



肺部微生物基因和基因组集构建揭示猪肺炎支原体菌株引起猪肺部病变的机制

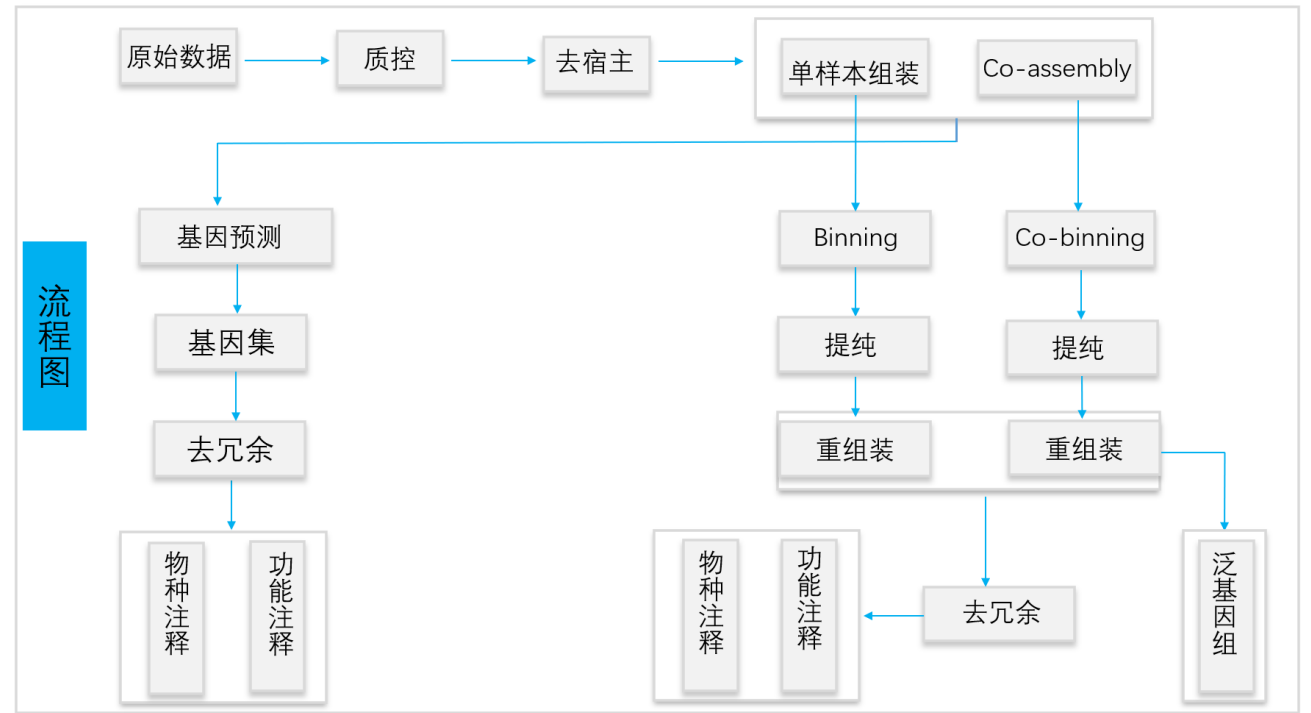
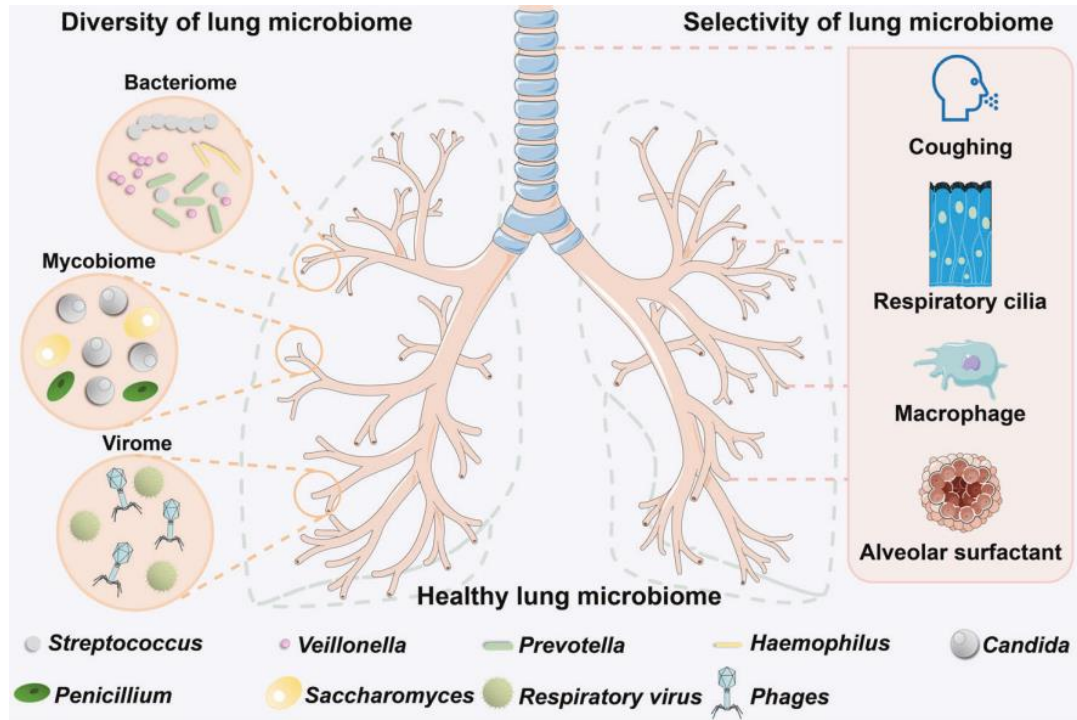
李井泉[#], 黄菲[#], 周云燕[#], 黄涛, 童信凯, 张明鹏, 谌佳琪, 张洲
杜慧鹏, 刘梓峰, 周梦, 夏侯翌雯, 艾华水^{*}, 陈从英^{*}, 黄路生^{*}

