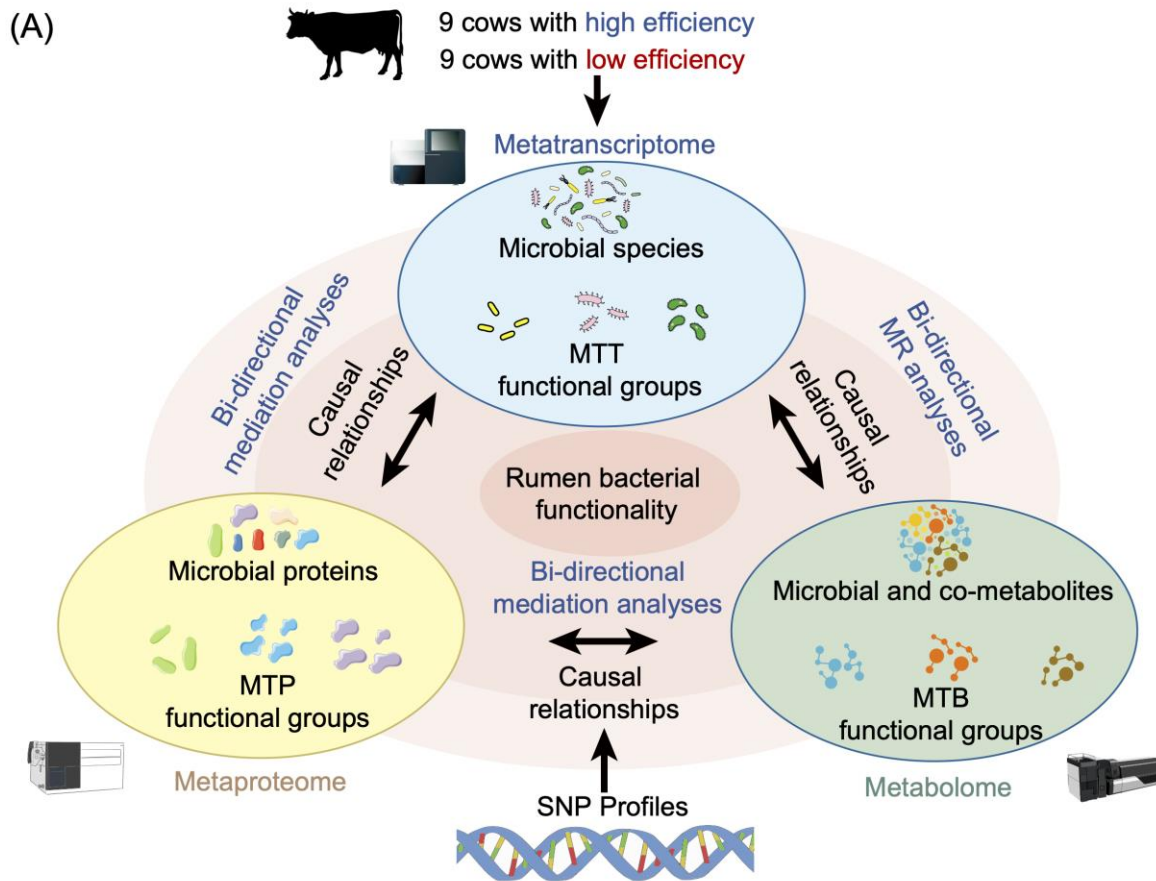


# 图文摘要



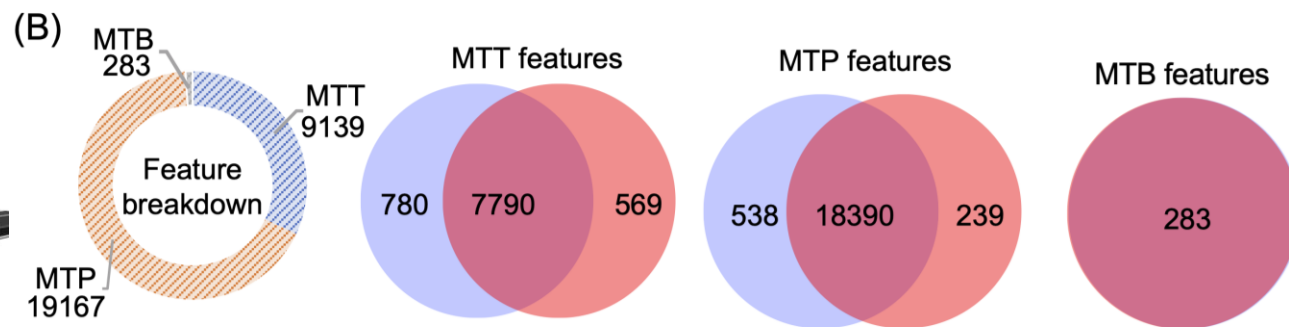


# 研究方法与数据概览



数据集共包括来自18头奶牛的28,589个宏组学特征, 以及来自298头奶牛的20,571个SNP位点。

- 宏转录组(MTT)——9,139个微生物分类群
- 宏代谢组(MTB)——283个代谢物
- 宏蛋白组(MTP)——19,167个蛋白质

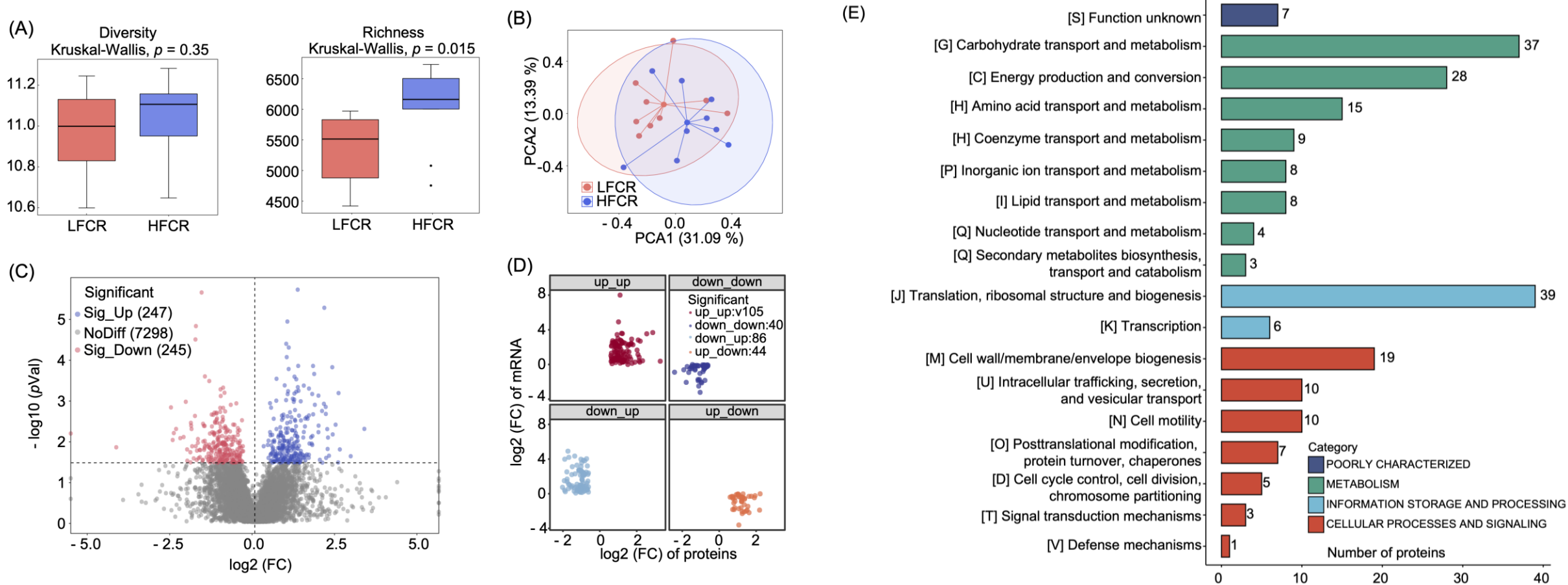


## 技术路线与特征概述

(A) 试验奶牛瘤胃转录组学 (MTT)、宏基因组学 (MTP) 和代谢组学 (MTB) 的试验流程概览 (B) 高效与低效奶牛宏组学特征韦恩图。



