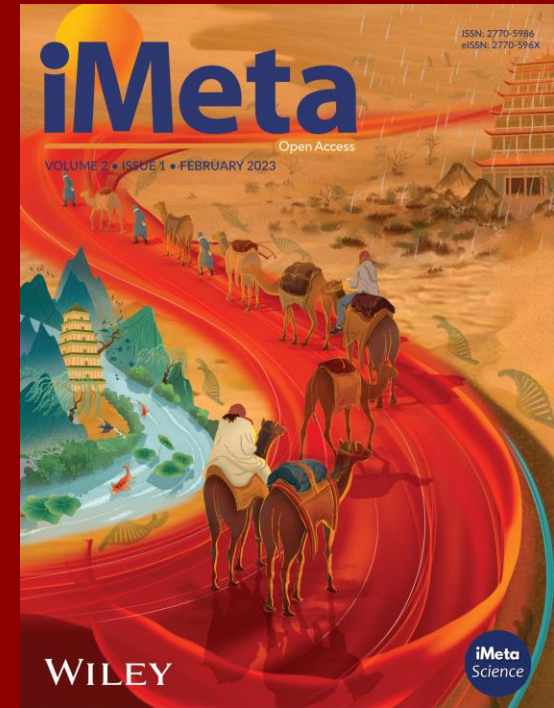


整合肠道微生物组和IgA结合微生物组 挖掘出 *Blautia* 作为提高 鸡饲料利用率的益生菌

谢春琳, 程嘉恒, 陈鹏, 严霞, 罗成龙, 瞿浩, 舒鼎铭, 计坚

猪禽种业全国重点实验室, 广东省畜禽育种与营养研究重点实验室,
广东省农业科学院动物科学研究所



Chunlin Xie, Jiaheng Cheng, Peng Chen, Xia Yan, Chenglong Luo, Hao Qu, Dingming Shu, Jian Ji. 2024. Integrating Gut and IgA-Coated Microbiota to Identify *Blautia* as a Probiotic for Enhancing Feed Efficiency in Chickens. *iMeta* 3: e264. <https://doi.org/10.1002/imt2.264>



背景

- 我国肉鸡出栏量居世界第一，年出栏量达到**120亿只**，年产值超过**2500亿元**，约占畜牧业总产值的**10%**

饲料利用率指标

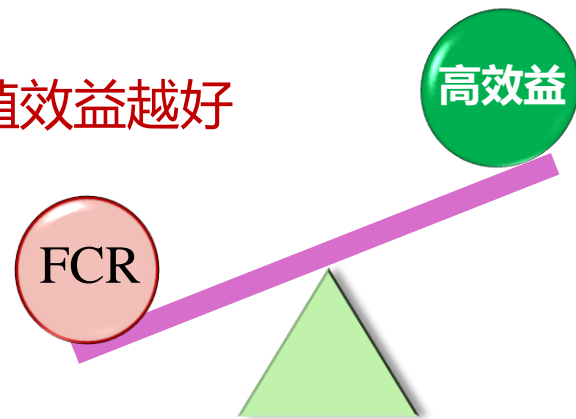
- RFI
- **FCR**
- ADG
- ADFI
-

- 饲料成本约占家禽生产总成本的**70%**

饲料利用率是决定养殖效益的基础

- 饲料转化率（FCR）：表示每生产单位重量的产品所耗用饲料的量
- 剩余采食量（RFI）：为维持体代谢过程和生产所需期望饲料采食量于实际采食量的差值
- FCR和RFI值越低表明饲料利用率越高，养殖效益越好

