

多组学揭示产后奶牛胃肠代谢紊乱相关腹泻

唐炜轩[#], 郝阳毅[#], 张珈维, 王雅晶
曹志军、杨红建, 王蔚^{*}, 李胜利^{*}

中国农业大学动物科技学院, 动物营养与饲养国家重点实验室,
北京市原料乳质量与安全控制工程技术研究中心,
100193, 中国, 北京



Weixuan Tang, Yangyi Hao, Jiawei Zhang, Yajing Wang, Zhijun Cao, Hongjian Yang, Wei Wang, Shengli Li. 2026.

Multi-omics reveals gastrointestinal metabolic disorder-induced diarrhea in postpartum dairy cows.

iMetaOmics 3: e70142. <https://doi.org/10.1002/imo2.70142>.

研究背景

产后日粮转换带来消化挑战

从高粗饲料转向高精料，可能打破营养物质降解与发酵之间的平衡，增加非感染性腹泻风险。

瘤胃对后肠的影响仍不清楚

饲料首先经过瘤胃微生物处理，剩余底物随后进入后肠。
既往研究更多关注后肠，较少同时分析两个区室。

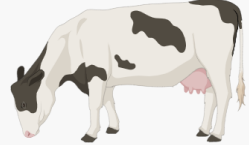
本研究关注的问题

瘤胃与后肠的微生物功能是否共同改变，并与腹泻表型和宿主代谢相联系？

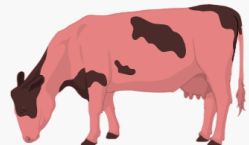
研究设计

产后第9天，根据病原筛查和腹泻表型在奶牛大群中随机选取24头奶牛

非腹泻 ×12



腹泻 ×12



经产荷斯坦奶牛 (体重 637 ± 28 kg; 胎次 2.65 ± 0.27 ; 体况评分 2.78 ± 0.19)

d9

-21d

-7d

7d

21d

采集

血清



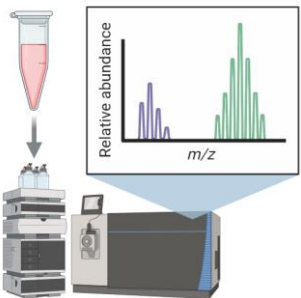
瘤胃液



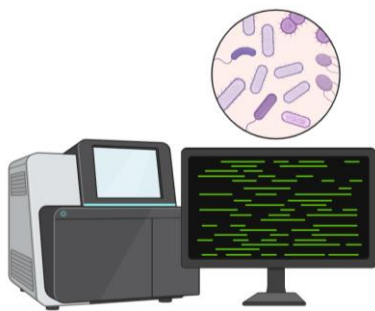
粪便



瘤胃&粪便
&血清非靶
向代谢组学



瘤胃&粪便
微生物宏基
因组学

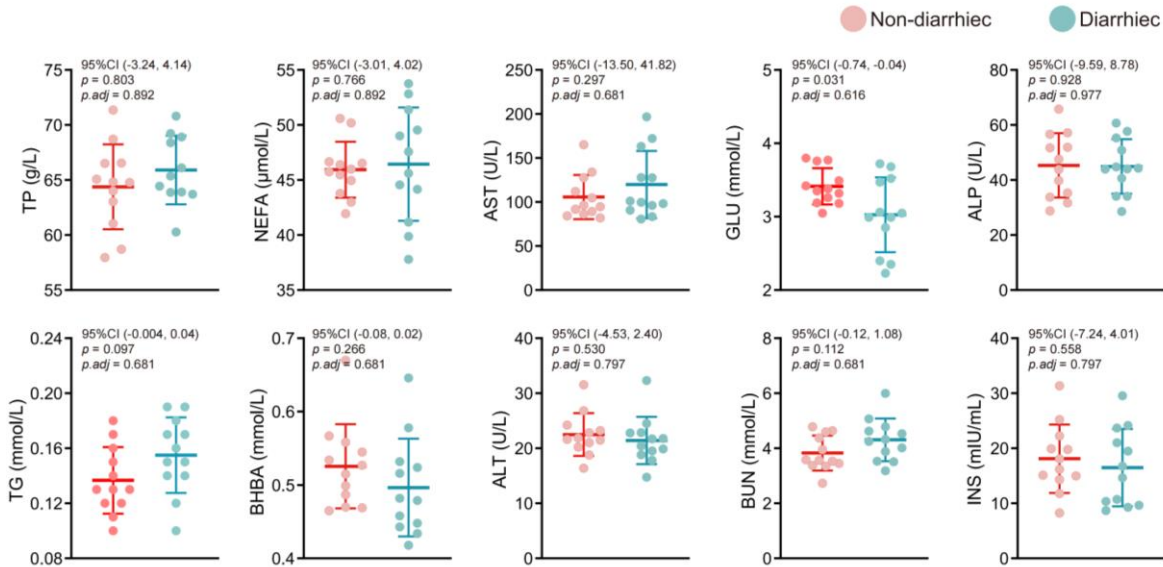


血常规/免
疫/抗氧化
指标分析

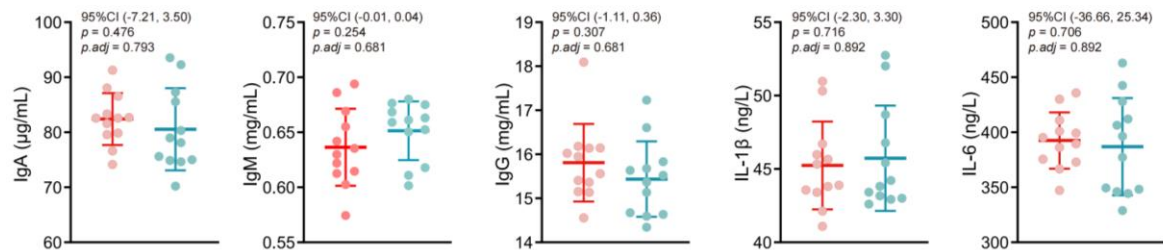


腹泻表型与常规指标

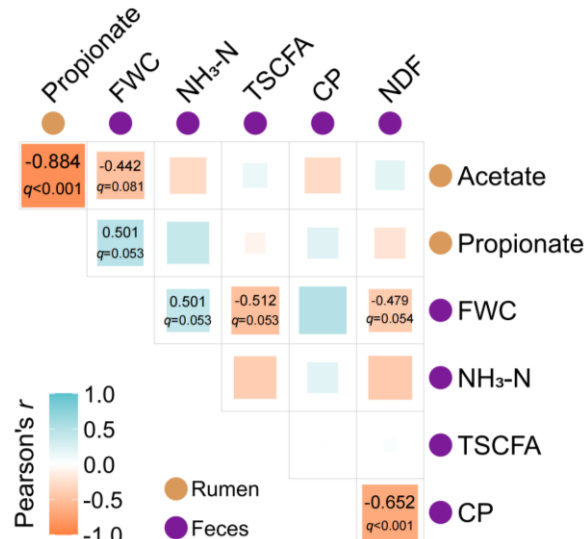
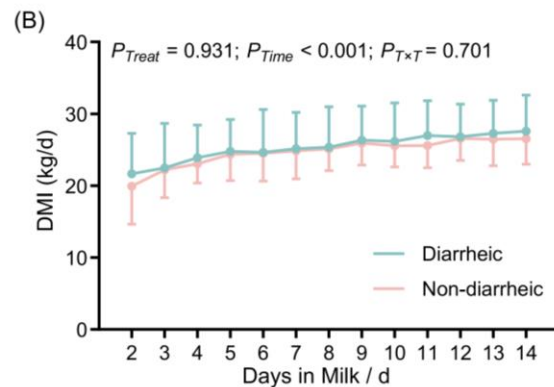
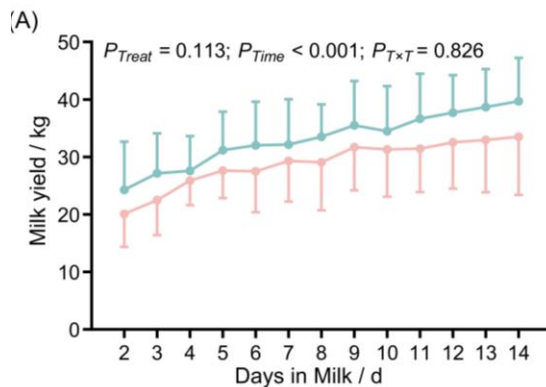
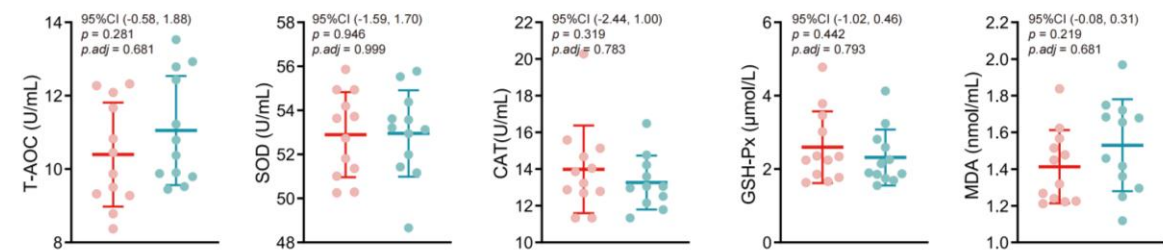
Biochemical