# 基于宏蛋白质组学的瘤胃微生物功能解析

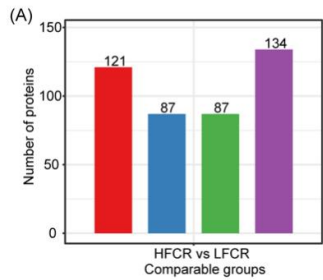


## 高、低饲料效率奶牛瘤胃微生物群的主要宏蛋白质组特征

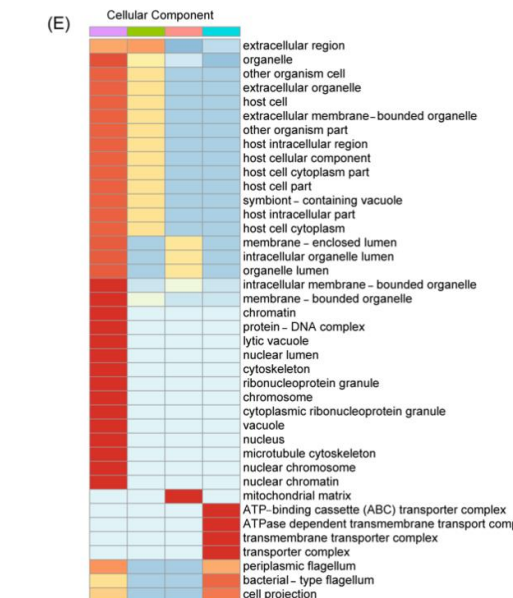
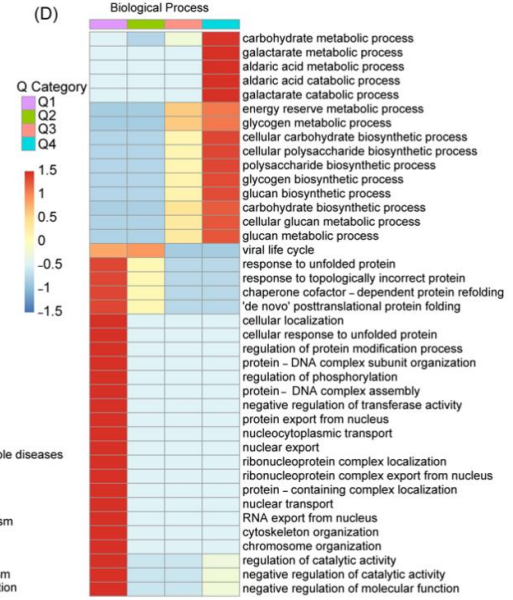
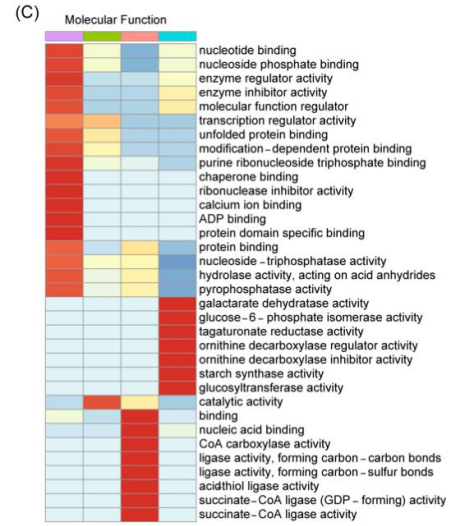
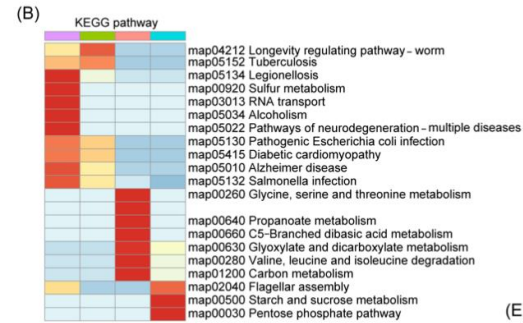
(A) 不同饲料效率奶牛瘤胃宏蛋白质组的 $\alpha$ 多样性和丰富度指数 (B) 不同饲料效率奶牛瘤胃微生物宏蛋白质组的 $\beta$ 多样性 (C) 不同饲料效率奶牛瘤胃微生物的蛋白质表达 (D) 显著差异的转录特征与蛋白质组学特征的相关分析 (E) 显著上调的蛋白质同源物群 (COGs) 的功能分类。