如何提高鸡饲料利用率是家禽产业重要的科学问题之一

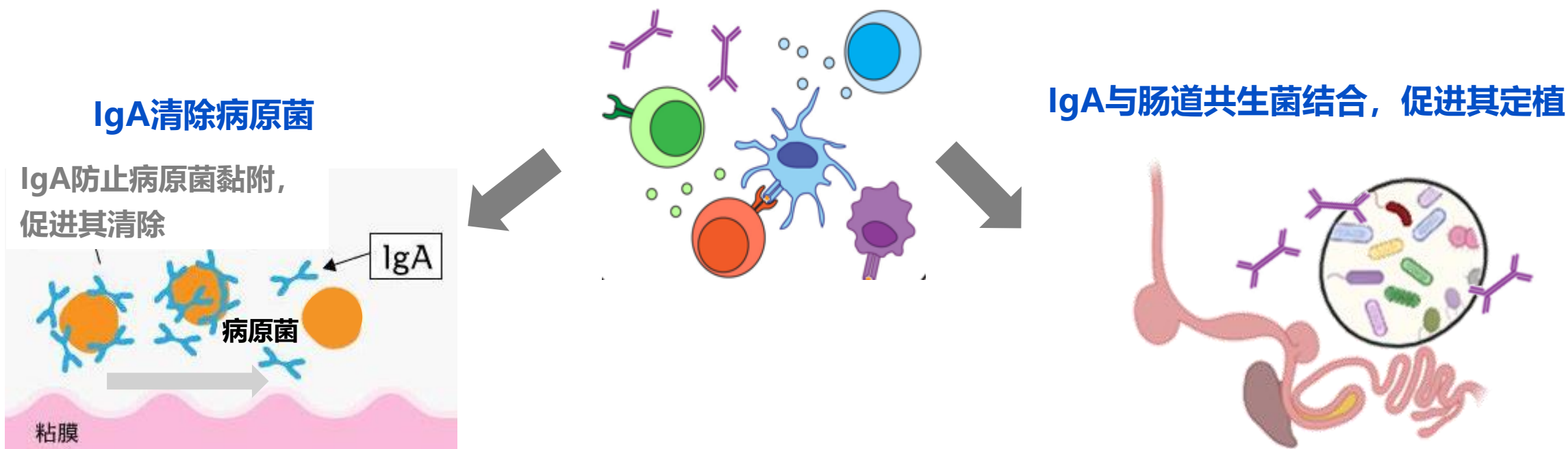




背景

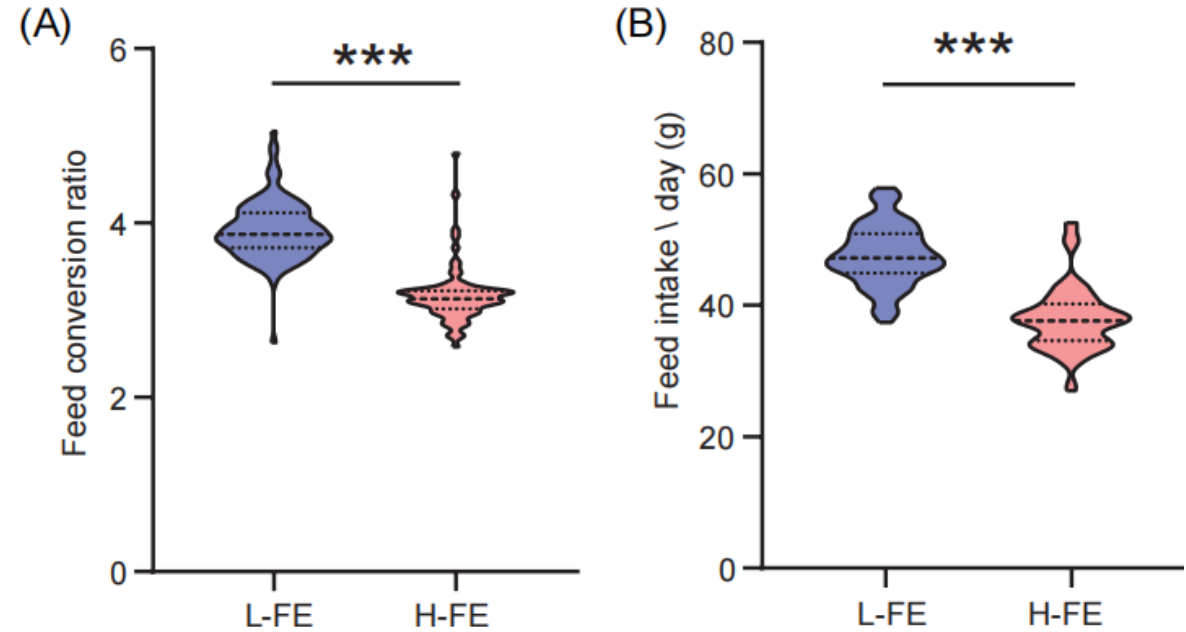
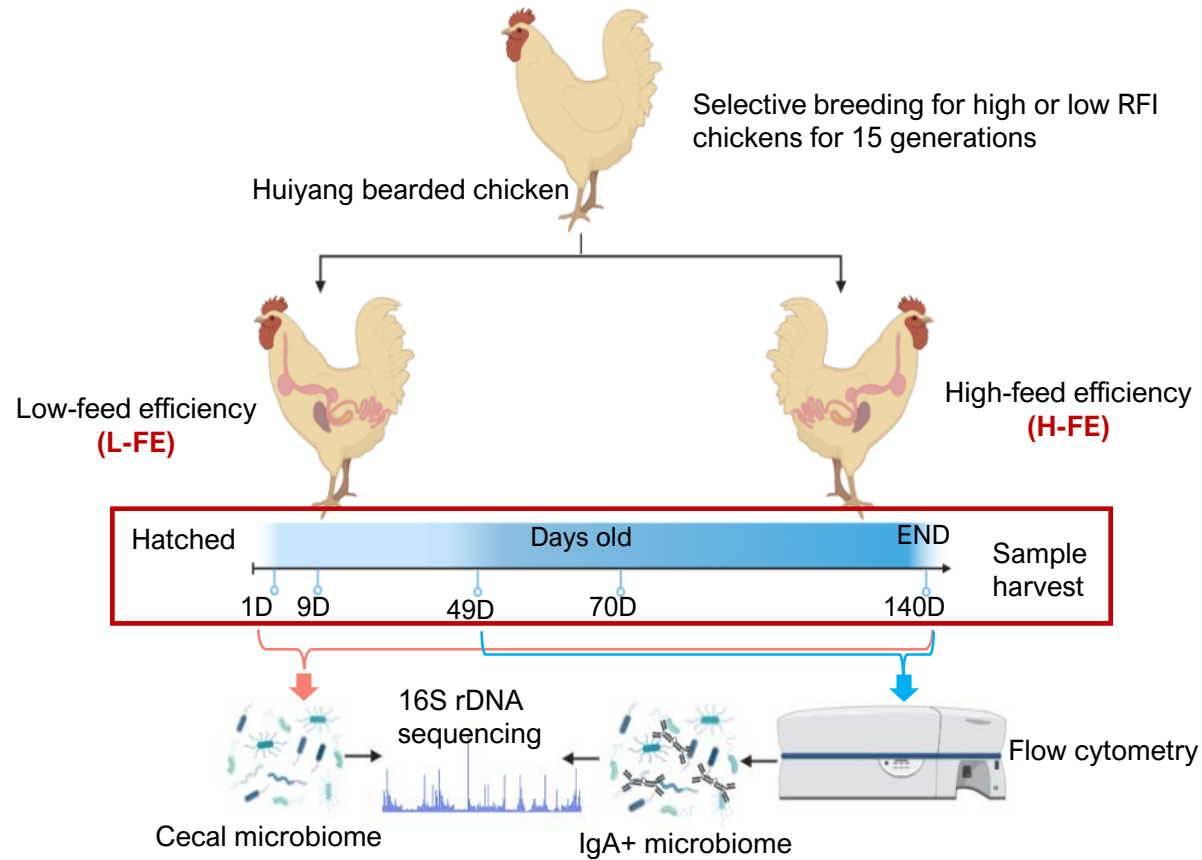
- **肠道微生物**作为宿主的第二基因组，在营养物质利用方面发挥重要作用
- **IgA**是肠道中分泌水平最高的抗体，不仅能**维持肠道粘膜稳态和免疫功能**，还能**调节肠道微生物的组成和多样性**

