



叶以哲,夏宗群,娄佑武,等.微生物发酵秸秆日粮对湖羊育肥性能及其肠道微生物群落结构的影响[J].江西农业大学学报,2021,43(4):881-890.

YE Y Z,XIA Z Q,LOU Y W,et al.Effect of microbial fermentation feed on fattening performance,microflora communities of Huyang sheep[J].Acta Agriculturae Universitatis Jiangxiensis,2021,43(4):881-890.

微生物发酵秸秆日粮对湖羊育肥性能及其肠道微生物群落结构的影响

叶以哲¹,夏宗群^{2*},娄佑武²,王荣民²,管业坤²,
戴征煌²,张国生²,姜树林²,丁君辉^{2*}

(1.江西农业大学 江西省动物疫病防控制剂工程研究中心,江西 南昌 330045;2.江西省畜牧技术推广站,江西 南昌 330046)

摘要:【目的】微生物发酵饲料具有提高饲料适口性和消化率以及促进动物肠道微生态平衡等作用。基于微生物发酵秸秆日粮系统分析断奶湖羊育肥性能及其肠道微生物群落结构,为揭示微生物发酵饲料促进湖羊肠道微生态平衡的机理及进一步促进秸秆利用提供科学依据。【方法】试验采用生物发酵方法发酵饲料,试验选取36只月龄一致、体质量相近的湖羊公羊,随机分成3组,每组12只,分别为A组饲喂精料补充料+花生秸秆、B组饲喂发酵精料补充料+花生秸秆、C组饲喂精料补充料+发酵花生秸秆,各组置于相同环境中共同饲养54 d,试验结束后,统计计算试验过程中各组羊只的平均日采食量、平均日增重、料肉比等生长性能指标,每组随机选择6只羊采集粪便样本,采用高通量测序的方法测定各组羊只肠道微生物结构和丰度。【结果】饲喂发酵精料补充料有提高肉羊的生长性能的趋势,发酵花生秸秆可以改善适口性,能够明显提升试验羊只的采食量,同时可提高肉羊生长性能和饲料的转化率。与A组相比,C组的菌群丰度显著下降($P<0.05$);门水平中,*Firmicutes*和*Synergistetes*的相对丰度显著下降($P<0.05$),而*Parcubacteria*的相对丰度显著上升($P<0.05$);属水平中,*Clostridium* IV和*Flavonifractor*的相对丰度显著下降($P<0.05$)。【结论】饲喂发酵的花生秸秆,可以有效增加羊只的采食量,能在一定程度上提升肉羊生长性能;发酵花生秸秆中存在的大量乳酸菌,抑制了*Flavonifractor*等有害菌的生长,促进肠道微生态环境的健康,而健康的肠道环境使*Clostridium* XIVa能够正常发挥其功能。

关键词:发酵;湖羊;育肥;肠道微生物

中图分类号:S826 文献标志码:A 文章编号:1000-2286(2021)04-0881-10

Effect of Microbial Fermentation Feed on Fattening Performance, Microflora Communities of Huyang Sheep

YE Yizhe¹, XIA Zongqun^{2*}, LOU Youwu², WANG Rongmin², GUAN Yekun²,
DAI Zhenghuang², ZHANG Guosheng², JIANG Shulin², DING Junhui^{2*}

(1. Jiangxi Engineering Research Center for Animal Health Products, Jiangxi Agricultural University, Nanchang 330045, China; 2. Jiangxi Animal Husbandry Technology Extension Station, Nanchang 330046, China)

收稿日期:2021-01-24 修回日期:2021-03-26

基金项目:农业农村部农业(江西省草地畜牧业)重大技术协同推广计划(农办科[2018]16)和江西省农牧渔业指导性课题(NY2018013)

Project supported by the Key Technology in Agriculture (Grassland Livestock Husbandry in Jiangxi) ([2018]16) and the Guide Fund in Animal Husbandry and Fishery in Jiangxi Province in 2018 (NY2018013)

作者简介:叶以哲, orcid.org/0000-0002-3679-0302, 495795720@qq.com; *共同第一作者; *通信作者:丁君辉, 畜牧兽医师, 硕士, 主要从事动物营养与饲料科学、畜牧养殖技术推广研究, orcid.org/0000-0002-4759-8519, 863457237@qq.com。

Abstract: [Objective] Fermented microbial feed can improve the palatability and digestibility of feed and promote the balance of intestinal microecology of animals. Based on the microbial fermented straw diet system, the fattening performance and intestinal microbial community structure of weaned Hu sheep were analyzed to provide a scientific basis for revealing the mechanism of microbial fermented feed promoting intestinal microecological balance of Hu sheep and further promoting the utilization of straw. [Method] The feed was fermented by biological fermentation method. 36 Hu sheep of the same age and similar body weight were randomly divided into 3 groups with 12 in each group. The sheep in group A were fed with concentrate supplement and peanut straw, group B were fed with fermented concentrate supplement and peanut straw, and group C were fed with concentrate supplement and fermented peanut straw for 54 days. At the end of the experiment, the average daily feed intake, average daily gain, feed to meat ratio and other growth performance indexes of sheep in each group during the experiment were statistically calculated. Six sheep in each group were randomly selected to collect fecal samples, and the intestinal microbial structure and abundance of sheep in each group were determined by high-throughput sequencing method. [Result] The results showed that feeding fermented concentrate supplement tended to improve the growth performance of mutton sheep, and fermented peanut straw could improve palatability, feed intake, growth performance and feed conversion rate of mutton sheep. Compared with group A, the relative abundance of flora in group C decreased significantly ($P < 0.05$), the relative abundance of *Firmicutes* and *Synergistetes* decreased significantly ($P < 0.05$), while the relative abundance of *Parcubacteria* increased significantly ($P < 0.05$) at the gate level, and the relative abundance of *Clostridium* IV and *Flavonifractor* decreased significantly ($P < 0.05$) at the genus level. [Conclusion] Feeding fermented peanut straw can effectively increase the feed intake of sheep and improve the growth performance of mutton sheep to a certain extent. The crude fibers in the fermented peanut straw were decomposed into small molecules, which could be absorbed by the body without *Firmicutes* decomposition, leading to a decrease in the relative abundance of *Firmicutes*. A large number of lactic acid bacteria in fermented peanut stalks inhibited the growth of harmful bacteria such as *Flavonifractor* and promoted the health of intestinal microecological environment, which enabled *Clostridium XLVa* to perform its functions normally.