LFCR, 低饲料转化率; HFCR, 高饲料转化率。



# 瘤胃微生物组潜在功能与实际功能群的差异



Type  
 Q1 (< 0.5)  
 Q2 (0.5 - 0.667)  
 Q3 (1.5 - 2.0)  
 Q4 (> 2.0)



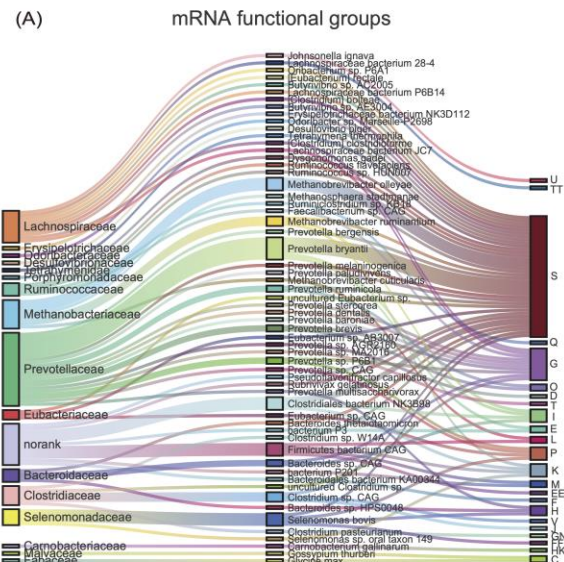
## 基于宏转录组、宏蛋白质组、宏代谢组的高效奶牛瘤胃微生物功能群

通过对每个比较组内差异表达蛋白质 (DEPs) 进行聚类分析, 根据倍数变化分成四个四分位 (Q1至Q4), 对每个四分位进行了GO分类、KEGG通路分析以及蛋白质域富集分析, 并揭示了不同表达水平蛋白质的功能相关性。