IgA结合微生物组为挖掘影响鸡饲料效率的功能性益生菌提供了新思路



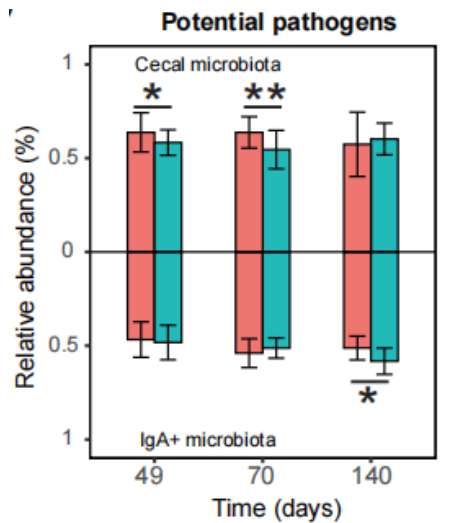
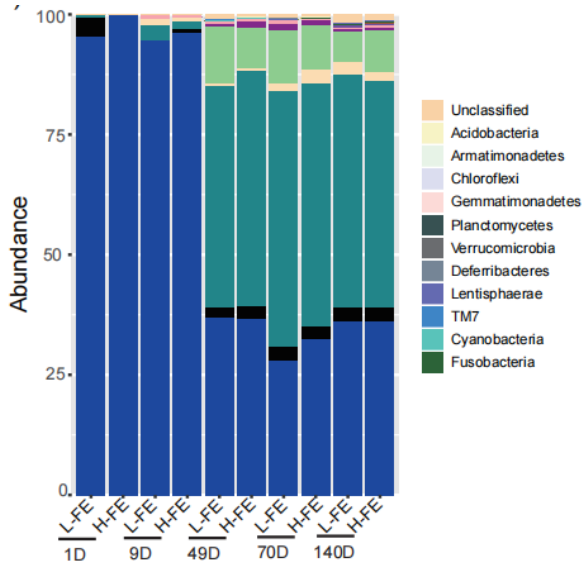
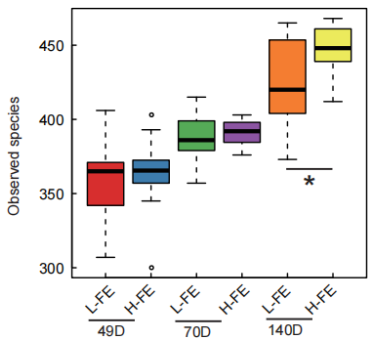
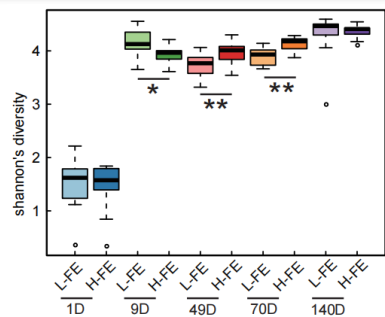


