

引用格式:

甘谢小玲, 刘会超, 涂俊豪, 杨小波, 孟醒, 宋子超, 宋泽和, 贺喜, 张海涵. 基于单细胞转录组测序构建鸡小肠单细胞图谱[J]. 湖南农业大学学报(自然科学版), 2026, 52(2): 119–127.

GAN X X L, LIU H C, TU J H, YANG X B, MENG X, SONG Z C, SONG Z H, HE X, ZHANG H H. Construction of a single-cell atlas of chicken small intestine based on single-cell RNA sequencing analysis[J]. Journal of Hunan Agricultural University(Natural Sciences), 2026, 52(2): 119–127.

投稿网址: <http://xb.hunau.edu.cn>



基于单细胞转录组测序构建鸡小肠单细胞图谱

甘谢小玲¹, 刘会超¹, 涂俊豪¹, 杨小波¹, 孟醒¹, 宋子超¹, 宋泽和^{1,2,3,4}, 贺喜^{1,2,3,4}, 张海涵^{1,2,3,4*}

(1. 湖南农业大学动物科学技术学院, 湖南 长沙 410128; 2. 湖南家禽安全生产工程技术研究中心, 湖南 长沙 410128;
3. 优质畜禽产品生产省部共建协同创新中心, 湖南 长沙 410128; 4. 岳麓山实验室, 湖南 长沙 410128)

摘要: 以单只13周龄湘佳黄鸡2号为试验材料, 借助单细胞转录组测序技术, 从细胞层面对鸡十二指肠、空肠和回肠3个小肠肠段开展细胞类型解析, 系统构建鸡小肠单细胞图谱; 基于该图谱进一步开展功能富集分析、细胞通讯关系推断和上皮细胞拟时序分析等。结果表明: 鸡小肠上皮黏膜层由12种细胞类型构成, 包括B细胞、簇细胞、树突状细胞、内皮细胞、肠内分泌细胞、红细胞、杯状细胞、增殖细胞、成纤维细胞、T细胞、浆细胞和肠上皮细胞等。各细胞类型在不同小肠肠段中的占比不同, 肠上皮细胞是营养物质吸收的核心功能细胞, 在十二指肠中占比相对较大, 表明在小肠中十二指肠可能是进行养分吸收的重要器官。在3个小肠肠段中, T细胞、B细胞和浆细胞等免疫细胞占比均较大, 表明鸡小肠细胞的免疫应答在小肠营养代谢及微生物互作上具有重要作用。各细胞类型的差异基因功能富集分析结果与细胞注释结果一致。肠内分泌细胞与簇细胞之间存在较强的配受体通讯信号, 表明其可能在维持小肠黏膜上皮细胞稳态中发挥重要作用。肠上皮细胞进一步可分为肠道干细胞、*APOB*⁺肠上皮细胞、*FABP1/2*⁺肠上皮细胞、免疫相关肠上皮细胞、*ESRRG*⁺肠上皮细胞、*MZB1*⁺肠上皮细胞、*APOA1*⁺肠上皮细胞和*BEST4*⁺肠上皮细胞等8个亚群, 鉴定出*ESRRG*、*FABP1*、*FABP2*、*PTPRF*和*FTH1*为肠上皮细胞分化相关的基因, 免疫相关肠上皮细胞、*APOB*⁺肠上皮细胞、*MZB1*⁺肠上皮细胞和*FABP1/2*⁺肠上皮细胞可能与坏死性肠炎相关。

关键词: 湘佳黄鸡2号; 单细胞转录组测序; 细胞图谱; 小肠; 肠上皮细胞

中图分类号: S831

文献标志码: A

文章编号: 1007–1032(2026)02–0119–09

Construction of a single-cell atlas of chicken small intestine based on single-cell RNA sequencing analysis

GAN Xiexiaoling¹, LIU Huichao¹, TU Junhao¹, YANG Xiaobo¹, MENG Xing¹,
SONG Zichao¹, SONG Zehe^{1,2,3,4}, HE Xi^{1,2,3,4}, ZHANG Haihan^{1,2,3,4*}

(1. College of Animal Science and Technology, Hunan Agricultural University, Changsha, Hunan 410128, China;
2. Hunan Poultry Safety Production Engineering Technology Research Center, Changsha, Hunan 410128, China;
3. Collaborative Innovation Center for the Production of High-quality Livestock and Poultry Products, Changsha, Hunan 410128, China; 4. Yuelushan Laboratory, Changsha, Hunan 410128, China)

Abstract: One 13-week-old Xiangjia Yellow Chicken No. 2 was used as the experimental animal. Single-cell RNA sequencing(scRNA-seq) technology was applied to dissect cell types of three small intestinal segments, including the duodenum, jejunum and ileum, at the cellular level, thereby systematically constructing a single-cell atlas of chicken small intestine. Based on this atlas, we further performed functional enrichment analysis, cell-cell communication inference and pseudotime analysis of epithelial cells. The results showed that the epithelial mucosal layer of chicken small intestine was

收稿日期: 2025–04–19

修回日期: 2025–09–03

基金项目: 湖南省家禽产业技术体系项目(HARS-06)