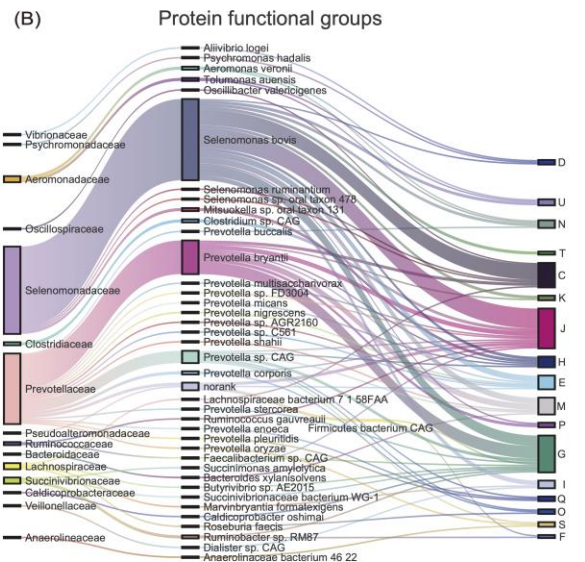
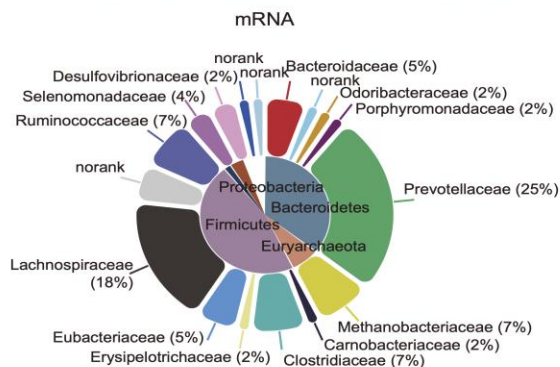
利用Q3和Q4进行基于mRNA和蛋白质的功能富集分析, 这些四分位在高饲料效率个体中显著富集。通过追溯瘤胃微生物种属的分类信息, 确定了与高效率饲养奶牛相关的瘤胃微生物功能群。



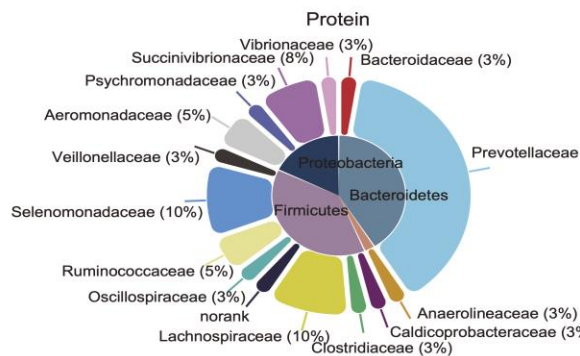
# 瘤胃微生物组潜在功能与实际功能群的差异



- [C] Energy production and conversion
- [D] Cell cycle control, cell division, chromosome partitioning
- [E] Amino acid transport and metabolism
- [F] Nucleotide transport and metabolism
- [G] Carbohydrate transport and metabolism
- [H] Coenzyme transport and metabolism
- [I] Lipid transport and metabolism
- [J] Translation, ribosomal structure and biogenesis
- [K] Transcription
- [M] Cell wall/membrane/envelope biogenesis
- [N] Cell motility
- [O] Posttranslational modification, protein turnover, chaperones



- [P] Inorganic ion transport and metabolism
- [Q] Secondary metabolites biosynthesis, transport and catabolism
- [S] Function unknown
- [T] Signal transduction mechanisms
- [U] Intracellular trafficking, secretion, and vesicular transport
- [V] Defense mechanisms
- [EE] Amino acid transport and metabolism | Amino acid transport and metabolism
- [FF] Nucleotide transport and metabolism | Nucleotide transport and metabolism
- [GN] Carbohydrate transport and metabolism | Cell motility
- [HK] Coenzyme transport and metabolism | Transcription
- [TT] Signal transduction mechanisms | Signal transduction mechanisms