Immune



Antioxidant



粪便含水量 (FWC)

90.83%

腹泻组

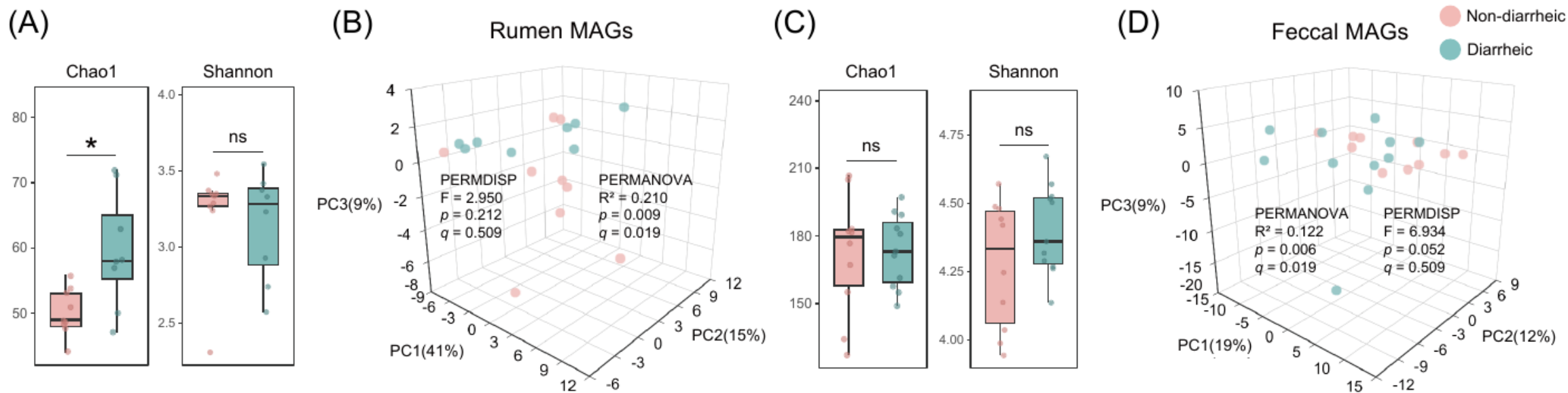
86.47%

非腹泻组

产奶量、预测干物质采食量以及20项常规血清指标在多重校正后均不显著

FWC与瘤胃乙酸、丙酸，后肠氨氮、总挥发酸和NDF水平具有一定关联

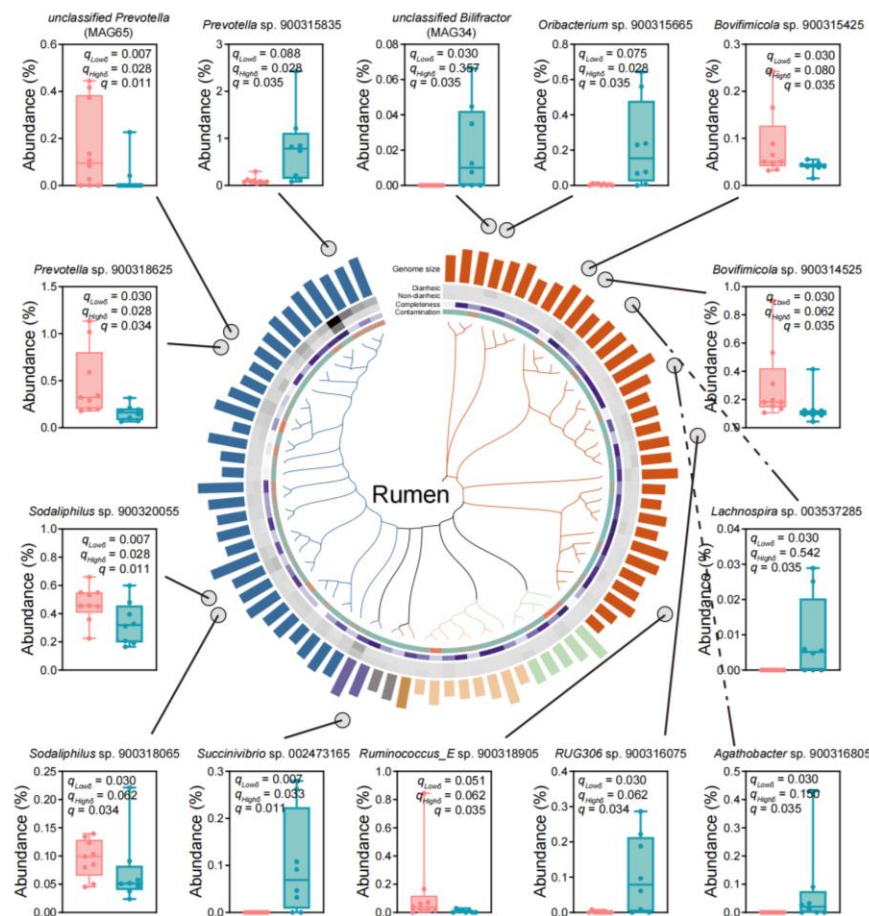
瘤胃与后肠微生物组成发生改变



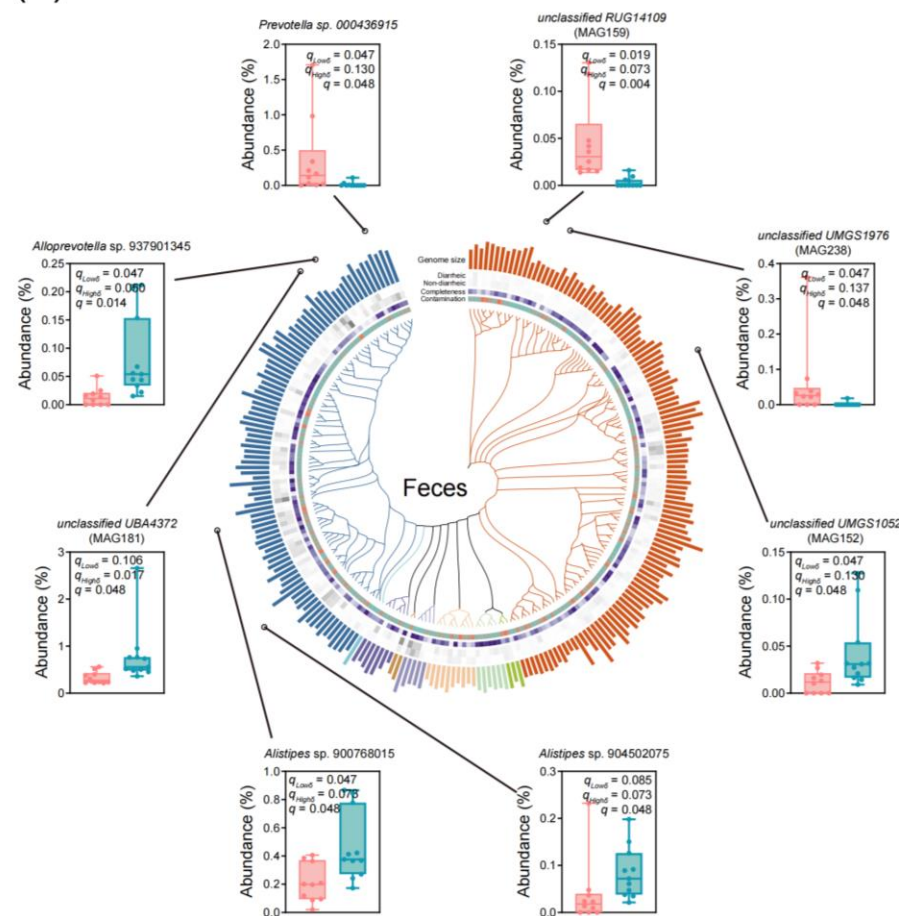
两区室MAG水平的微生物组成在两组间均有差异；瘤胃的Chao1指数在腹泻组更高，两组间 β 多样性差异显著；后肠微生物 β 多样性差异显著

基于瘤胃与后肠高质量MAGs的系统发育分析

(E)



(F)



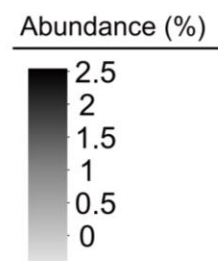
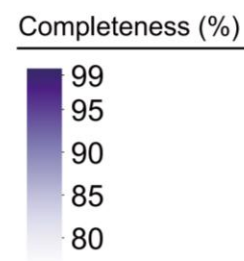
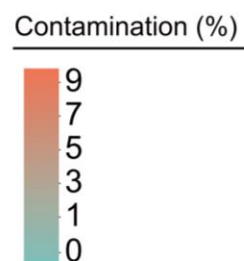
瘤胃:

14 个差异显著的MAGs, 包括*Prevotella* sp. 900315835、*Prevotella* sp. 900318625、*Succinivibrio* sp. 002473165、*Ruminococcus_E* sp. 900318905等;

