沙子岭猪肝脏细菌和脂质图谱研究

马杰¹, 段叶辉^{2*}, 李凤娜², 李铁军², 尹杰^{1*}, 印遇龙^{1,2}

1. 湖南农业大学动物科学技术学院动物营养基因组与种质创新研究中心, 长沙 410128;

2. 中国科学院亚热带农业生态研究所, 中国科学院亚热带农业生态过程重点实验室, 动物营养生理与代谢过程湖南省重点实验室, 长沙 410125

* 联系人, E-mail: duanyehui@isa.ac.cn; yinjie2014@126.com

收稿日期: 2021-03-22; 接受日期: 2021-04-09; 网络版发表日期: 2021-12-27

摘要 近年来, 有研究提示动物内脏组织含有少量细菌, 它们参与了脏器组织生理代谢反应. 本实验以成年沙子岭猪和大白猪为实验模型, 比较了二者肝脏细菌组成以及脂质代谢图谱, 并通过Pearson关联分析解析二者之间的互作关系. 16S rDNA测序提示, 沙子岭猪和大白猪肝脏均含有一定丰度的细菌, 且二者细菌组成存在明显差异. 在门水平上, 沙子岭猪肝脏变形菌门(Proteobacteria)和衣原体(Chlamydiae)丰度显著高于大白猪; 在属水平, 14种细菌在沙子岭猪和大白猪肝脏存在显著差异. 沙子岭猪和大白猪肝脏脂质组学筛选出37个差异代谢脂质, 其中6个脂质在脂肪型沙子岭猪肝脏显著富集, 31个脂质在瘦肉型大白猪肝脏富集; Pearson关联分析证实, 肝脏细菌可能参与脂质代谢, 其中13种差异细菌与35种差异代谢脂质显著相关. 综上所述, 不同代谢类型动物模型肝脏细菌组成存在差异, 且可能对脂质代谢具有重要的作用, 并影响动物代谢表征.

关键词 沙子岭猪, 肝脏细菌, 脂质组学, 关联分析

近年来, 无菌动物和微生物测序技术的发展, 广泛证实了微生物参与宿主脂质代谢, 而粪便微生物移植和益生菌处理也被报道能够通过重塑肠道菌群改善宿主脂质代谢以及肥胖^[1-5]. 有研究报道, 肠道细菌可以跨黏膜转移到肠系膜脂肪、血液以及其他远端组织定植, 并参与生理代谢反应^[6-9]. 肝脏是宿主脂质代谢主要场所, 但是肝脏是否含有细菌, 且其与脂质代谢是否关联仍不清楚. 因此, 本文选择了不同脂质代谢类型的猪作为实验模型, 利用16S rDNA测序和脂质组学技术研究二者肝脏差异细菌及其与脂质代谢的关系, 以期微生物和脂质代谢互作研究提供新的思路.

1 材料与方法

1.1 实验动物

本实验选择湖南省优质地方猪种沙子岭猪作为脂肪型动物模型, 引进的大白猪作为瘦肉型动物模型, 并在300日龄进行屠宰, 立即收集肝脏样品($n=6$). 实验动物所需日粮参照猪营养需要进行配置, 并且根据猪的生理特点进行阶段划分配置日粮, 自由采食和饮水. 参照常免疫程序进行免疫接种.

1.2 肝脏细菌测序

采用粪便基因组提取试剂盒(北京诺禾致源科技

引用格式: 马杰, 段叶辉, 李凤娜, 等. 沙子岭猪肝脏细菌和脂质图谱研究. 中国科学: 生命科学, 2022, 52: 1533–1539

Ma J, Duan Y H, Li F N, et al. Research of liver bacteria and lipid profiles on Shaziling pigs (in Chinese). Sci Sin Vitae, 2022, 52: 1533–1539, doi: 10.1360/SSV-2021-0060

股份有限公司, 北京)提取肝脏细菌DNA, 16S rDNA特异性引物(515F-806R)扩增16S V3~V4区域对细菌进行测序. 测序结果经OUT(operational taxonomic unit)集群和物种注释, 分析细菌 α -多样性(observed species, shannon, simpson以及PD)、 β -多样性(PCoA(principal co-ordinate analysis))以及在门和属水平上的细菌组成.