选育高/低饲料利用率遗传资源群体

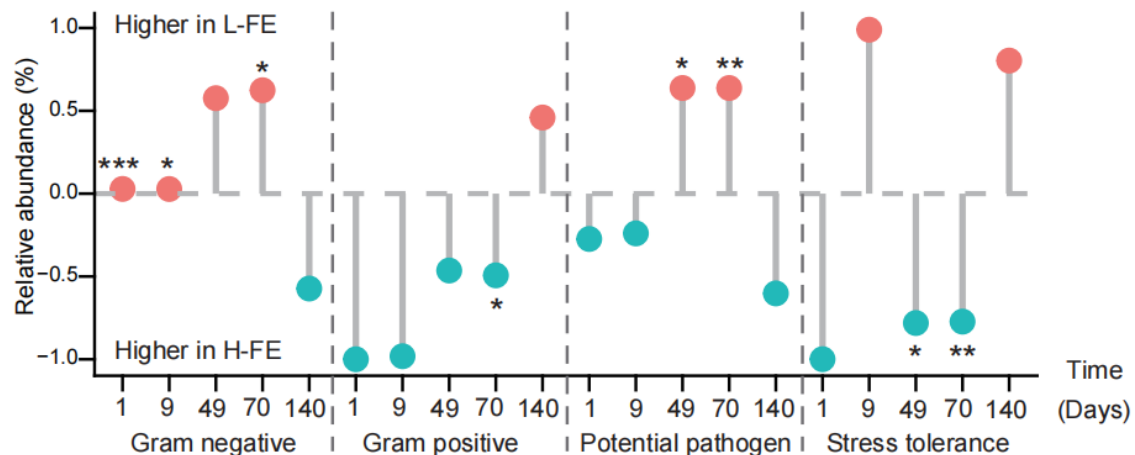


高/低系鸡的饲料利用率相差**19.4%**，为研究微生物对饲料利用率的影响提供了独特的生物素材

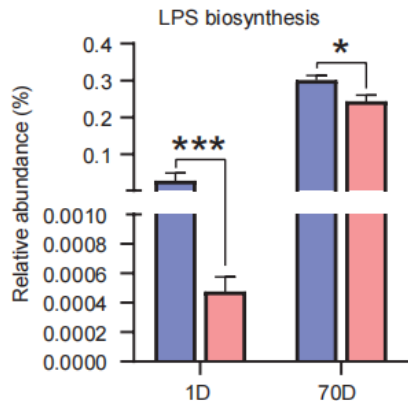
高/低饲料利用率鸡的盲肠和IgA结合微生物组显著差异



Bugbase analysis



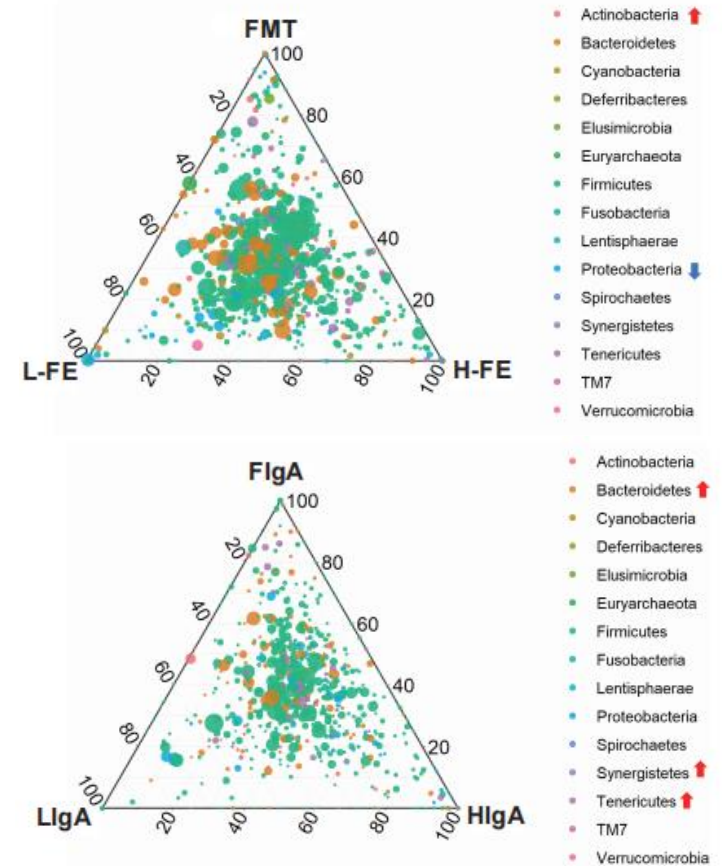
