代谢功能的趋同进化：来自人类和家犬肠道微生物群的证据

王晓阳[1]，朱磊[2]，兰月[3]，…，张志刚[4]，王国栋[1]

[1]中国科学院昆明动物研究所遗传进化与动物模型全国重点实验室

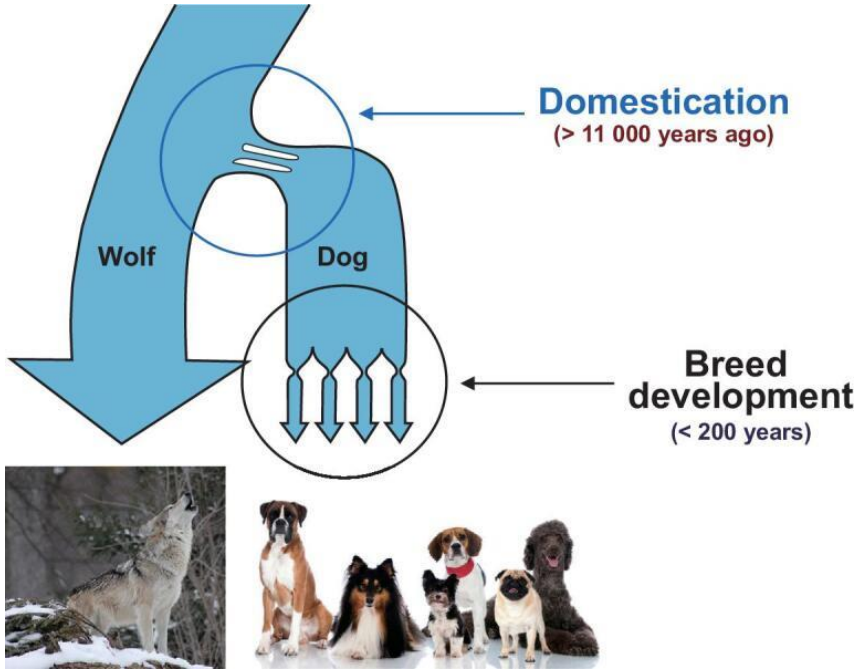
[2]云南省肿瘤医院

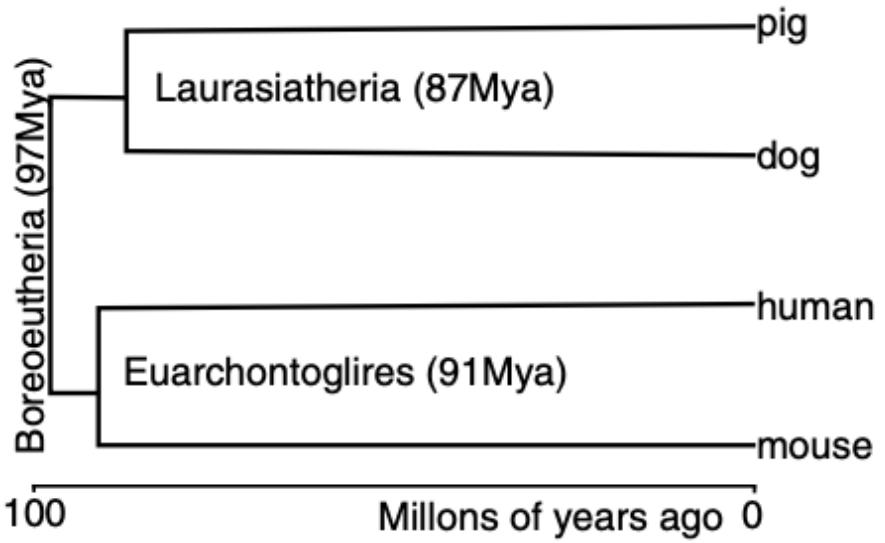
[3]四川大学生命科学学院生物资源与生态环境教育部重点实验室

[4]云南大学云南生物资源保护与利用国家重点实验室

Xiaoyang Wang, Lei Zhu, Yue Lan, Guimei Li, Tong Zhou, Qingguo Huang, Tifei Yuan, et al. 2025. Convergent Evolution of Metabolic Functions: Evidence from the Gut Microbiomes of Humans and Dogs. ***iMetaOmics*** 2: e70059. https://doi.org/10.1002/imo2.70059