Keywords: microbial fermentation; Huyang sheep; fattening; microflora community

【研究意义】目前,我国肉羊的市场需求呈现出不断上升的趋势,湖羊以其肉质细腻、高蛋白、低胆固醇、低脂肪等特点,受到了广大养殖户和消费者的喜爱;同时,养殖湖羊具有较好的经济效益,近年来养殖规模不断扩大^[1]。江西省是农业大省,有着十分丰富的农作物秸秆资源。秸秆主要成分为纤维素、半纤维素和木质素等物质,部分营养物质能够被草食畜禽所利用,特别是经微生物发酵处理后,能降解其中的粗纤维类物质转变为动物易消化吸收的小分子类化合物,被草食动物较好的利用,提高饲料的营养价值和改善饲料适口性^[2]。江西省地处长江中下游南岸,属中亚热带湿润气候,有优越的光、热、水、土资源,花生种植得天独厚。花生是江西省主要的经济作物和油料作物,总产占全省油料总产的37.5%左右^[3]。因此,江西省花生秸秆资源非常丰富。然而,用于畜禽养殖的秸秆利用率不足10%。花生秸秆质地松软且富含各种营养物质,其中含有高水平的粗蛋白^[4]。【前人研究进展】潘月红等^[5]发现花生秸秆中还富含各种矿物质,可以弥补日粮中矿物质的不足,应用于畜禽生产具有广阔的前景。过往的研究表明,饲料中适量添加花生秸秆有利于瘤胃健康,提高羔羊生长性能,降低饲养成本^[6-8]。但花生秸秆适口性差、难以消化,用于畜禽养殖利用率不足10%,多数秸秆丢弃或焚烧,对环境产生了一定的污染。【本研究切入点】微生物发酵饲料具有提高饲料适口性和消化率以及促进肠道的微生态平衡等作用。研究表明,给湖羊饲喂微生物发酵的饲料可以显著增强其食欲、增加采食量、提升生长性能,且能改善其肉品质,提高肌肉中的蛋白质含量,降低脂肪含量^[9-12]。【拟解决的关键问题】试验旨在探讨断奶湖羊育肥日粮中添加经微生物发酵处理的花生秸秆或精料补充料对其育

肥性能的影响,以进一步促进花生秸秆在畜禽养殖中的利用,从而达到降低饲养成本,提高饲料利用效率,进而为解决人畜争粮造成的粮食安全和农作物废弃物产生环境污染等问题探索一条物质循环利用新途径提供科学依据。

1 材料与方法

1.1 试验时间与地点

试验从2019年11月至2020年1月,于江西亿合农业开发有限公司养殖场进行。

1.2 试验设计

选择健康无病、月龄一致、体质量相近的36只湖羊公羊,根据饲喂日粮不同随机分成3组进行舍饲育肥,分组详见表1。

表1 试验羊育肥分组
Tab.1 Groups of experimental fattening sheep

分组 Group	数量/只 Number	处理 Treatment
A组 Group A	12	精料补充料+花生秸秆
B组 Group B	12	精料补充料(添加1.2%生物菌剂)+花生秸秆
C组 Group C	12	精料补充料+发酵花生秸秆

1.3 试验日粮

1.3.1 精料补充料及其发酵 精料补充料采用市售郑州六品农牧有限公司生产的育肥羊配合饲料。发酵步骤:准确称取精料补充料,添加1.2%生物菌剂(来源于南昌益菌康饲料科技有限公司生产,主要成分枯草芽孢杆菌(有效活菌 $\geq 1.0 \times 10^6$),粪肠球菌($\geq 2.0 \times 10^7$),酿酒酵母($\geq 1.0 \times 10^6$),植物乳杆菌($\geq 2.0 \times 10^7$),混匀后静置发酵30 min后进行饲喂。

1.3.2 花生秸秆发酵 准备花生秸秆300 kg,生物菌剂(同1.3.1)6 kg,步骤:先取100 g花生秸秆检测其含水量(经测定含水量为9.9%),再采用均匀洒水方式(边洒边用铁锹翻动,使水分与花生秸秆混合充分),调节花生秸秆含水量至50%~60%,通过计算,共需加水约287.5 kg。再次将花生秸秆翻动混匀,边翻动边洒菌剂,充分混匀。再以30 cm为层高,分层撒施菌剂,分层踩实,最后盖薄膜,四周压实密封,厌氧发酵14 d后开始饲喂并采样送检。

1.3.3 日粮营养成分 试验日粮主要营养成分见表2。

表2 试验日粮
Tab.2 Daily feeding of test

项目 Item	精料补充料/% Concentrate supplement	花生秸秆/% Peanut straw	发酵花生秸秆/% Fermented peanut straw
水分 Moisture	10.9	9.9	56.1
粗蛋白 Crude protein	14.4	7.26	7.92
粗纤维 Crude fiber	12.6		
中性洗涤纤维 Neutral detergent fibre		46.02	47.19
酸性洗涤纤维 Acid detergent fibre		36.93	34.62
钙 Calcium	0.46		
总磷 Total phosphorus	0.43		

日粮营养成分为实测值。

Nutrient compositions of the diet are measured values.

