



# 微生物组单细菌RNA测序揭示人类肠道关键菌种未被探索的特化代谢功能

沈一飞<sup>1,2</sup>, 瞿闻馨<sup>1,2</sup>, 宋孟迪<sup>1</sup>, 张天宇<sup>1</sup>, 刘畅<sup>1,2</sup>, 施晓锋<sup>1</sup>, 徐欣欣<sup>1</sup>, 姜晶晶<sup>1,2</sup>, 丁利国<sup>1</sup>, 莫钊宇<sup>3</sup>, 茅浙英<sup>1,2</sup>, 黄明珠<sup>1,2</sup>, 徐子叶<sup>1</sup>, 陈嘉业<sup>1</sup>, 沈恩惠<sup>3</sup>, 阮健<sup>4</sup>, 刘炯<sup>5</sup>, Michael P. Timko<sup>6</sup>, 陈瑜<sup>1,2</sup>, 樊龙江<sup>3</sup>, 郑书发<sup>1,2</sup>, 王永成<sup>1</sup>

<sup>1</sup>浙江大学医学院附属第一医院检验科&良渚实验室

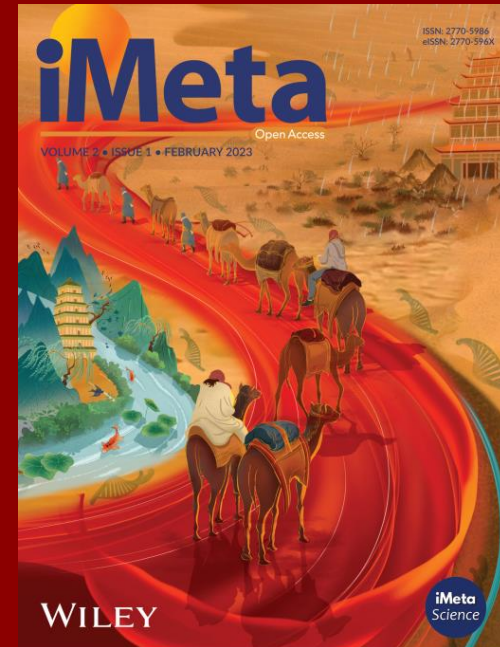
<sup>2</sup>全省临床体外诊断技术研究重点实验室

<sup>3</sup>浙江大学生物信息所

<sup>4</sup>浙江大学医学院附属第一医院肿瘤内科

<sup>5</sup>跃真生物

<sup>6</sup>弗吉尼亚大学生物学系与公共卫生科学系