后肠:

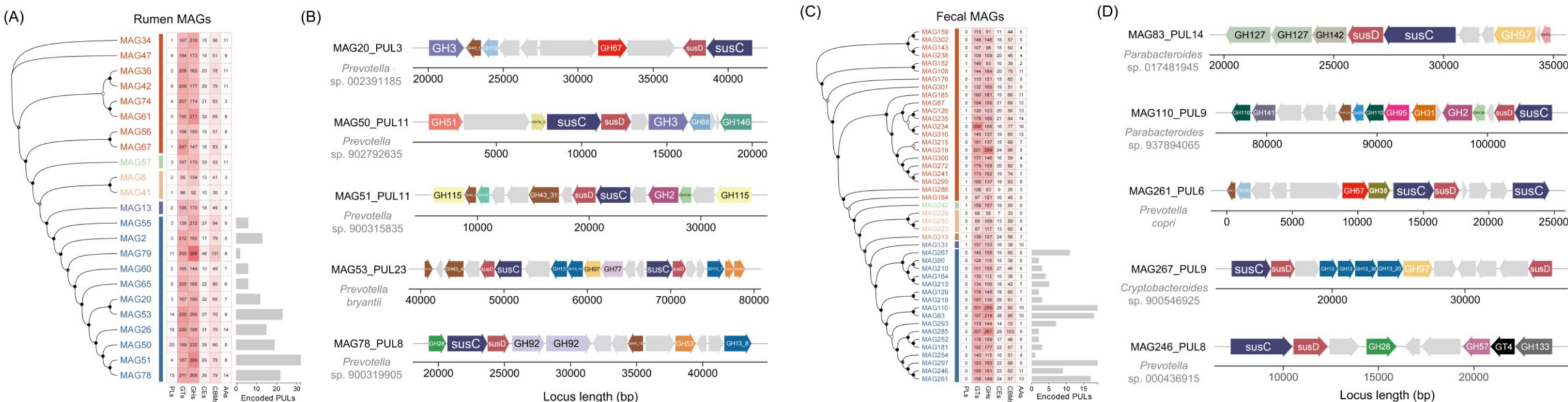
8 个显著差异的 MAGs, 包括*Prevotella* sp. 000436915、*Alistipes* sp. 900768015、*Alistipes* sp. 904502075等

Phylum		
Bacillota_A	Bacillota_C	Verrucomicrobiota
Bacteroidota	Actinomycetota	Cyanobacteriota
Pseudomonadota	Bacillota_B	
Bacillota_I	Spirochaetota	



Group	
Non-diarrheic	Diarrheic

瘤胃与后肠拟杆菌门MAGs的PUL分布分析



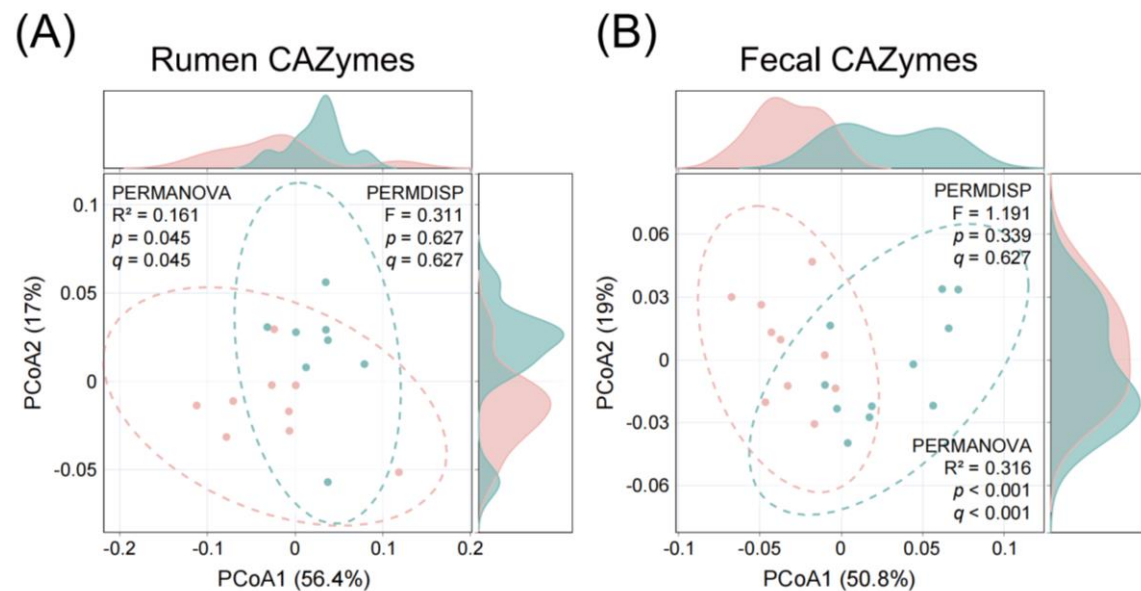
瘤胃与后肠关键MAGs的多糖降解潜力及PUL基因簇结构

系统发育与CAZyme分布（A、C）：瘤胃（A）与粪便（C）MAGs分别以系统发育树展示进化关系。瘤胃MAGs的PUL数量整体高于粪便，提示腹泻奶牛瘤胃菌群更强的纤维降解潜力。