1.4 饲养管理

预试期按常规进行防疫注射、驱虫,期间各组以试验日粮逐渐替代原饲喂日粮,每5 d替换1/3原日粮,直至完全饲喂试验日粮即开始正试期。正试期54 d。试验采取全舍饲强度育肥方式,定量喂食、自由饮水。早晚各补饲1次,饲喂量参照“NY/T816肉羊饲养标准”(精料量:各组肉羊精料喂量保持一致,试验开始时每只羊630 g/d,随后前31 d日喂量每隔6 d增加100 g/只,后23 d日喂量以820 g/只定量饲

喂;粗饲料喂量:各组根据采食情况适时调整,全期精粗比大约控制在 6:4,发酵花生秸秆含水量 50%~60%,以干物质为基础折算成普通花生秸秆后称取饲喂,各组全期日粮干物质采食量保持一致),其余均按正常生产操作规程进行饲养。

1.5 测定指标及方法

1.5.1 生长性能测定指标及方法 每天观察羊只采食情况,并做好记录。每日清晨准确称取日粮饲喂,喂料前清除各组饲槽余料进行称量,统计各组羊前一日精料及粗饲料日采食量,做好记录;试验第 1 天、31 天、54 天时,各组肉羊空腹 12 h 进行个体称量,并计算各组每只羊的平均日采食量、日增重,料肉比等,同时记录试验过程中试验羊的发病以及死亡情况。

1.5.2 肠道微生物 16S rRNA 测定 试验结束后,每组随机选择 6 只羊,采取其粪便样本,送往上海生工生物公司进行 16S rDNA 高通量测序,根据反馈的数据,比较分析各试验组之间肠道微生物群落的差异。

1.6 数据分析方法

试验数据使用 Usearch、R、Krona 等软件进行绘图,使用 STAMP 软件进行差异性分析,采用 Fisher exact test、Welch's t-test、T-test 方法进行检验,最后将检验得到的 P 值采用 FDR 做 Multiple test correction 得到 q 值,结果以 $P<0.05$ 作为显著性差异的标准。

2 结果与分析

2.1 不同发酵日粮对湖羊生长性能的作用

由表 3 可见,各组精料日采食量在各阶段基本一致;粗饲料日采食量在各阶段均以 C 组最高,折合干物质采食量各阶段均以 C 组最低,全期来看,C 组粗饲料采食量比 A 组和 B 组分别高了 65.13% 和 66.62%,折合干物质采食量比 A 组和 B 组分别低 7.45% 和 7.25%;各组在各阶段平均日增重差异不显著,均以 A 组最低,其中前期以 B 组最高,比 A 组高 5.93% ($P>0.05$),后期及全期则以 C 组最高,分别比 A 组高 19.48% 及 8.33% ($P>0.05$),另外,较之前期,A 组和 B 组后期日增重降低明显,而 C 组后期日增重降幅相对较小;各组料肉比在各阶段均以 C 组最低,A 组最高,C 组在前期、后期及全期料肉比分别比 A 组低 11.93%、19.15% 及 14.61%。

表 3 生长性能指标
Tab.3 Growth performance indexes

阶段 Stage	组别 Group	精料日采量/g Daily concentrate intake	粗饲料日采食/g Daily roughage intake	折合干物质日采食量/g Dry matter daily intake	平均日增重/g Average daily gain	料肉比 Feed conversion ratio
前期(31 d)	A 组	836.96	484.41	1 182.19	185.48±43.60	6.37
Early stage(31 d)	B 组	836.96	485.22	1 182.91	196.48±42.56	6.02
	C 组	836.96	710.48	1 057.64	188.39±52.40	5.61
后期(23 d)	A 组	820.00	532.61	1 210.50	151.74±28.14	7.98
Late stage(23 d)	B 组	824.11	520.95	1 203.66	164.82±43.15	7.30
	C 组	820.00	1 000.00	1 169.62	181.30±47.67	6.45
全期(54 d)	A 组	829.74	504.94	1 194.25	171.11±35.62	6.98
Full stage(54 d)	B 组	831.49	500.43	1 191.75	183.00±29.65	6.51
	C 组	829.74	833.80	1 105.33	185.37±42.41	5.96

料肉比为折合干物质日采食量与日增重之比。

Feed to meat ratio is the ratio of daily dry matter intake to daily gain.

2.2 不同发酵日粮对湖羊肠道微生物组成的影响

2.2.1 羊肠道微生物多样性分析 根据 16S rDNA 高通量测序的结果,对 3 个分组的肠道微生物 α 多样性进行分析,如表 4 所示,Shannon 和 Simpson 指数表明,3 个分组的肠道菌群多样性均无显著性差异。

ACE 和 Chao1 指数的变化具有统计学意义,A 组的菌群丰度显著高于 C 组,而 A 组与 B 组,B 组与 C 组之间的菌群丰度并无显著性差异。同时使用主成分分析 PCoA 分析法进行 β 多样性分析,结果如图 1 所示,不同分组的样品相互之间并没有完全重叠,说明饲喂发酵的精料补充料或花生秸秆均可以改变肉羊肠道菌群结构。