背景





Coelho et al., 2018

家犬与人类淀粉类饮食相关基因趋同进化

材料和方法

六组群体的粪便样本

猕猴

动物园狼

野生狼

工作犬

nature biotechnology

RESOURCE

https://doi.org/10.1038/s41587-020-0603-3

Check for updates

OPEN

A unified catalog of 204,938 reference genomes from the human gut microbiome

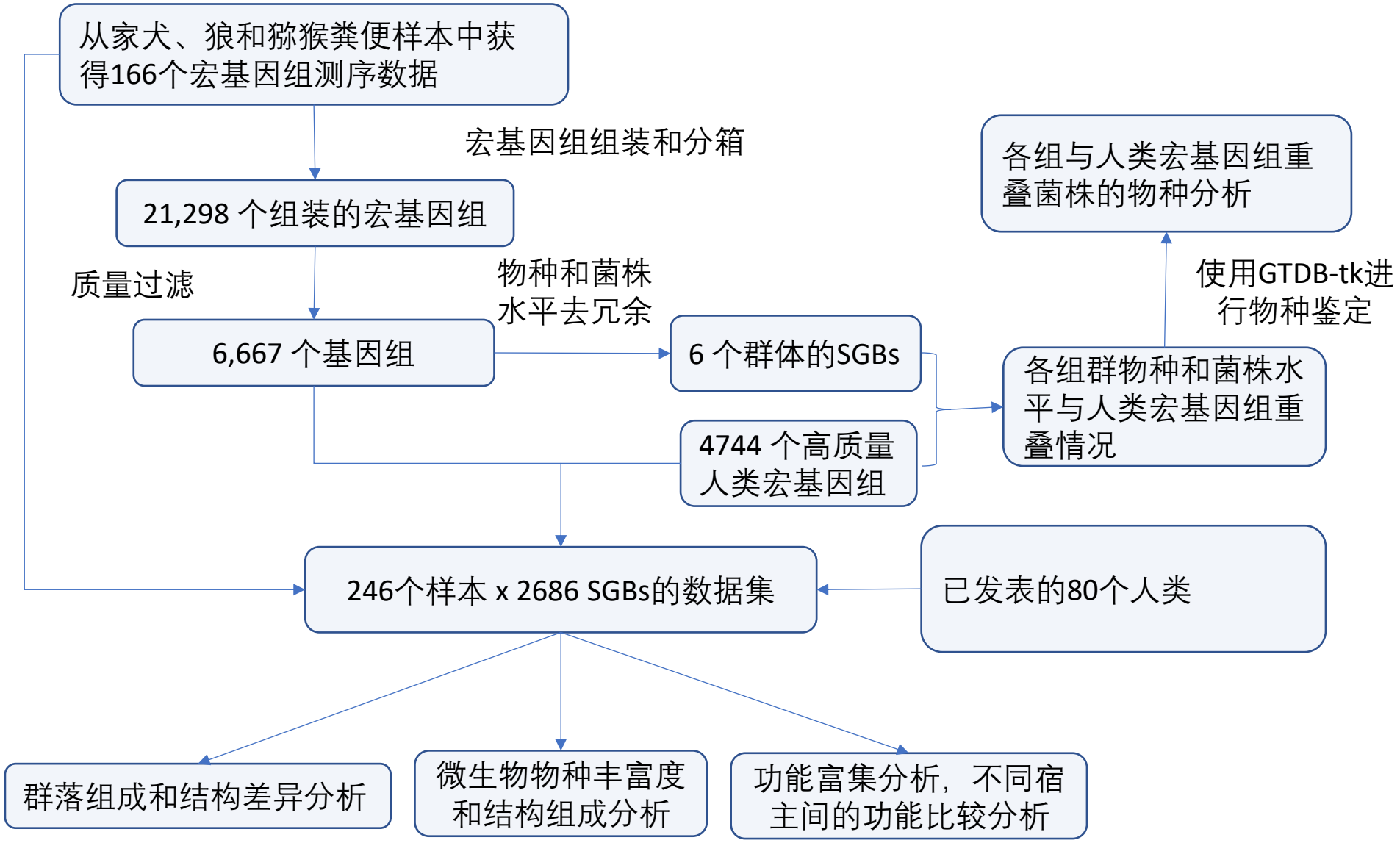
Alexandre Almeida[1,2]✉, Stephen Nayfach[3,4], Miguel Boland[1], Francesco Strozzi[5], Martin Beracochea[1], Zhou Jason Shi[6,7], Katherine S. Pollard[6,7,8,9,10,11], Ekaterina Sakharova[1], Donovan H. Parks[12], Philip Hugenholtz[12], Nicola Segata[13], Nikos C. Kyrpides[3,4] and Robert D. Finn[1]✉