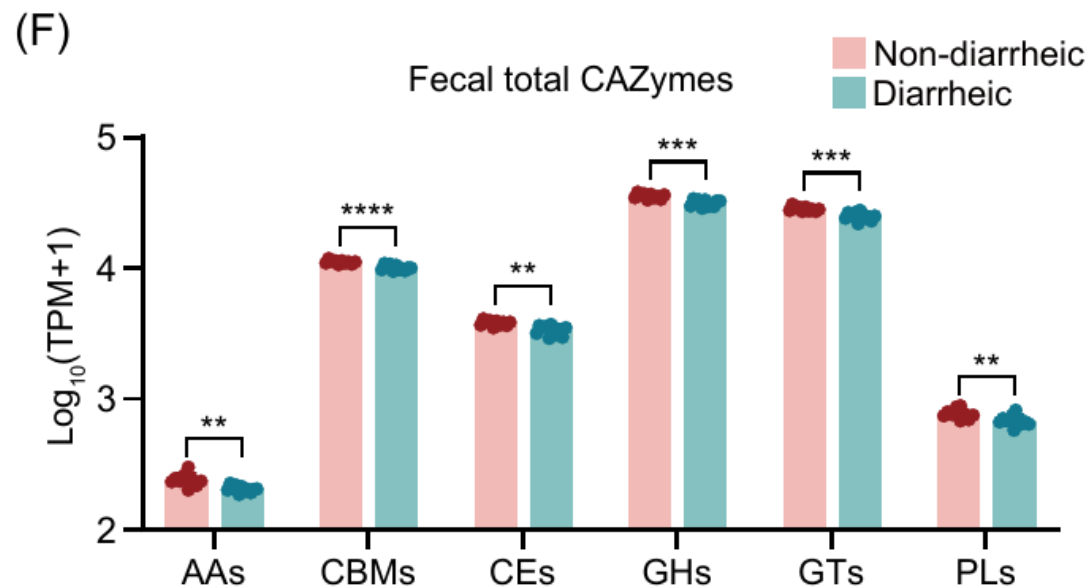
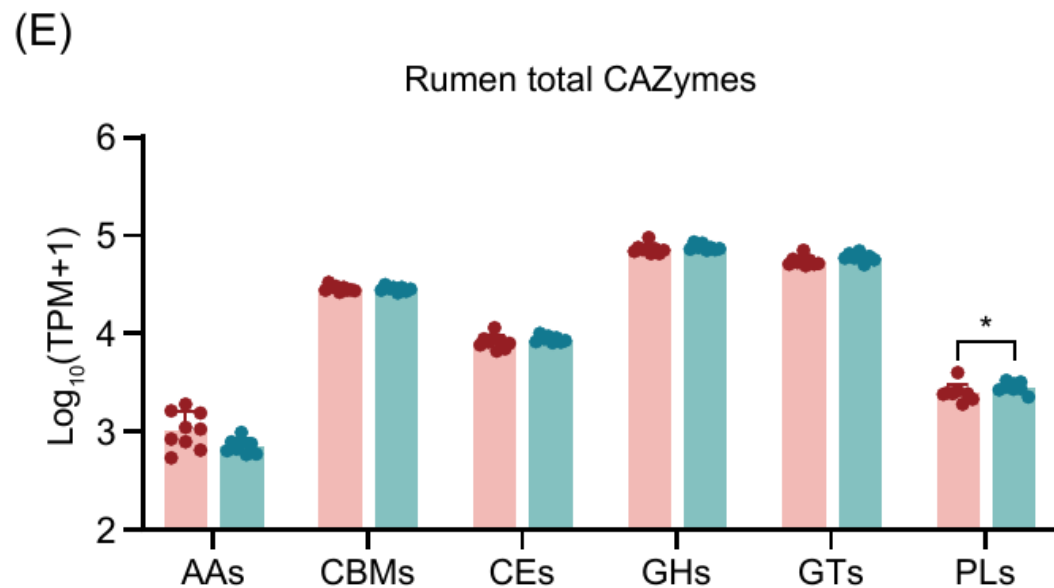
PUL基因簇结构（B、D）： 瘤胃（B）与粪便（D）分别选取代表性MAG（如 *Prevotella*、*Parabacteroides* 等），展示PUL位点的基因排列。彩色箭头标注GH（糖苷水解酶）、SUSC/D（多糖利用系统蛋白）、GT（糖基转移酶）等功能模块；瘤胃MAGs的PUL结构更为完整，SUSC-D核心模块与GH辅助模块共现频率更高。

瘤胃更高丰度的*Prevotella* sp. 900315835和后肠更低丰度的*Prevotella* sp. 000436915可能是两区室碳水化合物代谢能力差异的原因。