表 4 Alpha 多样性统计
Tab.4 Alpha diversity statistics chart

样品 Sample	Shannon 指数 Shannon	ACE 指数 ACE	Chao1 指数 Chao1	Coverage 指数 Coverage	Simpson 指数 Simpson
A1	5.60	8 145.51	5 763.56	0.97	0.99
A2	5.24	6 958.67	5 104.60	0.97	0.98
A3	5.44	6 868.42	5 142.57	0.97	0.99
A4	5.30	7 051.77	5 165.61	0.97	0.98
A5	5.49	7 559.03	5 449.39	0.97	0.99
A6	5.74	8 135.40	5 636.77	0.97	0.99
B1	5.05	5 077.88	3 530.00	0.97	0.98
B2	5.57	6 311.47	4 431.62	0.97	0.99
B3	5.14	7 252.88	5 163.77	0.97	0.98
B4	5.32	6 503.17	4 625.01	0.98	0.98
B5	5.39	5 617.09	4 082.14	0.98	0.99
B6	5.17	7 268.76	5 196.85	0.97	0.98
C1	5.37	6 614.72	4 814.70	0.97	0.98
C2	5.40	6 478.65	4 715.59	0.98	0.98
C3	5.06	6 732.40	5 014.30	0.98	0.97
C4	4.94	2 616.00	2 479.00	1.00	0.98
C5	4.99	6 922.19	4 792.31	0.97	0.96
C6	5.34	6 568.54	4 642.52	0.97	0.99

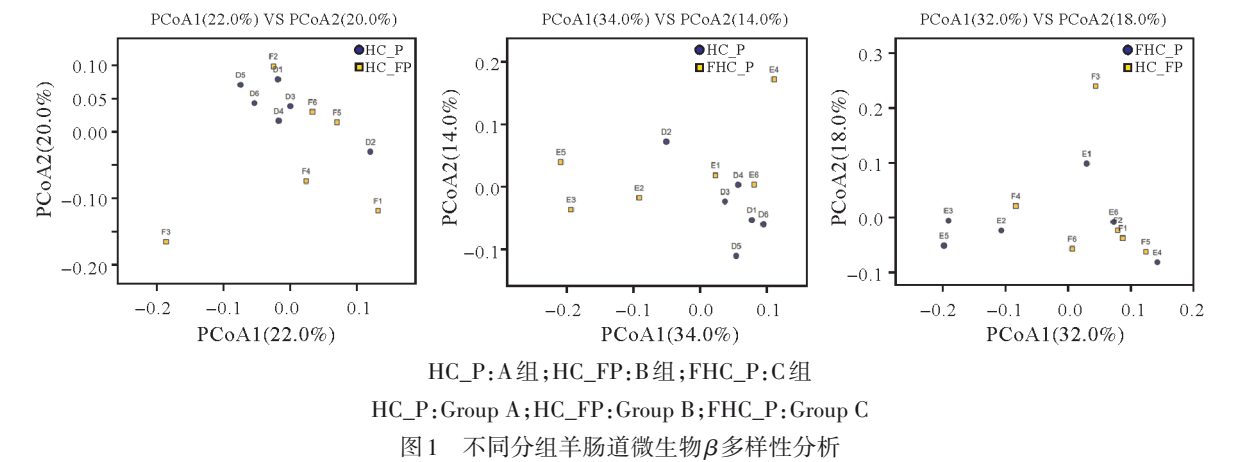


图 1 不同分组羊肠道微生物 β 多样性分析

Fig.1 Analysis of β diversity of gut microbes in different experimental groups

2.2.2 基于门分类水平的物种分析 根据测序结果,在微生物的门水平对样品进行分析,使用统计学的分析方法,观测样品在门水平上的群落结构,并将 3 组的群落结构分析放在一起对比,基于群落结构组分分析结果发现,*Firmicutes*、*Bacteroidetes*、*Verrucomicrobia*、*Proteobacteria*、*Actinobacteri* 是羊肠道微生物中最主要的细菌,其中 *Firmicutes* 和 *Bacteroidetes* 是优势菌属,相对丰度远远高于其他菌属。根据物种分类结果,比较组间丰度差异,找出组间丰度存在显著差异的物种分类,基于组间菌群丰度差异分析结果发现,

与 A 组相比,B 组和 C 组中 *Firmicutes* 的相对丰度均显著下降;C 组的 *Synergistetes* 以及 *Parcubacteria* 的相对丰度显著低于 A 组;B 组的 *Parcubacteria* 和 *Atribacteria* 的相对丰度显著低于 C 组(图 2 和表 5)。