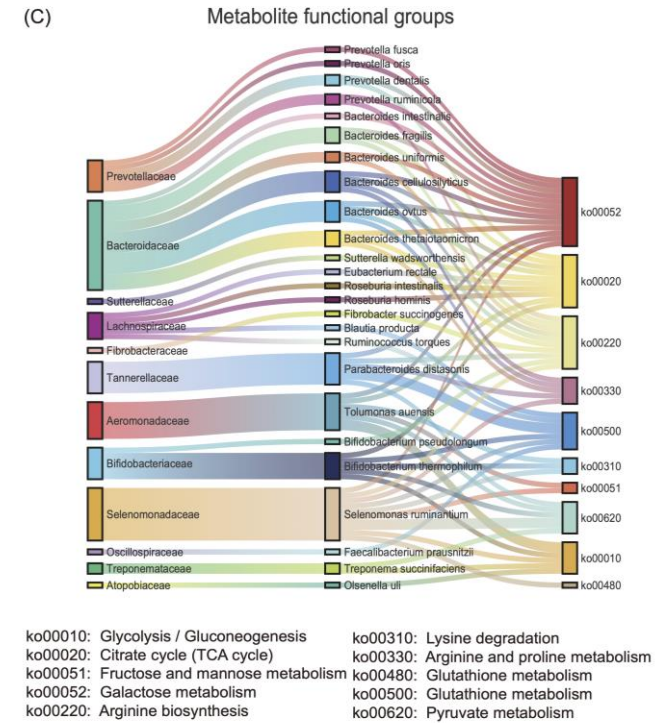
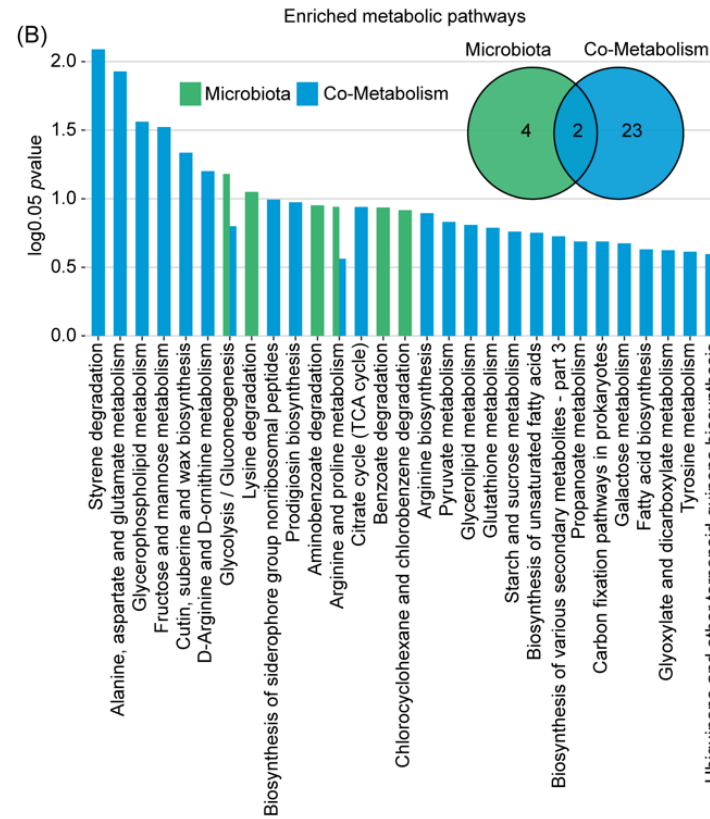
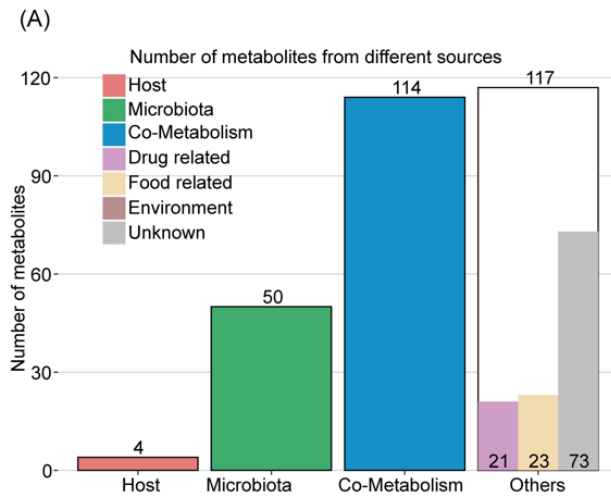
## 基于宏转录组、宏蛋白质组、宏代谢组的高效奶牛瘤胃微生物功能群

(A) 根据宏转录组数据分析的与高饲料效率相关的瘤胃微生物功能群分类和功能映射关系桑基图

(B) 根据宏蛋白质组数据分析的分类和功能映射关系桑基图

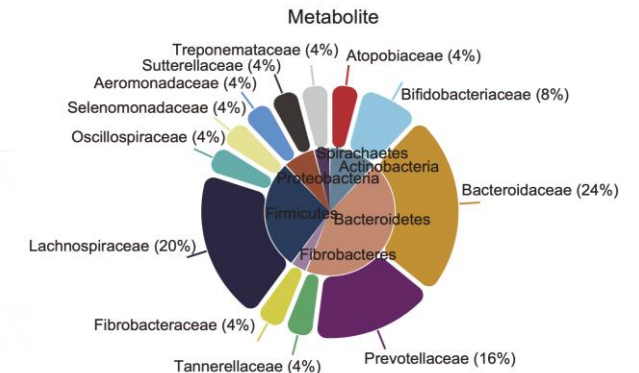


# 瘤胃微生物组潜在功能与实际功能群的差异



## 基于宏转录组、宏蛋白质组、宏代谢组的高效奶牛瘤胃微生物功能群

基于代谢物的功能组 (MTB-based) 通过代谢物起源分析和基于起源的代谢功能分析生成, 选择了29种微生物代谢功能进行下游的功能群分析, 通过桑基网络可视化了细菌类群与代谢物之间的生物学关系。