江西农业大学猪遗传改良与种质创新全国重点实验室



Jingquan Li, Fei Huang, Yunyan Zhou, Tao Huang, Xinkai Tong, Mingpeng Zhang, Jiaqi Chen, Zhou Zhang, Huipeng Du, Zifeng Liu, Meng Zhou, Yiwen Xiahou, Huashui Ai, Congying Chen, Lusheng Huang. 2024. Comprehensive lung microbial gene and genome catalogs assist the mechanism survey of *Mesomycoplasma hyopneumoniae* strains causing pig lung lesions. *iMeta* 3: e258. <https://doi.org/10.1002/imt2.258>

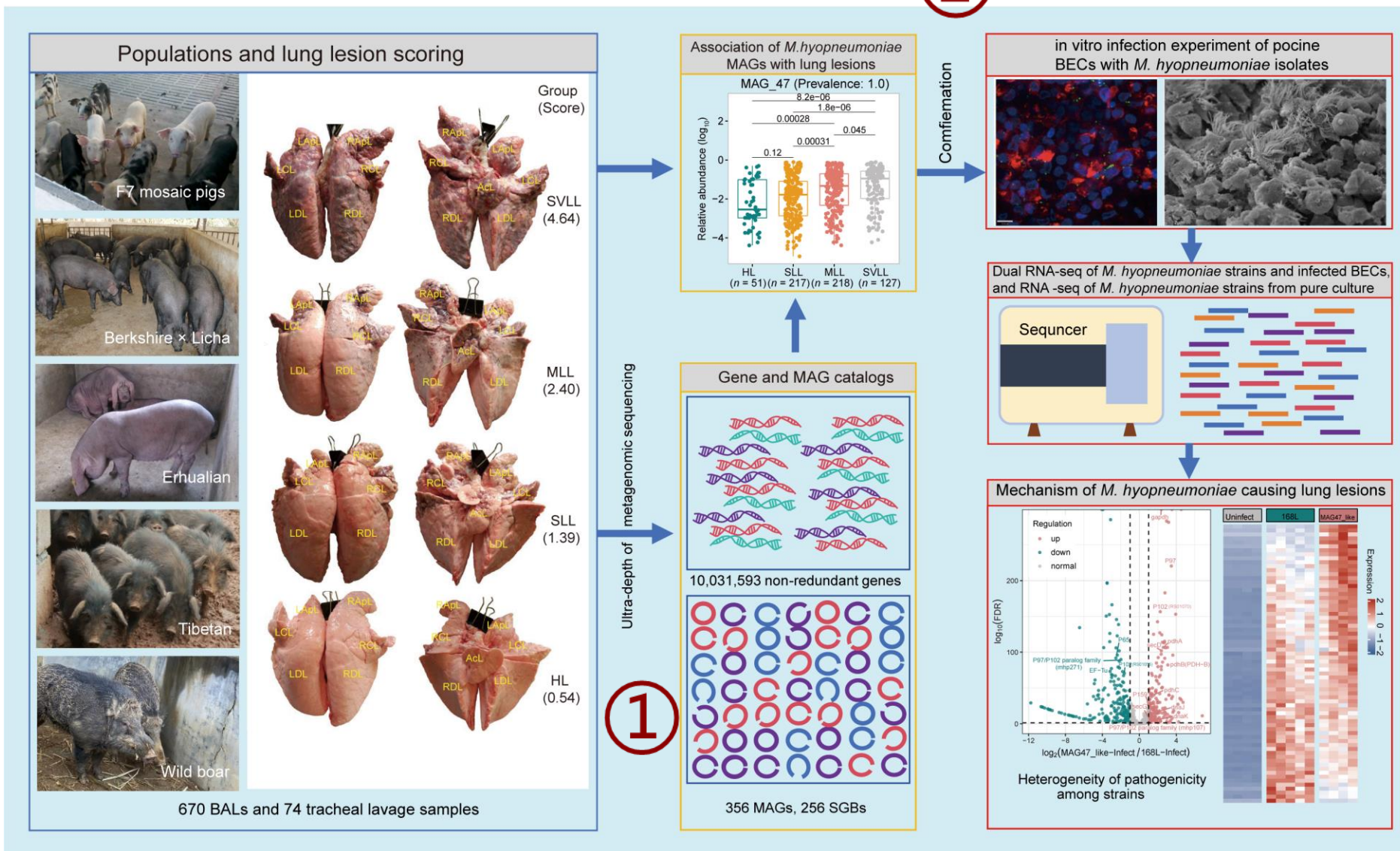
简介



- 越来越多的证据表明，肺部微生物对呼吸系统疾病有重要影响。
- 揭示肺部微生物组成和群落结构对探究其在肺部健康和机体相关疾病中的作用至关重要。

亮点

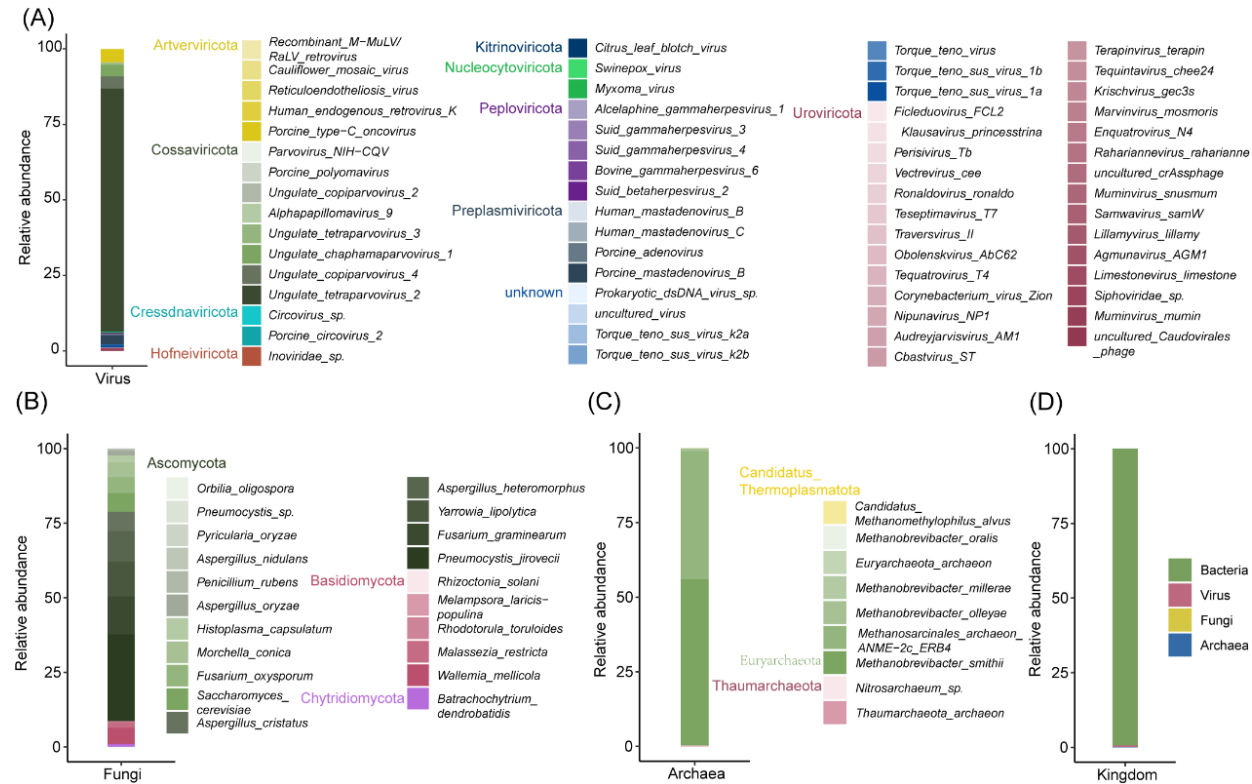
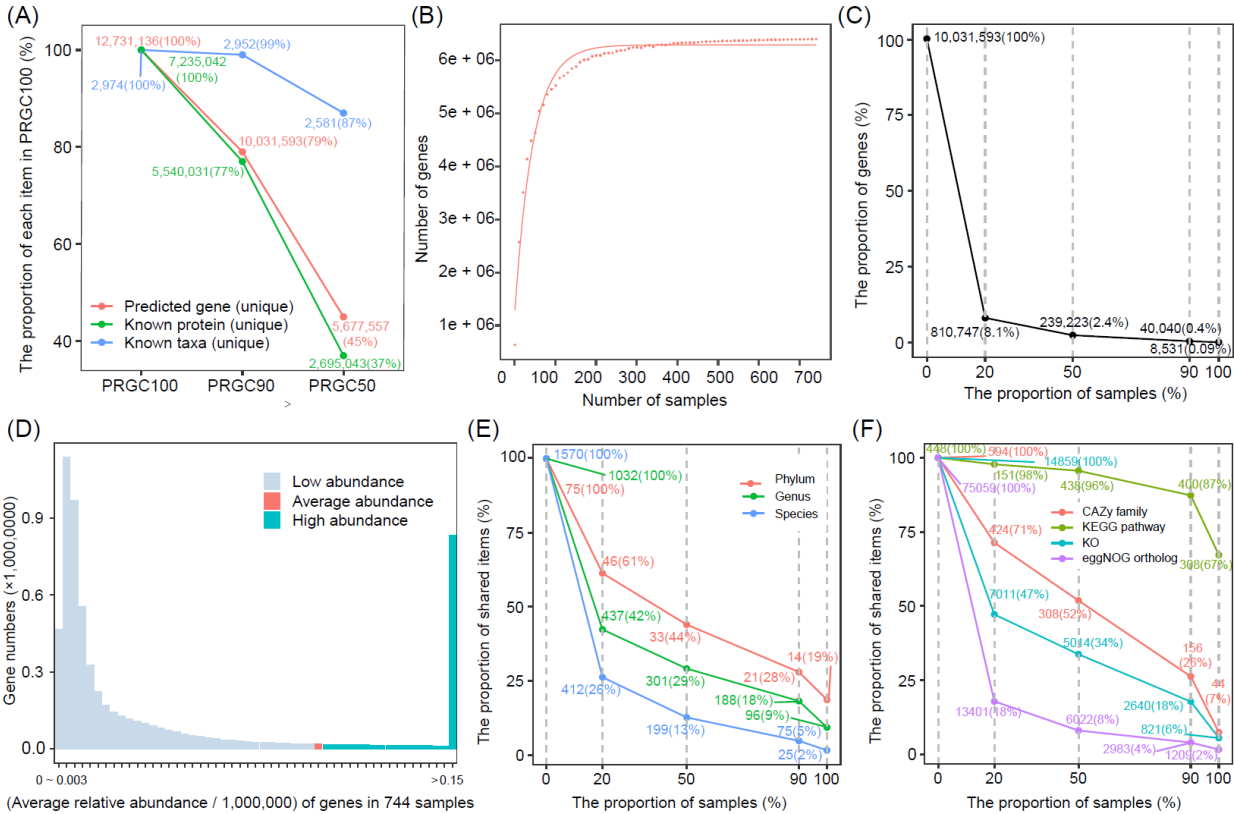
②