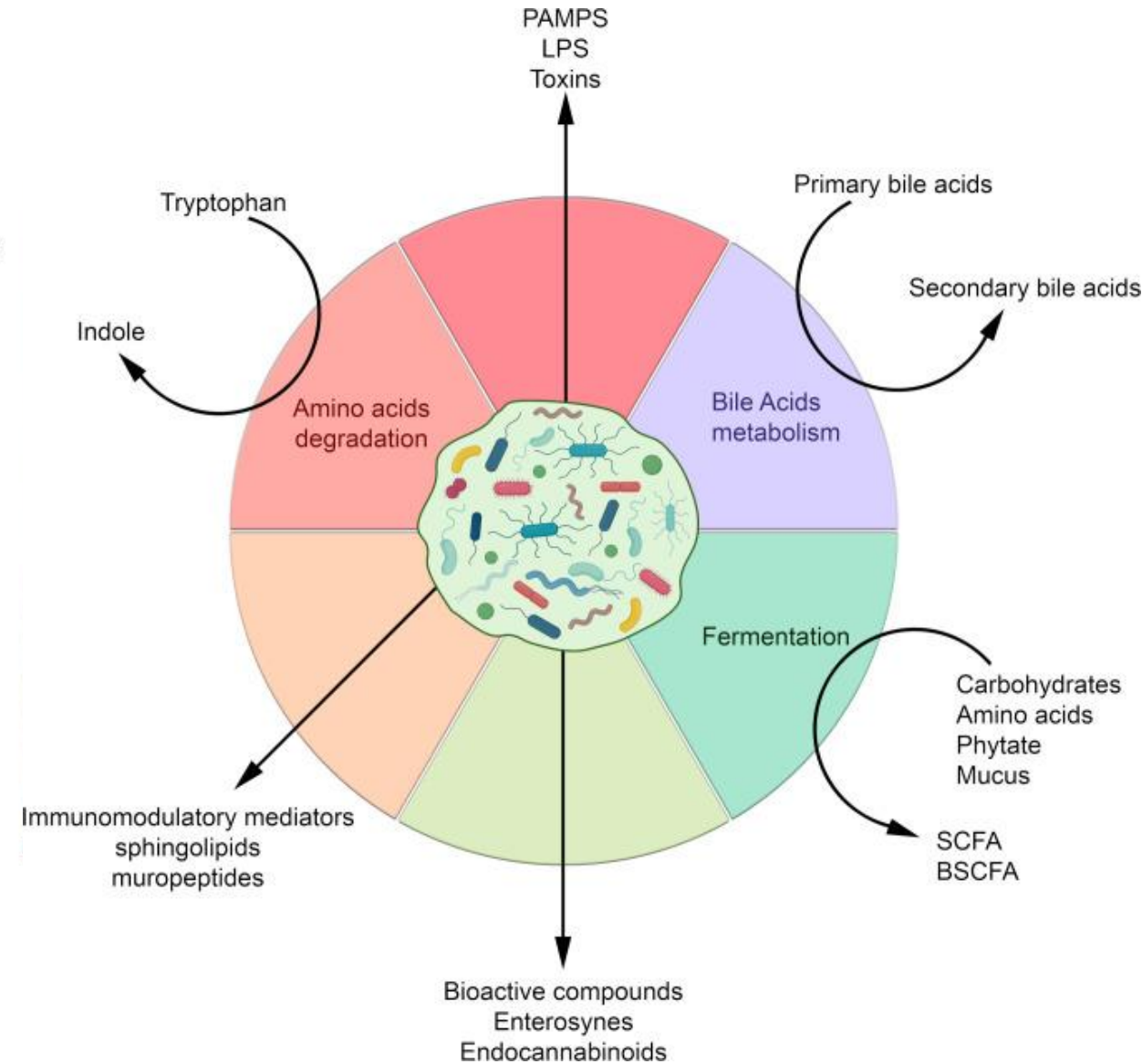
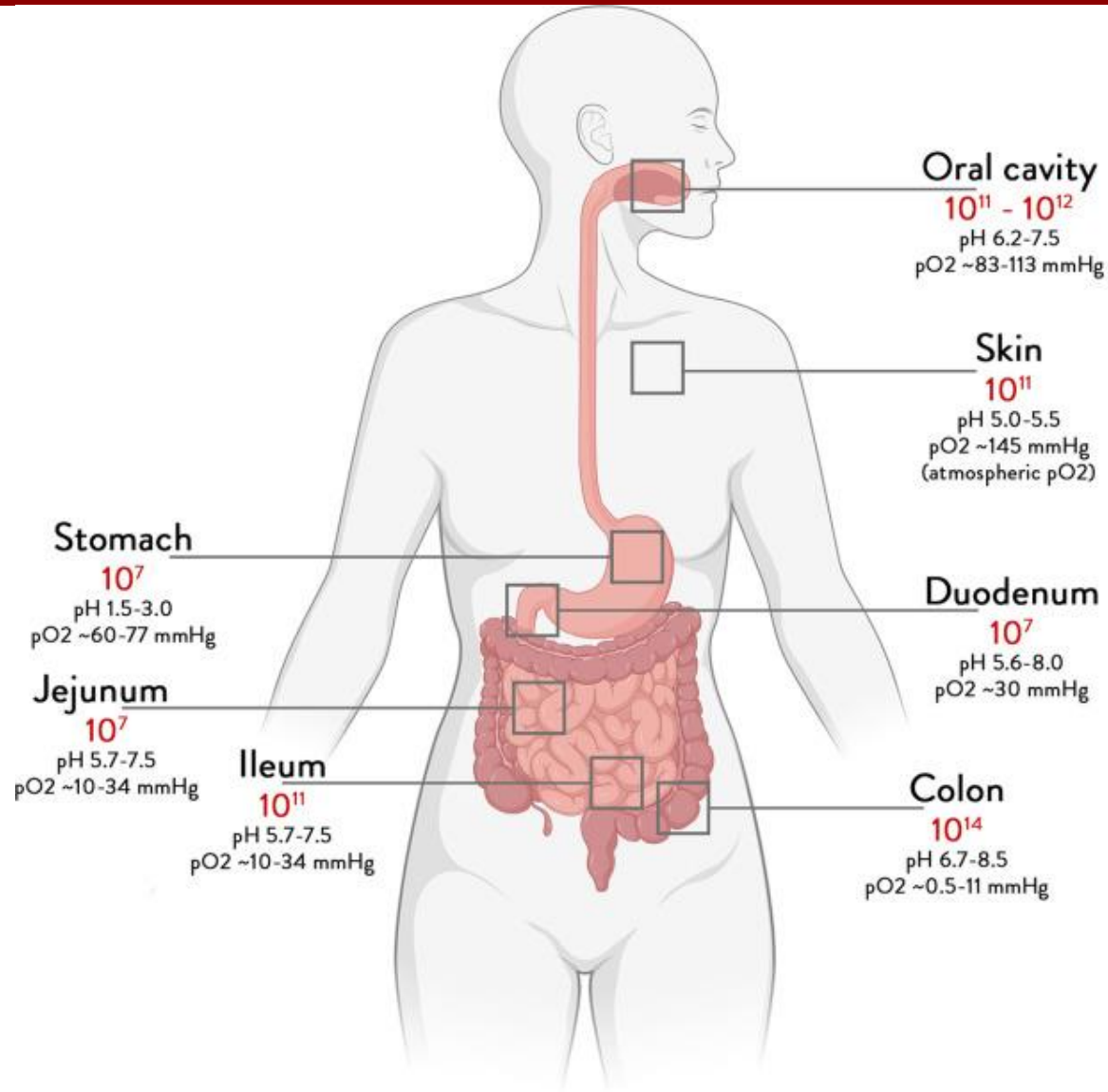


Yifei Shen, Wenxin Qu, Mengdi Song, Tianyu Zhang, Chang Liu, Xiaofeng Shi, Xinxin Xu, Jingjing Jiang, Liguang Ding, Fangyu Mo, Zheyang Mao, Mingzhu Huang, Ziyu Xu, Jiaye Chen, Enhui Shen, Jian Ruan, Jiong Liu, Michael P. Timko, Yu Chen, Longjiang Fan, Shufa Zheng, Yongcheng Wang 2025. Single-microbe RNA sequencing uncovers unexplored specialized metabolic functions of keystone species in the human gut. *iMeta* 4: e70035.

<https://doi.org/10.1002/imt2.70035>

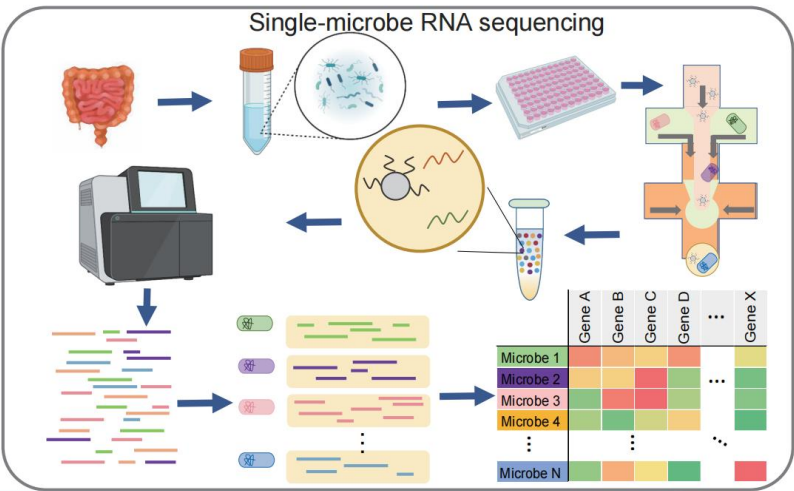
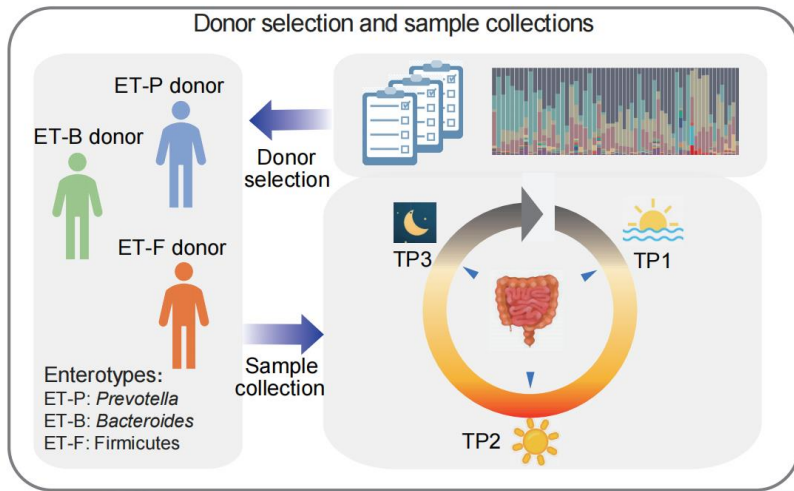