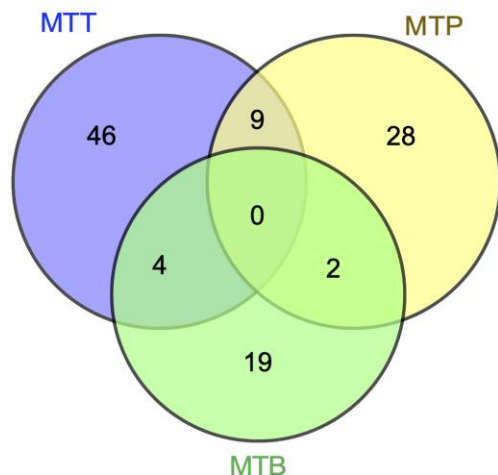


# 瘤胃微生物组潜在功能与实际功能群的差异

(A)

MTT vs MTP

<i>Clostridium</i> sp. CAG
<i>Faecalibacterium</i> sp. CAG
<i>Firmicutes</i> bacterium CAG
<i>Prevotella bryantii</i>
<i>Prevotella multisaccharivorax</i>
<i>Prevotella</i> sp. AGR2160
<i>Prevotella</i> sp. CAG
<i>Prevotella stercorea</i>
<i>Selenomonas bovis</i>



MTT vs MTB

<i>Bacteroides thetaiotaomicron</i>
<i>Eubacterium rectale</i>
<i>Prevotella dentalis</i>
<i>Prevotella ruminicola</i>

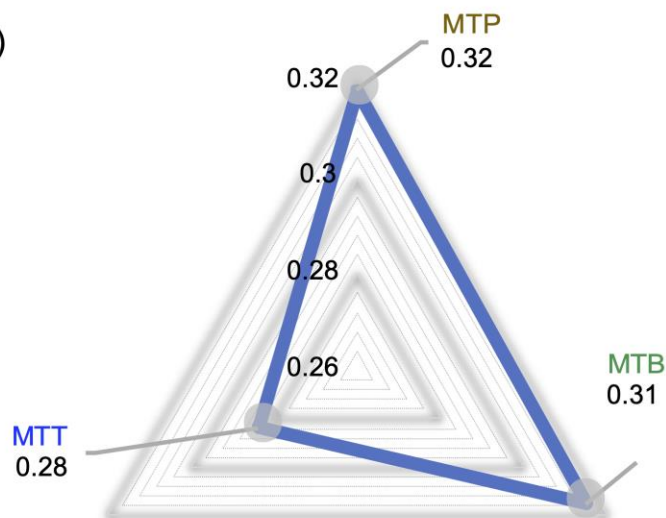
MTP vs MTB

<i>Selenomonas ruminantium</i>
<i>Tolumonas auensis</i>

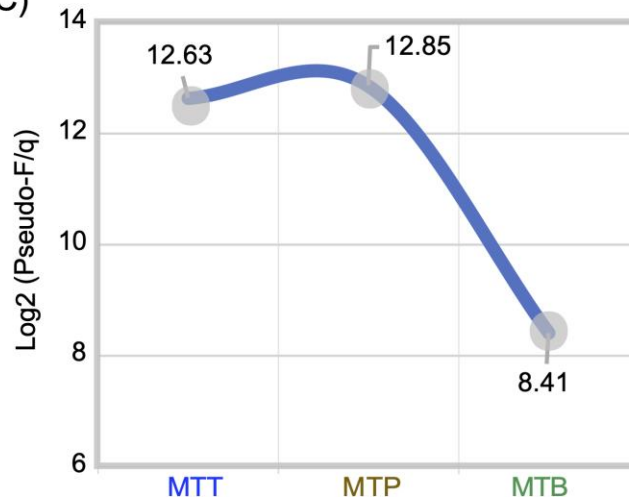
## 基于不同组学数据的瘤胃功能群比较

(A) 基于MTT、MTP和MTB的高饲料效率相关的瘤胃微生物功能群重叠的韦恩图

(B)