结果

基因集的特征

基因集的物种分类注释

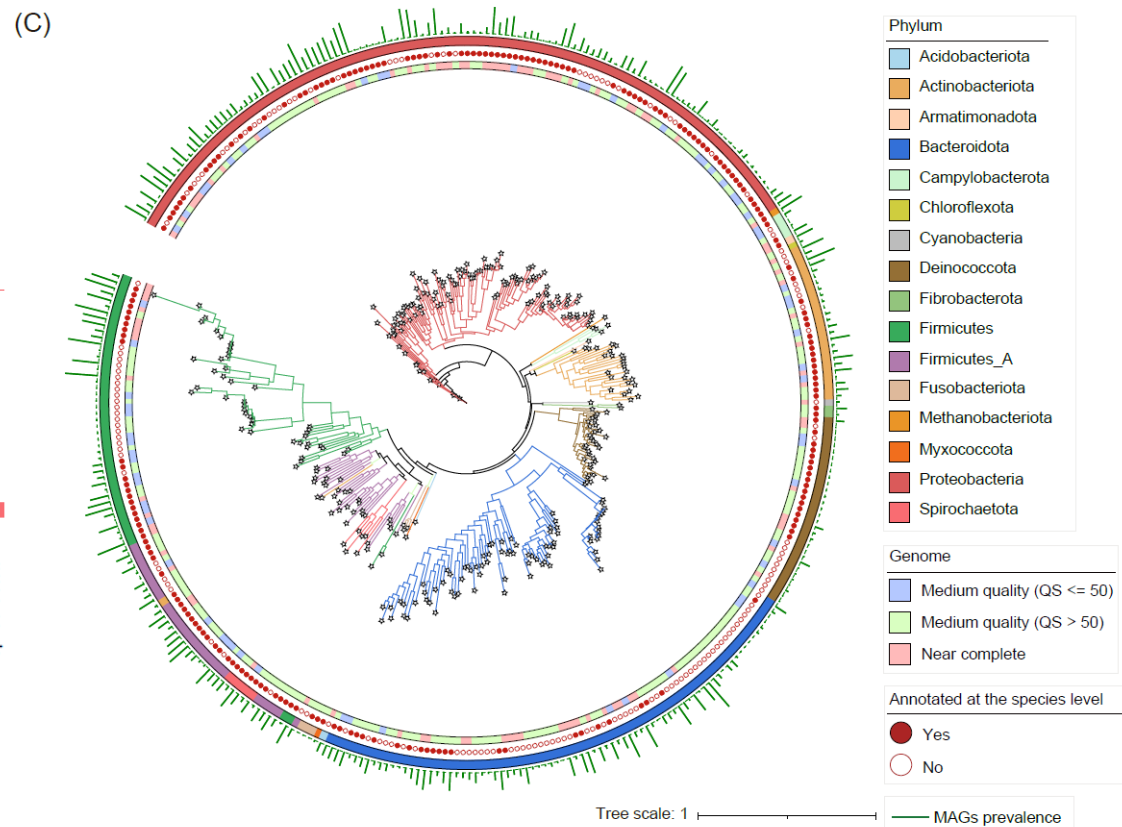
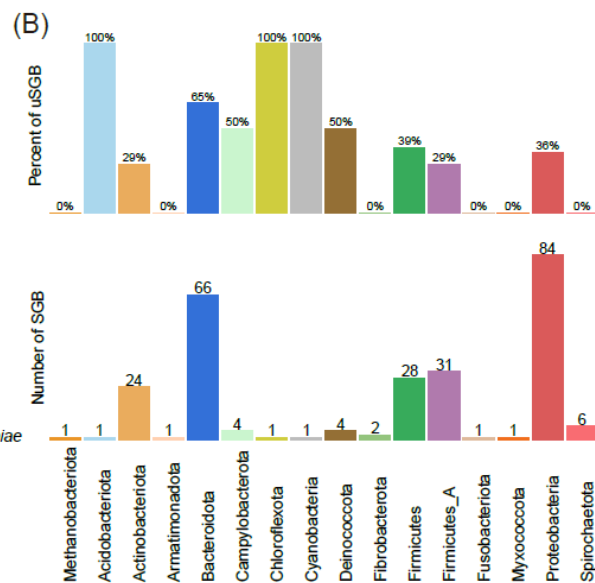
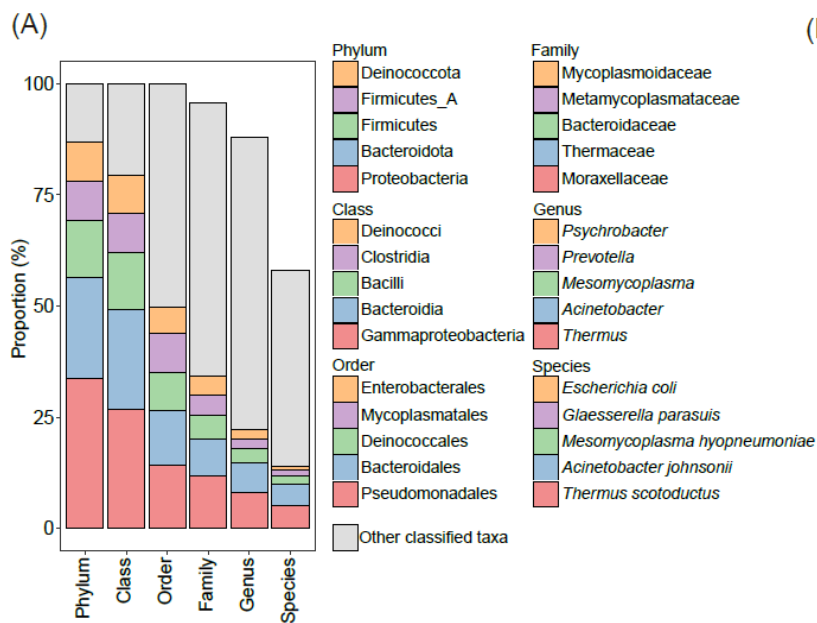