# 简介

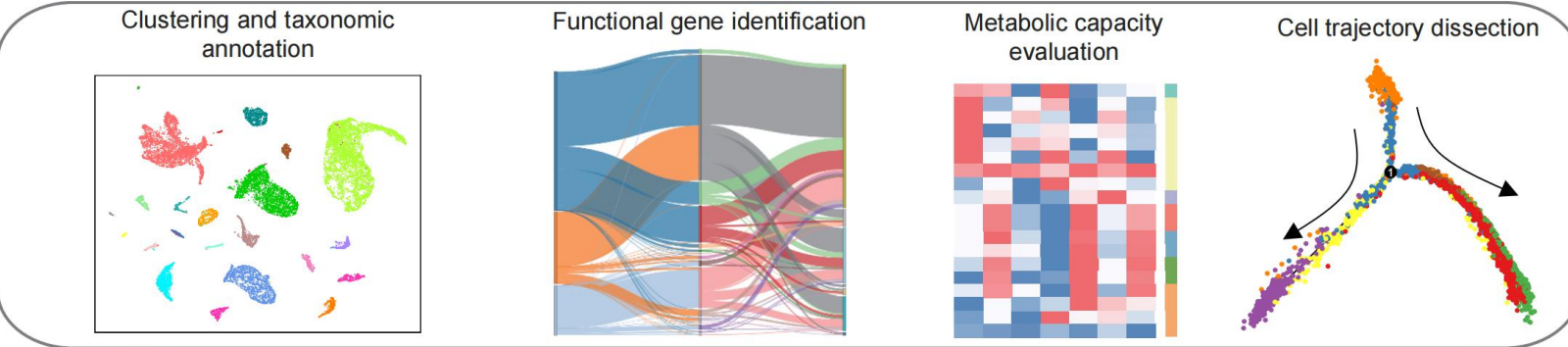




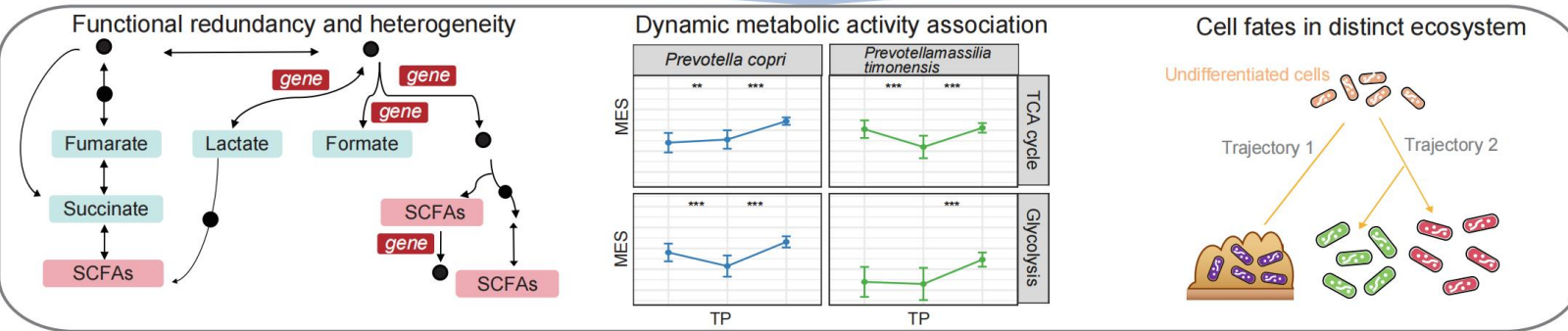
# 亮点



## Integrated analysis



## Species-function characterization



- 针对三种不同肠型健康供体，建立肠道微生物组单细菌RNA测序与分析新框架
- 揭示肠道微生物组中心碳代谢相关通路的昼夜动态活动及代谢异质性
- 证实亚洲人群关键菌种单形巨单胞菌通过降解植酸有效提升人体矿物质吸收