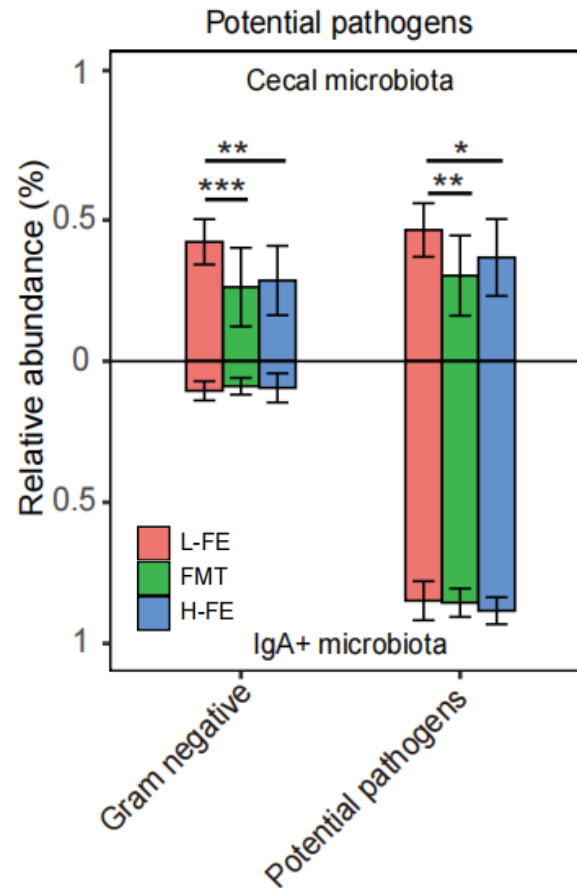
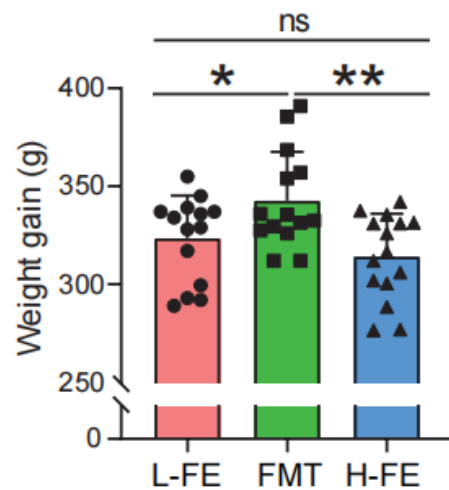
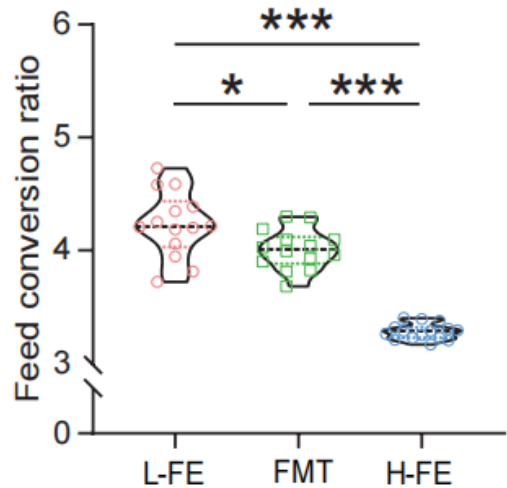
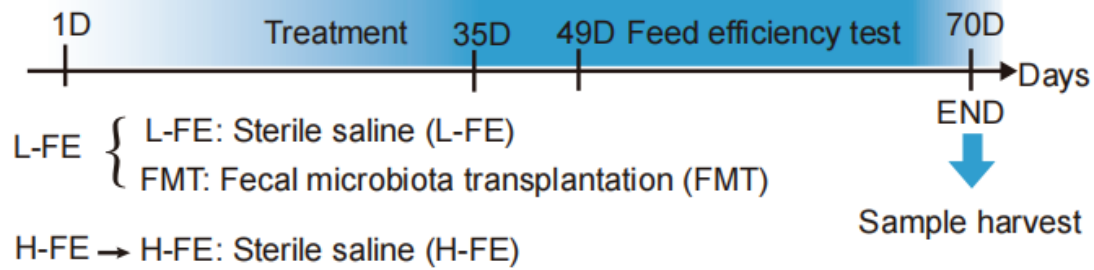
Legend for Bugbase analysis: L-FE (blue), H-FE (red)