作者简介: 甘谢小玲(2000—), 女, 重庆酉阳人, 硕士研究生, 主要从事动物营养与饲料研究, ganxiexiaoling@163.com; *通信作者, 张海涵, 博士, 副教授, 主要从事家禽数量遗传及整合基因组学研究, zhhou@163.com

composed of twelve distinct cell types, including B cells, tuft cells, dendritic cells, endothelial cells, enteroendocrine cells, erythrocytes, goblet cells, proliferating cells, fibroblast, T cells, plasma cells and enterocytes. The proportions of each cell type varied across distinct small intestinal segments. As the core functional cells responsible for nutrient absorption, enterocytes exhibited a relatively higher proportion in the duodenum, suggesting that the duodenum served as the primary site for nutrient absorption within the small intestine. Immune cell populations including T cells, B cells and plasma cells were abundant in all three small intestinal segments, demonstrating that intestinal immune responses exert critical effects on nutrient metabolism and host-microbe interactions in the chicken small intestine. The functional enrichment analysis of differentially expressed genes in each cell type was consistent with the cell annotation results. Strong ligand-receptor communication signals were detected between enteroendocrine cells and tuft cells, indicating that these two cell types may play a vital role in maintaining the homeostasis of small intestinal mucosal epithelium. The enterocytes could be further categorized into 8 subpopulations, including intestinal stem cells, *APOB*⁺ enterocytes, *FABP1/2*⁺ enterocytes, immune-associated enterocytes, *ESRRG*⁺ enterocytes, *MZB1*⁺ enterocytes, *APOA1*⁺ enterocytes, and *BEST4*⁺ enterocytes. Genes including *ESRRG*, *FABP1*, *FABP2*, *PTPRF* and *FTH1* were identified as key regulators involved in enterocyte differentiation. Immune-associated enterocytes, *APOB*⁺ enterocytes, *MZB1*⁺ enterocytes, and *FABP1/2*⁺ enterocytes may be associated with necrotizing enterocolitis.

Keywords: Xiangjia yellow chicken No. 2; single-cell RNA sequencing(scRNA-seq); cell atlas; small intestine; enterocyte

作为重要的农业经济动物,鸡的生长性能和饲料转化效率直接影响养殖效益,相关研究近年来备受关注^[1-2]。肠道作为营养物质消化吸收的主要场所,其结构和功能的完整性对鸡的健康和生产性能至关重要^[3-4]。然而,鸡肠道是高度异质性器官,不同肠段表达的基因差异性与营养消化和吸收中的代谢过程相关^[5],且鸡的肠道黏膜上皮系统由复杂的细胞类型(包括肠上皮细胞、潘氏细胞、内分泌细胞、干细胞等)构成^[6-9]。但是,传统的转录组学研究方法往往将整个肠道或某一肠段作为整体进行分析,难以解析不同细胞类型在养分消化吸收过程中的具体作用机制。

近年来,单细胞转录组测序技术(scRNA-seq)的快速发展为解析复杂组织的细胞异质性提供了强有力的工具。该技术可实现单细胞分辨率的转录组表达水平检测,通过差异基因鉴定及数据库注释,分析获得生物组织的不同细胞类型及基因表达规律。目前,学者们已建立了鸡皮肤^[10]、外周血^[11]、下丘脑、垂体、卵巢^[12]、视网膜^[13]等组织的单细胞图谱,揭示了鸡不同组织中细胞的特异性及物种间的保守性,但目前关于鸡的不同肠道的单细胞转录组的研究较少。利用scRNA-seq技术构建鸡不同肠段的单细胞转录组图谱,将有助于深入了解鸡肠道的细胞组成、基因表达特征以及不同细胞类型之间的相互作用机制。

黄羽肉鸡是我国自主培育的特色优质肉鸡类群,与快大型白羽肉鸡不同,黄羽肉鸡在长期选育过程中更侧重于外观性状、体尺特征及出栏体质量

等经济性状的改良,对肠道发育、消化吸收功能及肠道健康相关性状的选育相对不足。湘佳黄鸡2号为湖南湘佳牧业股份有限公司自主培育的屠宰加工型黄羽肉鸡,目前年出栏量约4000万羽,年消耗饲料约为16万t,具有肉品质优良、整齐度高、适宜屠宰冷鲜加工等特点。

本研究中,利用scRNA-seq技术构建湘佳黄鸡2号不同肠段(十二指肠、空肠、回肠)的单细胞转录组图谱,鉴定各肠段的细胞类型,解析其基因表达特征;同时对上皮细胞亚群进行分析,鉴别出参与肠道健康调控的重要细胞类型,以期为进一步研究小肠的营养健康提供依据。

1 材料与方法

1.1 供试材料

从健康的13周龄湘佳黄鸡2号中随机选取公鸡1羽,通过颈椎分离处死后,在4℃操作台上解剖并采集十二指肠、空肠、回肠肠道黏膜上皮组织样品,保存于组织保护液中备用。

1.2 细胞解离

将肠道组织转入离心管,加入10 mL 4℃预冷DPBS(含有0.04% BSA的1×DPBS)清洗肠道组织;向培养皿底加入预冷DPBS,之后将肠道组织放入培养皿中,剪成碎片,并转入离心管中;将酶混合液(2.5 mL RPMI 1640培养基(无血清)、2 mg/mL胶原酶Ⅱ、2 mg/mL分散酶、0.05 mg/mL DNA酶Ⅰ)加

入离心管中,在37℃下持续低速摇匀,解离肠道组织40 min;加入3倍体积的RPMI完全培养基终止酶解反应,并用70 μ m细胞筛过滤全部酶解液,收集滤液;将滤液于4℃、1 450 r/min离心5 min后吸去上清液,收集细胞。

1.3 红细胞裂解

加入1 mL预冷的1×红细胞裂解液,轻轻混匀重悬细胞,于4℃孵育10 min;加入10 mL预冷DPBS,于4℃、1 340 r/min离心10 min,吸走上清液,再加入5 mL预冷DPBS,轻轻混匀;采用细胞计数仪或血球计数板检测细胞浓度,并加入对应量的预冷DPBS,使最终细胞浓度为700~1 200个/ μ L。

1.4 scRNA-seq文库构建和测序

scRNA-seq由广州基迪奥生物科技有限公司完成。细胞悬液在10×Genomics® Single Cell上机,运用10×Genomics GemCode技术制备凝胶珠微乳液(GEMs);收集GEMs后溶解凝胶珠以释放Barcode序列,对样本RNA片段进行逆转录并标记;待凝胶珠与油滴裂解完成后,以cDNA为模板进行PCR扩增;混合GEMs的产物,构建标准测序文库,并利用Illumina测序平台对文库进行高通量测序。