# 人类肠道微生物组单细菌RNA测序的研究设计概述

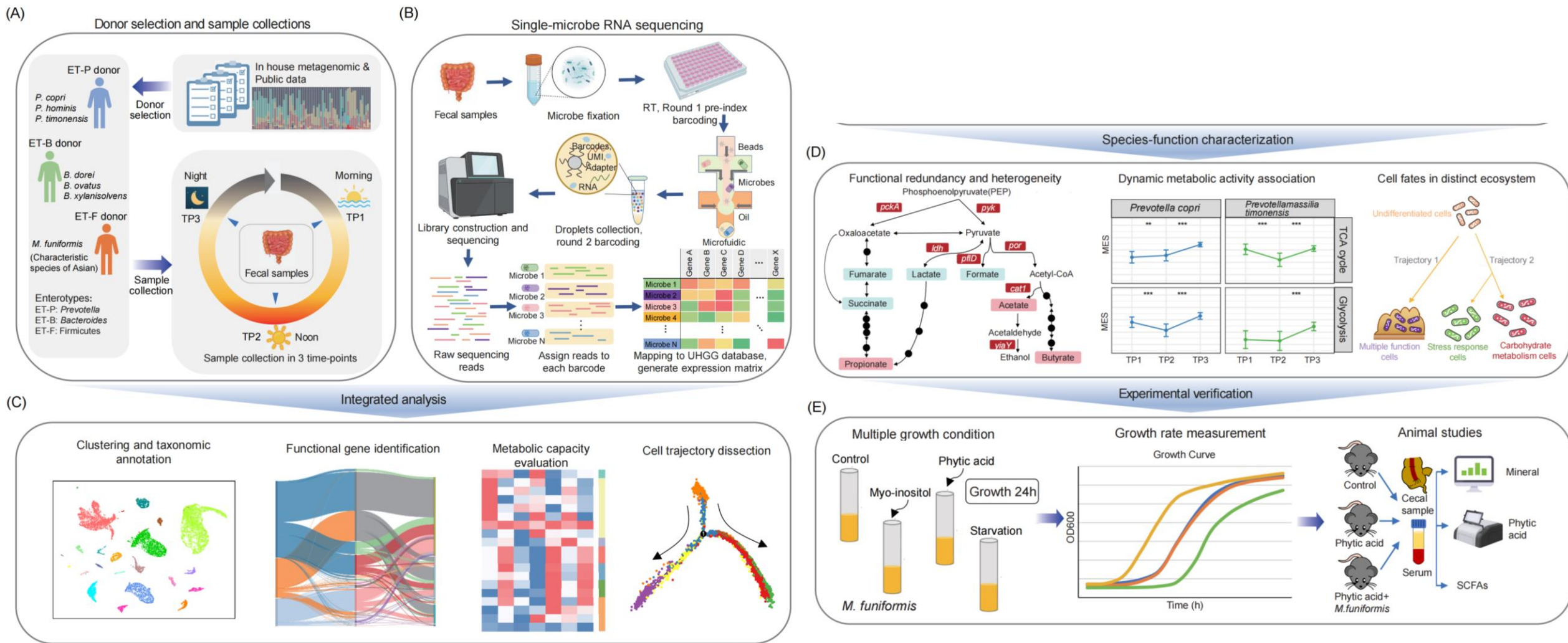


图1. 人类肠道微生物组单细菌RNA测序实验设计概览

# 单细菌转录图谱揭示人类肠道菌群的菌种特异性功能特征

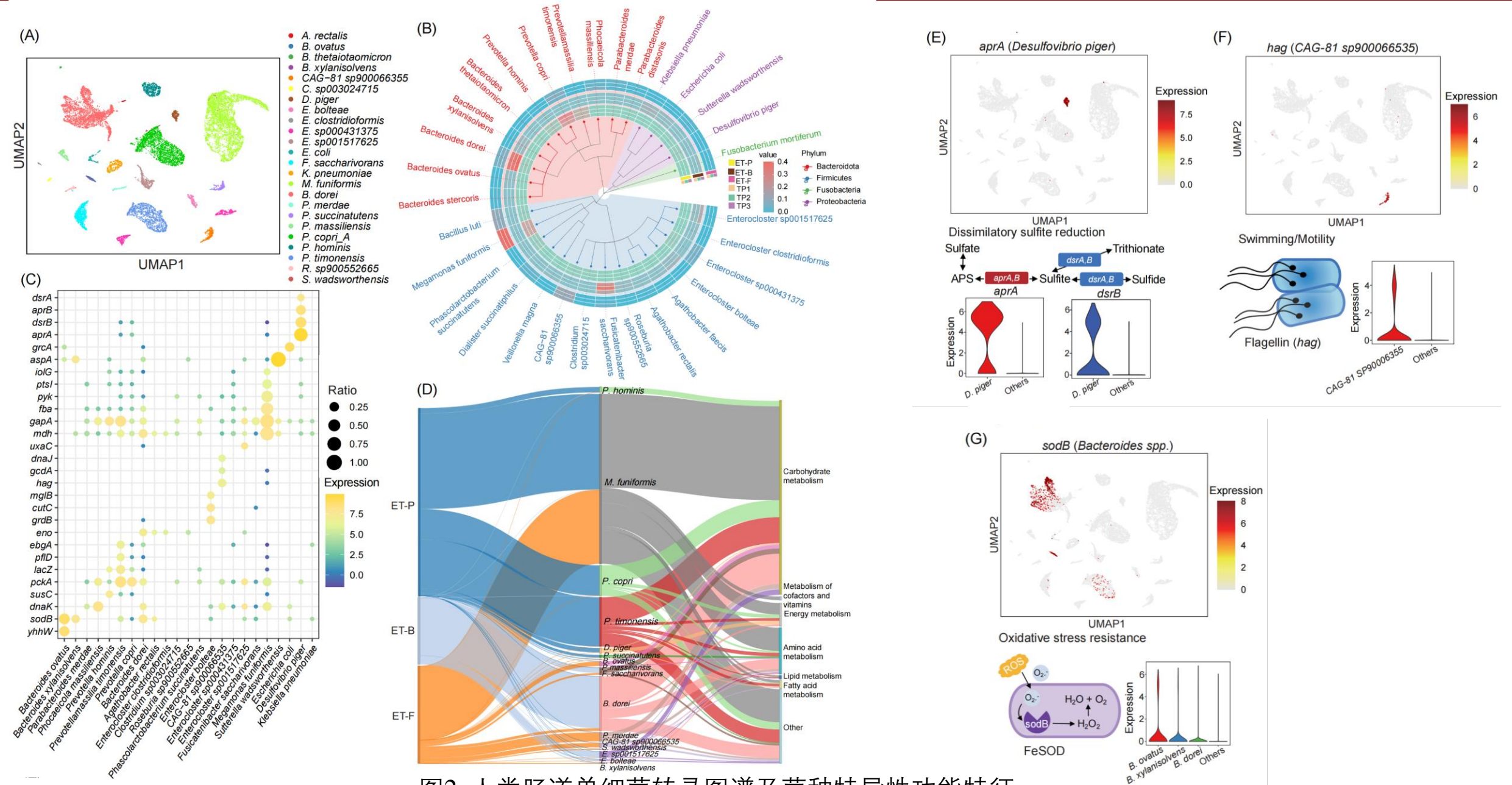


图2. 人类肠道单细菌转录图谱及菌种特异性功能特征



# 短链脂肪酸相关中心碳代谢的功能冗余与互补性分析

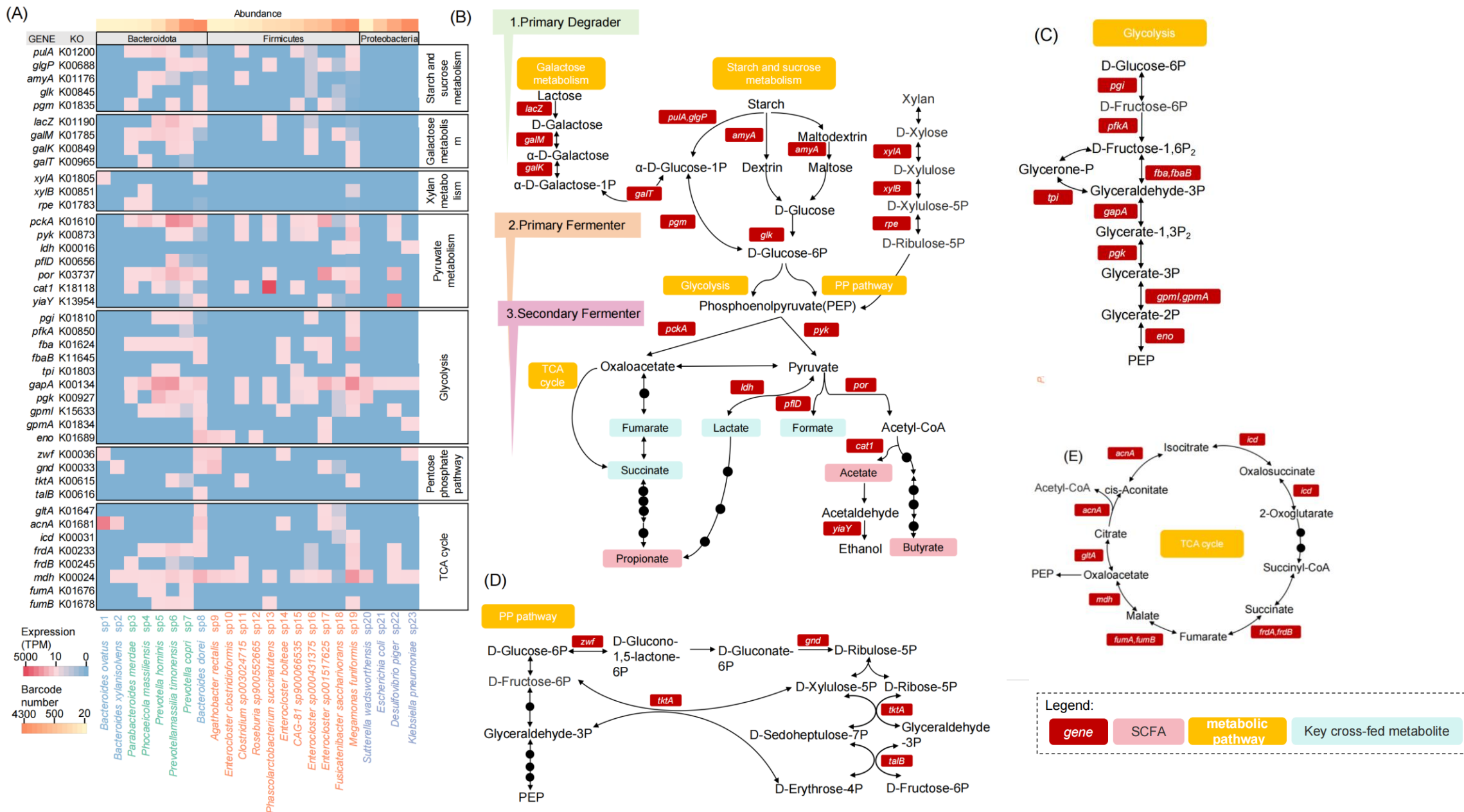