1.3 肝脏脂质代谢组学

脂质组学采用液相色谱串联质谱(liquid chromatography-tandem mass spectrometry, LC-MS/MS)系统检测分析. 具体方法如下: 将100 mg肝脏样品加入到有聚四氟乙烯衬里帽的玻璃离心管中, 加入0.75 mL预冷的甲醇, 涡旋振荡. 加入2.5 mL预冷的甲基叔丁基醚, 在摇床上室温孵育1 h. 加入0.625 mL质谱级水混匀, 使有机相分层, 室温孵育10 min后, 1000 $\times$ g离心10 min. 收集上层有机相(甲基叔丁基醚), 向下层(水和甲醇)加入1 mL混合溶剂(甲基叔丁基醚/甲醇/水(10:3:2.5, v/v/v)再次萃取, 收集上层有机相. 将两次收集的有机相用氮吹仪进行氮吹浓缩. 用100 μ L异丙醇进行复溶, 之后用LC-MS/MS检测分析.

1.4 数据分析

数据预先在EXCEL中做前期处理, 然后在SPSS20.0软件中做独立样本 t 检验分析, 之后在SPSS20.0中做差异微生物和差异脂质的Pearson关联分析. 所有数据使用mean $\pm$ SEM的形式表现, $P<0.05$ 表示数据之间差异显著, 所有的图都由GraphPad Prism 8.0软件制作.

2 实验结果

2.1 沙子岭猪与大白猪肝脏细菌的差异分析

采用粪便基因组提取试剂盒从沙子岭猪与大白猪肝脏均提到微生物DNA, 进一步的16S rDNA测序结果显示, 沙子岭猪与大白猪肝脏细菌 α -多样性没有显著差异, 但是 β -多样性存在明显分区(图1A和B), 提示不同代谢类型动物肝脏细菌存在一定差异. 在门水平上, 瘦肉型大白猪肝脏优势菌门包括变形菌门(Proteobacteria)(40.13%)、厚壁菌门(Firmicutes)(25.96%)和拟杆菌门(Bacteroidota)(18.84%), 脂肪型沙子岭猪肝脏优势菌群与大白猪一致, 但是厚壁菌门(41.79%)、变形菌

门(18.08%)和拟杆菌门(16.95%)相对丰度存在差异(图1C). 实验进一步比较了门水平上前10种细菌在不同代谢类型动物模型中的丰度差异, 发现沙子岭猪肝脏中的变形菌门和衣原体(Chlamydiae)丰度均显著低于瘦肉型大白猪($P<0.05$)(图1C). 在属水平上, 本实验比较了前50种细菌(图1D), 结果筛选到14种在沙子岭猪和大白猪肝脏存在显著差异的细菌, 其中放线菌属(*Actinobacillus*)、孪生球菌属(*Gemella*)、罗尔斯通氏菌(*Ralsonia*)、罗氏菌属(*Rothia*)、衣原体(*Chlamydia*)、粪菌属(*Faecalibaculum*)、真杆菌属(*Eubacterium_nodatum*)、奇异菌属(*Atopobium*)、单杆菌属(*Solobacterium*)以及厌氧杆菌属(*Lachnoanaerobaculum*)等丰度在瘦肉型大白猪肝脏显著富集($P<0.05$), 而卡氏菌属(*Cardnerella*)、瘤胃球菌属(*Ruminococcus*)、毛螺菌属(*Lachnospira*)和阿利斯皮斯菌属(*Alistipes*)等细菌在脂肪型沙子岭猪肝脏显著富集($P<0.05$)(图1E).