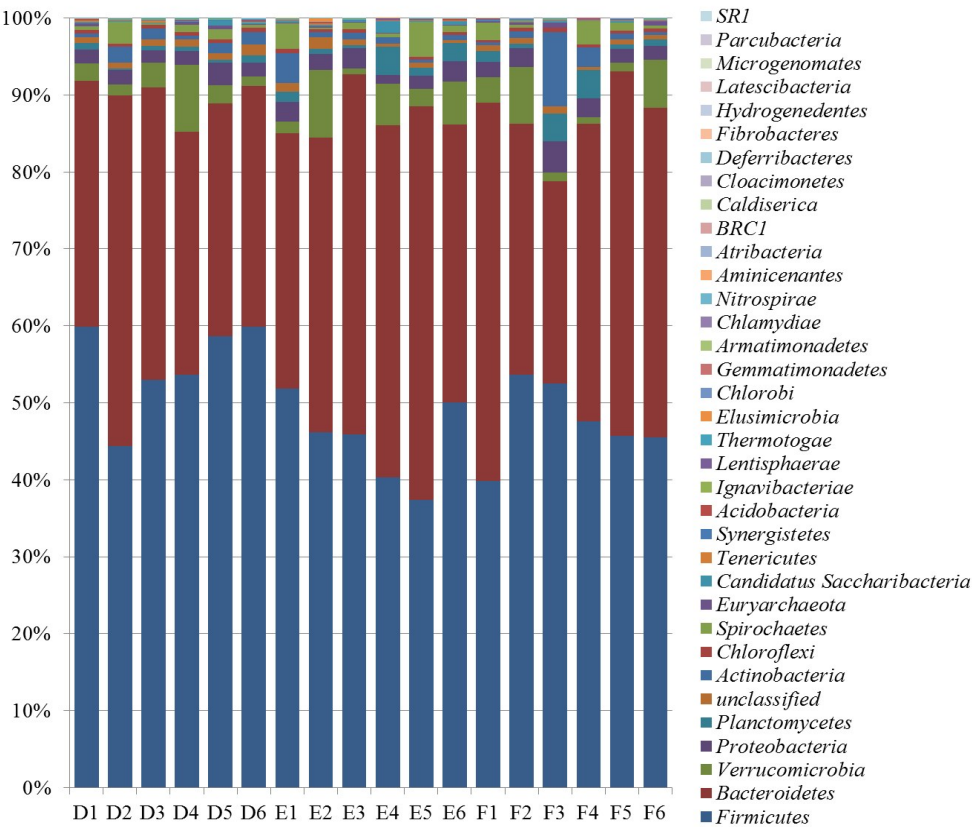


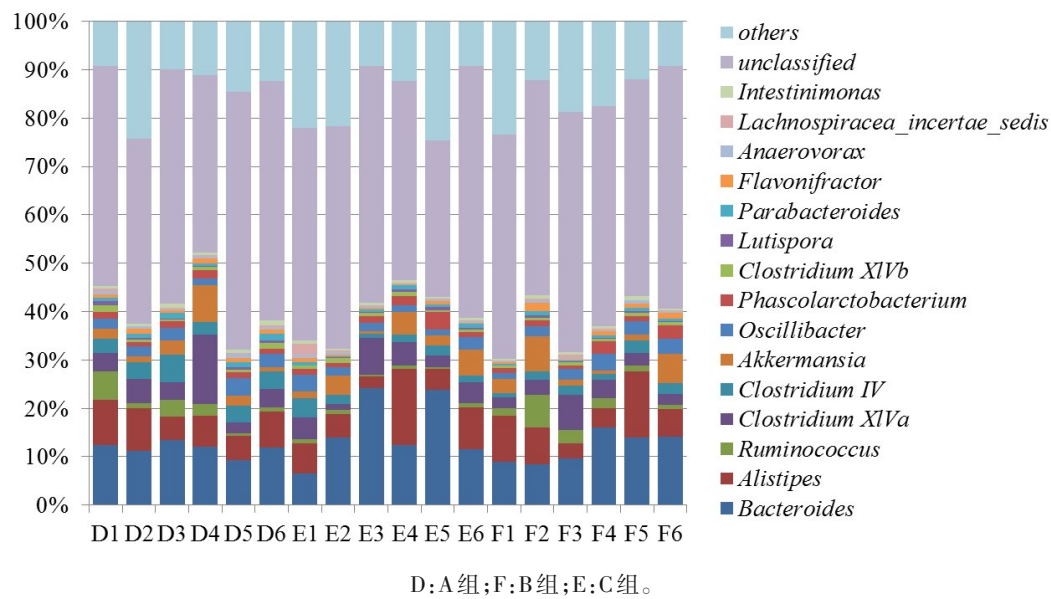
图 2 各分组样品在门水平上的相对丰度
Fig.2 The relative abundance of each grouping sample at the gate level

表 5 门水平上不同分组具有显著差异的菌种
Tab.5 Strains with significant differences in different groups at the phylum level

菌种 Bacteria	丰度比例/% Abundance ratio			差异性分析(P 值) Difference analysis (P value)		
	A	B	C	A vs B	A vs C	B vs C
<i>Firmicutes</i>	54.903	45.277	47.445	0.043*	0.016*	0.496
<i>Synergistetes</i>	0.091	0.065	0.071	0.102	0.041*	0.594
<i>Parcubacteria</i>	0.004	0.001	0.003	0.550	0.003**	0.004**
<i>Atribacteria</i>	0.002	0	0.003	0.526	0.199	0.049*

“*”表示差异显著($P<0.05$),“**”表示差异极显著($P<0.01$)。
“*” means significant at $P<0.05$,“**” means significant at $P<0.01$.

2.2.3 基于属分类水平的物种分析 根据测序结果,在微生物的属水平对样品进行分析,分析方法同门水平,基于群落结构组分分析结果发现,按相对丰度从高到低排列前 6 属分别为 *Bacteroides*、*Alistipes*、*Clostridium* XIVa、*Akkermansia*、*Oscillibacter*、*Paraprevotella*。基于组间菌群丰度差异分析结果发现,在属水平上看,各组之间相对丰度较高的几种优势菌属并无明显差异,A 组与 B 组之间 *Anaerofustis*、*Brevundimonas*、*Terrimicrobium* 等菌属间存在显著性差异,其中 A 组中相对丰度较高的 *Clostridium* IV 和 *Parabacteroides* 的相对丰度显著高于 B 组,A 组与 C 组之间 *Clostridium* IV、*Aquabacterium*、*Bacillus* 等菌属间存在显著性差异,其中相对丰度比例较高的 *Clostridium* IV 以及 *Flavonifractor* 的相对丰度显著高于 C 组(图 3 和表 6)。B 组与 C 组之间 *Brevundimonas*、*Atopobium*、*Aquabacterium* 等菌属间存在显著性差异,但因其相对丰度均较低($<0.5\%$),故暂不讨论。



D: A 组;F: B 组;E: C 组。
D: Group A;F: Group B;E: Group C.