高质量人类宏基因组数据

中华田园犬

宠物犬

材料和方法

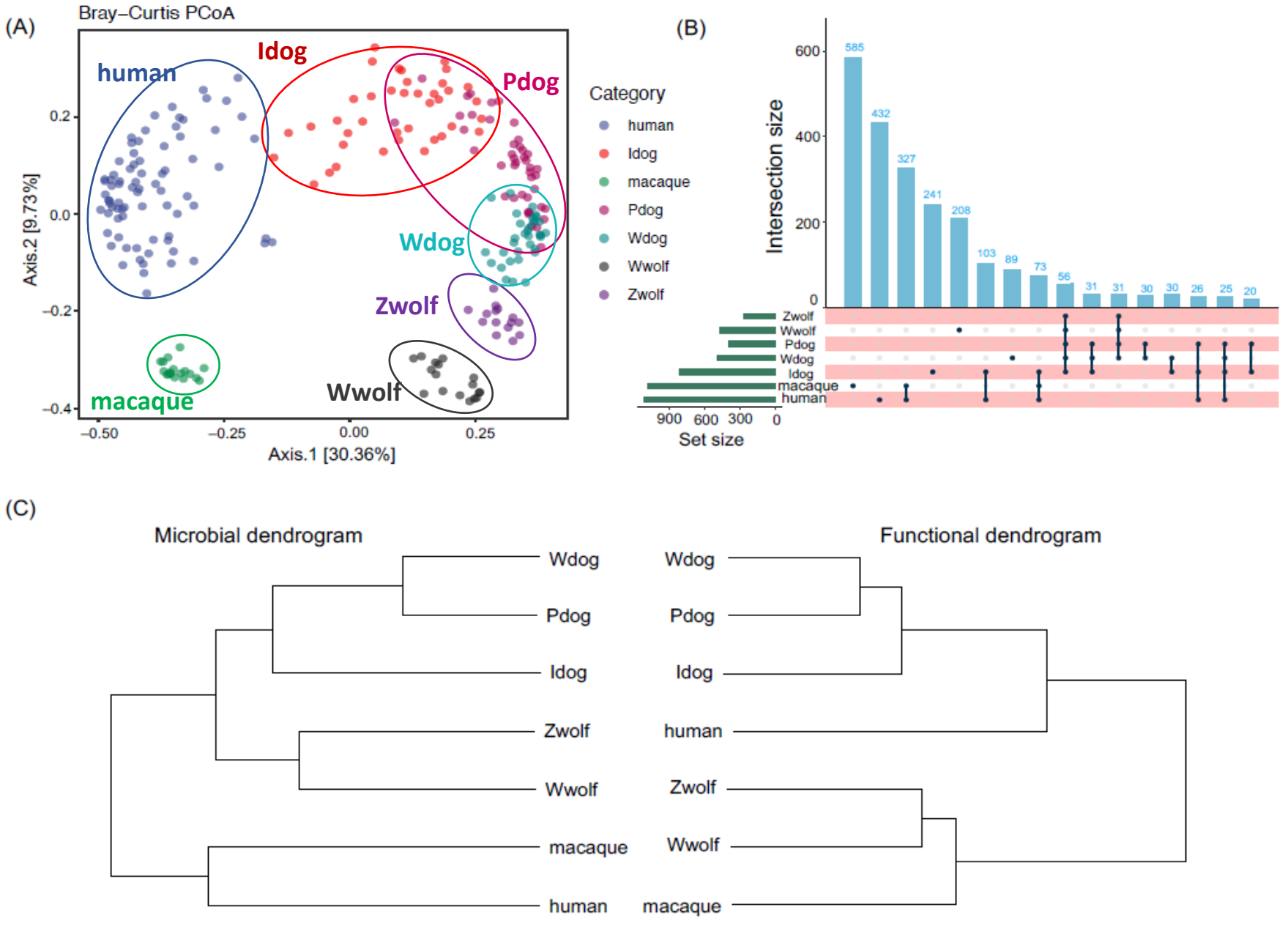

从家犬、狼和猕猴粪便样本中获得166个宏基因组测序数据
宏基因组组装和分箱
21,298 个组装的宏基因组
质量过滤
物种和菌株水平去冗余
6,667 个基因组
6 个群体的SGBs
4744 个高质量人类宏基因组
各组群物种和菌株水平与人类宏基因组重叠情况
使用GTDB-tk进行物种鉴定
各组与人类宏基因组重叠菌株的物种分析
246个样本 x 2686 SGBs的数据集
已发表的80个人类
群落组成和结构差异分析
微生物物种丰富度和结构组成分析
功能富集分析，不同宿主间的功能比较分析