2.2 沙子岭猪与大白猪肝脏脂质代谢图谱分析

肝脏是动物代谢主要场所, 本文进一步采用脂质代谢组学分析了不同代谢模型猪肝脏脂质图谱. 以 $P<0.05$ 和倍数变化 >1.5 为筛选标准, 发现了258个差异代谢脂质(网络版附表1); 而以 $P<0.05$ 和倍数变化 >4 为标准, 筛选到37个差异代谢脂质(图2), 其中辣椒酰胺(Capsi-amide)、磷脂酰乙醇(PEtOH(18:0-20:4))、卵磷脂(PC(22:0/22:1))、磷脂酰甘油(PG(22:5/22:5))、3,6-无水-1-O-硬脂酰己糖醇(3,6-anhydro-1-O-stearoylhexitol)和 N,N -双[4-(二甲氨基)丁基]庚酰胺(N,N -bis[4-(dimethylamino)butyl]heptanamide)在脂肪型沙子岭猪肝脏显著富集; 羟基脂肪酸脂肪酸酯(fatty acid esters of hydroxyl fatty acids, FAHFA(16:0/2:0; 18:2/2:0; 18:2/3:0; 18:3/3:0))、(1Z,4E,6E)-1,7-双(4-羟基苯基)-1,4,6-七烯-3-酮((1Z,4E,6E)-1,7-bis(4-hydroxyphenyl)-1,4,6-heptatrien-3-one)、1,2-二月桂酰-L-磷脂酰胆碱(1,2-dilauroyl-L-phosphatidylcholine)、5-己基-2-氧四氢-3-呋喃甲酸(5-hexyl-2-oxotetrahydro-3-furancarboxylic acid)、棕榈酸(palmitic acid)、间苯二甲酸(phloionolic acid)、1,3-二羟基-2-丙基(7Z,10Z,13Z,16Z)-7,10,13,16-二十二碳四烯酸(1,3-dihydroxy-2-propanyl(7Z,10Z,13Z,16Z)-7,10,13,16-docosatetraenoate)、13-羟基-9E,11E-十八碳二烯酸(13-hydroxy-9E,11E-octadecadienoic acid)、乙酰肉碱(acetylcarnitine)、组氨酸-

图 1 沙子岭猪与大白猪肝脏细菌的多样性分析。A: α -多样性; B: β -多样性; C: 沙子岭猪与大白猪肝脏细菌在门水平上的分析; D和E: 沙子岭猪与大白猪肝脏细菌在属水平上的分析。*: $P<0.05$; **: $P<0.01$; ***: $P<0.001$

Figure 1 Analysis of different bacteria in the liver of Shaziling and Yorkshire pigs. A: α -diversity; B: β -diversity; C: liver bacteria were analyzed at the phylum level in Shaziling and Yorkshire pigs; D and E: liver bacteria were analyzed at the genus level in Shaziling and Yorkshire pigs. *: $P<0.05$; **: $P<0.01$; ***: $P<0.001$

色氨酸(His-Trp)、对甲苯(p-cymene)、酰基肉碱(ACar 21:1)、 β -雌二醇(beta-Estradiol)、酰基肉碱(ACar 21:2)、酰基肉碱(ACar 23:4)、酰基肉碱(ACar 21:0)、番茄红素(lycopene)、白三烯B4乙醇酰胺(leukotriene B4 ethanolamide)、南洛酮(Nandrolone)、甘油三酯(triacylglycerols, TAG(18:2-18:3-20:4; 20:2-22:4-22:5; 18:2-22:4-22:4; 18:1-20:4-20:5; 17:1-18:2-20:4; 18:1-20:4-20:4))、1,5-二甲基双环(3.2.1)辛烷-8-酮肟(1,5-dimethylbicyclo(3.2.1)octan-8-one oxime)和脱氢视黄醛(dehydroretinaldehyde)在瘦肉型大白猪肝脏富集。以上

结果提示, 这些代谢物质可能参与了沙子岭猪和大白猪不同代谢生理和体征。

2.3 肝脏细菌和脂质代谢相关性分析

为了探讨肝脏细菌和脂质代谢相关性, 本实验进一步将差异细菌与差异脂质进行Pearson关联分析(图2)。结果发现, 辣椒酰胺、磷脂酰乙醇、卵磷脂、3,6-无水-1-*O*-硬脂酰己糖醇和*N,N*-双[4-(二甲氨基)丁基]庚酰胺在脂肪型沙子岭猪肝脏富集的脂质与加德纳菌属(*Gardnerella*)、衣原体(*Chlamydia*)、瘤胃球菌属、