- 构建了一个包含 10,031,593 个基因的猪下呼吸道微生物基因集
- 基因集揭示了猪下呼吸道微生物组的微生物组的物种分类和功能组成概况。

结果

356个 MAGs的物种分类组成

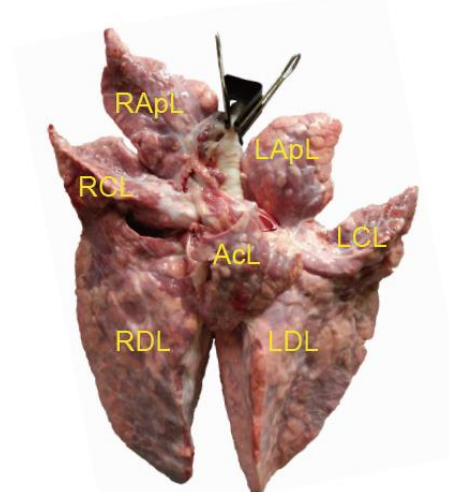
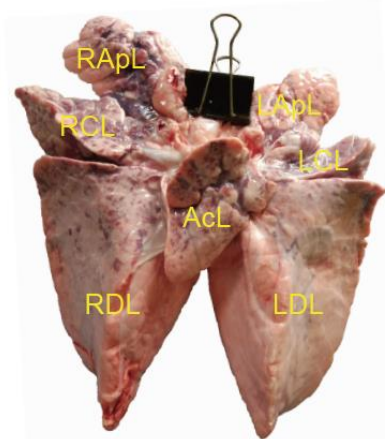
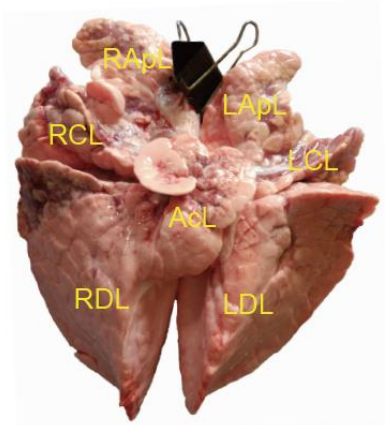
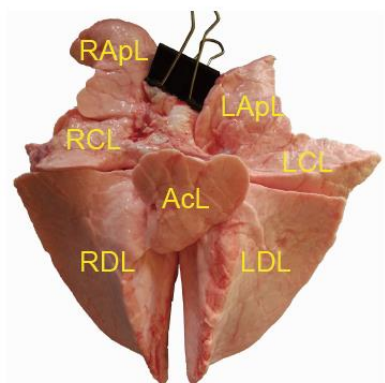
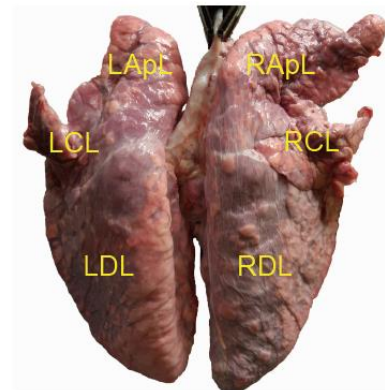
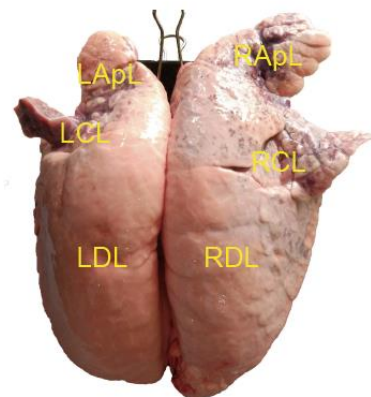
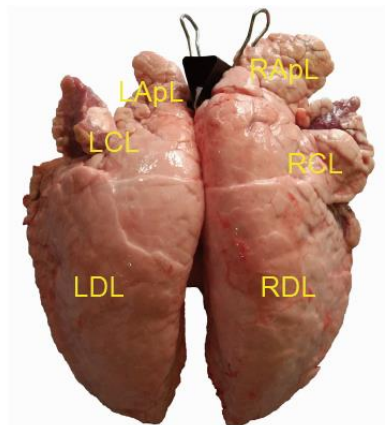
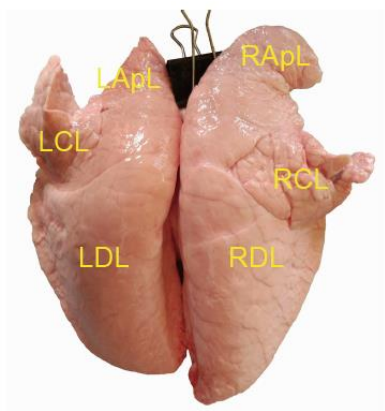
356个 MAGs的系统发育树



- 利用宏基因组binning方法，重构了1965个猪下呼吸道微生物宏基因组组装基因组。
- 聚类为356个非冗余宏基因组组装基因组和256个物种水平基因组。
- 256个物种水平基因组中，41.8%为未知的物种。



结果



Score 0.54
Group HL

1.39
SLL

2.40
MLL

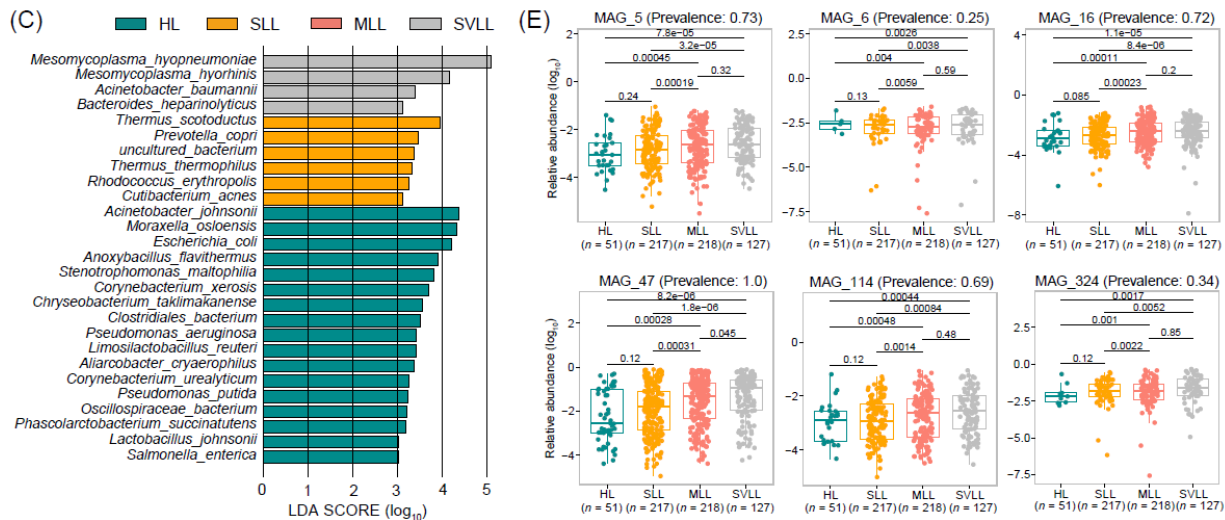
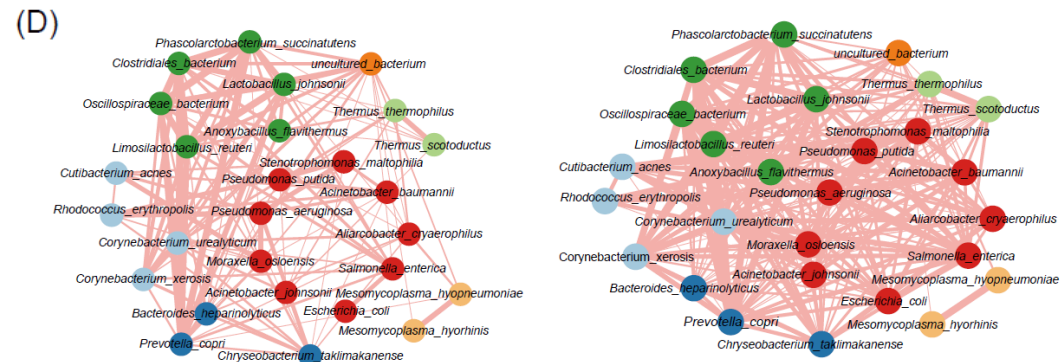
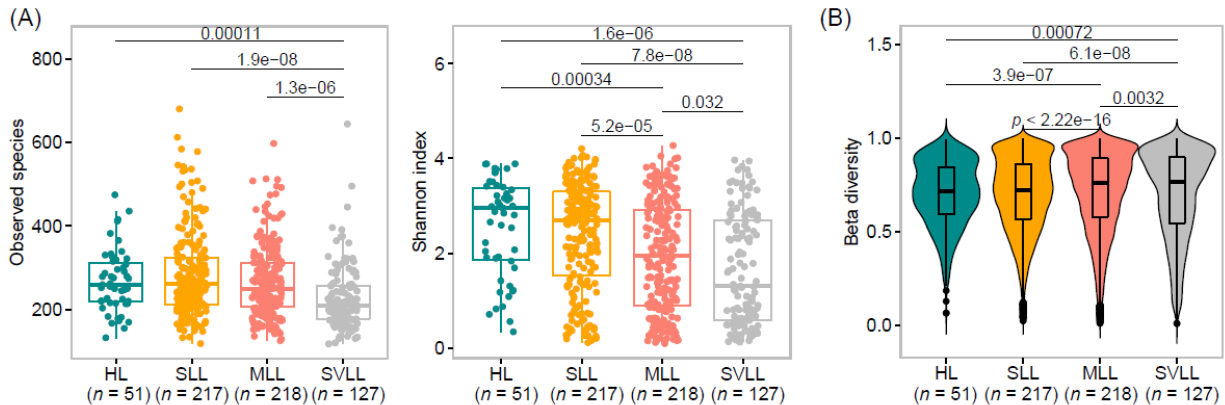
4.64
SVLL