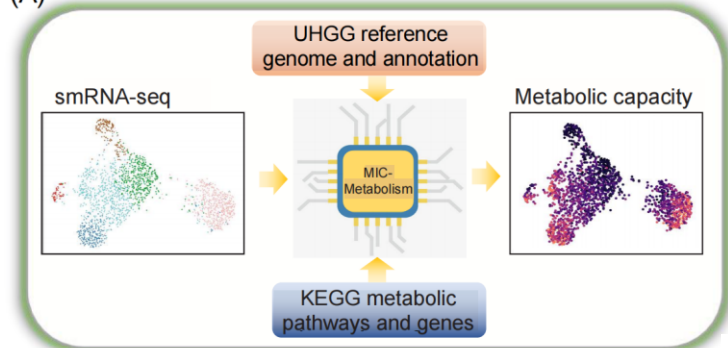


图3. 短链脂肪酸相关中心碳代谢的功能冗余与互补性

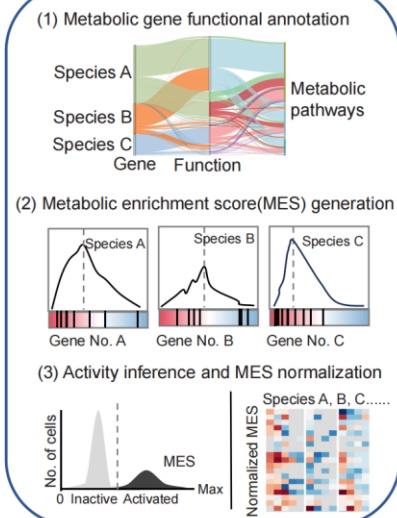


# 人类肠道菌群代谢功能的异质性与协同性

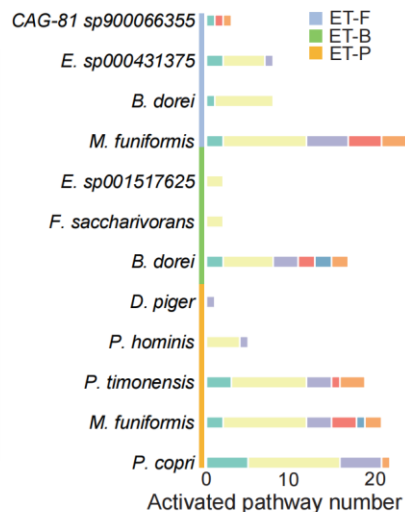
## (A) Inferring single-microbe metabolic capacity