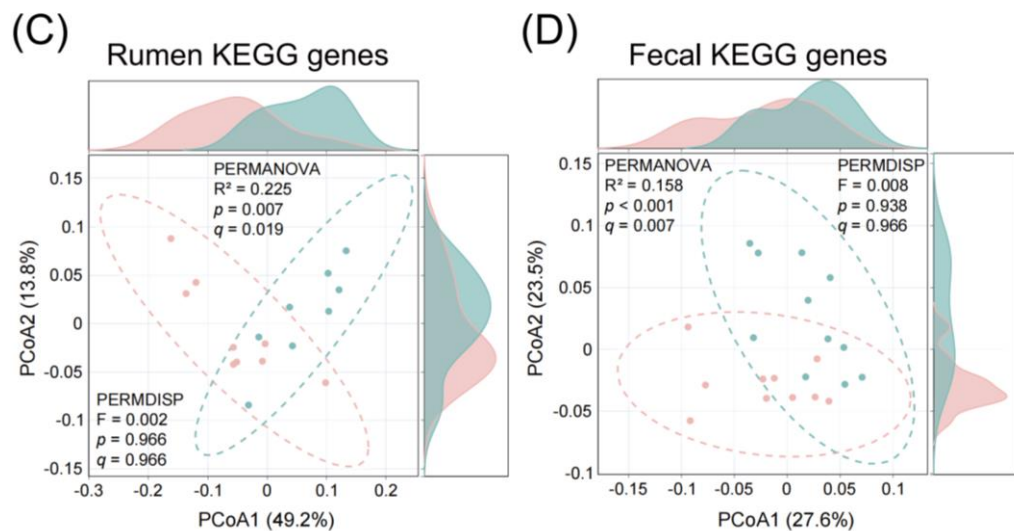
后肠碳水化合物利用潜力下降



瘤胃与后肠CAZymes组成均具有显著差异；
瘤胃：多糖裂解酶（PL）的相对丰度在腹泻组显著更高；
后肠：六类 CAZyme 的相对丰度在腹泻组均降低



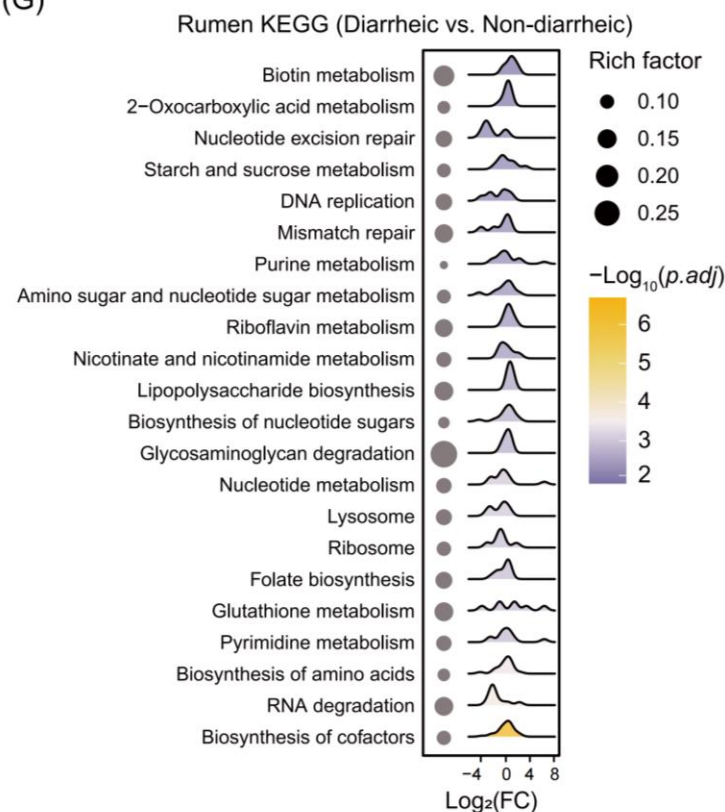
瘤胃-粪便微生物功能通路差异富集



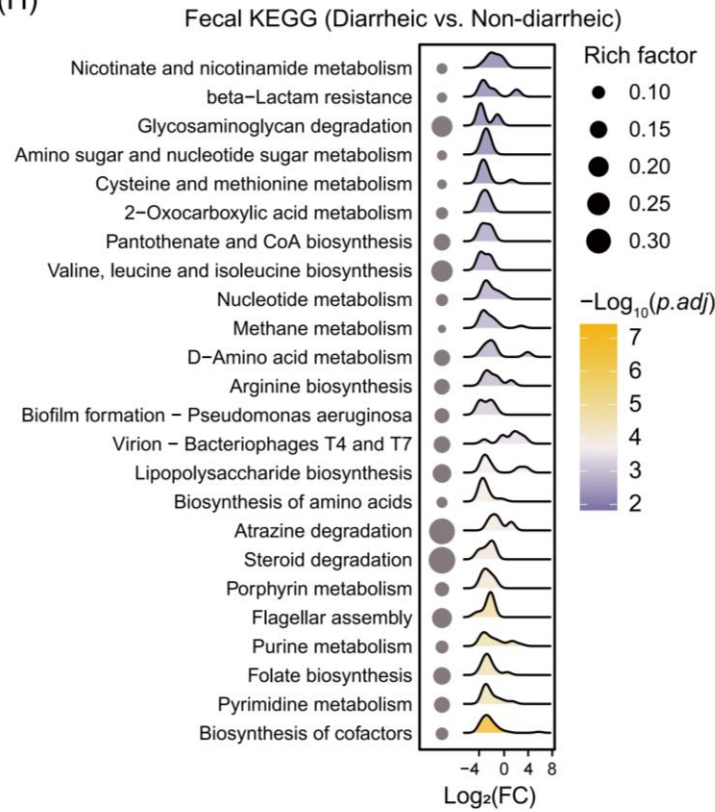
基于PERMANOVA和PERMDISP的PCoA分析表明：瘤胃和后肠的微生物的KEGG功能组成在两组间具有显著差异

- 瘤胃 (G)：差异通路聚焦核苷酸/氨基酸代谢（嘌呤、嘧啶、叶酸、谷胱甘肽、核糖果糖/核苷酸糖）、生物素及淀粉蔗糖代谢；辅因子生物合成为正向富集 ($\text{Log}_2\text{FC} > 0$)。
- 粪便 (H)：显著激活氨基酸/核苷酸代谢（精氨酸、D-氨基酸、缬/亮/异亮、半胱/甲硫、嘌呤/嘧啶、叶酸、辅因子）、泛酸/CoA、烟酸/烟酰胺；两部位均显示核苷酸与氨基酸代谢重编程

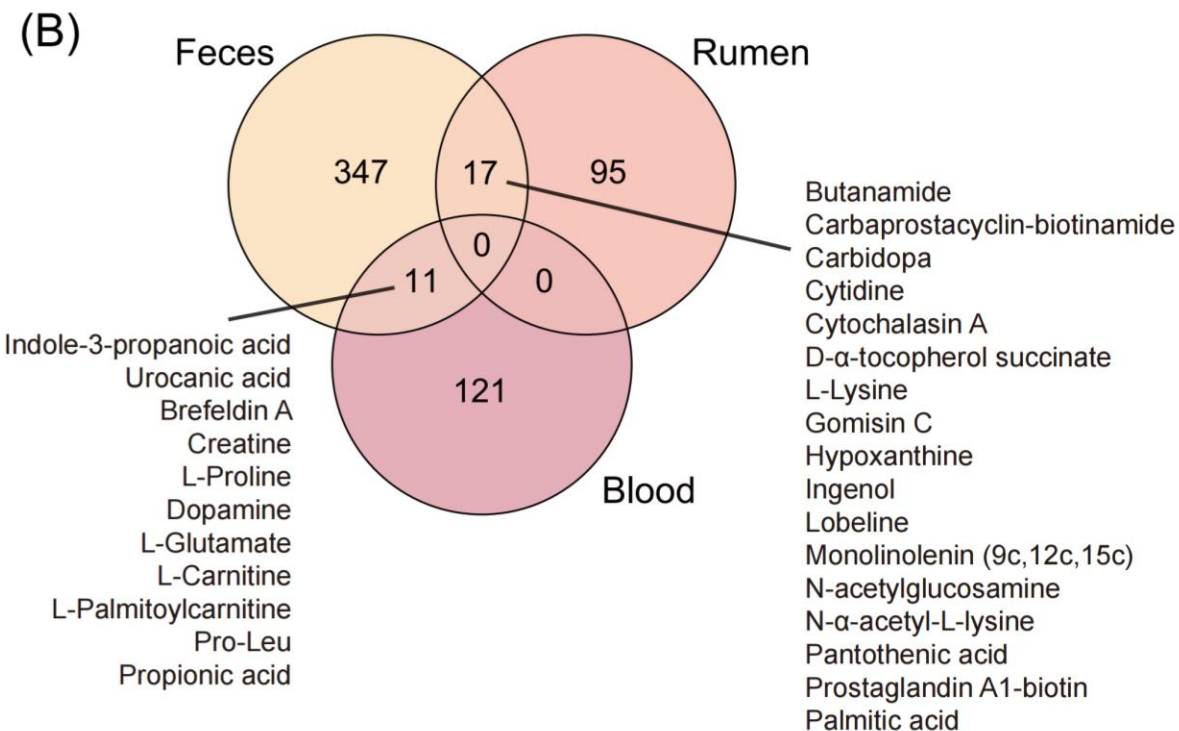
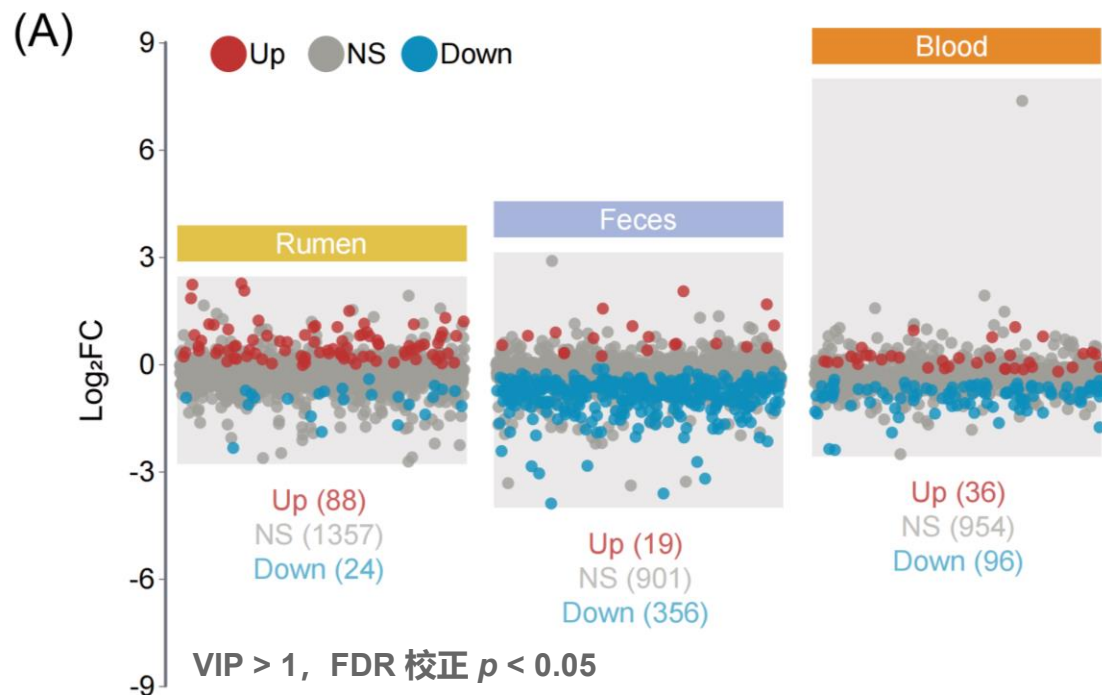
(G)