结果

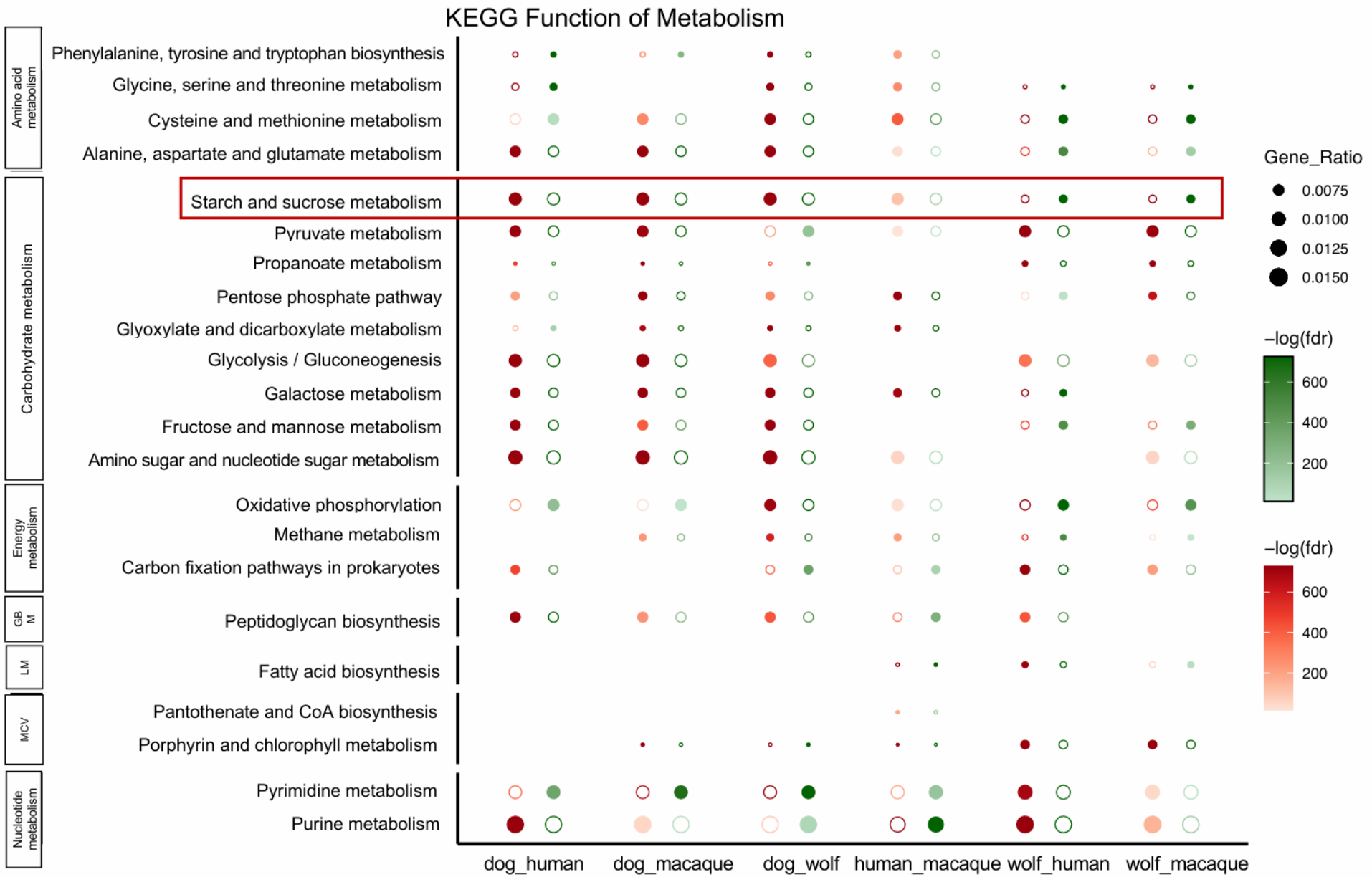
Group	Specimens	MAGs	QS	dRep99	dRep95	Overlapped in stain level	Ratio (%)	Overlapped in species level	Ratio (%)
Zoo wolf	15	1818	384	148	119	8	5.41	45	37.82
Wild wolf	17	3009	982	496	352	6	1.21	48	13.64
Indigenous dog	39	3452	1140	673	426	88	13.08	235	55.16
Pet dog	43	4803	1481	495	240	60	12.12	142	59.17
Working dog	34	5076	1515	441	326	43	9.75	125	38.34
Macaque	18	3131	1165	639	374	34	5.32	225	60.16
Total	166	21,289	6667	2892	1837	239	8.26	820	44.64

- 动物园的狼中检测到的肠道菌群数量相对较少
- 在**菌群水平**（95%），猕猴在肠道微生物上与人类有最多的相似菌群，其次是家犬
- 但是在**菌株水平**（99%），则是家犬与人类有最多的相似菌株