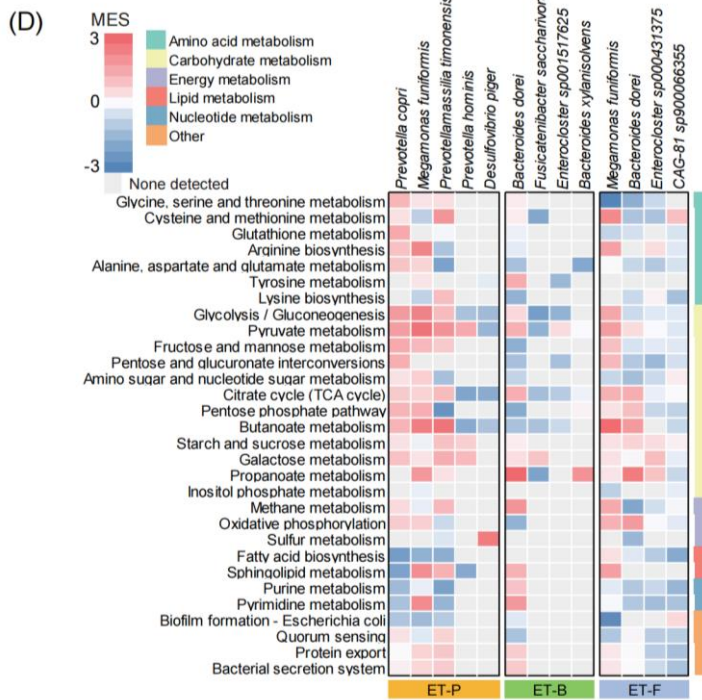
## (B) MIC-Metabolism



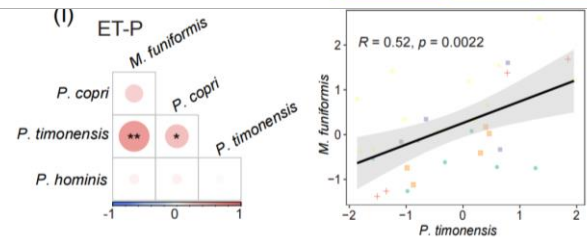
## (C)



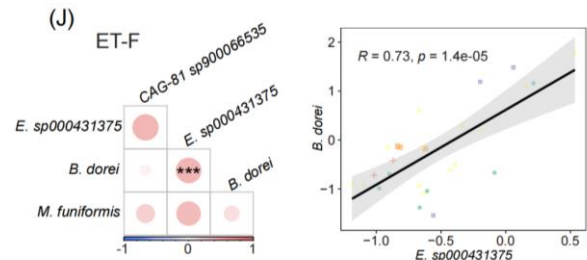
## (D)



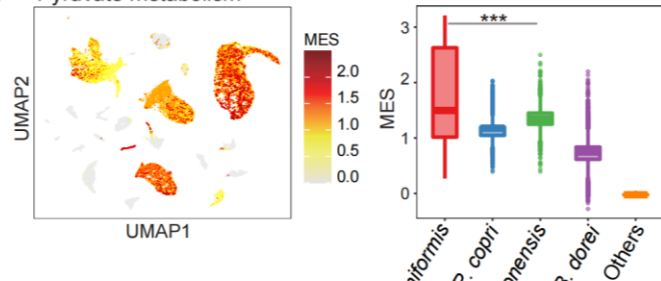
## (I)



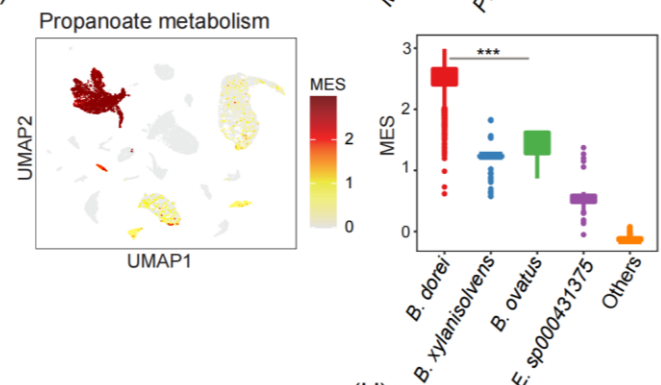
## (J)