图 3 各分组样品在属水平上的相对丰度
Fig.3 Relative abundance of samples in each group at the genus level

表 6 属水平上不同分组具有显著差异的菌种

菌种 Bacteria	丰度比例/%			差异性分析(P 值)		
	Abundance ratio abundance ratio			Difference analysis (P value)		
	A	B	C	A vs B	A vs C	B vs C
<i>Anaerofustis</i>	0.005	0.001	0.002	0.001***	0.079	0.214
<i>Brevundimonas</i>	0.004	0	0.002	0.005**	0.302	0.044*
<i>Terrimicrobium</i>	0.005	0.001	0.003	0.006**	0.537	0.488
<i>Clostridium IV</i>	3.586	1.804	1.963	0.008**	0.027*	0.770
<i>Butyricimonas</i>	0.026	0.058	0.046	0.012*	0.087	0.306
<i>Atopobium</i>	0.003	0	0.006	0.016*	0.214	0.026*
<i>Clostridium sensu stricto</i>	0.486	0.367	0.325	0.016*	0.062	0.567
<i>Syntrophococcus</i>	0.006	0.002	0.007	0.016*	0.824	0.056
<i>Streptococcus</i>	0.032	0.021	0.023	0.017*	0.181	0.689
<i>Gp7</i>	0.006	0.002	0.003	0.022*	0.137	0.530
<i>Acetatifactor</i>	0.021	0.009	0.015	0.025*	0.286	0.224
<i>Parabacteroides</i>	0.933	0.525	0.610	0.030*	0.079	0.582
<i>Dokdonella</i>	0.045	0.032	0.032	0.031*	0.165	0.971
<i>Roseburia</i>	0.131	0.093	0.103	0.034*	0.316	0.741
<i>Butyricicoccus</i>	0.201	0.092	0.256	0.040*	0.545	0.091
<i>Coprothermobacter</i>	0.026	0.017	0.016	0.041*	0.066	0.685
<i>Murimonas</i>	0.009	0.002	0.006	0.041*	0.253	0.156
<i>Aminivibrio</i>	0.010	0.005	0.005	0.043*	0.083	0.854
<i>Stomatobaculum</i>	0.026	0.010	0.044	0.044*	0.318	0.088
<i>Insolitispirillum</i>	0.001	0.003	0.005	0.044*	0.057	0.426
<i>Aquabacterium</i>	0.007	0.006	0.002	0.563	0.002**	0.028*
<i>Parcubacteria_genera_incertae_sedis</i>	0.004	0.003	0.001	0.550	0.003**	0.004**
<i>Bacillus</i>	0.003	0.001	0.013	0.125	0.005**	0.002**

续表 Continued tab.

菌种 Bacteria	丰度比例/%			差异性分析(P值)		
	Abundance ratio abundance ratio			Difference analysis (P value)		
	A	B	C	A vs B	A vs C	B vs C
<i>Desulfobulbus</i>	0.009	0.005	0.003	0.079	0.006**	0.310
<i>Ottowia</i>	0.007	0.009	0.002	0.359	0.011*	0.004**
<i>Phenylobacterium</i>	0.011	0.008	0.004	0.143	0.015*	0.020*
<i>Oligosphaera</i>	0.002	0.001	0	0.355	0.019*	0.212
<i>Pseudolabrys</i>	0.003	0.003	0.001	0.600	0.020*	0.104
<i>Macellibacteroides</i>	0.004	0.012	0.011	0.165	0.020*	0.774
<i>Flavonifractor</i>	0.864	0.877	0.425	0.962	0.020*	0.134
<i>Steroidobacter</i>	0.002	0.001	0	0.161	0.028*	0.709
<i>Algoriphagus</i>	0.016	0.014	0.007	0.553	0.031*	0.084
<i>Hyphomicrobium</i>	0.006	0.004	0.003	0.189	0.032*	0.318
<i>Prostheobacter</i>	0	0.002	0.001	0.148	0.035*	0.933
<i>Tabrizicola</i>	0.003	0.002	0	0.575	0.043*	0.134
<i>Sedimentibacter</i>	0.003	0.001	0.001	0.287	0.043*	0.387
<i>Vampirovibrio</i>	0.115	0.160	0.208	0.366	0.048*	0.326
<i>Syntrophaceticus</i>	0.003	0.002	0	0.667	0.048*	0.011*
<i>Gallicola</i>	0.036	0.005	0.004	0.058	0.050*	0.735
<i>Anaerotruncus</i>	0.247	0.194	0.050	0.474	0.025*	0.003**
<i>Olsenella</i>	0.033	0.005	0.025	0.054	0.543	0.003**
<i>Arcanobacterium</i>	0.064	0.027	0.005	0.328	0.141	0.037*
<i>Adlercreutzia</i>	0.005	0.002	0.011	0.271	0.150	0.038*
<i>Atribacteria_genera_incertae_sedis</i>	0.002	0.003	0	0.526	0.199	0.049*

“*”表示差异显著($P<0.05$),“**”表示差异显著($P<0.01$),“***”表示差异显著($P<0.001$)。

“*”means significant at $P<0.05$, “**” means significant at $P<0.01$, “***” means significant at $P<0.001$.