1.5 scRNA-seq数据分析

1.5.1 原始数据解析

使用10×Genomics配套分析软件Cell Ranger(v7.1.0)对原始数据进行质量统计^[14];调用STAR(剪接转录本比对)软件,将有效读段定位到参考基因组(bGalGal1.mat.broiler.GRCg7b)^[15],并保留基因组注释信息;通过唯一分子标识符UMI进行定量,构建表达矩阵用于后续分析。

1.5.2 细胞质控与批次效应校正

使用Seurat(v4.4.0)包^[16]处理单细胞测序数据,先初步过滤掉表达细胞数小于3的基因、基因数小于200个或大于4 000个的细胞及线粒体基因数占比超过5%的细胞,并选择前2 000个高变基因用于后续分析。通过Harmony(v1.2.3)包^[17]消除多个单细胞转录组测序样本之间的批次效应。使用主成分分析(PCA)进行降维,并选取前18个主成分构建K近邻(KNN)^[18]网络,结合Louvain算法(分辨率设为0.5)完成细胞的无监督聚类。使用均匀流形逼近与投影

(UMAP)算法绘制UMAP图。

1.5.3 细胞注释

使用Seurat(v4.4.0)包对小肠细胞和亚群细胞进行细胞注释。使用FindMarker函数将每个细胞簇中 $|\log_2FC| \geq 0.25$ (FC为差异表达倍数)且 P_{adj} (校正后的 P) < 0.05 的基因定为差异基因。参考CellMarker 2.0数据库(<http://bio-bigdata.hrbmu.edu.cn/CellMarker/>)和已报道的单细胞转录组数据对不同细胞的差异基因进行注释。对于低置信度的细胞簇,通过标记基因的GO富集分析进行功能推断,以确保注释结果的可重复性。

1.5.4 功能富集分析

对差异表达基因进行GO^[19]功能富集和KEGG^[20]功能富集分析。

1.5.5 细胞通讯分析

使用CellChat(v2.1.2)^[21]进行细胞间通讯分析,以推断不同细胞类型之间的相互作用。以CellChatDB.human数据库作为参考,通过Orthogene工具对基因进行跨物种同源匹配,确保配体-受体相互作用的准确性。

1.5.6 亚群细胞拟时序分析

采用Monocle2(v2.24.0)包^[22]对肠上皮细胞进行拟时序分析。以 $P_{adj} < 0.01$ 为阈值,通过differentialGeneTest函数从小肠细胞中鉴定连续轨迹的驱动基因;剔除表达细胞占比小于10%的基因,将剩余基因用于轨迹建模。通过DDRTree算法^[23]与reduceDimension函数进行降维,最后使用plot_cell_trajectory函数及ggplot2包对分析结果进行可视化展示。

1.5.7 富集倍数计算

利用已报道的鸡坏死性肠炎相关的差异基因集^[24],计算其在肠上皮细胞亚群中的富集倍数,以此筛选与鸡坏死性肠炎密切相关的细胞亚型。

2 结果与分析

2.1 细胞质控和批次效应校正结果

通过严格质控后,共获得16 297个细胞用于后续分析。根据每个细胞的基因表达,采用Harmony批次效应校正策略,基于校正后的数据构建UMAP

图。结果(图1)显示,不同肠道来源的细胞呈现重叠分布模式,表明批次效应整合较好。

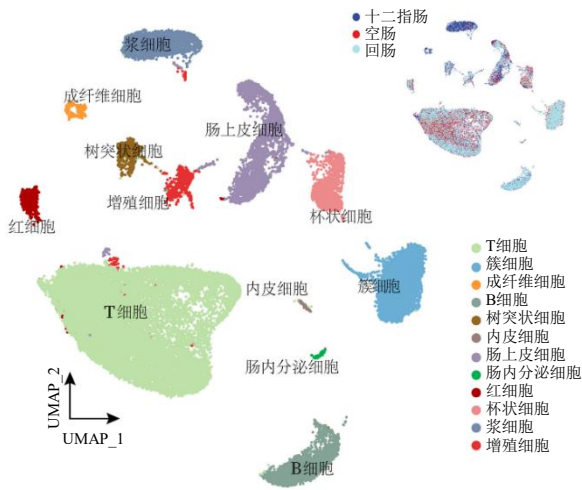


图1 鸡小肠组织细胞类型分布UMAP聚类图

Fig. 1 UMAP cluster map of the distribution of cell types in chicken small intestine