嵌合家系F7群体中 613 头实验猪的系统的肺部病变表型评分及分组

结果

肺部微生物组成及其菌株与肺部病变的关联性

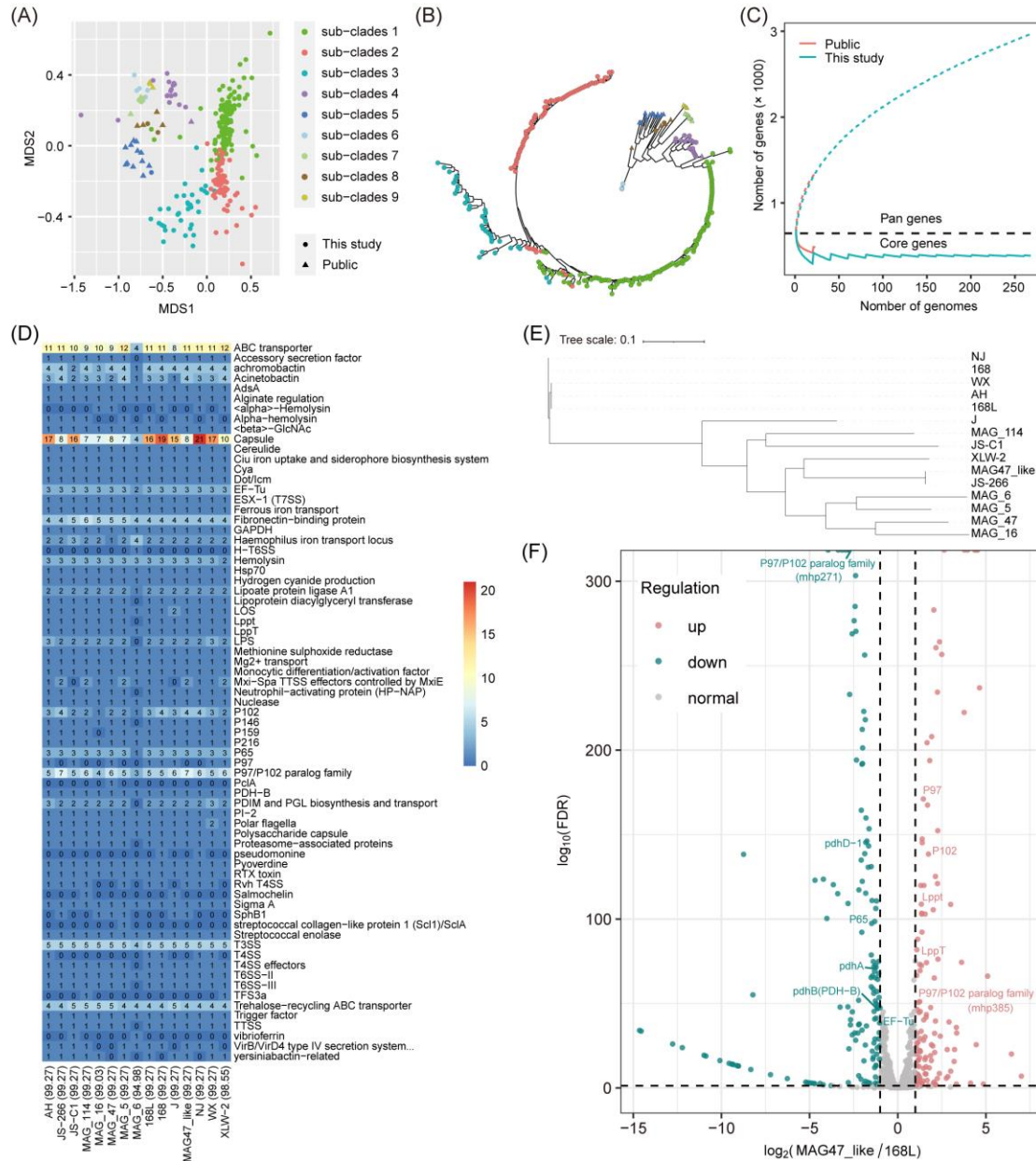
差异物种的相互作用网络



鉴别与肺部病变相关的微生物菌株及其互作网络



结果



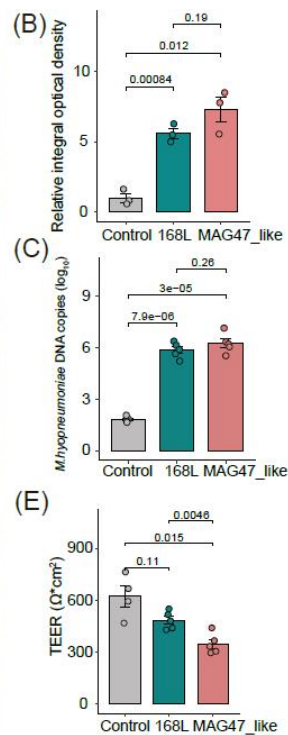
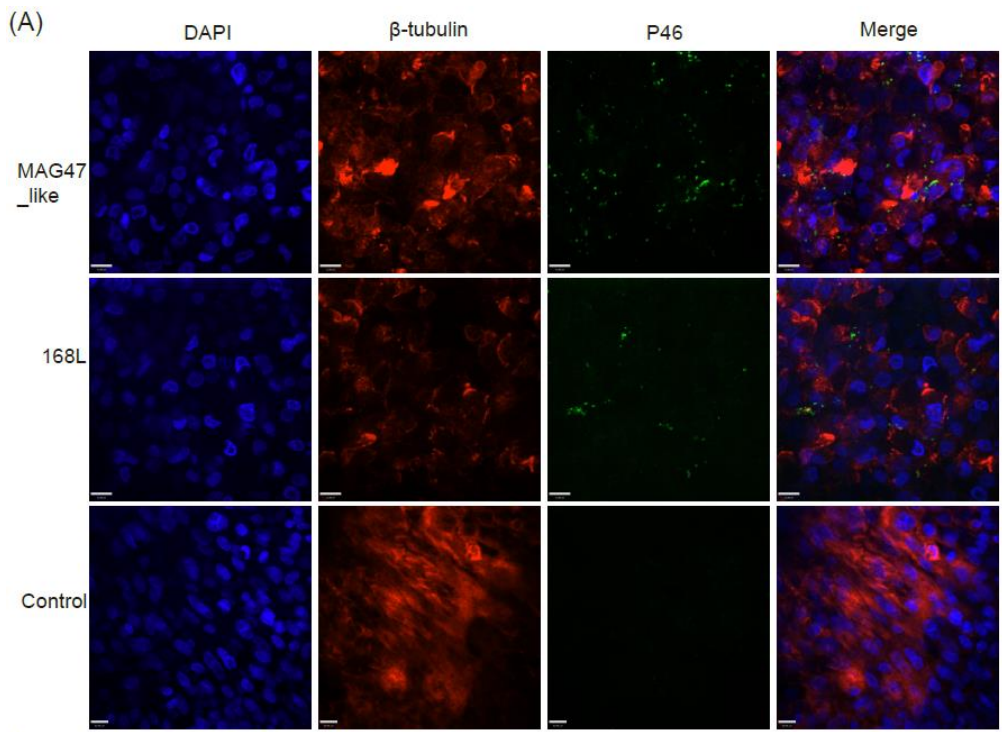