3 讨论与分析

3.1 不同发酵日粮对湖羊生长性能的作用

试验中,B组各阶段采食量及干物质采食量与A组基本一致,而平均日增重在前期、后期及全期分别比A组高5.93%、8.62%及6.95%,但差异不显著,说明饲喂发酵精料补充料有提高肉羊的生长性能的趋势。C组的日采食量(粗饲料)明显高于A组和B组,说明发酵的花生秸秆适口性较好,可以明显增强肉羊的食欲,提高采食量,该结果与曲强^[9]的研究结果一致,而折合干物质采食量、料肉比均以试验C组最低,且全期平均日增重以C组最高,说明发酵花生秸秆对提高肉羊生长性能和饲料的转化率有一定影响,但与前人的实验结果相比生长性能的提升效果并不显著,其原因可能与日粮组成中精料补充料与花生秸秆的比例有关,高旭红等^[10]的研究表明,随着发酵杏鲍菇菌糠饲料添加比例的增加,试验羊的生产性能下降,Abdou等^[13]发现以20%花生秸秆与浓缩料混合饲喂可以达到最大日增重,表明发酵秸秆饲料的使用需要一个合适的比例,才能有效提高羊的生长性能。

3.2 不同发酵日粮对湖羊肠道微生物组成的影响

采用Illumina MiSeq测序技术,对试验羊的肠道菌群进行了检测,测序结果表明试验羊肠道内 *Firmicutes* 和 *Bacteroidetes* 是肠道内的优势菌群,该结果与Oikonomou等^[14]的研究结果相同。通过对肠道菌群的 α 多样性进行分析,发现饲喂不同的发酵日粮并没有明显改变肠道菌群的多样性,但饲喂发酵的花生秸秆可以显著降低肠道菌群的菌属丰度,试验中C组的菌群丰度显著低于A组,其原因可能是粗饲料发酵过程中存在的大量乳酸菌抑制了肠道内有害菌的生长,促进了肠道内微生态平衡,因此导致了菌群

丰度的显著下降^[15]。此外, β 多样性分析的结果表明饲喂不同的发酵日粮均会对肠道菌群的菌属结构产生一定的影响。

基于微生物的门水平对试验结果进行分析,B组和C组中 *Firmicutes* 的相对丰度均显著低于A组,过往的研究表明 *Firmicutes* 是促进宿主胃肠道微生物分解纤维素的最主要菌群^[16-17],试验中饲料经微生物发酵后,其中的粗纤维类物质转变成动物易消化吸收的小分子物质,饲料中需要分解的纤维素含量降低,最终导致了肠道内 *Firmicutes* 的相对丰度下降。

基于微生物的属水平对试验结果进行分析, *Bacteroides*、*Alistipes*、*Clostridium XIVa* 是试验羊肠道内的优势菌属,研究表明 *Bacteroides* 在维持肠道菌群平衡方面有十分重要的作用,而 *Alistipes* 则能够提高机体免疫力^[18-19],说明这两种优势菌属共同维持了肠道的微生态平衡。试验结果表明A组中 *Clostridium IV* 的相对丰度显著高于B组和C组,有文献发现, *Clostridium IV* 在功能上可以部分弥补 *Clostridium XIVa* 的不足^[20],而研究表明 *Clostridium XIVa* 具有粘附蛋白以及能够参与肠道代谢反应的功能^[21-22],与羊的肠道健康密切相关,说明B组和C组与A组相比,试验羊只的肠道相对健康, *Clostridium XIVa* 能够正常发挥其功能,不需要 *Clostridium IV* 来弥补功能的不足,使得 *Clostridium IV* 的相对丰度显著下降。此外,A组中 *Flavonifractor* 的相对丰度显著高于C组,而相关文献则表明 *Flavonifractor* 具有潜在的促炎作用^[23],该结果可能是由于发酵的花生秸秆中存在的大量乳酸菌,抑制了 *Flavonifractor* 的生长,最终导致了 *Flavonifractor* 的相对丰度降低。

4 结 论

综上所述,饲喂发酵精料补充料有提高肉羊的生长性能的趋势,发酵的花生秸秆可以改善适口性,一定程度上可以提高肉羊生长性能和饲料的转化率;发酵的花生秸秆中粗纤维类物质被分解成小分子物质,无需经过 *Firmicutes* 分解便可被机体吸收,使得 *Firmicutes* 的相对丰度下降;此外,发酵花生秸秆中存在的大量乳酸菌,抑制了 *Flavonifractor* 等有害菌的生长,促进肠道微生态环境的健康,而健康的肠道环境使 *Clostridium XIVa* 能够正常发挥其功能。

参考文献 References:

- [1] 秦贵荣.大力发展肉山羊业促进白碌乡奔小康[J].中国畜禽种业,2020,16(4):34.
QIN G R.Vigorously develop meat and goat industry to promote the White Lulu Township to rush off[J].The Chinese livestock and poultry breeding,2020,16(4):34.
- [2] 张杰平,陈亮.秸秆饲料的利用价值及加工技术[J].当代畜禽养殖业,2020(5):60.
ZHANG J P, CHEN L.The utilization value and processing technology of straw feed [J]. Modern animal husbandy, 2020(5):60.
- [3] 黄梅梅,骆赞磊,孙明珠.江西省花生生产现状与发展对策[J].江西农业,2013(2):15-16.
HUANG M M, LUO Z L, SUN M Z.Current situation and development countermeasures of peanut production in Jiangxi Province[J].Jiangxi agriculture,2013(2):15-16.
- [4] 王庆东,赵婧伊,赵林萍,等.14个花生品种秸秆的营养品质分析[J].中国饲料,2019(7):75-78.
WANG Q D, ZHAO Q Y, ZHAO L P, et al.Analysis on the nutrition quality of straw of 14 peanut varieties[J].China feed, 2019(7):75-78.
- [5] 潘月红,钱贵霞.中国花生生产现状及发展趋势[J].中国食物与营养,2014,20(10):18-21.
PAN Y H, QIAN G X.Current Situation and Development Trend of Peanut Production in China[J].Food and nutrition in China,2014,20(10):18-21.
- [6] 刘庆华,聂芙蓉,毛秋月,等.花生秧养分及其在绵羊瘤胃内降解规律的研究[J].中国草食动物,2008(4):37-39.
LIU Q H, NEI F R, MAO Q Y, et al.Study on the development of rumen in sheep[J].China herbivore science,2008(4):37-39.
- [7] 宋琼莉,邹志恒,谢金防,等.稻草和花生藤配合不同精料舍饲育肥羔羊对生产性能的影响[J].中国草食动物,2006(1):32-33.
SONG Q L, ZOU Z H, XIE J F, et al.Effects of straw and peanut vine combined with different concentrate feeding on lambs' production performance[J].China herbivore science,2006(1):32-33.