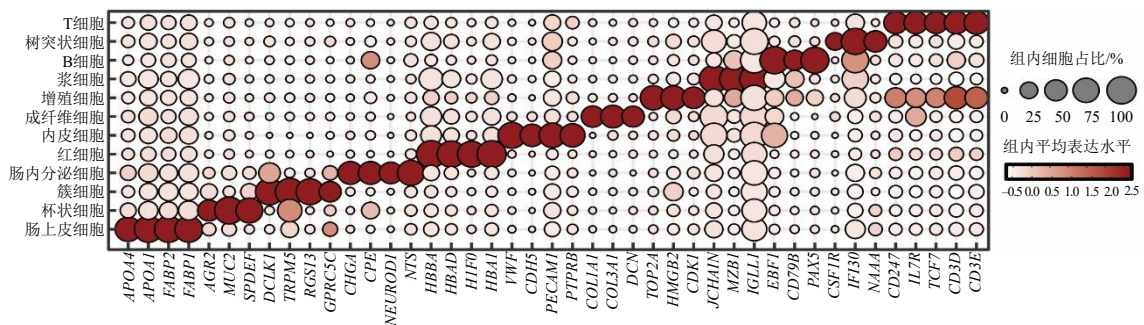


图2 细胞注释所用标记基因气泡图

Fig. 2 Bubble plot of marker genes for cell annotation

2.3 各种细胞在不同小肠肠段上的分布情况

从图3可知,所有12种细胞类型在十二指肠、空肠和回肠中均存在,但不同细胞类型在3个肠段中的

2.2 鸡小肠组织细胞聚类 and 注释结果

从图1和图2可知,利用已知的细胞类型特异性标记基因,对所有细胞进行细胞类型注释,共鉴定出12种细胞类型,包括B细胞(*EBF1*、*CD79B*、*PAX5*)、簇细胞(*DCLK1*、*TRPM5*、*RGS13*、*GPRC5C*)、树突状细胞(*CSF1R*、*IFI30*、*NAAA*)、内皮细胞(*VWF*、*CDH5*、*PECAM1*、*PTPRB*)、肠内分泌细胞(*CHGA*、*CPE*、*NEUROD1*、*NTS*)、红细胞(*HBBA*、*HBAD*、*H1F0*、*HBA1*)、杯状细胞(*AGR2*、*MUC2*、*SPDEF*)、增殖细胞(*TOP2A*、*HMGB2*、*CDK1*)、成纤维细胞肌细胞(*COL1A1*、*COL3A1*、*DCN*)、T细胞(*CD247*、*IL7R*、*TCF7*、*CD3D*、*CD3E*)、浆细胞(*JCHAIN*、*MZB1*、*IGLL1*)和肠上皮细胞(*APOA4*、*APOA1*、*FABP1*、*FABP2*)等。

占比存在差异。其中,浆细胞和成纤维细胞在十二指肠中占比相对较大,分别为92.3%、89.6%;杯状细胞和肠内分泌细胞在空肠中占比相对较大,分别为

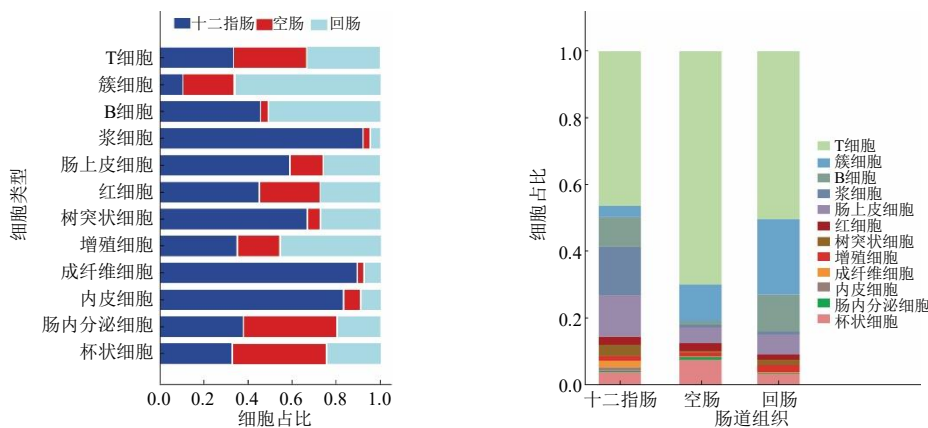


图3 各细胞类型在鸡不同小肠肠段上的占比

Fig. 3 The proportions of different cell types in various segments of chicken small intestine

42.7%、42.5%；簇细胞和B细胞在回肠中占比相对较大，分别为66.3%、50.9%。肠上皮细胞在十二指肠中占比也比较大，大于其在空肠和回肠中的占比，这表明在小肠中十二指肠可能是进行养分吸收的重要器官。3个肠段中的细胞类型均以免疫细胞为主，主要包括T细胞、B细胞和浆细胞等，这表明鸡小肠细胞的免疫应答在小肠营养代谢及微生物互动上具有重要作用；其次为上皮细胞，主要包括簇细胞和肠上皮细胞等。

2.4 小肠不同细胞类型差异基因富集分析结果

从图4可知，T细胞主要富集在抗原受体介导的信号通路和T细胞受体信号通路；浆细胞主要富集在对内质网应激的反应和内质网中的蛋白质加工；肠上皮细胞主要富集在肠道吸收和脂肪的消化与吸收；成纤维细胞主要富集在细胞外基质组织和肌细胞中的细胞骨架；内皮细胞主要富集在血管生成的调控和PI3K-Akt信号通路；B细胞主要富集在B细胞活化和B细胞受体信号通路；树突状细胞主要富集在吞噬作用和质膜细胞黏附分子；簇细胞主要富集在伤口愈合的负调控和损伤应答的负调控；增殖细胞主要富集在上皮发育和血管相关平滑肌的调控；红细胞主要富集在染色体分离和核内染色体分离；肠内分泌细胞主要富集在二氧化碳运输和一碳化合物运输。