结果

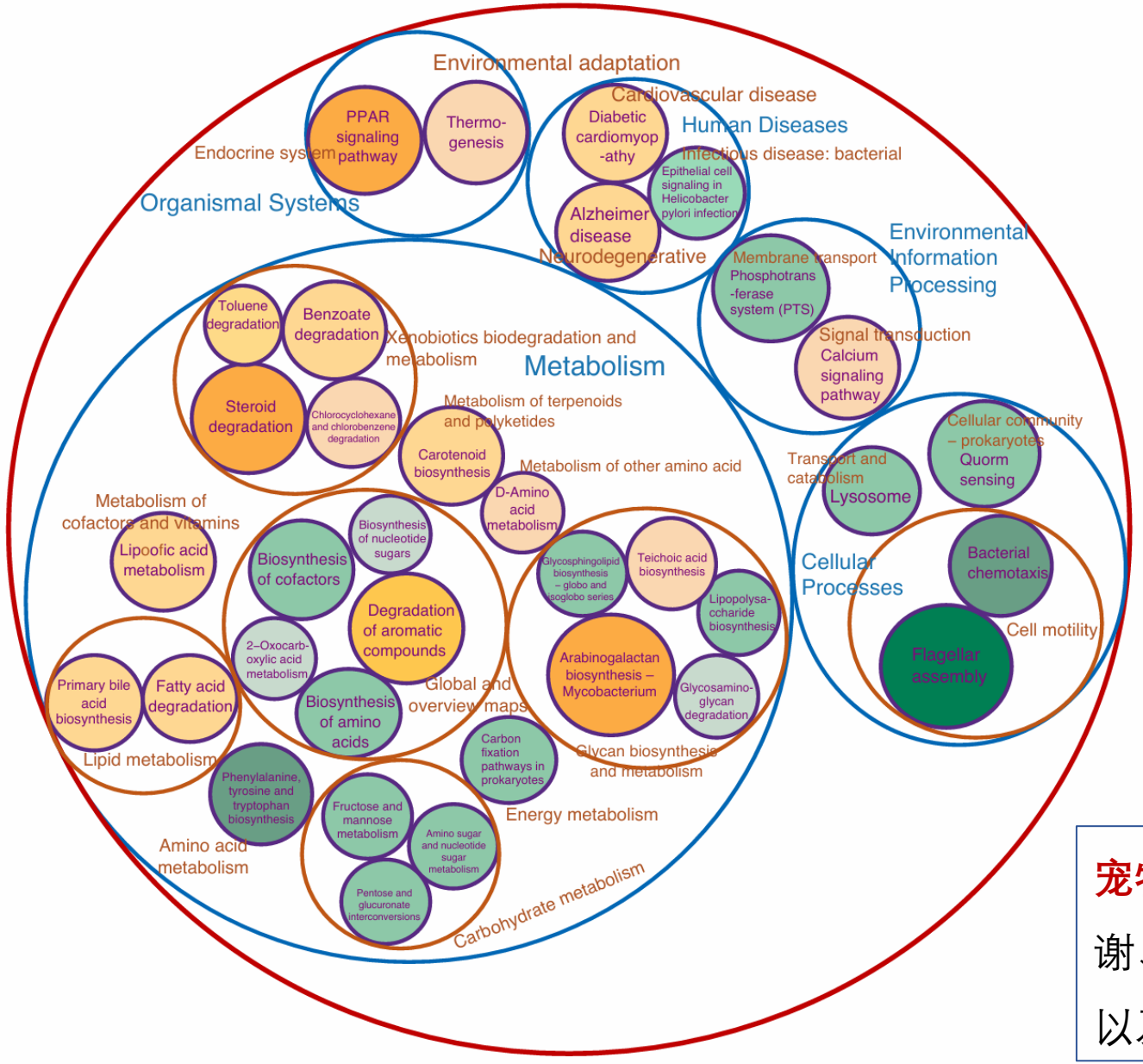

(A)
Bray–Curtis PCoA
human
Idog
Pdog
Wdog
Zwolf
Wwolf
macaque
Axis.2 [9.73%]
Axis.1 [30.36%]
Category
human
Idog
macaque
Pdog
Wdog
Wwolf
Zwolf
(B)
Intersection size
585
432
327
241
208
103
89
73
56
31
31
30
30
26
25
20
Set size
(C)
Microbial dendrogram
Functional dendrogram
Wdog
Pdog
Idog
Zwolf
Wwolf
macaque
human

结果


KEGG Function of Metabolism
Amino acid metabolism
Carbohydrate metabolism
Energy metabolism
GB M
LM
MCV
Nucleotide metabolism
Phenylalanine, tyrosine and tryptophan biosynthesis
Glycine, serine and threonine metabolism
Cysteine and methionine metabolism
Alanine, aspartate and glutamate metabolism
Starch and sucrose metabolism
Pyruvate metabolism
Propanoate metabolism
Pentose phosphate pathway
Glyoxylate and dicarboxylate metabolism
Glycolysis / Gluconeogenesis
Galactose metabolism
Fructose and mannose metabolism
Amino sugar and nucleotide sugar metabolism
Oxidative phosphorylation
Methane metabolism
Carbon fixation pathways in prokaryotes
Peptidoglycan biosynthesis
Fatty acid biosynthesis
Pantothenate and CoA biosynthesis
Porphyrin and chlorophyll metabolism
Pyrimidine metabolism
Purine metabolism
dog_human
dog_macaque
dog_wolf
human_macaque
wolf_human
wolf_macaque
Gene_Ratio
0.0075
0.0100
0.0125
0.0150
–log(fdr)
600
400
200
–log(fdr)
600
400
200