- H-FE与L-FE盲肠和IgA结合微生物多样性存在显著差异；
- 早期 (D1和D9) **Firmicutes**是唯一的优势菌门, 49日龄后微生物组发育成熟, **Bacteroidetes**为第一优势菌门；
- 基于Bugbase分析结果显示, L-FE鸡的**革兰氏阴性菌**、**潜在病原菌**的相对丰度较高, 而H-FE鸡的**革兰氏阳性菌**和**应激耐受菌**的相对丰度较高；
- D140盲肠潜在病原菌相对丰度无显著差异, 但IgA结合的潜在病原菌H-FE组显著高于L-FE组, 表明H-FE组IgA与病原微生物的结合能力可能更强；
- LPS是革兰氏阴性菌细胞外膜主要成分, L-FE鸡的LPS生物合成相关菌的相对丰度显著高于H-FE

粪便微生物移植 (FMT) 提高鸡的饲料利用率

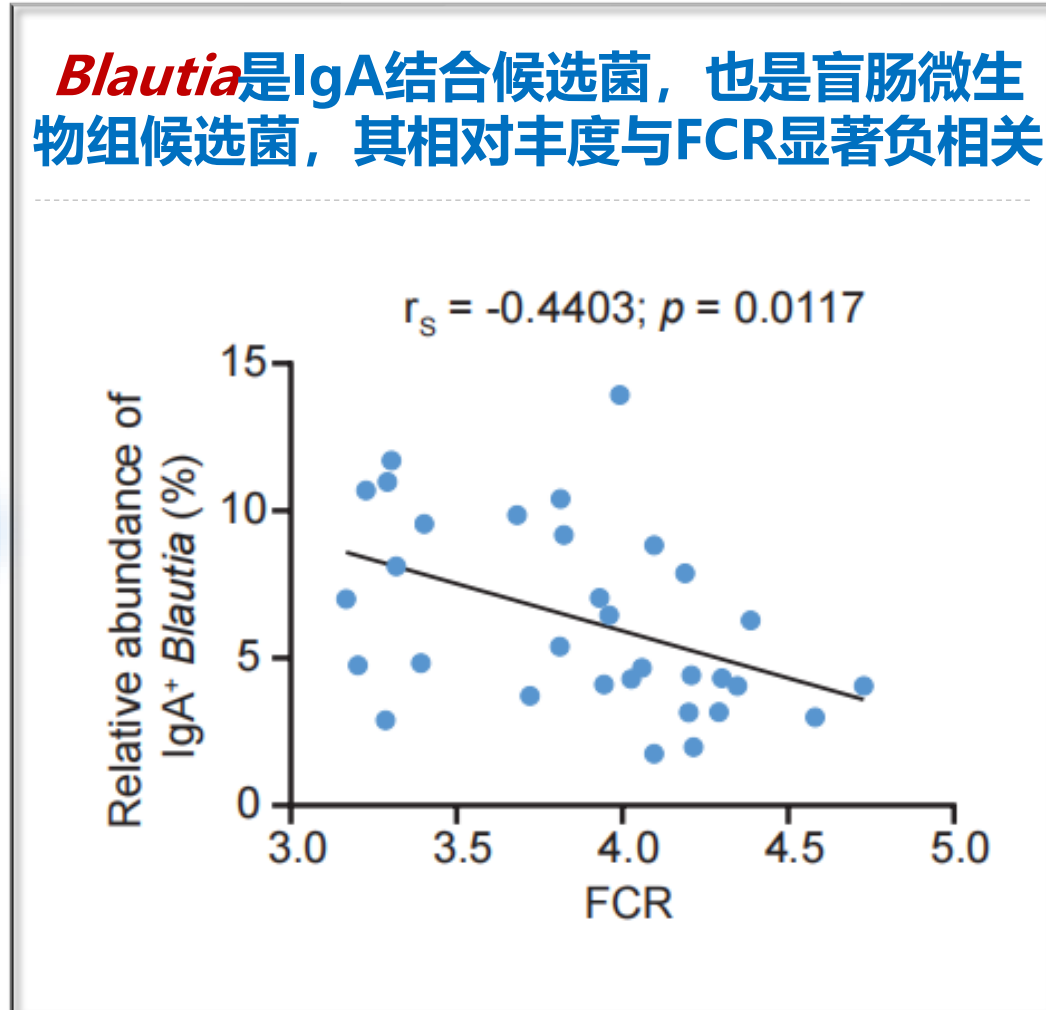
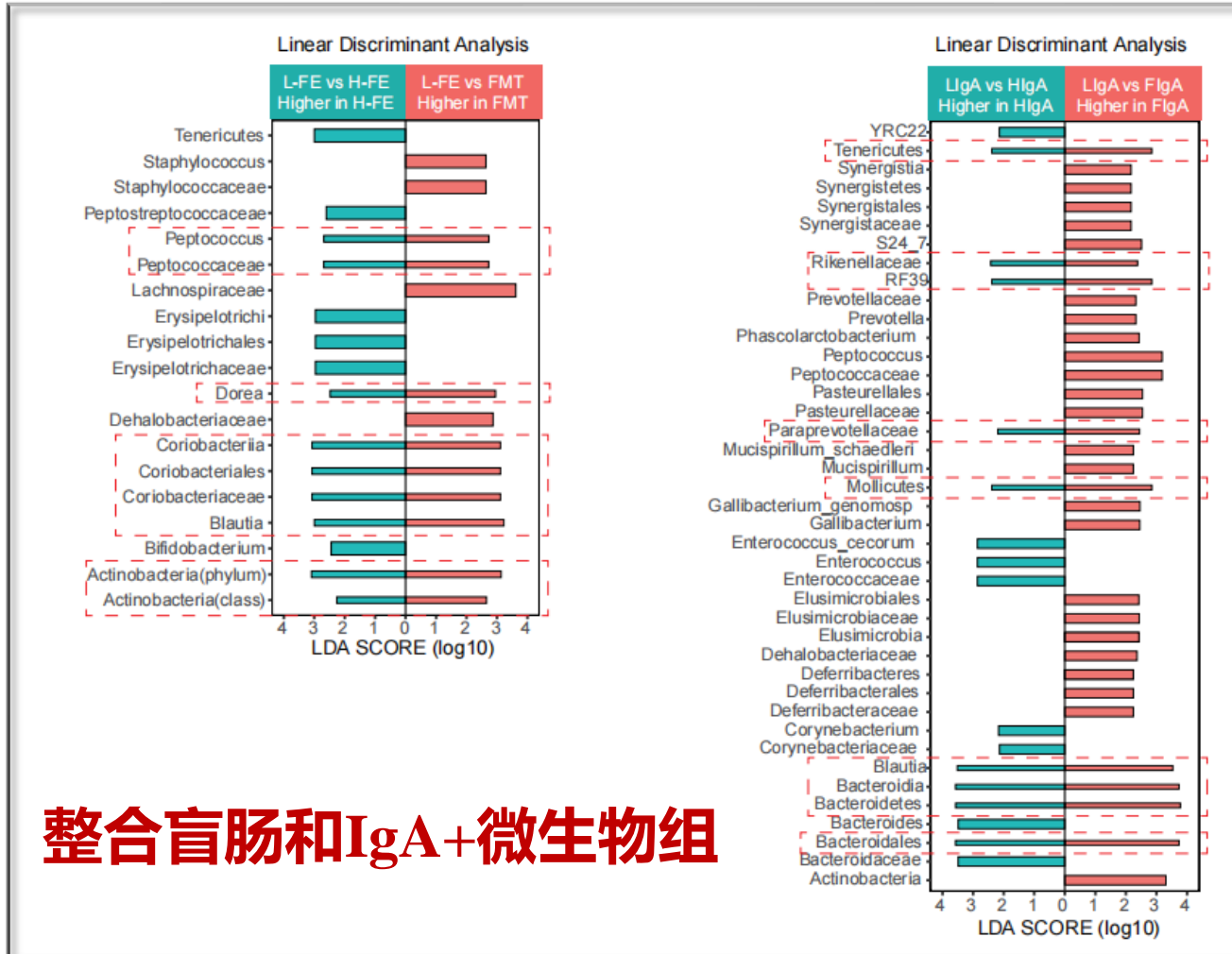
- FMT显著提高L-FE鸡的饲料利用率，FCR值由**4.23**降低至**4.01**，下降**5%**
- FMT显著降低L-FE盲肠革兰氏阴性菌和潜在病原菌的相对丰度





