



# 奶牛“母子”模型中胃肠道抗性组的时空特征及其在奶业生产系统中的环境传播

刘帅<sup>1</sup>, 庄一民<sup>1</sup>, 陈天宇<sup>1</sup>, 高铎<sup>1</sup>, 肖鉴鑫<sup>1,2</sup>, 王金锋<sup>3</sup>, 李璟辉<sup>4</sup>,  
赵欣婕<sup>1,5</sup>, 彭容<sup>1,5</sup>, 郭文丽<sup>1</sup>, 魏家琳<sup>1,6</sup>, 沙漠<sup>1</sup>, 王靖俊<sup>1</sup>, 马佳莹<sup>1</sup>, 马媚<sup>1</sup>,  
李蒙蒙<sup>1</sup>, 王蔚<sup>1</sup>, 王雅晶<sup>1</sup>, 李胜利<sup>1</sup>, 曹志军<sup>1\*</sup>

1 中国农业大学动物科学技术学院

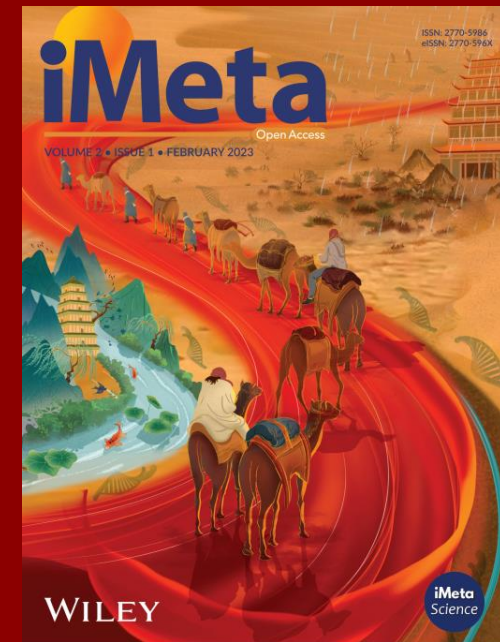
3 中国农业大学食品科学与营养工程学院

5 苏黎世联邦理工学院农业科学研究所

2 四川农业大学动物营养研究所

4 芝加哥大学医学院遗传医学系

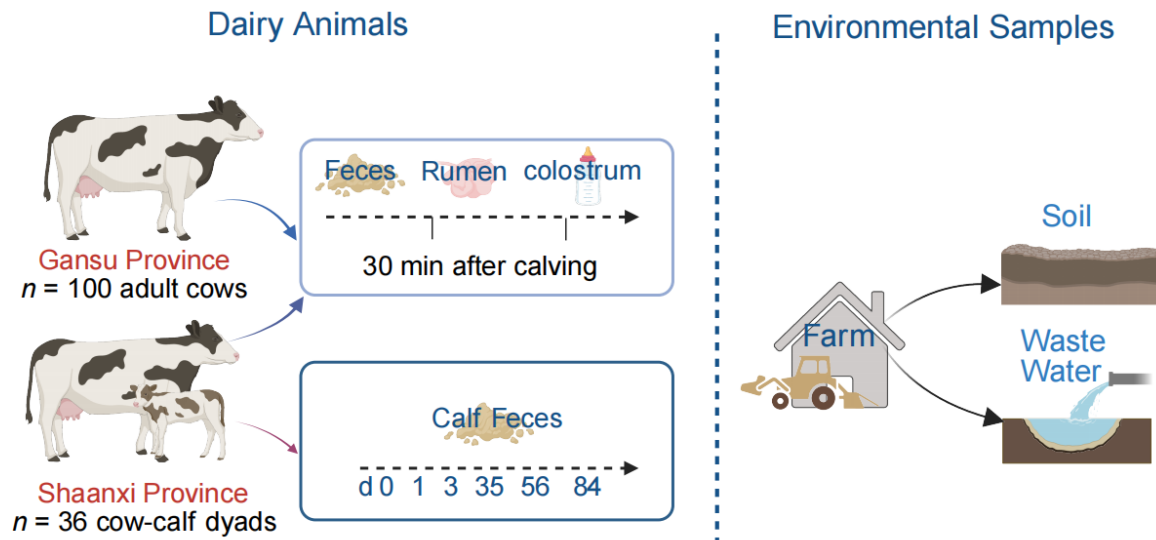
6 布里斯托大学生物科学学院



Shuai Liu , Yimin Zhuang , Tianyu Chen , Duo Gao, Jianxin Xiao , Jinfeng Wang , Jinghui Li, et al. 2025. “Spatio-temporal characteristics of the gastrointestinal resistome in a cow-to-calf Model and its environmental dissemination in a dairy production system” *iMeta* 4: e70047.