结果

工作犬中菌群功能富集与**脂类代谢**、外源性物质代谢等通路相关；在人类疾病方面，则富集在与**人类糖尿病性心肌病**和**阿尔茨海默病**



宠物犬中菌群功能富集在氨基酸代谢、碳水化合物代谢和能量代谢；以及富集人类**幽门螺杆菌感染**通路

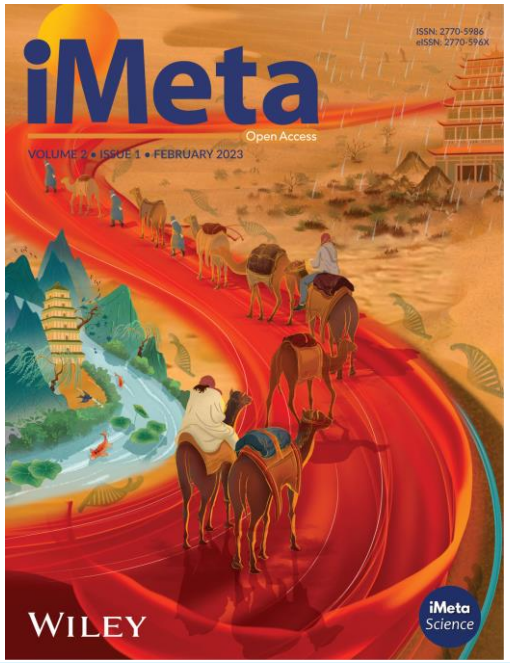
总结

- 在本研究中，我们首次将猕猴、三种生活方式家犬和两种生存方式狼的肠道微生物群与人类的肠道微生物群进行了比较；
- 各组群与人类宏基因组在菌群和菌株水平的比较分析发现，与猕猴相比，家犬肠道微生物与人类更相似；
- 群落分析发现，在微生物群落和组成上，猕猴与人类更接近，这与宿主间系统发育关系相符，然而在功能分析中，家犬肠道微生物功能与人类更接近，且在代谢功能通路上表现出色，为家犬和人类代谢功能的趋同提供的证据；
- 对工作犬和宠物犬功能的进一步分析发现，家犬中不同生活方式引起的代谢差异与疾病和人类对工作环境的反应相似；

Xiaoyang Wang, Lei Zhu, Yue Lan, Guimei Li, Tong Zhou, Qingguo Huang, Tifei Yuan, et al. 2025. Convergent Evolution of Metabolic Functions: Evidence from the Gut Microbiomes of Humans and Dogs. ***iMetaOmics*** 2: e70059. https://doi.org/10.1002/imo2.70059

iMeta(宏): 整合宏组学重新认识生物和医学

iMeta WILEY



iMeta*(宏)**期刊是由宏科学、千名华人科学家和威立共同出版，对标Cell***的生物/医学类综合期刊，主编刘双江和傅静远教授，欢迎高影响力的研究、方法和综述投稿，重点关注生物技术、大数据和组学等前沿交叉学科。已被SCIE、PubMed等收录，最新IF 33.2，位列全球SCI期刊第65位(前千分之三)，中国第5位，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87天。
子刊***iMetaOmics*** (宏组学)、***iMetaMed*** (宏医学)定位IF>10和15的生物、医学综合期刊，欢迎投稿!

主页: http://www.imeta.science
出版社: https://wileyonlinelibrary.com/journal/imeta

投稿: iMeta: https://wiley.atyponrex.com/journal/IMT2
iMetaOmics: https://wiley.atyponrex.com/journal/IMO2
iMetaMed: https://wiley.atyponrex.com/journal/IMM3

office@imeta.science
imetaomics@imeta.science

宣传片

iMeta

更新日期
2025/7/6