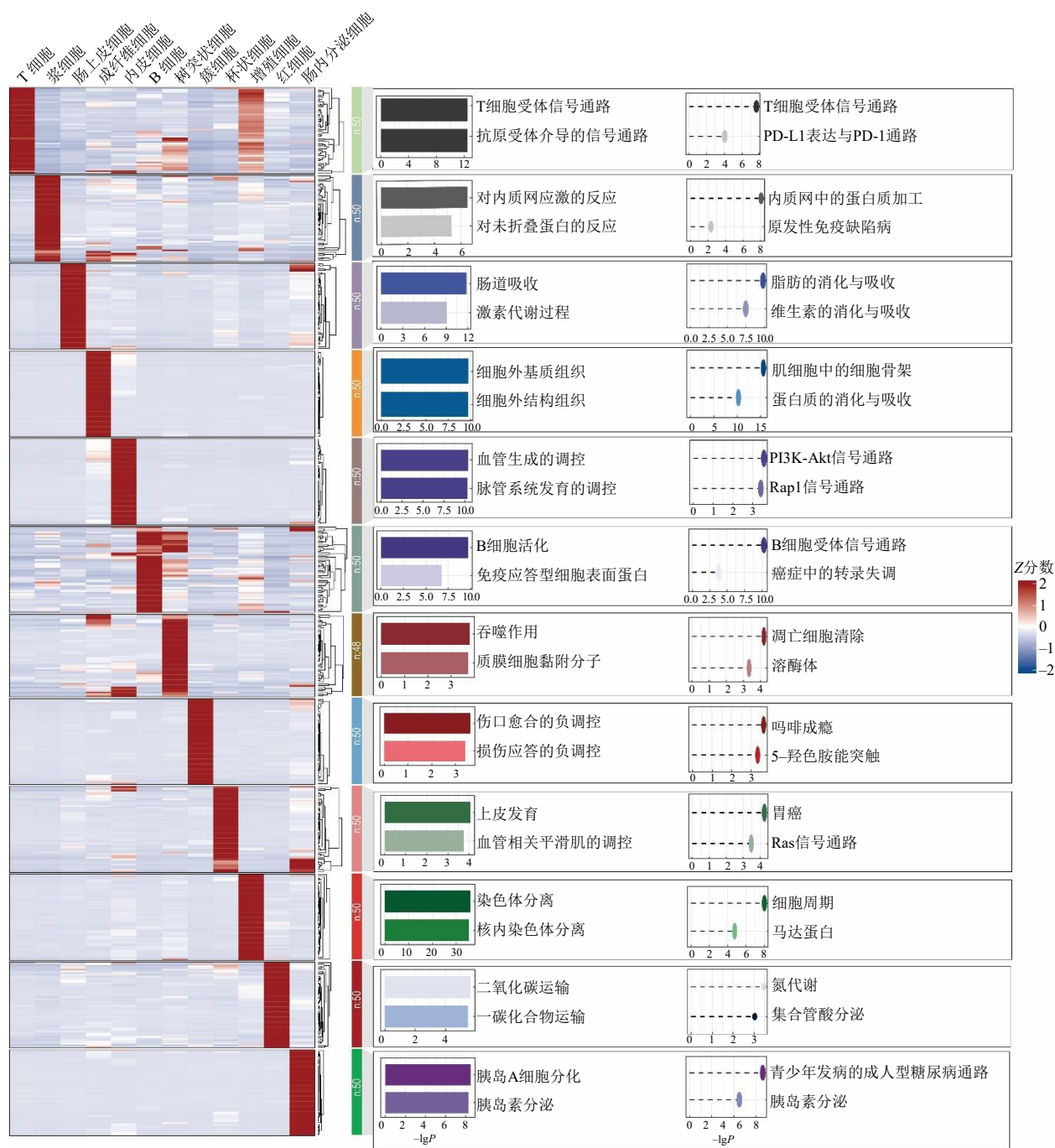


图4 鸡小肠各细胞类型特异性基因热图及差异基因富集分析结果

Fig. 4 Enrichment analysis result of differential genes in each cell subset of chicken small intestine

集在吞噬作用和凋亡细胞清除；簇细胞主要富集在伤口愈合的负调控和吗啡成瘾；杯状细胞主要富集在上皮发育和胃癌；增殖细胞主要富集在染色体分离和细胞周期；红细胞主要富集在二氧化碳运输和氮代谢；肠内分泌细胞主要富集在胰岛A细胞分化和青少年发病的成人型糖尿病通路。

2.5 小肠不同细胞类型之间的通讯关系分析结果

从图5可知，十二指肠、空肠和回肠的肠内分泌细胞与簇细胞之间均存在强相互作用，杯状细胞与肠上皮细胞之间也有较强的相互作用，这表明肠内分泌细胞、簇细胞、杯状细胞和肠上皮细胞是小肠中配体、受体分子表达的主要细胞群体，在小肠组织中发挥重要作用。

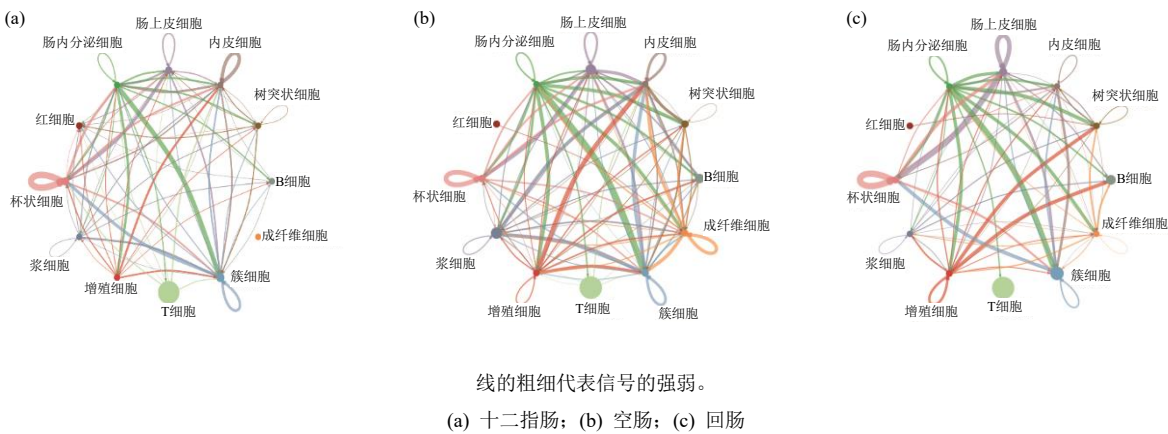


图5 鸡小肠组织中不同细胞类型的通讯模式

Fig. 5 Communication patterns of different cell types in chicken small intestinal tissue

2.6 肠上皮细胞亚群分析结果

2.6.1 肠上皮细胞亚群注释

对获得的1234个肠上皮细胞进行分群分析，结果如图6所示。各亚群关键标记基因表达情况如图7所示。从图6和图7可知，肠上皮细胞可分为8个亚群，分别为肠道干细胞(*OLFM4*、*SOX9*)、*APOB*⁺肠上皮细胞(*APOB*)、*FABP1/2*⁺肠上皮细胞(*FABP1*、*FABP2*)、免疫相关肠上皮细胞(*LCP2*、*PTPRC*、*CD247*、*IL7R*、*STAT4*、*GRAP2*)、*ESRRG*⁺肠上皮细胞(*ESRRG*)、*MZB1*⁺肠上皮细胞(*MZB1*、*CDH11*)、*APOA1*⁺肠上皮细胞(*APOA1*)和*BEST4*⁺肠上皮细胞(*OTOP2*、*BEST4*)等。