图2 沙子岭猪与大白猪肝脏脂质分析及其与细菌Pearson关联分析. 在属水平筛选到14种显著在沙子岭猪和大白猪肝脏差异的细菌, 并以 $P < 0.05$ 和倍数变化 > 4 标准, 筛选37个差异代谢脂质, 然后在SPSS20.0软件中做Pearson分析. *: $P < 0.05$

Figure 2 Pearson association analysis between liver lipids and bacteria in Shaziling and Yorkshire pigs. At the genus level, 14 significantly different bacteria were screened in the liver of Shaziling and Yorkshire pigs, and 37 different lipids were screened with $P < 0.05$ and multiple change > 4 , then Pearson analysis was completed in SPSS20.0 software. *: $P < 0.05$

毛螺菌属和阿利斯皮斯菌属呈显著正相关($P<0.05$); 同时, 卵磷脂、磷脂酰甘油(PG(22:5/22:5)), 3,6-无水-1-*O*-硬脂酰己糖醇和 N,N -双[4-(二甲氨基)丁基]庚酰胺与放线菌属、孪生球菌属、罗尔斯通氏菌属、罗氏菌属、粪菌属、真杆菌属、奇异菌属、单杆菌属和厌氧杆菌属呈显著负相关($P<0.05$); 另外, (1Z, 4E, 6E)-1,7-双(4-羟基苯基)-1,4,6-七烯-3-酮、1,2-二月桂酰-L-磷脂酰胆碱、5-己基-2-氧四氢-3-呋喃甲酸、棕榈酸、羟基脂肪酸脂肪酸酯(FAHFA(18:2/2:0))、1,3-二羟基-2-丙基(7Z,10Z,13Z,16Z)-7,10,13,16-二十二碳四烯酸、13-羟基-9E,11E-十八碳二烯酸、乙酰肉碱、组氨酸-色氨酸、羟基脂肪酸脂肪酸酯(FAHFA(18:2/3:0))、羟基脂肪酸脂肪酸酯(FAHFA(18:3/3:0))、235BBF3K97、对甲苯、酰基肉碱(Acar 21:1)、 β -雌二醇、酰基肉碱(Acar 21:2)、酰基肉碱(Acar 23:4)、番茄红素、白三烯B4乙醇酰胺、南洛酮、甘油三酯(18:2-18:3-20:4; 20:2-22:4-22:5; 18:2-22:4-22:4; 17:1-18:2-20:4; 18:1-20:4-20:4)、1,5-二甲基双环(3.2.1)辛烷-8-酮与放线菌属、孪生球菌属、罗尔斯通氏菌属、罗氏菌属、真杆菌属、奇异菌属、单杆菌属、厌氧杆菌属呈显著正相关($P<0.05$), 而羟基脂肪酸脂肪酸酯(FAHFA(16:0/2:0))、(1Z, 4E, 6E)-1,7-双(4-羟基苯基)-1,4,6-七烯-3-酮、1,2-二月桂酰-L-磷脂酰胆碱、5-己基-2-氧四氢-3-呋喃甲酸、棕榈酸、1,3-二羟基-2-丙基(7Z,10Z,13Z,16Z)-7,10,13,16-二十二碳四烯酸、13-羟基-9E,11E-十八碳二烯酸、乙酰肉碱、235BBF3K97、对甲苯、酰基肉碱(Acar 21:1)、酰基肉碱(Acar 21:0)、番茄红素、甘油三酯(18:2-18:3-20:4; 20:2-22:4-22:5; 18:2-22:4-22:4; 17:1-18:2-20:4; 18:1-20:4-20:4)与瘤胃球菌属和阿利斯皮斯菌属呈显著负相关($P<0.05$)。以上研究证实了肝脏微生物脂质的相关性, 提示其可能进一步影响代谢特征。