<https://doi.org/10.1002/imt2.70047>

# 研究背景与目标



16S rRNA gene sequencing + Metagenome+Metatranscriptome

$n = 529$  sampls

$n = 325$  sampls

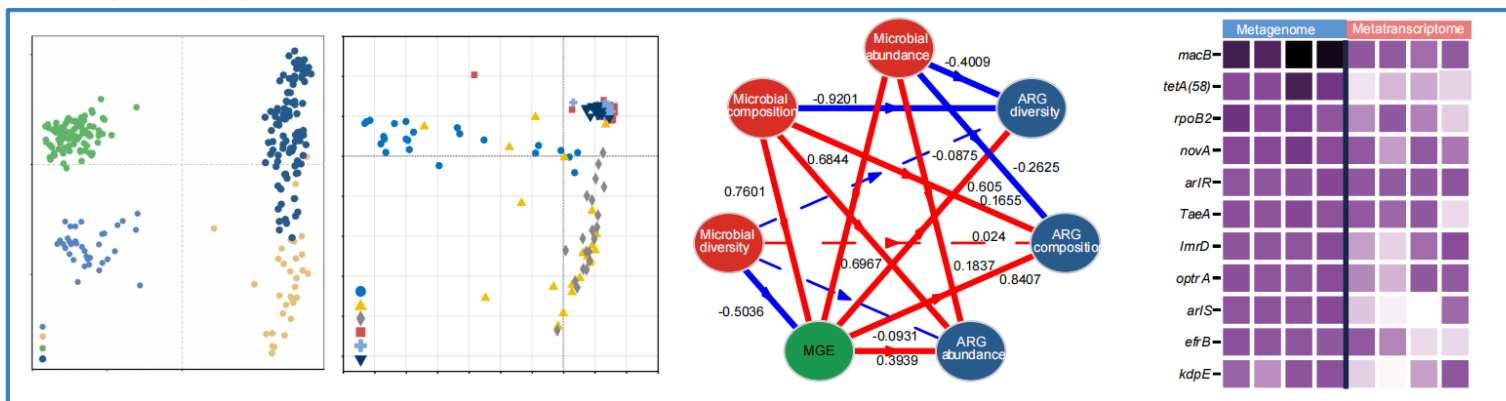
$n = 62$  sampls

Gut ARG profiles of cows distinguished by regions

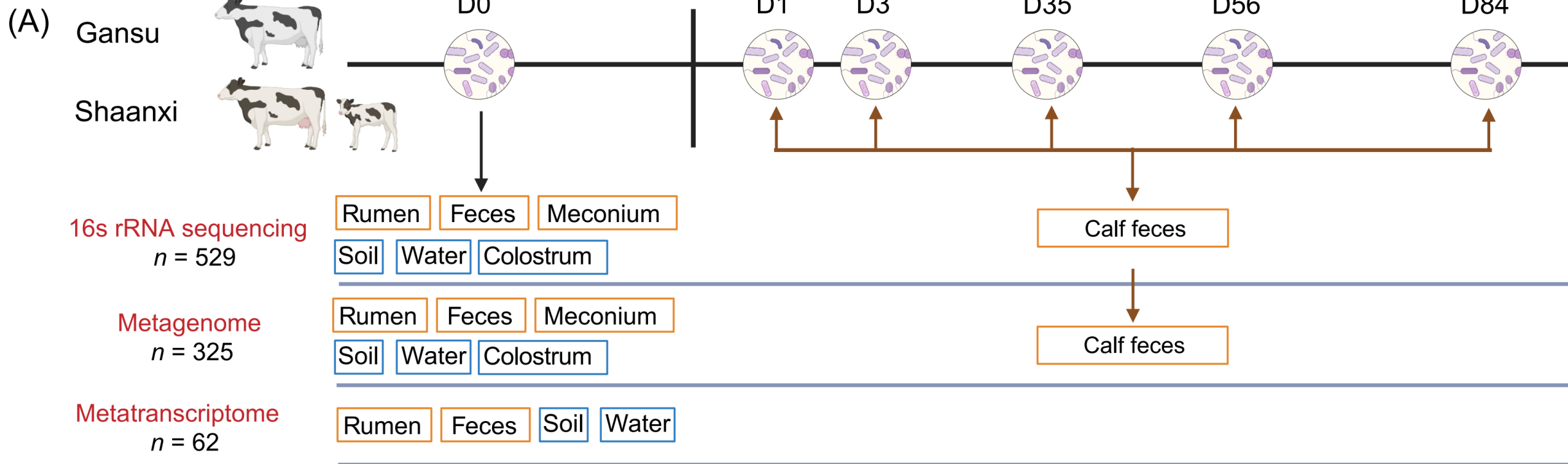
Fecal ARG variation in calves driven by age and diet

MGEs are an medium between ecological niches interactions

Multidrug resistance holds paramount significance recognized by both metagenome/transcriptome level