本文构建的宏基因组组装基因组极大地扩展了猪肺炎支原体基因组的遗传多样性

致病性差异菌株（MAG47_like 和168L）基因表达差异分析：

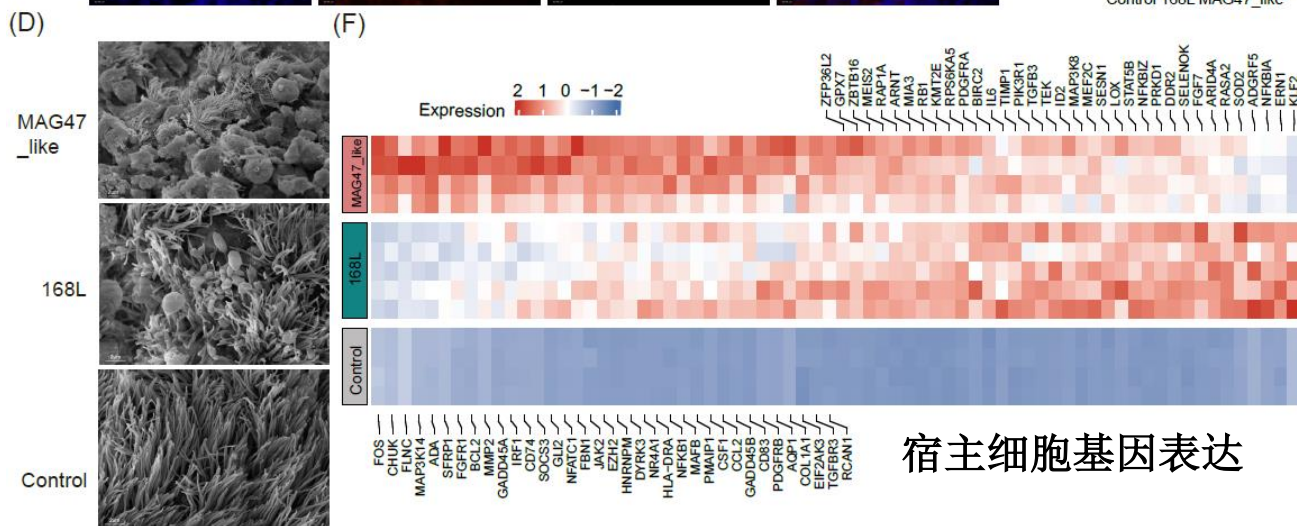
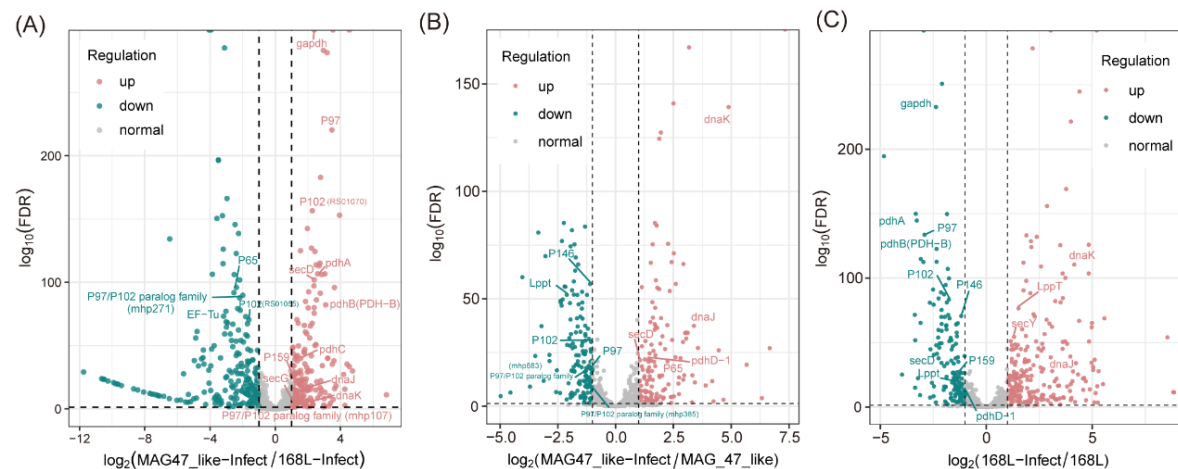
✓ 致病性更强的菌株（MAG47_like）编码黏附素和黏附相关蛋白的毒力因子表达水平更高。