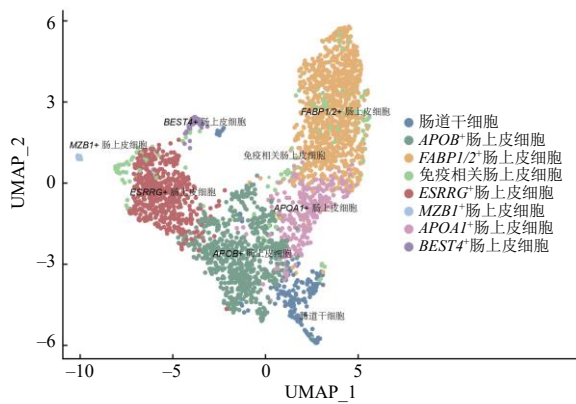


图6 肠上皮细胞各亚群分布UMAP图

Fig. 6 UMAP of the distribution of each subpopulation of enterocytes

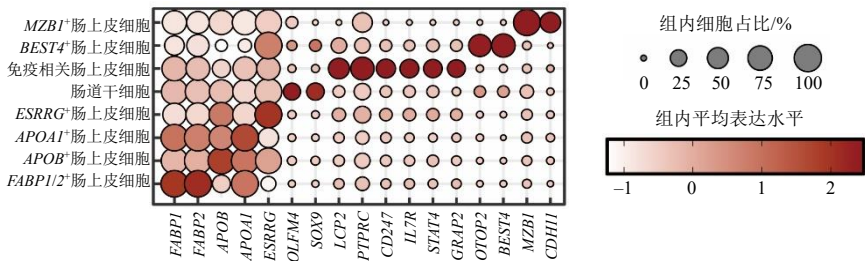


图7 肠上皮细胞亚群注释所用标记基因气泡图

Fig. 7 Bubble plot of marker genes for enterocyte subset annotation

2.6.2 肠上皮细胞拟时序分析结果

结合图6和图8可知，肠上皮细胞分化以肠道干细胞为起点，经过中间状态的 $APOB^+$ 肠上皮细胞和 $APOA1^+$ 肠上皮细胞，最终分化为终末期的 $FABP1/2^+$ 肠上皮细胞和 $MZB1^+$ 肠上皮细胞。由此可见，肠上

皮细胞的分化以肠道干细胞为起点逐步分化为具有特定功能的细胞亚群。本研究鉴定出5个与肠上皮细胞分化相关的基因，分别为 $ESRRG$ 、 $FABP1$ 、 $FABP2$ 、 $PTPRF$ 和 $FTH1$ 。从图8可以看出，基因的表达量随时间的延长而增加。

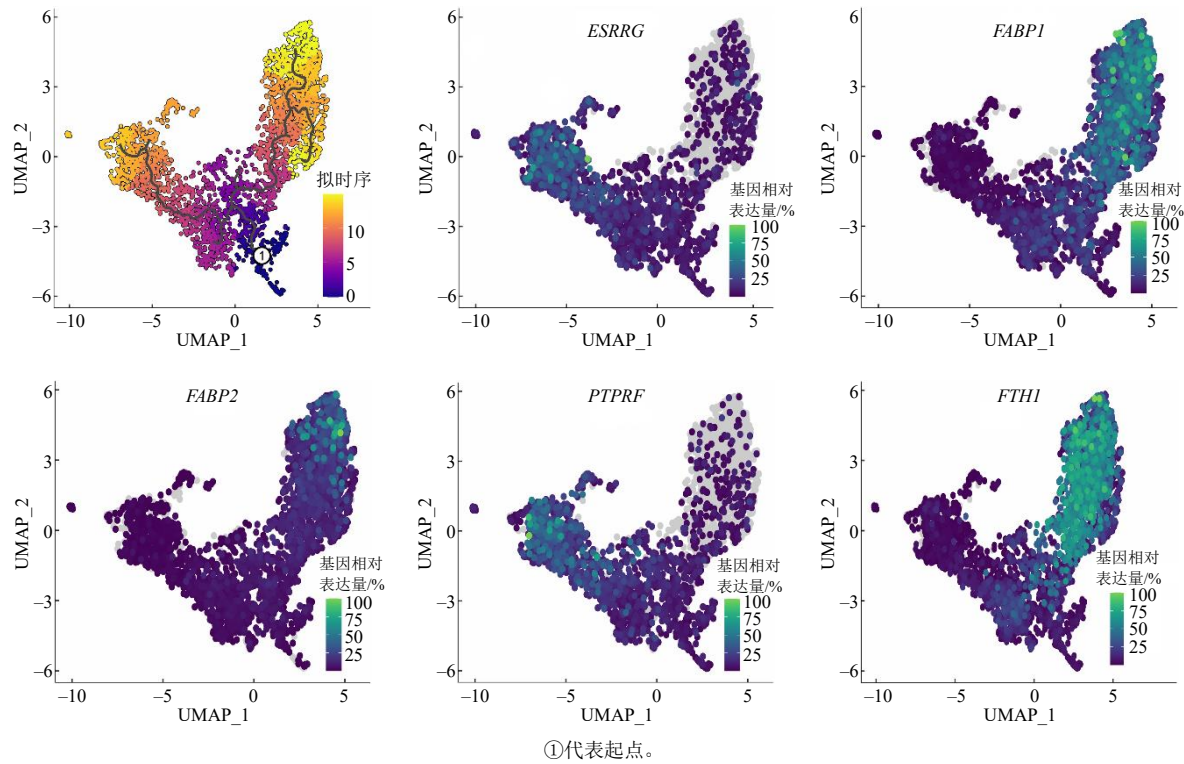


图8 肠上皮细胞亚群分化拟时序分析结果及分化相关基因UMAP图

Fig. 8 Quasi-time series analysis result of enterocytes subpopulation differentiation and UMAP map of differentiation-related genes