# 实验设计



样本类型：（甘肃、陕西）136头奶牛、36头犊牛和环境样本（土壤、水）。

组学技术：16S rRNA测序、宏基因组、宏转录组。

# 微生物组分布特征

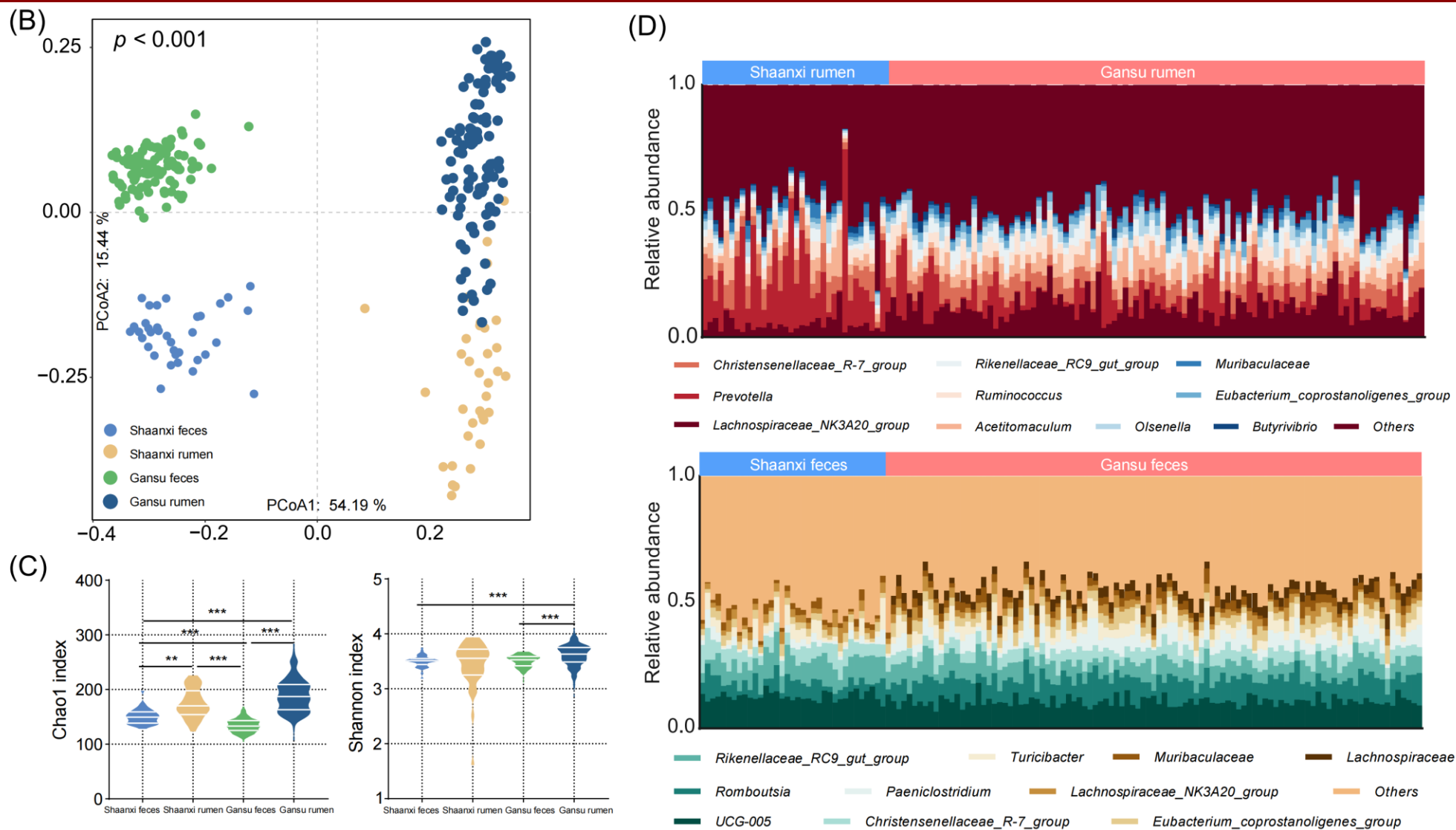


图1 甘肃与陕西地区奶牛瘤胃及后肠微生物组特征

(B) 奶牛瘤胃和粪便微生物群主坐标分析 (C) 奶牛瘤胃和粪便中微生物群的 $\alpha$ 多样性

(D) 奶牛瘤胃和粪便微生物属组成

# 抗性组分布特征

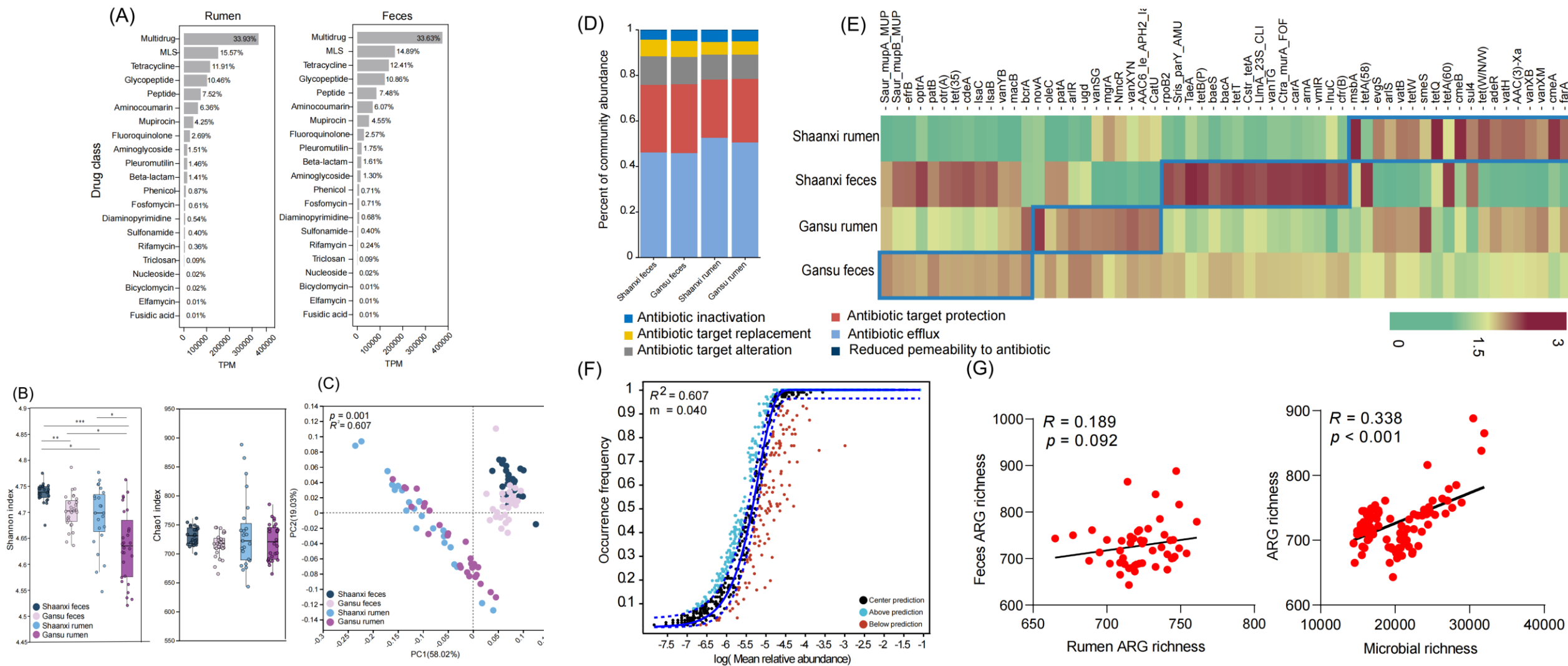


图 2 甘肃和陕西奶牛肠道抗性基因组图谱

(A) 抗生素抗性基因总丰度 (B) 抗性组的 $\alpha$ 多样性 (C) 奶牛瘤胃和粪便中抗性基因组的 PCoA (D) 瘤胃和粪便中抗性机制的组成 (E) 四组中特征抗性基因的鉴定 (F) 中性模型的拟合 (G) 相关性分析