3 讨论

肠道微生物被发现与宿主多种代谢疾病密切相关, 其中包括肥胖和糖尿病等^[10,11], 其作用机制可能是肠道微生物参与宿主脂质代谢和脂肪的沉积^[12]。近年来, 有研究报道在多种组织和血液中检测到细菌DNA^[13-16], 例如, 糖尿病患者脂肪组织、血液和肠系膜中均检测到细菌DNA(主要是Proteobacteria和Firmi-

cutes菌门), 它们以一种组织特异性的方式与免疫细胞浸润、炎症和代谢相关, 并参与脂肪组织TNF- α 和IL-6的表达^[17]。但也有研究表明, 人类的脂肪组织未能扩增到细菌DNA^[18], 其原因可能与检测组织、检测方法以及实验设计相关^[19]。本文采用16S rDNA测序方法发现沙子岭猪和大白猪肝脏均含有细菌, 优势菌包括Proteobacteria, Firmicutes和Bacteroidota。其中, Proteobacteria(40.13%)为大白猪肝脏丰度最高的菌群, 而Firmicutes(41.79%)为沙子岭猪肝脏丰度最高的菌群。研究发现, 宁乡猪模型(脂肪型猪种)肠道内Firmicutes为优势菌门, 占比82.35%^[20]。总之, 本实验发现, 肝脏含有细菌, 其组成在不同代谢模型上存在一定差异, 可能与代谢机制、遗传以及环境相关。

肝脏是脂肪代谢的主要器官, 本实验进一步采用脂质组学(Lipidomics)分析了不同代谢类型猪种肝脏脂质图谱, 结果筛选到258个差异脂质, 其中包括大量的饱和脂肪酸和不饱和脂肪酸。脂肪酸在调控宿主脂质吸收代谢、促进脂肪沉积方面有重要作用^[21-24]。有研究发现, 地方猪(凉山猪)饱和脂肪酸含量与体重和肌肉脂肪沉积呈正相关^[25]。Zhang等人^[26]对2448头猪(6个品种)的背最长肌脂肪酸组成与脂肪沉积相关性状的遗传相关性进行了研究, 结果进一步证实肌肉脂肪含量与饱和脂肪酸的关系。以上研究报道与本文结果基本相似, C18:0和C22:0等饱和脂肪酸在沙子岭猪肝脏显著富集, 可能与脂肪型猪种脂肪沉积密切相关。同时, 本团队还发现一些其他脂质在本研究中出现显著变化, 其作用机制仍需进一步探讨。

为了阐明肝脏细菌与脂质代谢的关系, 本团队进一步将不同代谢类型猪种筛选出的14株差异细菌和37种差异脂质进行Pearson关联分析, 发现其中有13种细菌与35种差异脂质密切相关。本团队前期在小鼠模型上筛选出多个肠道菌属与血液脂质存在显著相关性, 其中包括乳酸杆菌属(*Lactobacillus*)、拟杆菌属(*Bacteroides*)、螺杆菌属(*Helicobacter*)、*Parabacteroides*、瘤胃梭菌属(*Ruminiclostridium*)、颤杆菌属(*Oscillibacter*)、里克内拉菌属(*Rikenella*)、阿利斯皮斯菌属、厌氧菌属(*Anaerotruncus*)、粘螺菌属(*Mucispirillum*)、酪酸球菌(*Butyricicoccus*)、肠杆菌属(*Enterorhabdus*)、阴性杆菌属(*Negativibacillus*)、不动杆菌属(*Acinetobacter*)、链球菌属(*Streptococcus*)、*Caproiciproducens*、消化球菌属(*Peptococcus*)、脱氯单胞菌(*De-*

chloromonas)^[1]。在临床上, 肥胖人群与肠道拟杆菌属、*Parabacteroides*、布劳提亚菌属(*Blautia*)、阿利斯皮斯菌属、罗布夏菌属(*Romboutsia*)和氏菌属(*Roseburia*)有关, 其中体重和血脂与布劳提亚菌属(*Blautia*)、罗布夏菌属(*Romboutsia*, *Ruminococcus*)、严格梭菌(*Clostridium sensu stricto*)和多雷亚菌属(*Dorea*)呈正相关, 而与拟杆菌属、氏菌属、酪酸球菌属、阿利斯皮斯菌属、*Parasutterella*、*Parabacteroides*和梭菌属(*Clostridium IV*)呈显著负相关^[27]。本文也发现, 阿