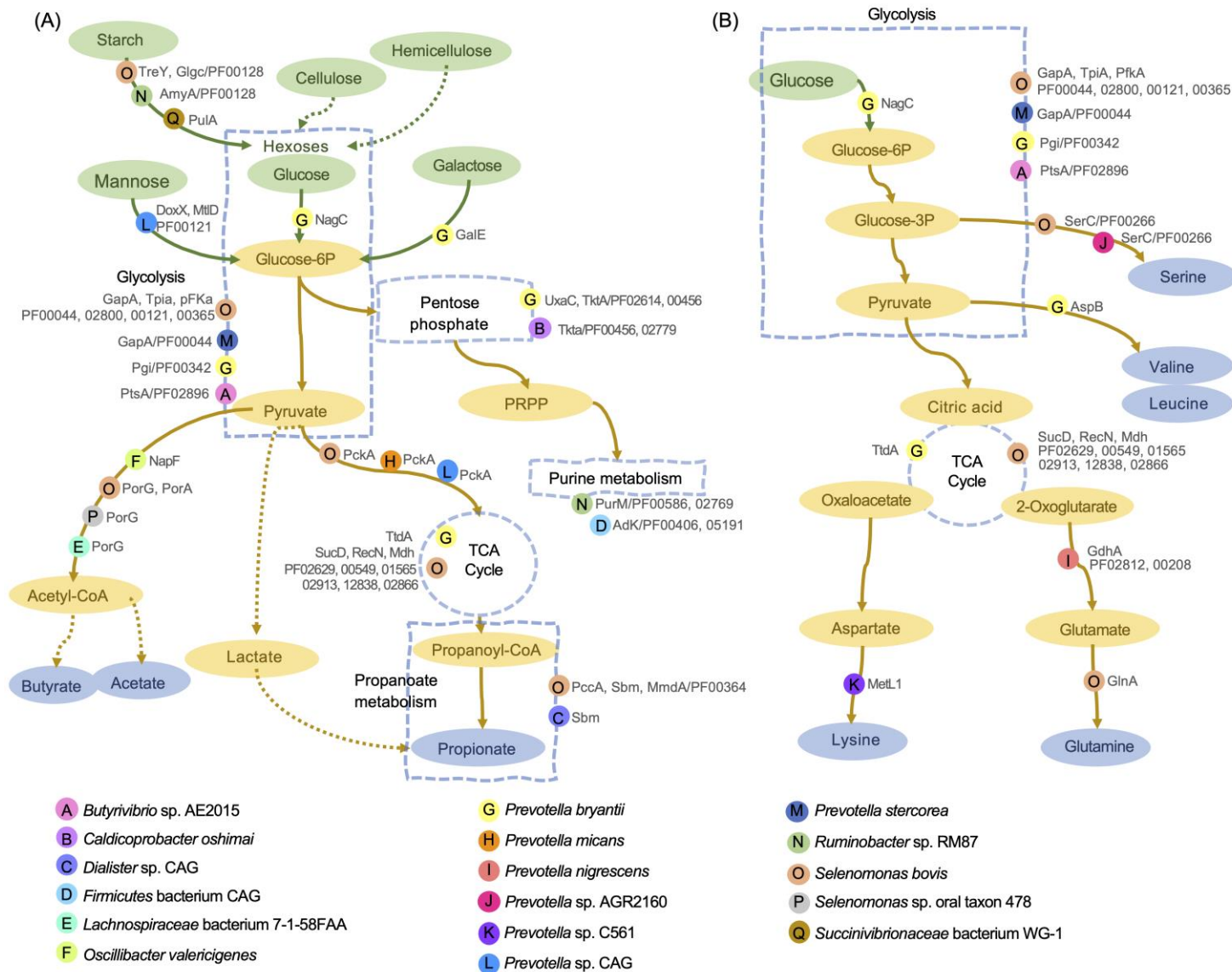
(C)



(B) 每个功能群的饲料效率辨别力比较  
(C) 基于 Bray-Curtis 的  $\beta$  多样性的 PERMANOVA R2值和  $\log_2 (F/P)$  值。