# 抗性组聚类与宿主菌互作

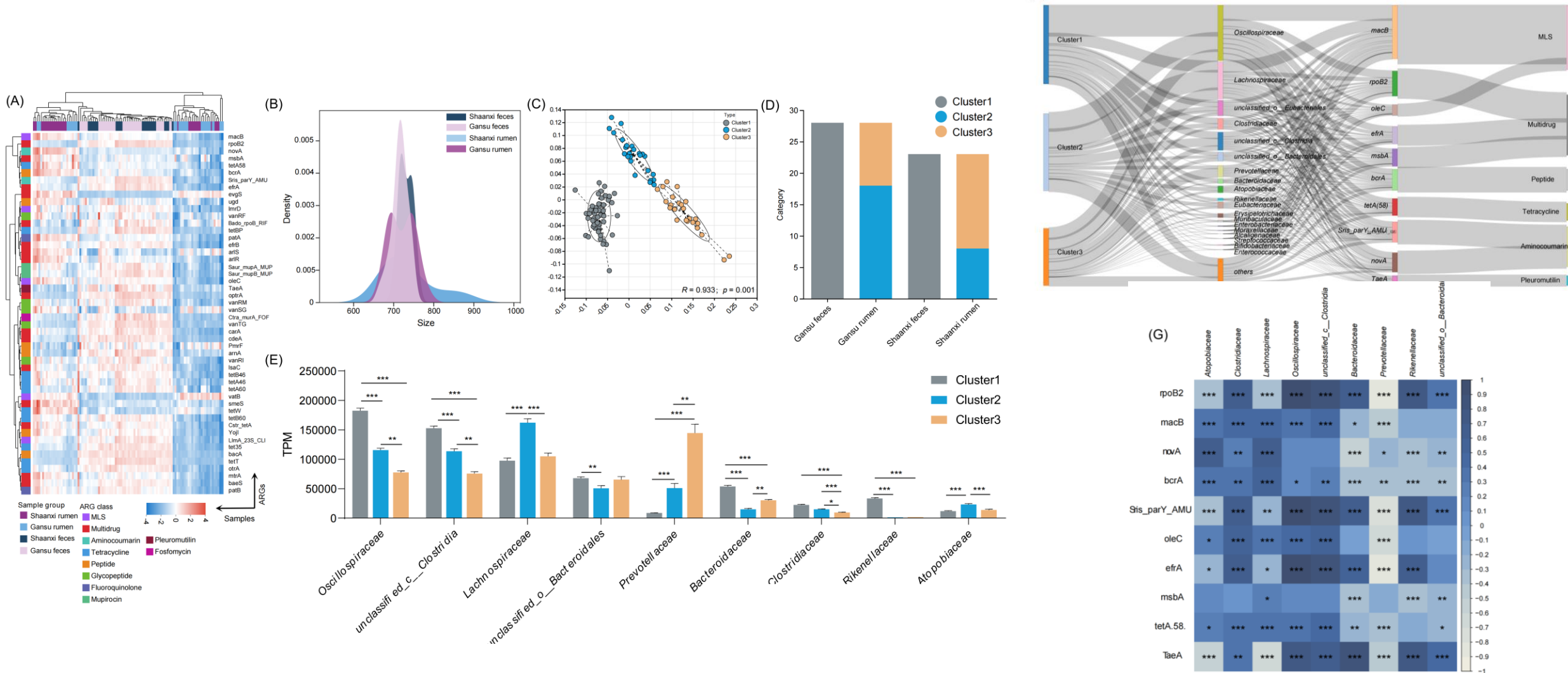


图 3 与粪便和瘤胃相关的三个抗性组群的特征

(A) ARG 丰度热图 (B) 牛群 ARG 丰富度聚类 (D) 不同 ARG 聚类比例  
 (E) ARG 聚类微生物家族显著差异 (F) 预测的细菌宿主 (G) ARGs 与细菌之间的 Spearman 相关性分析