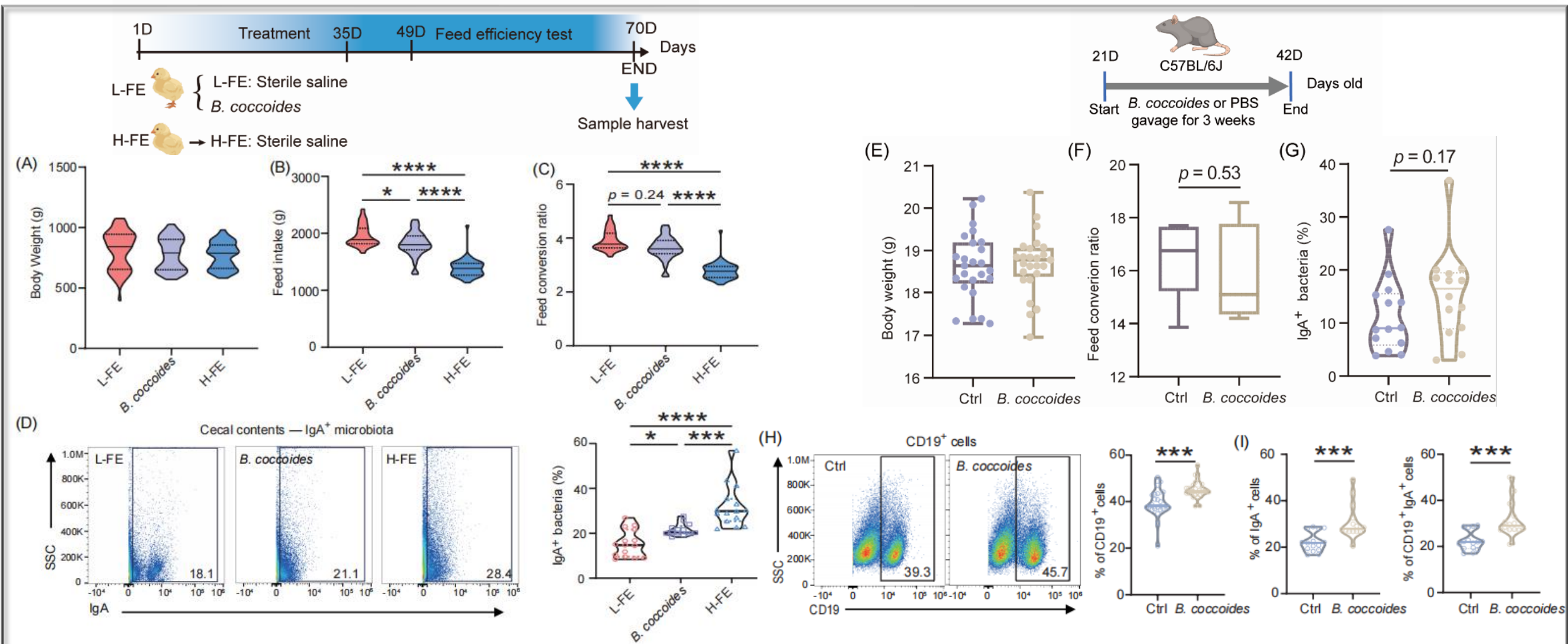
整合盲肠和IgA结合微生物组挖掘 *Blautia* 作为候选菌

- 整合盲肠和IgA结合微生物组，筛选出影响鸡饲料利用率的关键候选菌属 *Blautia*，其相对丰度与FCR显著负相关



IgA结合菌 *Blautia* 的功能验证

- 通过单菌灌服试验，在鸡和小鼠上初步验证了 *Blautia coccoides* 改善饲料利用率的作用效果，并发现其能促进B细胞活化为浆细胞

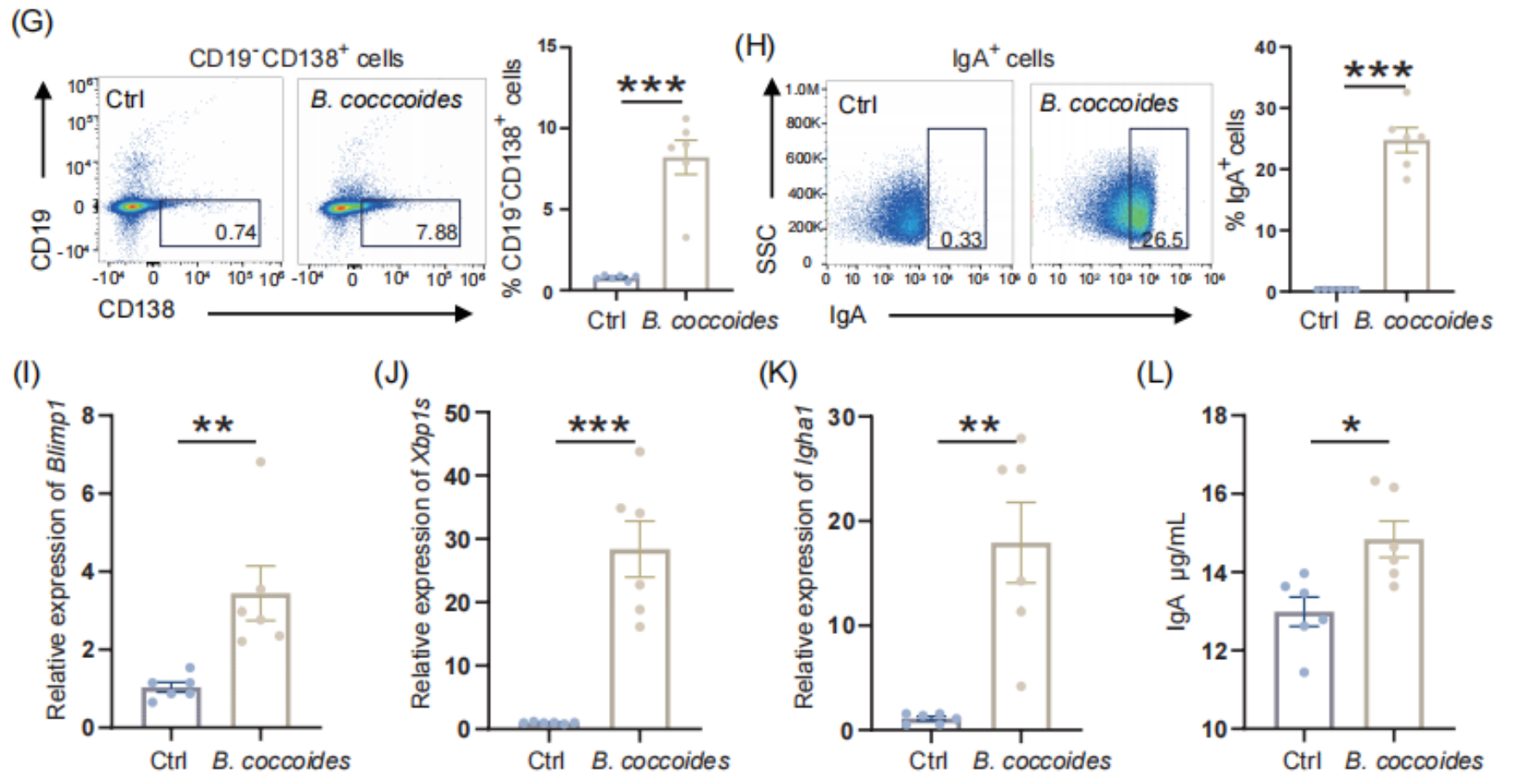
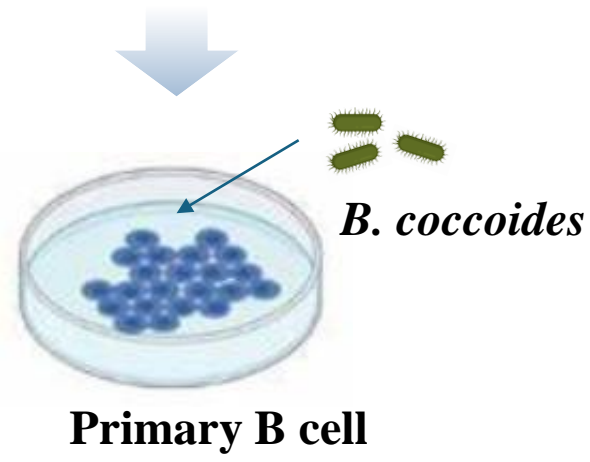