利斯皮斯菌属和瘤胃球菌属菌属与肝脏脂质存在显著相关性, 提示肝脏细菌也参与宿主脂质代谢反应, 但是微生物的功能以及调控脂质代谢的作用机制还需进一步研究。

综上所述, 沙子岭猪和大白猪肝脏中细菌和脂质均存在显著差异, 且二者存在一定的相关性, 提示肝脏中的细菌可能受遗传和环境等因素影响, 并进一步参与脂质代谢反应。但是肝脏中细菌是如何移位, 以及介导宿主脂质代谢的具体机制还有待进一步探究。

参考文献

- 1 Yin J, Li Y, Han H, et al. Administration of exogenous melatonin improves the diurnal rhythms of the gut microbiota in mice fed a high-fat diet. *mSystems*, 2020, 5
- 2 Yin J, Li Y, Han H, et al. Melatonin reprogramming of gut microbiota improves lipid dysmetabolism in high-fat diet-fed mice. *J Pineal Res*, 2018, 65: e12524
- 3 Sun L, Cai J, Gonzalez F J. The role of farnesoid X receptor in metabolic diseases, and gastrointestinal and liver cancer. *Nat Rev Gastroenterol Hepatol*, 2021, 18: 335–347
- 4 Zhao S, Jang C, Liu J, et al. Dietary fructose feeds hepatic lipogenesis via microbiota-derived acetate. *Nature*, 2020, 579: 586–591
- 5 Gong S M, Ma J, Li F N, et al. Recent advances in the interaction between gut microbiota/metabolites and host lipid metabolism (in Chinese). *Sci Sin Vitae*, 2021, 51: 375–383 [龚赛明, 马杰, 李凤娜, 等. 肠道微生物及其代谢产物与宿主脂质代谢研究进展. 中国科学: 生命科学, 2021, 51: 375–383]
- 6 Chen X, Li P, Liu M, et al. Gut dysbiosis induces the development of pre-eclampsia through bacterial translocation. *Gut*, 2020, 69: 513–522
- 7 McPherson A C, Pandey S P, Bender M J, et al. Systemic immunoregulatory consequences of gut commensal translocation. *Trends Immunol*, 2021, 42: 137–150
- 8 Nagpal R, Yadav H. Bacterial translocation from the gut to the distant organs: an overview. *Ann Nutr Metab*, 2017, 71: 11–16
- 9 Cardinale V, Capurso G, Ianaro G, et al. Intestinal permeability changes with bacterial translocation as key events modulating systemic host immune response to SARS-CoV-2: A working hypothesis. *Dig Liver Dis*, 2020, 52: 1383–1389
- 10 Fan Y, Pedersen O. Gut microbiota in human metabolic health and disease. *Nat Rev Microbiol*, 2021, 19: 55–71
- 11 Wen Q, Yang R R, Jin X L. Research advances on the beneficial effects of plant polyphenols on intestinal health in farm animals (in Chinese). *Sci Sin Vitae*, 2020, 50: 914–926 [文秋, 杨瑞瑞, 金晓露. 植物多酚对畜禽肠道健康的保护作用研究进展. 中国科学: 生命科学, 2020, 50: 914–926]
- 12 Yang H, Xiang Y, Robinson K, et al. Gut microbiota is a major contributor to adiposity in pigs. *Front Microbiol*, 2018, 9: 3045
- 13 Lundgren P, Thaïs C A. The microbiome-adipose tissue axis in systemic metabolism. *Am J Physiol Gastrointest Liver Physiol*, 2020, 318: G717–G724
- 14 Chakaroun R M, Massier L, Kovacs P. Gut microbiome, intestinal permeability, and tissue bacteria in metabolic disease: perpetrators or bystanders? *Nutrients*, 2020, 12: 1082
- 15 Wang D, Liu C D, Li H F, et al. LSD1 mediates microbial metabolite butyrate-induced thermogenesis in brown and white adipose tissue. *Metabolism*, 2020, 102: 154011
- 16 Fan J, Li X, Gao Y, et al. The lung tissue microbiota features of 20 deceased patients with COVID-19. *J Infect*, 2020, 81: e64–e67
- 17 Massier L, Chakaroun R, Tabei S, et al. Adipose tissue derived bacteria are associated with inflammation in obesity and type 2 diabetes. *Gut*, 2019, 69: 1796–1806
- 18 Zulian A, Canello R, Cesana E, et al. Adipose tissue microbiota in humans: an open issue. *Int J Obes*, 2016, 40: 1643–1648
- 19 de Goffau M C, Lager S, Salter S J, et al. Recognizing the reagent microbiome. *Nat Microbiol*, 2018, 3: 851–853