2.6.3 鸡坏死性肠炎相关基因在肠上皮细胞亚群中富集分析结果

从表1可知，坏死性肠炎相关基因在免疫相关肠上皮细胞亚群、 $APOB^+$ 肠上皮细胞、 $MZB1^+$ 肠上皮细胞和 $FABP1/2^+$ 肠上皮细胞亚群中的富集倍数 >1 ，这说明坏死性肠炎可能与这几种细胞亚型有关。

表1 鸡坏死性肠炎相关基因在肠上皮细胞亚群中的富集倍数

enteritis in enterocytes	
细胞亚群	富集倍数
免疫相关肠上皮细胞	1.479 242 314
$APOB^+$ 肠上皮细胞	1.094 234 041
$MZB1^+$ 肠上皮细胞	2.240 832 417
$FABP1/2^+$ 肠上皮细胞	1.167 371 111
肠道干细胞	0.791 342 916
$APOA1^+$ 肠上皮细胞	0.377 678 889
$ESRRG^+$ 肠上皮细胞	0.471 140 409
$BEST4^+$ 肠上皮细胞	0.698 127 084

3 结论与讨论

本研究基于单细胞转录组测序技术构建鸡小肠单细胞图谱，对鸡小肠组织的单细胞数据进行细胞注释，主要鉴定出12种细胞类型，包括上皮细胞群、免疫细胞群、内皮细胞、成纤维细胞和增殖细胞等。TU等^[25]通过单细胞转录组测序绘制了鸡盲肠单细胞图谱，鉴定出了13种细胞类型，包括B细胞、树突状细胞、6种T细胞亚群、杯状细胞、簇状细胞、2种肠上皮细胞亚群和红细胞等。本研究鉴定出的小肠细胞类型与其具有较高的一致性。XIAO等^[26]通过单细胞转录组测序绘制了猪不同发育时期盲肠单细胞图谱，鉴定出12种细胞类型，包含上皮细胞、B细胞、浆细胞、髓细胞、肥大细胞、T细胞、NKT细胞、肠道神经胶质细胞、2种成纤维细胞亚群、淋巴内皮细胞和血管内皮细胞等。本研究鉴

定出的鸡小肠细胞类型与其研究结果有所不同,这表明不同物种之间的肠道细胞类型组成存在差异。

通过对细胞类型差异基因进行GO与KEGG功能富集分析,进一步明确了不同细胞类型的作用,肠上皮细胞主要富集肠道吸收、脂肪的消化与吸收相关通路,该结果与YANG^[27]等的研究结论相符,其研究证实,葡萄糖和氨基酸等营养物质可借助肠上皮细胞膜上的各种转运蛋白实现吸收转运。富集结果显示,小肠组织不仅参与消化与吸收,在免疫应答中也发挥重大作用。SANTAOLALLA等^[28]研究同样证明,小肠具有先天免疫作用,其实现免疫功能机制可能包括先天免疫受体的表达、抗菌肽的产生、IgA的分泌或细胞内细菌的自噬。

细胞通讯分析结果表明,肠内分泌细胞和簇细胞之间具有强相互作用。已有相关研究^[29]表明,潘氏细胞缺失时,小鼠肠内分泌细胞和簇细胞可作为替代细胞来源提供Notch信号,该作用对维持肠道组织稳态至关重要。

根据细胞类型分布的异质性结果,十二指肠、空肠和回肠中免疫细胞群的占比最大,这与小肠的免疫应答功能有关。12种细胞类型在3个肠段中的比例各不相同,浆细胞和成纤维细胞在十二指肠中占比相对较大,杯状细胞和肠内分泌细胞在空肠中占比相对较大,簇细胞和B细胞在回肠中占比相对较大。

肠上皮细胞分为8种细胞亚型,其分化轨迹为从肠道干细胞分化为MZBI⁺肠上皮细胞和FABPI/2⁺肠上皮细胞等细胞亚型。鸡坏死性肠炎是一种传染性疾病,会给家禽产业造成较大经济损失^[30]。G型产气荚膜梭菌是坏死性肠炎的主要致病菌,会引发鸡胚肠上皮细胞损伤从而导致细胞炎症^[31]。本研究结果表明,有4种肠上皮细胞亚型显著富集,包括免疫相关肠上皮细胞、APOB⁺肠上皮细胞、MZBI⁺肠上皮细胞和FABPI/2⁺肠上皮细胞,可能是由于炎症导致MZBI⁺肠上皮细胞和FABPI/2⁺肠上皮细胞坏死。XIONG等^[32]的研究结果表明,MZBI表达量的增加能够促进IgA的分泌,抑制肠炎的发展。本研究结果与其具有一致性。

参考文献:

- [1] 张盛,蒋守群,王一冰. 黄羽肉鸡肠道健康及营养调控研究进展[J]. 动物营养学报, 2023, 35(2): 738–754.
- [2] 王勇,张淑梅,吴斌. 肉鸡饲料养分高效利用营养调控技术应用[J]. 中国畜牧业, 2023(13): 54–55.
- [3] 邓沛杰,宋泽和,罗国升,等. 枯草芽孢杆菌对球虫和产气荚膜梭菌混合攻毒肉鸡生长性能及肠道健康的影响[J]. 动物营养学报, 2022, 34(11): 7082–7093.
- [4] 全月月,宋泽和,贺喜,等. 茶皂素对艾美耳球虫攻毒后黄羽肉鸡生长性能和盲肠微生物多样性的影响[J]. 中国家禽, 2023, 45(7): 33–39.
- [5] OVERBEY E G, NG T T, CATINI P, et al. Transcriptomes of an array of chicken ovary, intestinal, and immune cells and tissues[J]. Frontiers in Genetics, 2021, 12: 664424.
- [6] WANG L, LI J, LI J, et al. Identification of the Paneth cells in chicken small intestine[J]. Poultry Science, 2016, 95(7): 1631–1635.
- [7] HIRAMATSU K. Chicken intestinal L cells and glucagon-like peptide-1 secretion[J]. The Journal of Poultry Science, 2020, 57(1): 1–6.
- [8] CLOFT S E, UNI Z, WONG E A. Profiling intestinal stem and proliferative cells in the small intestine of broiler chickens via in situ hybridization during the peri-hatch period[J]. Poultry Science, 2023, 102(4): 102495.
- [9] ZHANG H, LI H, KIDRICK J, et al. Localization of cells expressing SGLT1 mRNA in the yolk sac and small intestine of broilers[J]. Poultry Science, 2019, 98(2): 984–990.
- [10] WANG L, XUE Z, TIAN Y M, et al. A single-cell transcriptome atlas of Lueyang black-bone chicken skin[J]. Poultry Science, 2024, 103(4): 103513.
- [11] MAXWELL M, SÖDERLUND R, HÄRTLE S, et al. Single-cell RNA-seq mapping of chicken peripheral blood leukocytes[J]. BMC Genomics, 2024, 25(1): 124.
- [12] LENG D, ZENG B, WANG T, et al. Single nucleus/cell RNA-seq of the chicken hypothalamic-pituitary-ovarian axis offers new insights into the molecular regulatory mechanisms of ovarian development[J]. Zoological Research, 2024, 45(5): 1088–1107.
- [13] YAMAGATA M, YAN W J, SANES J R. A cell atlas of the chick retina based on single-cell transcriptomics[J]. eLife, 2021, 10: e63907.
- [14] ZHENG G X Y, TERRY J M, BELGRADER P, et al. Massively parallel digital transcriptional profiling of single cells[J]. Nature Communications, 2017, 8: 14049.
- [15] WARREN W C, HILLIER L W, TOMLINSON C, et al. A new chicken genome assembly provides insight into avian genome structure[J]. G3 Genes Genomes Genetics, 2017, 7(1): 109–117.

[1] 张盛,蒋守群,王一冰. 黄羽肉鸡肠道健康及营养调控

- [16] HAO Y H, HAO S, ANDERSEN-NISSEN E, et al. Integrated analysis of multimodal single-cell data[J]. *Cell*, 2021, 184(13): 3573–3587, e29.
- [17] KORSUNSKY I, MILLARD N, FAN J, et al. Fast, sensitive and accurate integration of single-cell data with Harmony[J]. *Nature Methods*, 2019, 16(12): 1289–1296.
- [18] SATIJAR, FARRELL J A, GENNERT D, et al. Spatial reconstruction of single-cell gene expression data[J]. *Nature Biotechnology*, 2015, 33(5): 495–502.
- [19] ASHBURNER M, BALL C A, BLAKE J A, et al. Gene Ontology: tool for the unification of biology[J]. *Nature Genetics*, 2000, 25(1): 25–29.
- [20] KANEHISAM. KEGG: Kyoto encyclopedia of genes and genomes[J]. *Nucleic Acids Research*, 2000, 28(1): 27–30.
- [21] JIN S Q, GUERRERO-JUAREZ C F, ZHANG L H, et al. Inference and analysis of cell-cell communication using CellChat[J]. *Nature Communications*, 2021, 12: 1088.
- [22] QIU X J, MAO Q, TANG Y, et al. Reversed graph embedding resolves complex single-cell trajectories[J]. *Nature Methods*, 2017, 14(10): 979–982.
- [23] TRAPNELL C, CACCHIARELLI D, GRIMSBY J, et al. The dynamics and regulators of cell fate decisions are revealed by pseudotemporal ordering of single cells[J]. *Nature Biotechnology*, 2014, 32(4): 381–386.
- [24] TRUONG A D, HONG Y, BAN J, et al. Analysis of differentially expressed genes in necrotic enteritis-infected fayoumi chickens using RNA sequencing[J]. *The Journal of Poultry Science*, 2017, 54(2): 121–133.
- [25] TU J H, LIU B G, LIN B J, et al. Single-cell transcriptomic atlas of the chicken cecum reveals cellular responses and state shifts during *Eimeria tenella* infection[J]. *BMC Genomics*, 2025, 26(1): 141.
- [26] XIAO Y Y, ZHANG Q, HUANG F, et al. Single-cell profiling of the pig cecum at various developmental stages[J]. *Zoological Research*, 2024, 45(1): 55–68.
- [27] YANG H S. Glucose and amino acid in enterocyte absorption metabolism and maturation[J]. *Frontiers in Bioscience*, 2018, 23(9): 1721–1739.
- [28] SANTAOLALLA R, ABREU M T. Innate immunity in the small intestine[J]. *Current Opinion in Gastroenterology*, 2012, 28(2): 124–129.
- [29] VAN ES J H, WIEBRANDS K, LÓPEZ-IGLESIAS C, et al. Enteroendocrine and tuft cells support Lgr5 stem cells on Paneth cell depletion[J]. *PNAS*, 2019, 116(52): 26599–26605.
- [30] 韦巍. 鸡坏死性肠炎的病因病机及治疗思路分析[J]. *畜牧兽医科技信息*, 2025(1): 188–190.
- [31] 欧兰欣. 鸡源G型产气荚膜梭菌对鸡胚胎上皮细胞损伤作用的研究[D]. 佛山: 佛山科学技术学院, 2024.
- [32] XIONG E M, LI Y Q, MIN Q, et al. MZB1 promotes the secretion of J-chain-containing dimeric IgA and is critical for the suppression of gut inflammation[J]. *PNAS*, 2019, 116(27): 13480–13489.

责任编辑: 邹慧玲