(H)



多部位代谢组特征提示后肠代谢紊乱



上 / 下调

瘤胃

粪便

血清

88 / 24

19 / 356

36 / 96

粪便代谢物的减少最为突出，这些变化与后肠微生物功能降低相呼应，也说明腹泻相关代谢变化延伸到了宿主循环

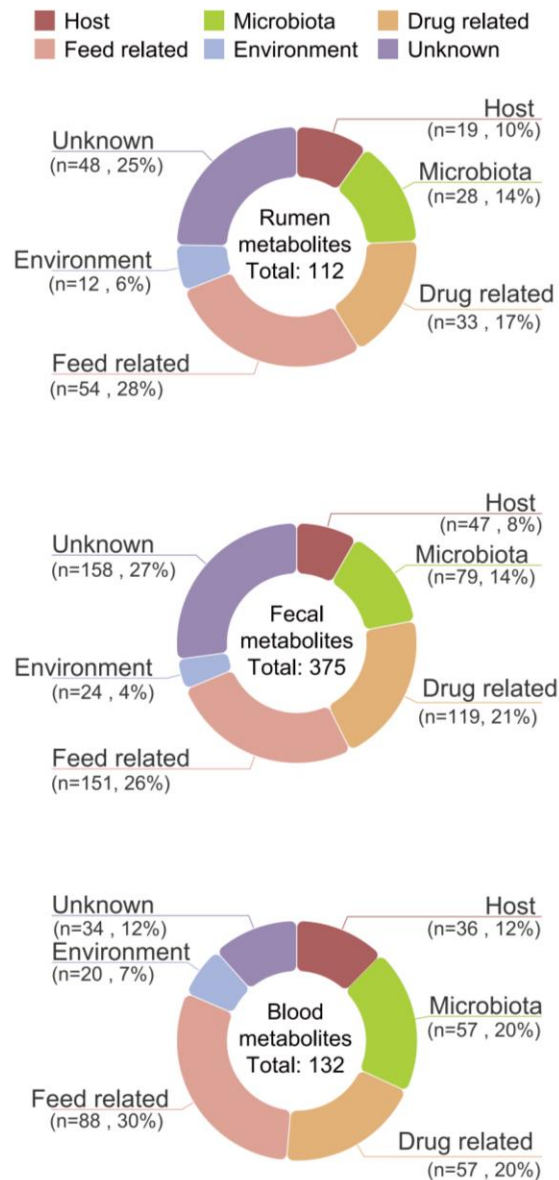
进一步的共现性分析表明：

瘤胃与粪便共有代谢物包括丁酰胺、生物素衍生物、L-赖氨酸及其衍生物、泛酸、棕榈酸、次黄嘌呤等；

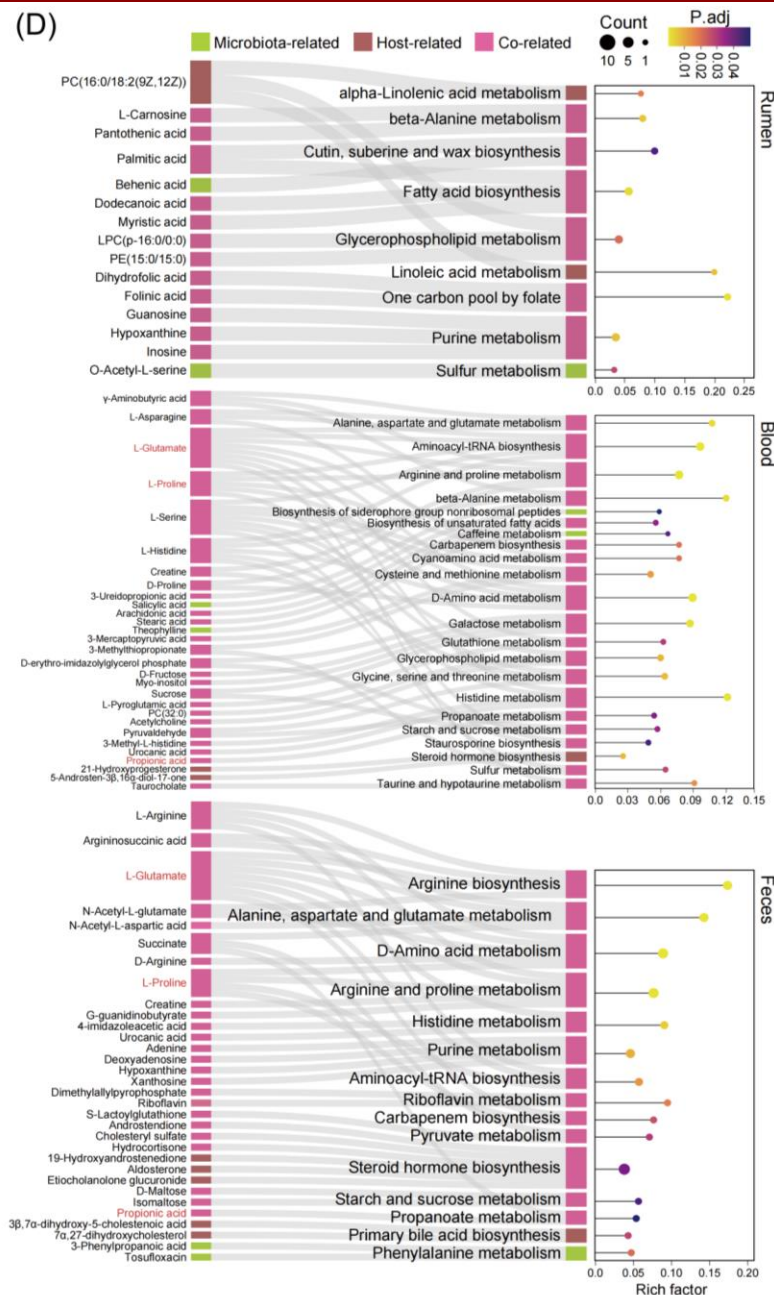
粪便与血液共有代谢物为吲哚-3-丙酸、尿酸、肌酸、L-脯氨酸、L-谷氨酸、Pro-Leu、丙酸等

跨区室代谢溯源分析与通路富集

(C)



(D)