# 犊牛抗性组动态与母体传播

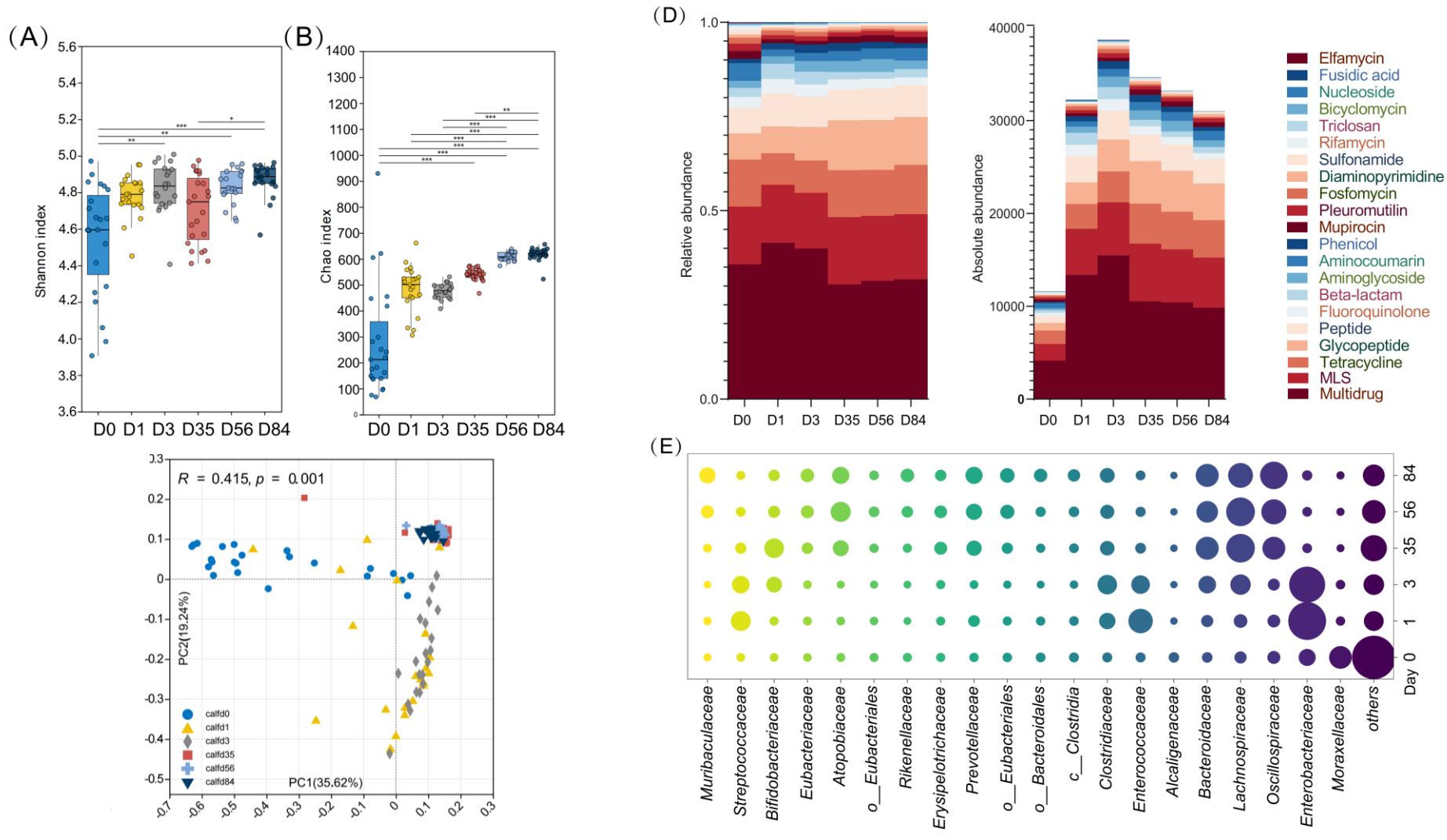


图4 犊牛粪便抗性基因组的时间动态

(A和B) 犊牛粪便ARG的Chao指数和香农指数 (C) 犊牛粪便抗性基因组PCoA  
 (D) 不同年龄段粪便中 ARGs 的相对和绝对丰度 (E) 不同年龄段粪便 ARGs 的预测细菌宿主