# 高饲料效率瘤胃功能群通过关键蛋白质发挥作用

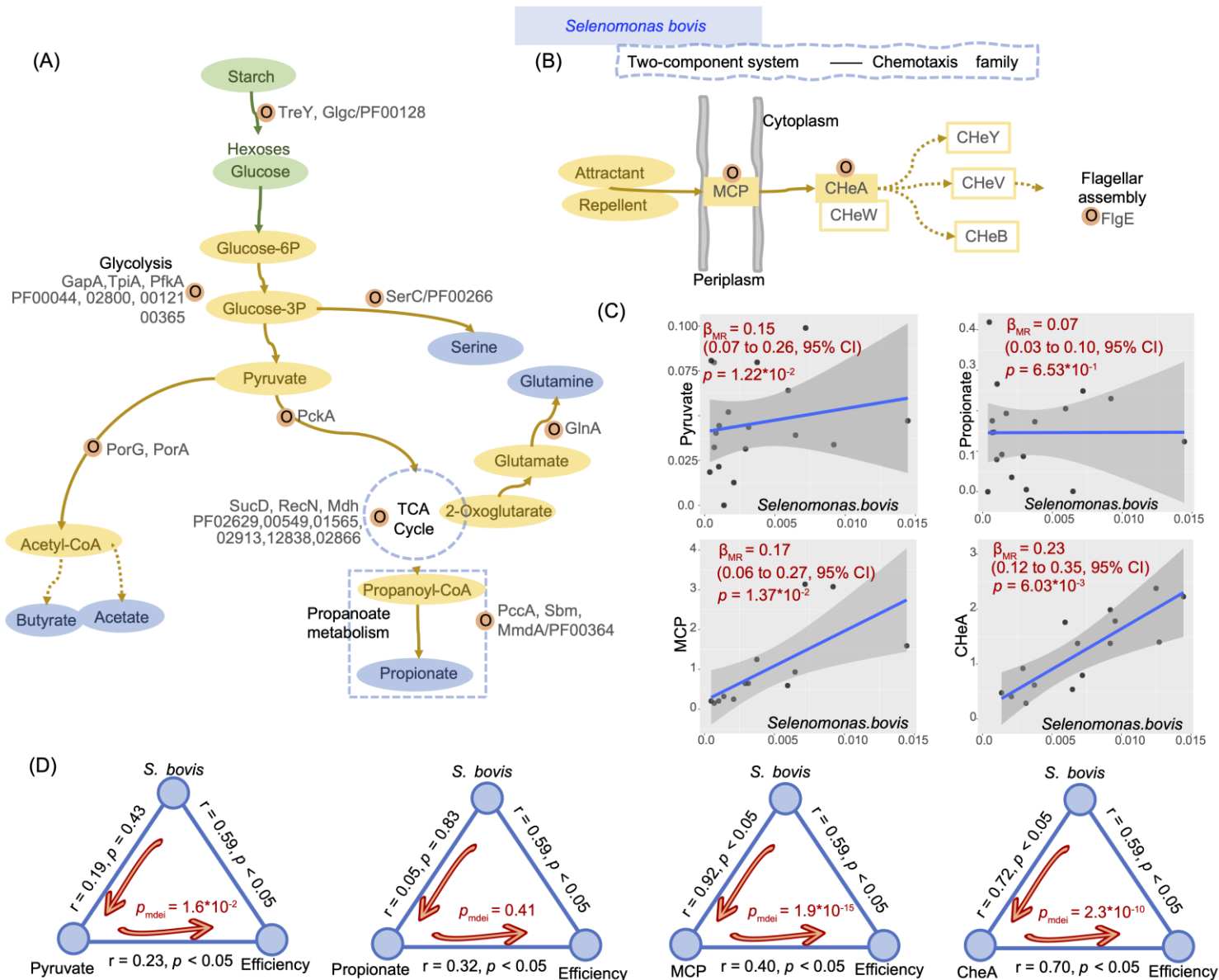


## 基于宏蛋白质组学的瘤胃微生物功能群中关键蛋白质在关键代谢途径中的作用

基于MTP的功能性群体表现出微生物参与多种代谢途径的显著模式，特别是碳水化合物代谢、氨基酸代谢和细菌趋化性。



# S. bovis与功能性蛋白/代谢产物之间潜在的因果关系



S. bovis参与高效饲料利用奶牛瘤胃功能中的代谢途径及其与关键功能的因果关系

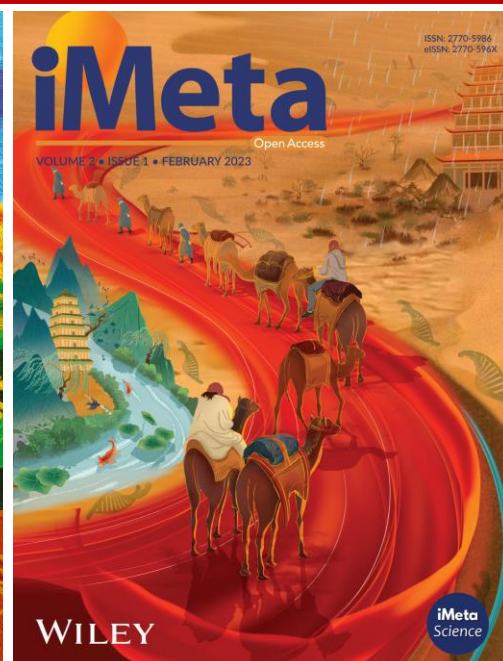


# 总结

- 结合瘤胃多种宏组学数据，解析了影响饲料效率的瘤胃微生物的活性功能群分布及其功能冗余性；
- 通过整合宿主基因组数据并将其作为中介，确立了微生物、蛋白质/代谢物和表型之间的潜在因果关系；
- 发现了牛月形单胞菌 *Selenomonas bovis* 与瘤胃碳水化合物代谢之间的因果联系，揭示了其在提高奶牛饲料利用效率方面的作用。

Mingyuan Xue, Yunyi Xie, Xinwei Zang, Yifan Zhong, Xiaojiao Ma, Huizeng Sun, Jianxin Liu. 2024. Deciphering functional groups of rumen microbiome and their underlying potentially causal relationships in shaping host traits.

*iMeta* 3: e225. <https://doi.org/10.1002/imt2.225>



“***iMeta***”(影响因子**23.7**)由威立、肠菌分会和数千名华人科学家出版的期刊，主编刘双江和傅静远教授。收稿范围：任何领域高影响力的研究、方法和综述，重点关注微生物组、生物信息、大数据和多组学等；影响力：[ESCI/WOS/JCR](#)、[PubMed](#)、[Google](#)、[Scopus](#)收录，**IF 23.7**位列微生物学研究期刊全球第一；时效性：外审平均21天；投稿至发表中位数57天；“***iMetaOmics***”主编赵方庆和于君教授，定位IF>10的高水平交叉学科综合期刊，欢迎投稿！



主页: <http://www.imeta.science>

出版社: <https://wileyonlinelibrary.com/journal/imeta>



[office@imeta.science](mailto:office@imeta.science)

[imetaomics@imeta.science](mailto:imetaomics@imeta.science)



投稿: <https://wiley.atyponrex.com/journal/IMT2>

<https://wiley.atyponrex.com/journal/IMO2>



宣传片



[iMeta](#)