- 20 Zhang X, Hou Z, Xu B, et al. Dietary supplementation of ϵ -polylysine beneficially affects ileal microbiota structure and function in Ningxiang pigs. *Front Microbiol*, 2020, 11: 544097
- 21 Nakamura H, Tsujiguchi H, Kambayashi Y, et al. Relationship between saturated fatty acid intake and hypertension and oxidative stress. *Nutrition*, 2019, 61: 8–15
- 22 Yamashita S, Hirashima A, Lin I C, et al. Saturated fatty acid attenuates anti-obesity effect of green tea. *Sci Rep*, 2018, 8: 10023
- 23 Sauvat A, Chen G, Müller K, et al. Trans-fats inhibit autophagy induced by saturated fatty acids. *Ebiomedicine*, 2018, 30: 261–272
- 24 Zhuang P, Cheng L, Wang J, et al. Saturated fatty acid intake is associated with total mortality in a nationwide cohort study. *J Nutr*, 2019, 149: 68–77
- 25 Gan M, Shen L, Chen L, et al. Meat quality, amino acid, and fatty acid composition of Liangshan pigs at different weights. *Animals*, 2020, 10: 822
- 26 Zhang Y, Zhang J, Gong H, et al. Genetic correlation of fatty acid composition with growth, carcass, fat deposition and meat quality traits based on GWAS data in six pig populations. *Meat Sci*, 2019, 150: 47–55
- 27 Zeng Q, Li D, He Y, et al. Discrepant gut microbiota markers for the classification of obesity-related metabolic abnormalities. *Sci Rep*, 2019, 9: 13424

Research of liver bacteria and lipid profiles on Shaziling pigs

MA Jie¹, DUAN YeHui², LI FengNa², LI TieJun², YIN Jie¹ & YIN YuLong^{1,2}

1 Animal Nutrition Genome and Germplasm Innovation Research Center, College of Animal Science and Technology, Hunan Agricultural University, Changsha 410128, China;

2 key laboratory of Agro-ecological processes in subtropical region, Key Laboratory of Animal Nutrition Physiology and Metabolic Processes of Hunan Province, Institute of Subtropical Agriculture, Chinese Academy of Sciences, Changsha 410125, China

In recent years, studies have suggested that visceral tissues contain a small amount of bacteria and they participate in the physiological metabolism of tissues. In this study, adult Shaziling and Yorkshire pigs were selected as experimental models to compare the bacterial compositions and lipid profiles in the liver tissues, and the interaction was analyzed by Pearson correlation analysis between Shaziling and Yorkshire pigs. 16S rDNA sequencing indicated that there was a certain abundance of bacteria in the liver of Shaziling and Yorkshire pigs, and the bacterial compositions differentiated between Shaziling and Yorkshire pigs. At the phylum level, the abundances of Proteobacteria and Chlamydiae in the liver of Shaziling pigs were significantly higher compared with the Yorkshire pigs. At the genus level, 14 differentiated bacteria were observed between Shaziling and Yorkshire pigs. In addition, 37 lipids were screened by lipogenomics, 6 lipids of which were enriched in the fatty Shaziling pigs and 31 lipids were enriched in the lean Yorkshire pig. Pearson correlation analysis further confirmed that liver bacteria might involve in lipid metabolism evidenced by that 13 differentiated bacteria markedly correlated to 35 lipids. In conclusion, liver bacterial compositions differentiated in animal models with different metabolic types, which might play an important role in lipid metabolism.

Shaziling pig, liver bacteria, lipidomics, correlation analysis

doi: [10.1360/SSV-2021-0060](https://doi.org/10.1360/SSV-2021-0060)