# 犊牛微生物功能与抗性组关联

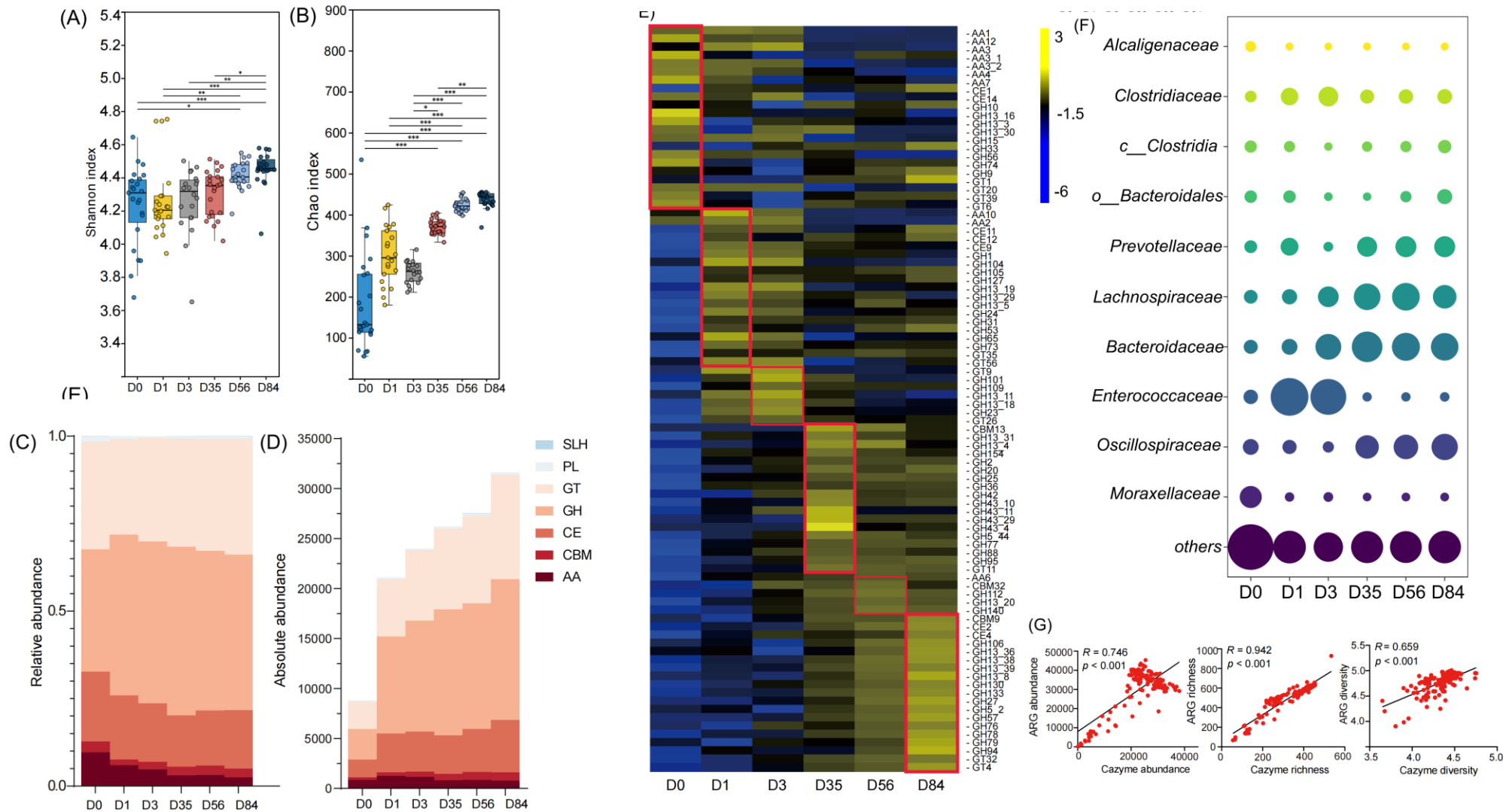


图 5 犊牛肠道微生物组的功能

(A和B) 犊牛粪便碳水化合物活性酶 (CAZyme) 的Chao1指数和香农指数 (C) 不同年龄段粪便 CAZymes 的相对丰度 (D) 不同年龄段粪便 CAZymes 的绝对丰度 (TPM) (E) 四组中特征 CAZymes 的鉴定 (G) 相关性分析。