- [8] 赫英飞.不同粗饲料配比对奶牛消化代谢和生产性能的影响[D].哈尔滨:东北农业大学,2007.
HAO Y F.Effects of different roughage ratio on digestion, metabolism and performance of dairy cows [D].Heilongjiang: Northeast Agricultural University, 2007.
- [9] 曲强.平菇菌糠饲料发酵研究及绒山羊饲喂试验[J].辽宁农业职业技术学院学报, 2018, 20(1): 16-18.
QU Q.Study on the fermentation of mushroom chaff feed and the feeding experiment of cashmere goats [J].Journal of Liaoning agricultural technical college, 2018, 20(1): 16-18.
- [10] 高旭红, 窦林敏, 李佳腾, 等.杏鲍菇菌糠饲料的发酵条件及其对山羊的饲喂效果[J].动物营养学报, 2018, 30(5): 1973-1980.
GAO X H, DOU L M, LI J T, et al.Fermentation conditions of *Pleurotus eryngii* bran feed and its feeding effect on goats [J].Chinese journal of animal nutrition, 2018, 30(5): 1973-1980.
- [11] 彭忠利, 郭春华, 柏雪, 等.微生物发酵饲料对乐至黑山羊生产性能、养分消化率与血液生化指标的影响[J].中国农业科技导报, 2013, 15(5): 106-113.
PENG Z L, GUO C H, BAI X, et al.Effects of microbial fermented feed on performance, nutrient digestibility and blood biochemical indices of Leshi black goats [J].China agricultural science and technology, 2013, 15(5): 106-113.
- [12] 梁榕旺.玉米秸秆青贮/稻草对肉山羊生产性能、肉质及血液生化指标的影响[D].扬州:扬州大学, 2010.
LIANG R W.Effects of corn straw silage on performance, meat quality and blood biochemical indexes of meat goats [D].Yangzhou: Yangzhou University, 2010.
- [13] ABDON N, NSAH LAI I V, CHIMONYO M.Effects of groundnut haulms supplementation on millet stover intake, digestibility and growth performance of lambs [J].Animal feed science and technology, 2011, 169(3/4): 176-184.
- [14] OIKONOMOU G, TEIXEIRA A G, FODITSCH C, et al.Fecal microbial diversity in pre-weaned dairy calves as described by pyrosequencing of metagenomic 16S rDNA. Associations of *Faecalibacterium* species with health and growth [J].PLoS one, 2013, 8(4): e63157.
- [15] CHAPLIN S B.Effect of cecectomy on water and nutrient absorption of birds [J].Journal of experimental zoology part a ecological genetics & physiology, 2010, 322(S3): 81-86.
- [16] PATEL V, PATEL A K, PARMAR N R, et al.Characterization of the rumen microbiome of Indian Kankrej cattle (*Bos indicus*) adapted to different forage diet [J].Applied microbiology and biotechnology, 2014, 98(23): 9749-9761.
- [17] CÉCILE MILITON, OLFA HAMDI, VALÉRIE MICHOTÉY, et al.Ecological significance of Synergistetes in the biological treatment of tuna cooking wastewater by an anaerobic sequencing batch reactor [J].Environmental science and pollution research, 2015, 22(22): 18230-18238.
- [18] 许奇, 王刚, 田丰伟, 等.乳杆菌调节肠道屏障实验模型的研究进展[J].食品与发酵工业, 2016, 42(2): 252-258.
XU Q, WANG G, TIAN F W, et al.Research progress in experimental model of *Lactobacillus* regulating intestinal barrier [J].Food and fermentation industries, 2016, 42(2): 252-258.
- [19] HIDA N, DZUTSEV A, STEWART C A, et al.Commensal bacteria control cancer response to therapy by modulating the tumor microenvironment [J].Science, 2013, 342(6161): 967-970.
- [20] 吴海丽.不同季节圈养岩羊肠道微生物的多样性分析[J].中国动物传染病学报, 2020, 28(4): 71-78.
WU H L.Analysis of the diversity of intestinal microorganism of captive sheep in different season [J].Chinese journal of animal infectious diseases, 2020, 28(4): 71-78.
- [21] VAN DEN ABEELE P, BELZER C, GOOSSENS M, et al.Butyrate-producing *Clostridium* cluster XIVa species specifically colonize mucins in an in vitro gut model [J].ISME J, 2013, 7(5): 949-961.
- [22] MURAKAMI M, IWAMOTO J, HONDA A, et al.Detection of gut dysbiosis due to reduced *Clostridium* subcluster XIVa using the fecal or serum bile acid profile [J].Inflamm bowel dis, 2018, 24(5): 1035-1044.
- [23] RICHARD T L, AISLINN D ROWAN-NASH, ANA E SHEEHAN, et al.Reductions in anti-inflammatory gut bacteria are associated with depression in a sample of young adults [J].Brain, behavior, and immunity, 2020, 88: 308-324.