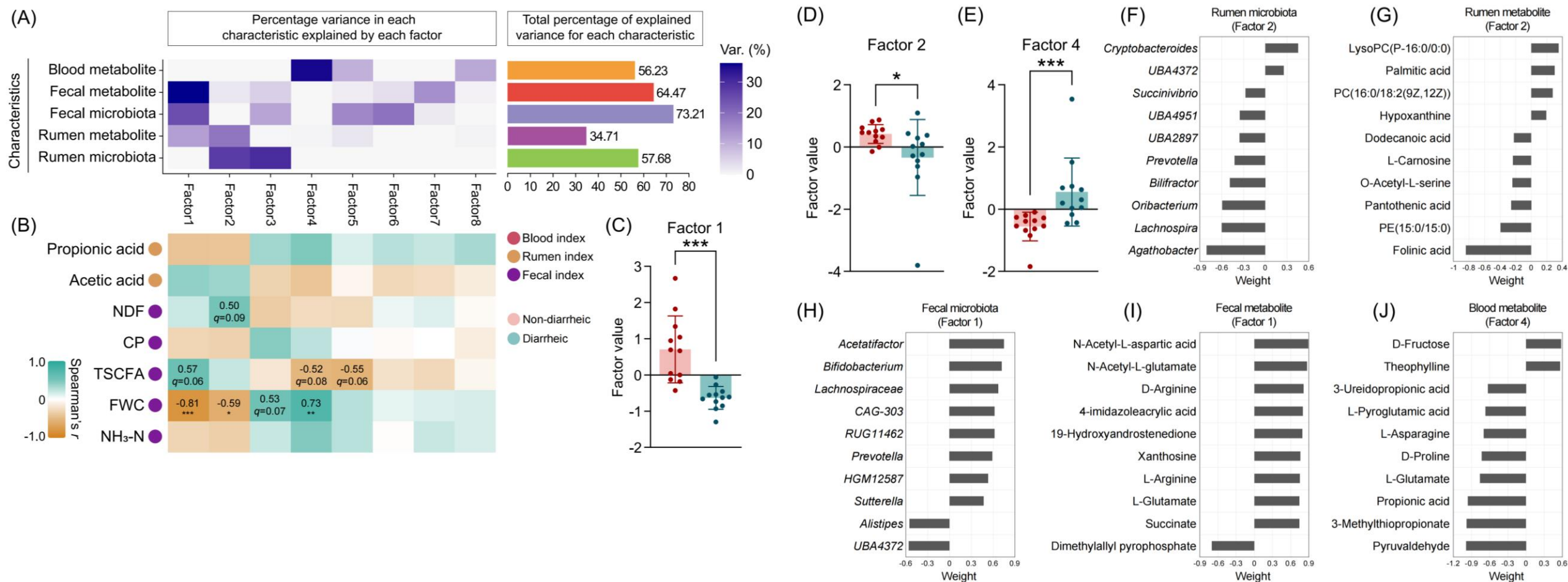


代谢物来源归因与多部位代谢组学功能富集（宿主-微生物-饲料-药物-环境）

来源构成（C）：瘤胃/粪便/血液代谢物均以饲料相关（26–30%）和未知（25–27%）为主；血液与瘤胃中微生物相关占比更高（14–20%），提示微生物修饰作用。

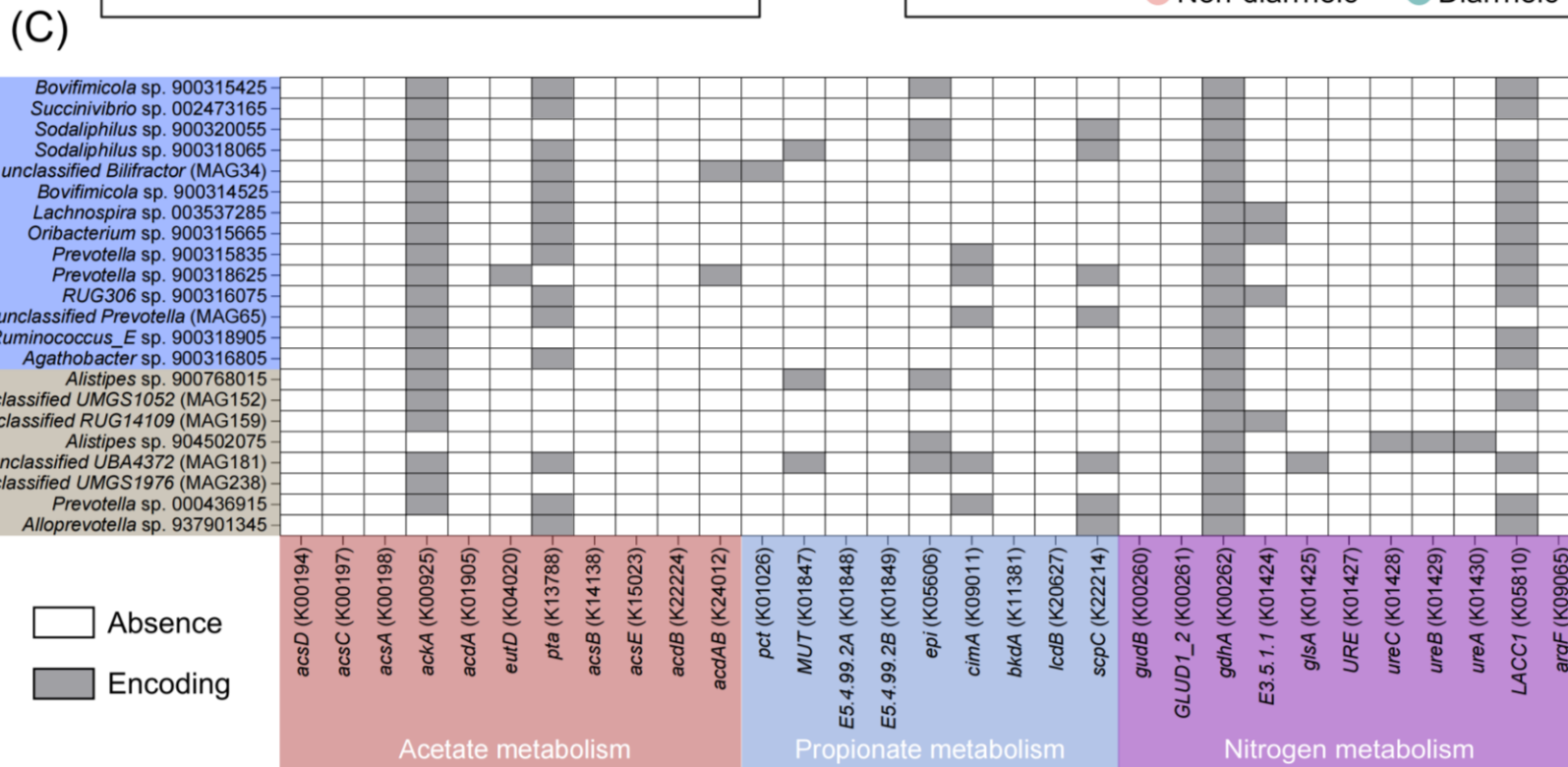
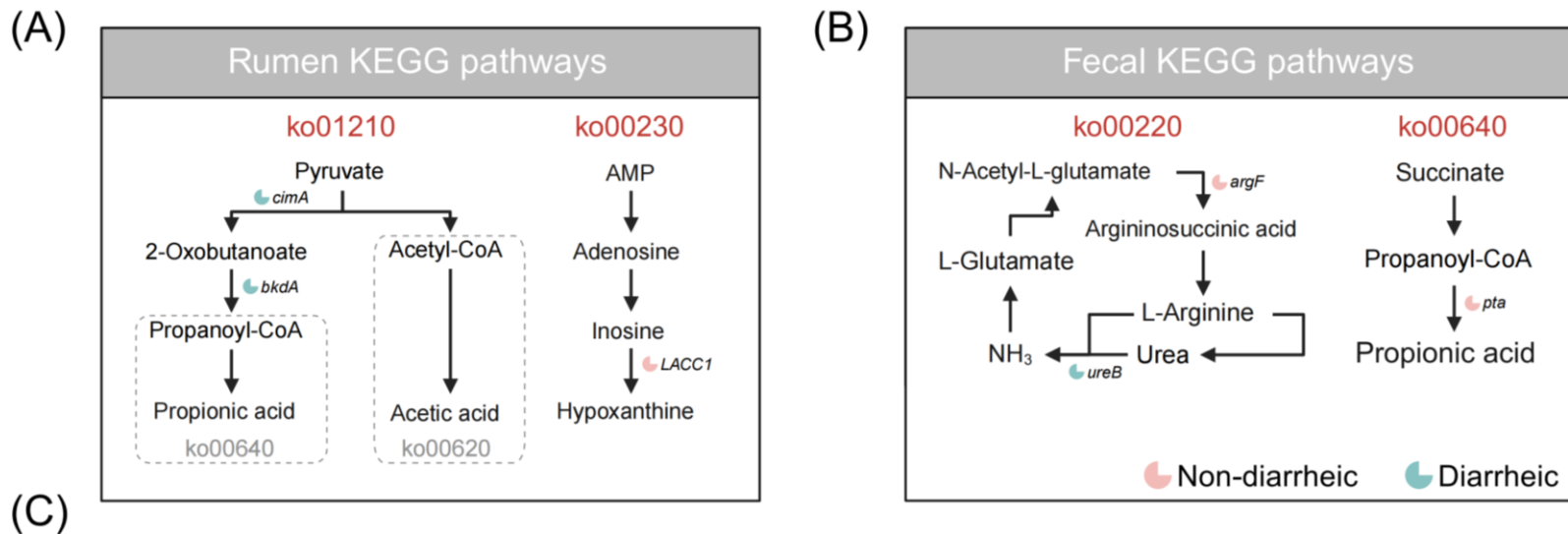
功能富集（D）：共调控（Co-related）通路占主导，跨瘤胃-血液-粪便富集于脂肪酸/甘油磷脂、氨基酸（精氨酸-脯氨酸/谷胱甘肽）、嘌呤、一碳/叶酸及硫代谢等；点大小=基因/代谢物数。