# 环境传播与生态风险

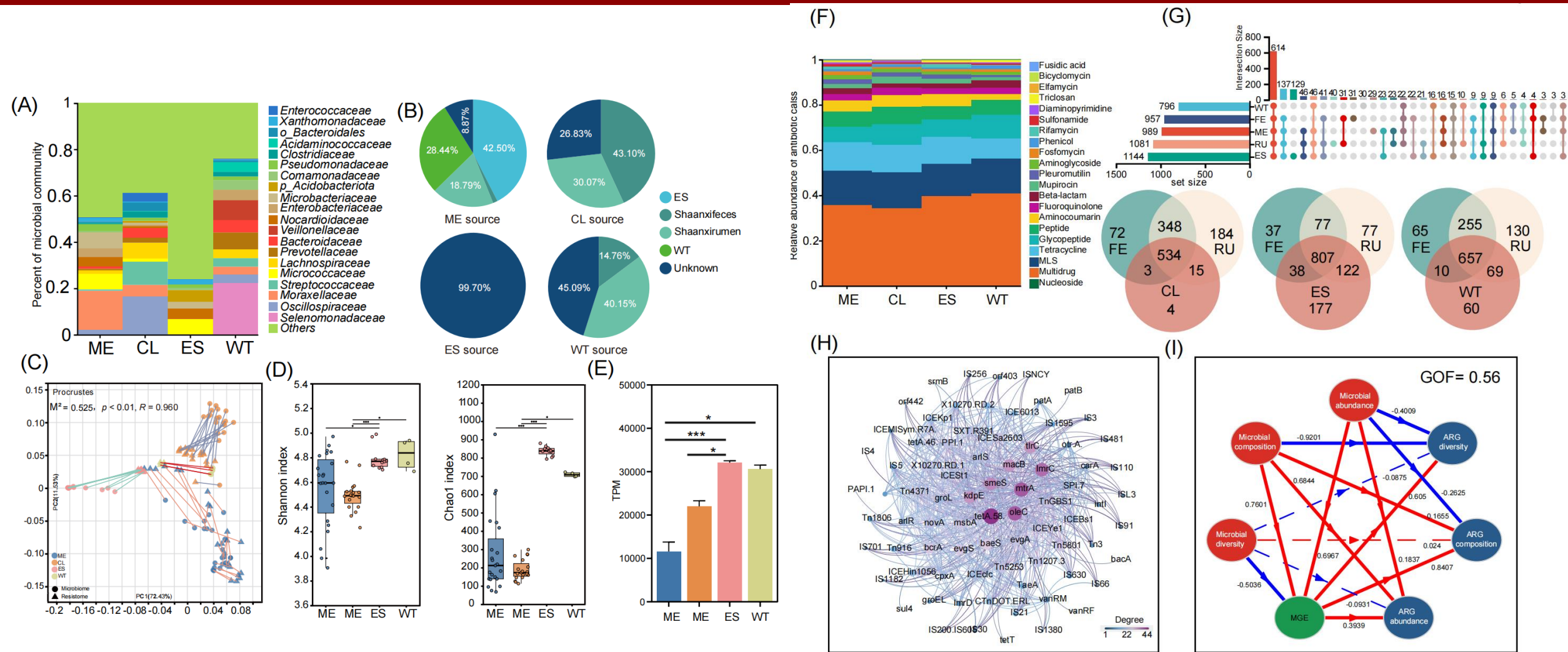


图 6 环境样本的抗性组特征

(A) 四组属级微生物组成 (B) 微生物组的 SourceTracker 分析 (C) 微生物组成与 ARG 图谱之间 Procrustes 分析 (D)  $\alpha$ 多样性 (E) ARGs 丰度 (F) 四组 ARGs 的药物类别组成 (G) 粪便、瘤胃和胎粪/初乳/土壤/废水交集 (H) ARGs 与MGEs之间的共现网络 (I) 微生物组、MGEs 和 ARGs 的直接和间接影响