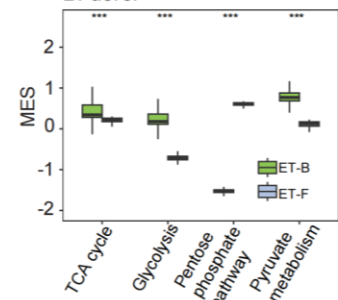
## (E) Pyruvate metabolism



## (F) Propanoate metabolism



## (G) B. dorei



## (H) M. funiformis

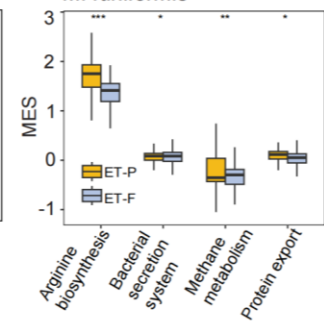


图4. 单细菌代谢功能异质性及协变关系

# 肠道菌群的功能异质性相关的昼夜动态活动

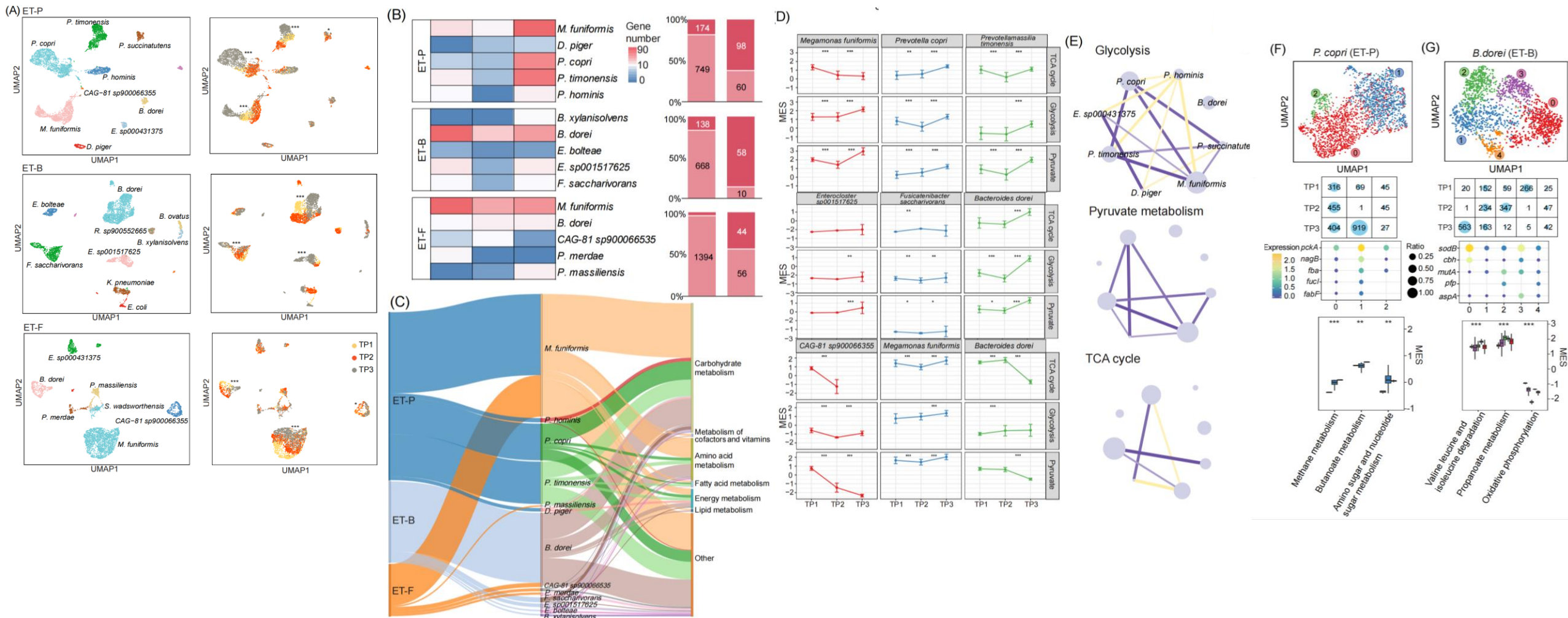


图5. 单细菌RNA测序捕获肠道微生物组昼夜动态

# 单形巨单胞菌在不同生态位中的功能状态分析

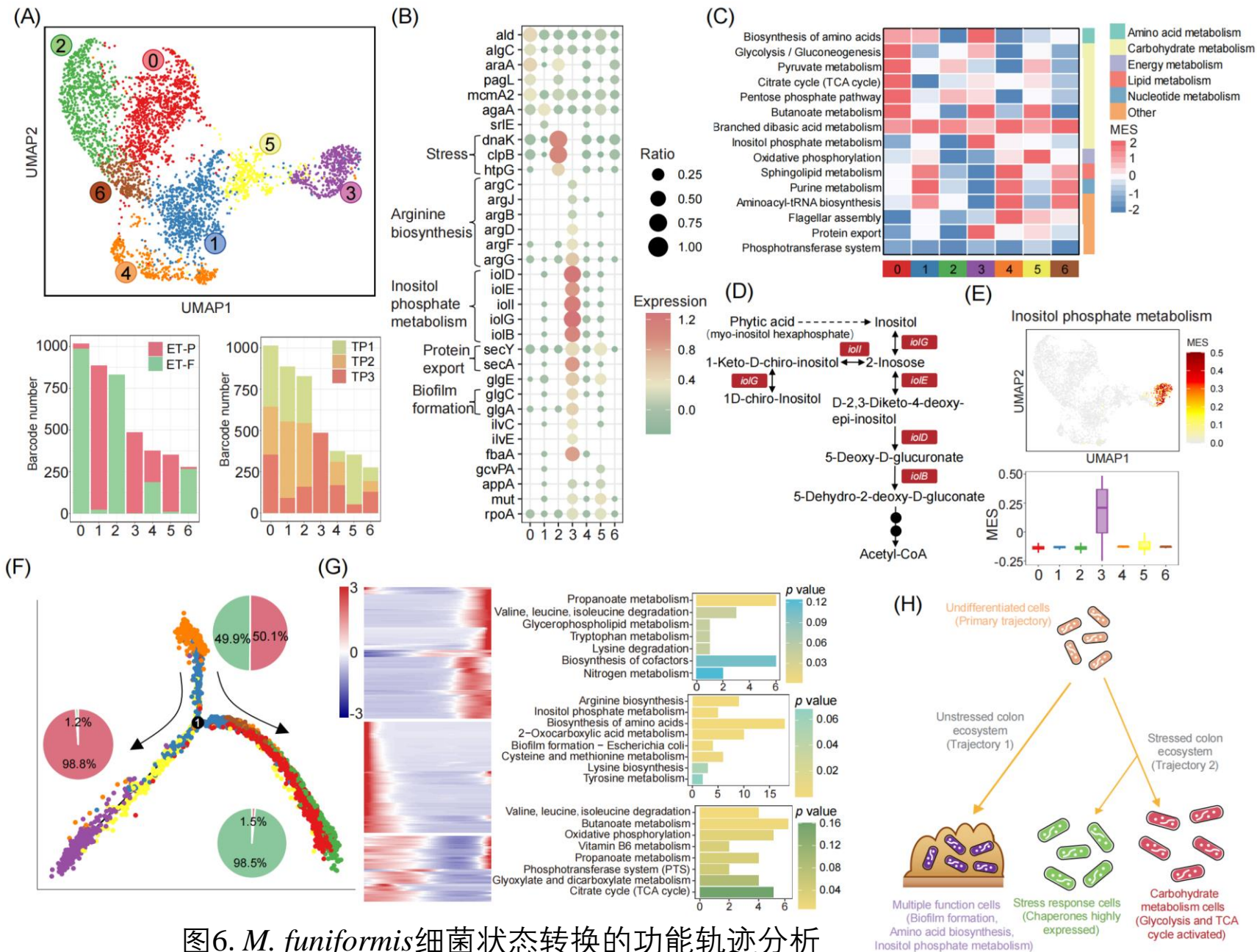


图6. *M. funiformis* 细菌状态转换的功能轨迹分析

# 单形巨单胞菌通过降解外源性植酸促进矿物质吸收

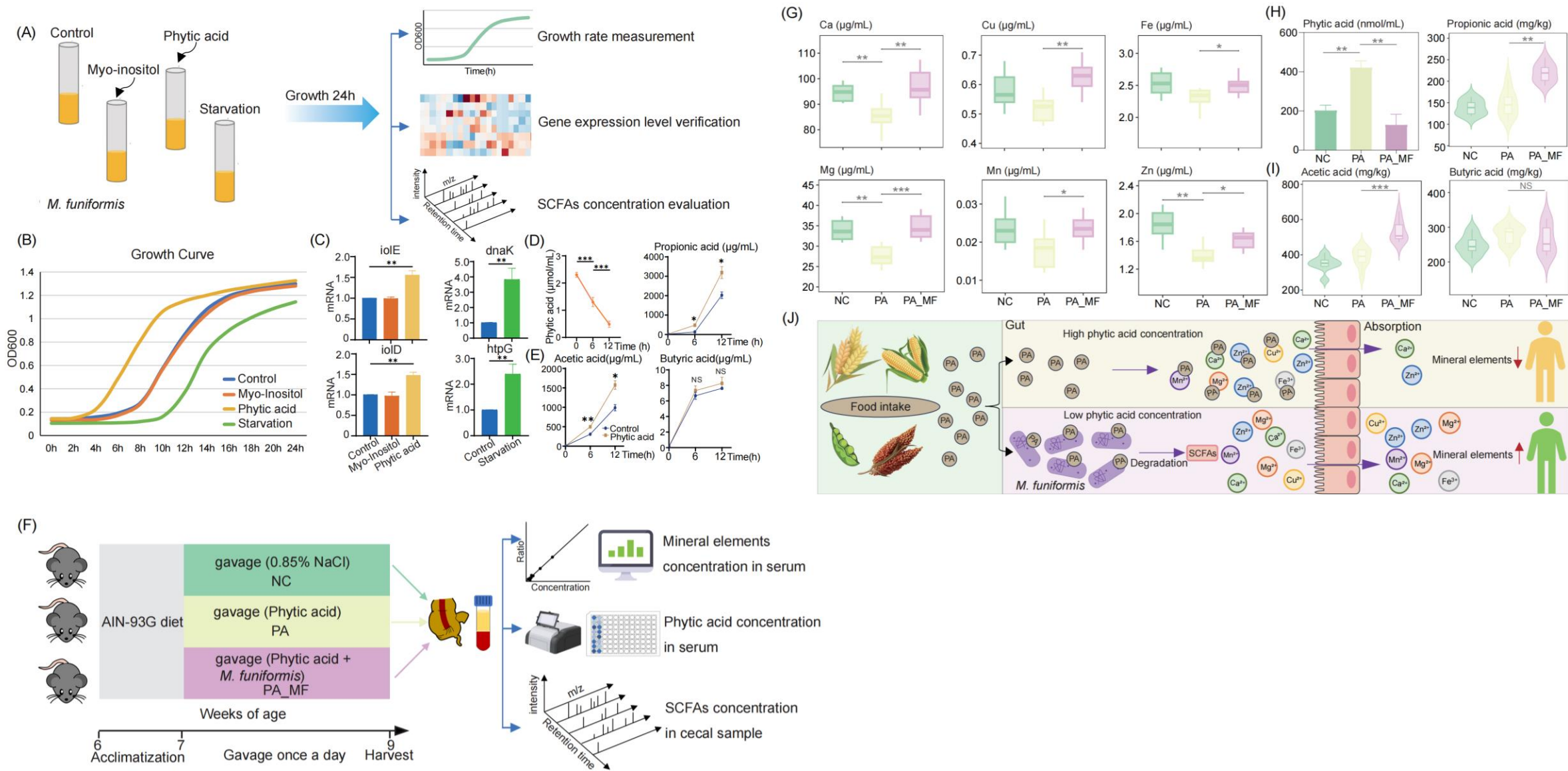


图7. *M. funiformis*通过降解外源植酸促进矿物质吸收

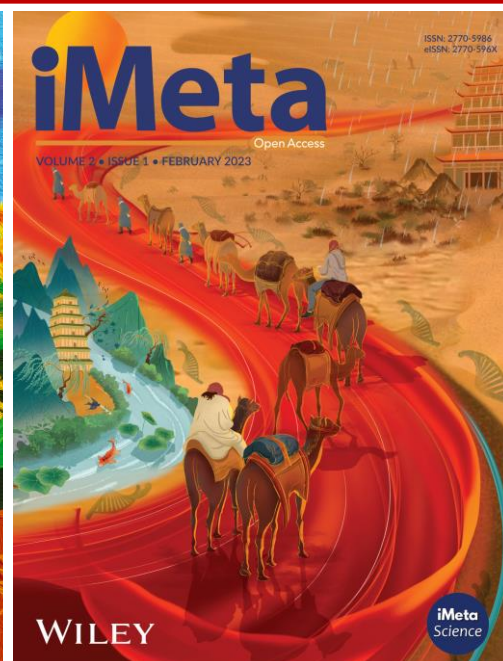


# 总结

- ❑ 单细菌RNA测序技术能更精准地揭示不同生态位中菌群的动态转变过程，显著深化了对个体间"菌种—功能"异质性的认知。
- ❑ 所开发的单细菌RNA测序与分析框架，为鉴定肠道微生物组中具有重要生物学和临床价值的关键功能菌种提供了高效策略。
- ❑ 新发现单形巨单胞菌通过降解植酸促进矿物质吸收的独特功能

Yifei Shen, Wenxin Qu, Mengdi Song, Tianyu Zhang, Chang Liu, Xiaofeng Shi, Xinxin Xu, Jingjing Jiang, Liguang Ding, Fangyu Mo, Zheyang Mao, Mingzhu Huang, Ziyu Xu, Jiaye Chen, Enhui Shen, Jian Ruan, Jiong Liu, Michael P. Timko, Yu Chen, Longjiang Fan, Shufa Zheng, Yongcheng Wang 2025. Single-microbe RNA sequencing uncovers unexplored specialized metabolic functions of keystone species in the human gut. *iMeta* 4: e70035.

<https://doi.org/10.1002/imt2.70035>



“**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](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](#)