MOFA分析揭示不同区室对奶牛腹泻的贡献度



微生物（瘤胃73.21%、粪便64.47%）与代谢物（瘤胃57.68%、血液56.23%）均被潜在因子显著捕获；Factor 1/2/4 在两组间显著分离，其中 Factor 1 和 4 与非腹泻正相关，Factor 2 与腹泻状态相关；Factor 1 关联粪便微生物与代谢物；Factor 2 关联瘤胃代谢物（脂质、氨基酸等）；Factor 4 关联瘤胃微生物及血液代谢物；Factor 1 载荷显示与 FWC、TSCFA、CP 等饲料指标及瘤胃发酵参数（丙酸、乙酸、 $\text{NH}_3\text{-N}$ ）相关。

瘤胃-粪便微生物功能基因与VFA/氮代谢通路



功能潜力解析：瘤胃/粪便微生物驱动VFA与氮代谢差异

- **KEGG通路**：瘤胃富集丙酮酸-丙酸/乙酸、AMP→次黄嘌呤；粪便富集精氨酸/尿素循环及琥珀酸-丙酸通路，均标注腹泻相关基因位点。

- **功能基因矩阵**：瘤胃与粪便菌群携带乙酸（*acs/ackA*等）、丙酸（*pct/mut*等）及氮代谢（*ureC/ureA/gdhA*等）关键酶基因，提示腹泻状态下VFA生成与氮素转化潜力改变。

- **核心菌属**：*Prevotella*、*Lachnospira*、*Bifidobacterium*、*Ruminococcus*、*Alloprevotella*等为上述代谢功能主要贡献者

总结与展望

主要发现

产后奶牛营养性腹泻具有特征性的跨组织微生物功能代谢谱。瘤胃变化包括与*Prevotella*相关的碳水化合物利用、乙酸-丙酸发酵的改变以及嘌呤相关特征。这些变化同时伴随着后肠碳水化合物发酵能力下降、氮相关代谢增强、粪便短链脂肪酸（SCFA）产量降低，以及*Prevotella*和*Alistipes*相关短链脂肪酸（MAGs）的变化。

潜在应用

本研究的发现确定了一组相互关联的微生物、功能和代谢标志物，可用于识别营养性腹泻。相关微生物、功能基因与代谢物可作为后续监测及营养干预研究的候选标志物。

未来展望

未来的研究可以检验联合监测瘤胃发酵、粪便短链脂肪酸和氨氮、选定的甲基化基因以及循环代谢物，是否能改善早期风险评估，并指导针对性的营养干预或基于微生物组的干预措施。

Weixuan Tang, Yangyi Hao, Jiawei Zhang, Yajing Wang, Zhijun Cao, Hongjian Yang, Wei Wang, Shengli Li. 2026.

Multi-omics reveals gastrointestinal metabolic disorder-induced diarrhea in postpartum dairy cows.

iMetaOmics 3: e70142. <https://doi.org/10.1002/imo2.70142>.

论文相关领域专家名单

序号	姓名	所属单位	电子邮箱	序号	姓名	所属单位	电子邮箱
1	李胜利	中国农业大学	lishengli@cau.edu.cn	16	陈彦廷	南京农业大学	yanting.chen88@icloud.com
2	曹志军	中国农业大学	caozhijun@cau.edu.cn	17	张俊	西北农林科技大学	jzhang0701@nwfau.edu.cn
3	王蔚	中国农业大学	wei.wang@cau.edu.cn	18	曹阳春	西北农林科技大学	caoyangchun@126.com
4	杨红建	中国农业大学	yang_hongjianATsina.com	19	肖鉴鑫	四川农业大学	xiaojianxin@sicau.edu.cn
5	王雅晶	中国农业大学	yajingwang_cau@163.com	20	高铎	北京农学院	godo0910@163.com
6	毛胜勇	南京农业大学	maoshengyong@njau.edu.cn	21	孔凡林	江苏省农科院畜牧研究所	fanlinkong1126@163.com
7	刘金鑫	南京农业大学	jxnliu@njau.edu.cn	22	王硕	内蒙古农业大学	wsss@imau.edu.cn
8	姚军虎	西北农林科技大学	yaojunhu2008@nwfau.edu.cn	23	史海涛	西南民族大学	shihaitao010@163.com
9	武圣儒	西北农林科技大学	wushengru2013@nwfau.edu.cn	24	成艳芬	南京农业大学	Yanfencheng@njau.edu.cn
10	王加启	中国农业科学院畜牧兽医研究所	wangjiaqi@caas.cn	25	刘军花	南京农业大学	liujunhua@njau.edu.cn
11	赵圣国	中国农业科学院畜牧兽医研究所	zhaoshengguo@caas.cn	26	王佳堃	浙江大学	jiakunwang@zju.edu.cn
12	刘建新	浙江大学	liujx@zju.edu.cn	27	毕研亮	中国农科院饲料研究所	biyanliang@caas.cn
13	孙会增	浙江大学	huizeng@zju.edu.cn	28	屠焰	中国农科院饲料研究所	tuyan@caas.cn
14	王敏	中国科学院亚热带研究所	mwang@isa.ac.cn	29	郝阳毅	中国农业大学	haoyangyi0928@163.com
15	谭支良	中国科学院亚热带研究所	zltan@isa.ac.cn	30	卜登攀	中国农业科学院畜牧兽医研究所	budengpan@caas.cn



iMeta(宏)期刊由宏科学创办，对标**Cell**的生物/医学综合期刊，**SCIE**、**PubMed**收录，影响因子(IF)44.4，位列全球第47，中国第4，**分区表生物学1区Top**，外审平均21天，投稿至发表中位数87天(比同水平期刊快3倍)，欢迎高影响力的研究、方法和综述投稿，CNS外审稿件可带意见和回复转投。

iMetaOmics (宏组学)，定位IF>15对标**NC/SA**的生物/医学综合期刊，已被**ESCI**、**PubMed**等收录。

iMetaMed (宏医学)定位IF>15的医学综合期刊，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

imetaomics@imeta.science



宣传片



[iMeta](http://www.imeta.science)



更新日期
2026/6/17