猪肺炎支原体不同菌株中的毒力因子分布

结果



黏附后菌株差异表达基因



✓ 与168L菌株相比，MAG47_like菌株黏附能力更强，导致受损纤毛数量明显增加，上皮屏障受损更严重。

✓ MAG47_like菌株感染导致更强的免疫和炎症反应、氧化应激和细胞凋亡。

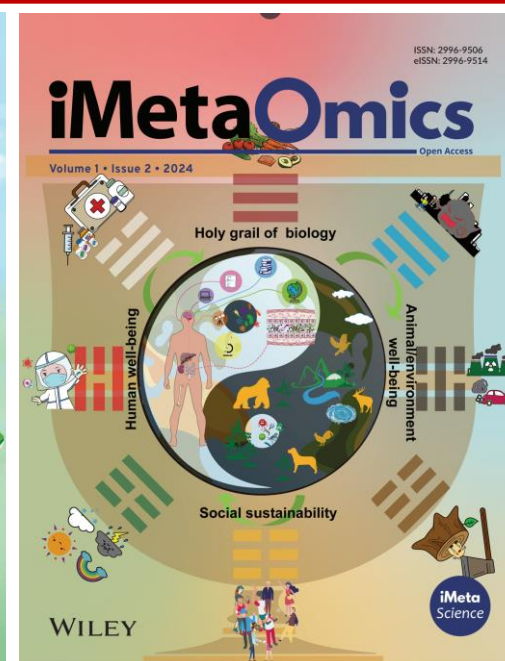
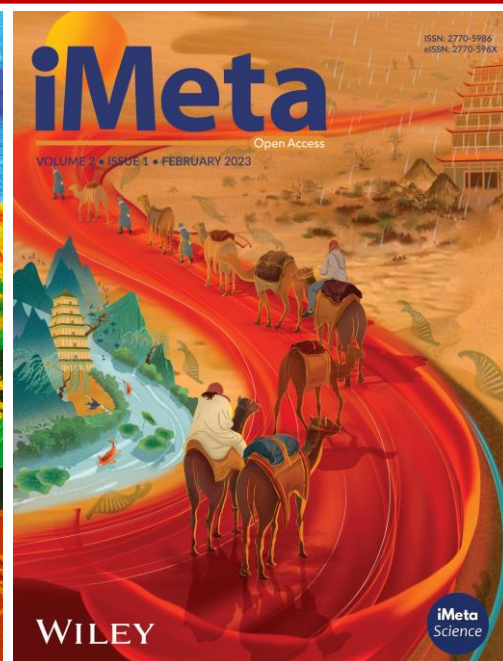
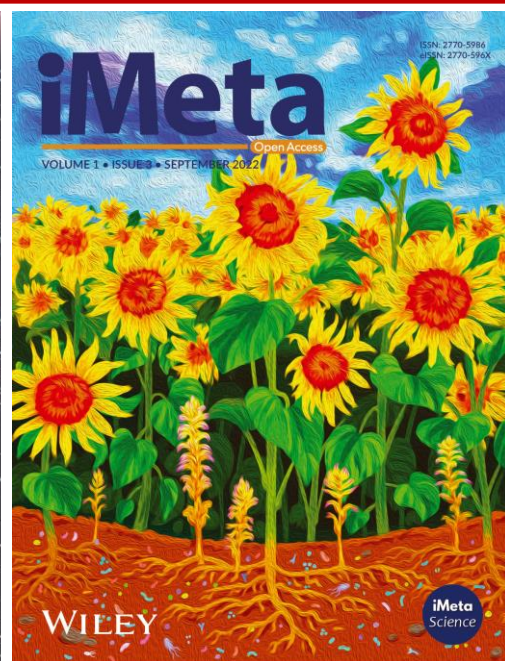
宿主细胞基因表达



总结

- ❑ 本文构建了一个迄今为止最为全面的猪下呼吸道微生物基因集，该基因集包含 10,031,593 个微生物基因，并获得了 356 个非冗余的宏基因组组装基因组。
- ❑ 系统分析了猪下呼吸道微生物组成和宏基因组功能通路，发现了猪下呼吸道微生物组成的个体异质性。
- ❑ 开展了猪肺炎支原体菌株泛基因组分析，探究了不同菌株毒力因子分布，解析其不同致病能力的机理。
- ❑ 发现猪肺炎支原体不同菌株导致不同程度的肺部损伤，阐明了其分子机制。

Jingquan Li, Fei Huang, Yunyan Zhou, Tao Huang, Xinkai Tong, Mingpeng Zhang, Jiaqi Chen, Zhou Zhang, Huipeng Du, Zifeng Liu, Meng Zhou, Yiwen Xiahou, Huashui Ai, Congying Chen, Lusheng Huang. 2024. Comprehensive lung microbial gene and genome catalogs assist the mechanism survey of *Mesomycoplasma hyopneumoniae* strains causing pig lung lesions. *iMeta* 3: e258. <https://doi.org/10.1002/imt2.258>



“**iMeta**” (影响因子**23.8**)由威立、宏科学和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，重点关注生物技术、生物信息和微生物组等；
影响力：[SCIE/WOS](#)、[PubMed](#)、[Google](#)、[Scopus](#)收录，**IF 23.8**位列**JCR**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

imetaomics@imeta.science



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

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



宣传片



[iMeta](#)