IgA结合菌 *Blautia* 的机理探索

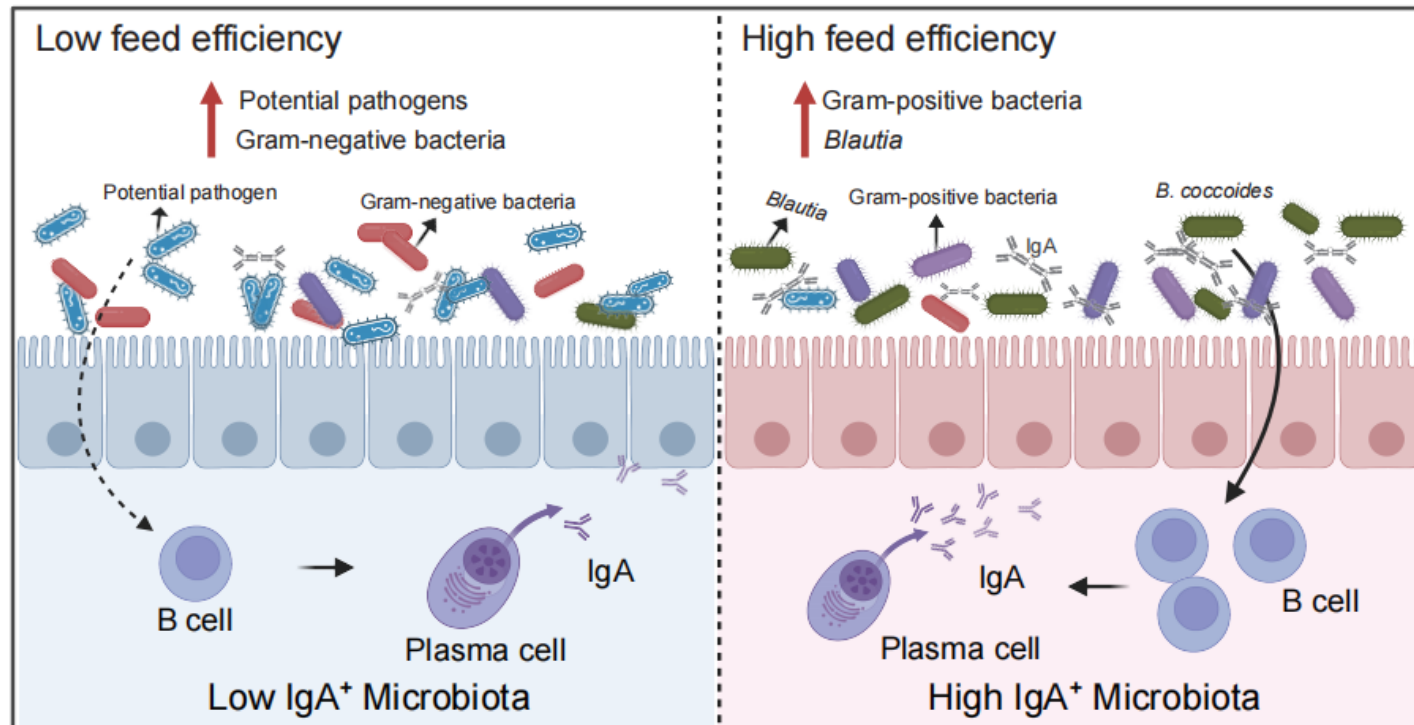
➤ 体外B细胞与 *B. coccoides* 共培养试验，解析了该菌可有效促进B细胞活化为IgA⁺浆细胞并分泌IgA的作用机制

B cells co-culture with *B. coccoides*

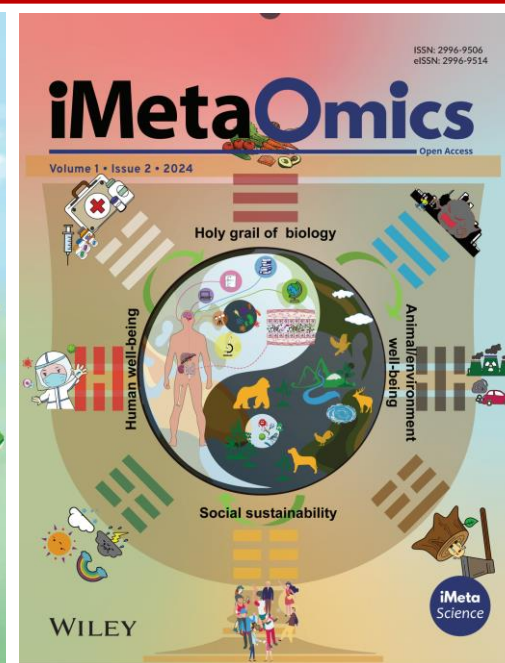
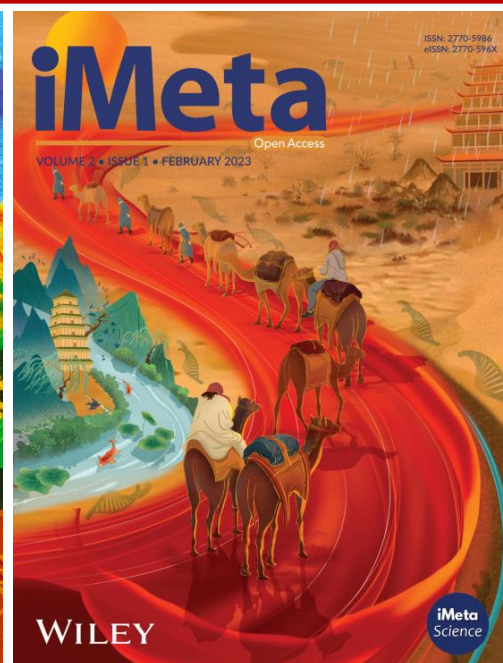


小结

- 基于选育的**高/低RFI遗传资源群体**，系统比较了不同生长阶段的盲肠和IgA结合微生物组成差异
- 通过FMT明确了肠道微生物是改善鸡饲料利用性状的有效策略，并整合盲肠微生物组和IgA结合微生物组信息，挖掘*Blautia*作为关键候选菌
- 鸡和小鼠上验证*Blautia*改善饲料利用率的作用效果，并进一步解析了其活化B细胞分泌IgA的作用机制



Chunlin Xie, Jiaheng Cheng, Peng Chen, Xia Yan, Chenglong Luo, Hao Qu, Dingming Shu, Jian Ji. 2024. Integrating Gut and IgA-Coated Microbiota to Identify *Blautia* as a Probiotic for Enhancing Feed Efficiency in Chickens. *iMeta* 3: e264. <https://doi.org/10.1002/imt2.264>



“**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](https://www.imeta.science)