# DNA与RNA水平抗性组比较

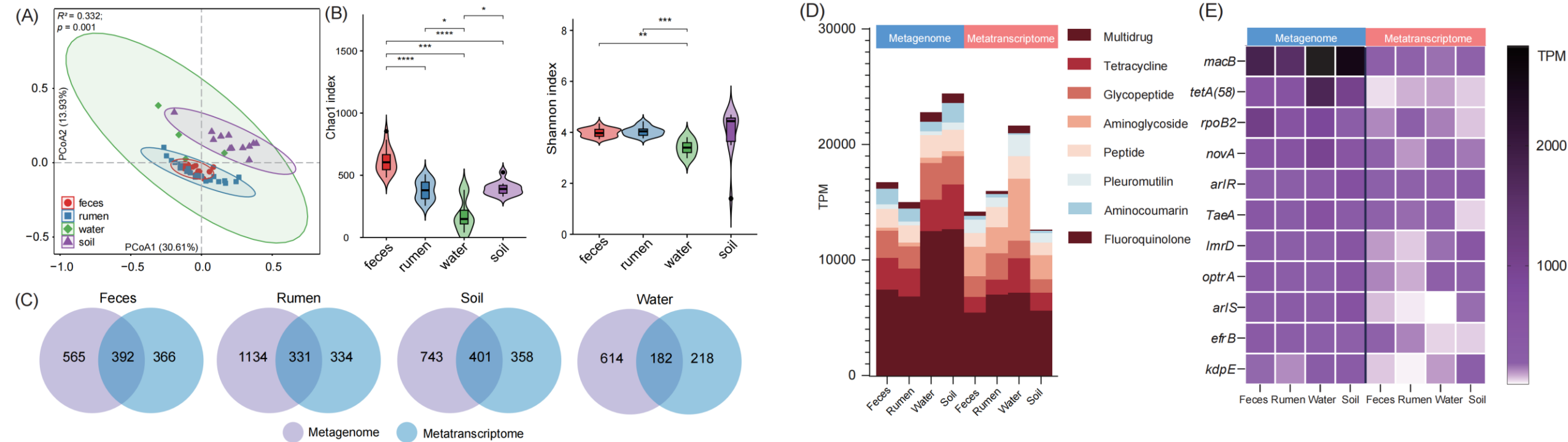


图 7 基于 DNA 和基于 RNA 水平的 ARG 比较

- (A) 基于 Bray- Curtis 距离的粪便、瘤胃、土壤和废水ARG 转录丰度的 PCoA
- (B) 宏转录组水平上的 Chao1 指数和香农指数
- (C) 宏基因组与宏转录组ARG 的韦恩图
- (D) 宏基因组与宏转录组 ARGs 的抗生素类别比较
- (E) 宏基因组与宏转录组 ARG 丰度的比较

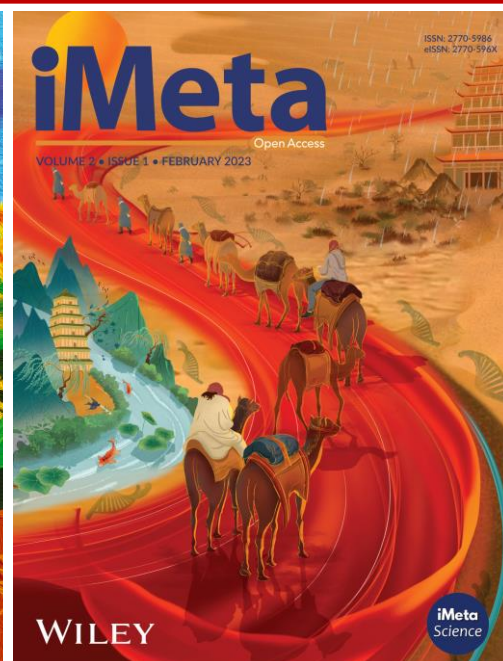
# 总结

1. 首次从时间和空间角度揭示奶牛胃肠道抗性组具有地理和肠道特异性；
2. 建立奶牛“母子”模型系统阐明奶业生产系统中ARG垂直传播和环境扩散的双重路径；
3. 日龄和日粮是影响早期肠道 ARG 的关键因素，牧场中的污水和土壤是 ARG 的高风险扩散源。

**未来可通过调控早期饮食，优化环境管理降低ARG传播风险**

Shuai Liu , Yimin Zhuang , Tianyu Chen , Duo Gao, Jianxin Xiao , Jinfeng Wang , Jinghui Li, et al. 2025. “Spatio-temporal characteristics of the gastrointestinal resistome in a cow-to-calf Model and its environmental dissemination in a dairy production system” *iMeta* 4: e70047.

<https://doi.org/10.1002/imt2.70047>



**iMeta**期刊(影响因子**23.8**)由宏科学、千名华人科学家和威立出版, 主编刘双江和傅静远教授。目标为生物/医学/环境综合期刊群(对标Cell/Nature/Science), 任何高影响力的研究、方法和综述均欢迎投稿, 重点关注技术、信息和组学等前沿交叉学科, 已被SCIE、PubMed等收录, IF 23.8位列全球SCI期刊前千分之五, 微生物学研究类全球第一, 中科院生物学双1区Top; 外审平均21天, 投稿至发表中位数57天。  
子刊***iMetaOmics***(主编赵方庆和于君教授)、***iMetaMed***定位IF>10和15的综合、医学期刊, 欢迎投稿!



主页: <http://www.imeta.science>

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

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

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

iMetaMed: <https://wiley.atyponrex.com/journal/IMM3>



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

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



宣传片



[iMeta](#)



更新日期  
2025/5/21