

益生菌复合发酵饲料对断奶仔猪生长性能、抗氧化应激和粪便菌群结构的影响

安瑞, 杨坤, 冉波, 王言, 陶璇, 龚建军*, 陈晓晖*

(四川省畜牧科学研究院, 动物遗传育种四川省重点实验室, 四川成都 610066)

摘要: 本研究旨在探讨饲喂益生菌复合固态发酵饲料对断奶仔猪生长性能、抗氧化指标、免疫指标、粪便菌群结构及短链脂肪酸含量的影响。试验选择 36 头体重相近、35 日龄的川乡黑猪断奶仔猪, 随机分为 3 组, 每组 12 个重复, 每个重复 1 头猪。对照组饲喂基础饲料, 25% 发酵饲料组饲喂 75% 基础饲料 + 25% 发酵饲料, 50% 发酵饲料组饲喂 50% 基础饲料 + 50% 发酵饲料, 试验期为 28 d。结果表明: 与对照组和 50% 发酵饲料组相比, 25% 发酵饲料组仔猪平均日增重 (ADG) 增加、耗料增重比 (F/G) 降低 ($P < 0.05$), 血清总抗氧化能力 (T-AOC)、总超氧化物歧化酶 (T-SOD) 活性和免疫球蛋白 M (IgM) 含量升高 ($P < 0.05$); 与对照组相比, 发酵饲料组仔猪葡萄糖 (Glu)、血清免疫球蛋白 A (IgA) 含量提高 ($P < 0.05$), 血清甘油三酯 (TG) 含量和碱性磷酸酶 (ALP) 活性均降低 ($P < 0.05$); 粪便微生物分析结果显示, 发酵饲料组厚壁菌门 (Firmicutes)、乳杆菌属 (*Lactobacillus*)、狭义梭菌属 1 (*Clostridium sensu stricto 1*) 等丰度增加, 链球菌属 (*Streptococcus*) 相对丰度降低; 50% 发酵饲料组变形菌门 (Proteobacteria)、不动杆菌属 (*Acinetobacter*) 等丰度增加, 普雷沃氏菌属 NK3B31 (*Prevotellaceae NK3B31*) 相对丰度降低 ($P < 0.05$); 与对照组相比, 发酵饲料组仔猪粪样中乙酸、丙酸含量提高 ($P < 0.01$), 25% 发酵饲料组丁酸和异丁酸含量高于对照组和 50% 发酵饲料组 ($P < 0.05$)。本试验条件下, 饲料中添加 25% 发酵饲料可增强抗氧化能力和免疫功能, 优化肠道菌群结构并提高短链脂肪酸含量, 对提高仔猪生长性能更为有利。

关键词: 益生菌复合发酵饲料; 生长性能; 肠道菌群; 短链脂肪酸; 断奶仔猪

中图分类号: S828.5

文献标识码: A

DOI 编号: 10.19556/j.0258-7033.20241230-08

在畜禽生产中, 断奶仔猪健康、快速的生长直接关系到养殖场的生产效益。仔猪断奶时因环境改变和饲料更换等因素, 容易引发断奶应激。同时, 仔猪断奶易造成仔猪肠道菌群失衡, 病原菌定植风险增加, 严重影响仔猪的健康生长^[1]。近年来, 开发益生菌发酵饲料以改善仔猪断奶应激和肠道健康逐渐成为行业共识^[2]。研究

收稿日期: 2024-12-30; 修回日期: 2025-05-19

资助项目: 国家重点研发项目 (2021YFD1301101); 国家现代农业产业技术体系项目 (CARS-35); 省重大科技专项项目 (2021ZDZX0011)

作者简介: 安瑞 (1994-), 女, 云南楚雄人, 硕士, 助理研究员, 研究方向为动物营养与饲料科学, E-mail: 1466789153@qq.com

*通信作者: 陈晓晖 (1969-), 女, 重庆涪陵人, 学士, 研究员, 研究方向为动物营养与饲料加工, E-mail: 724782296@qq.com; 龚建军 (1971-), 男, 四川安岳人, 学士, 研究员, 研究方向为猪遗传育种与猪舍环境控制, E-mail: 460616227@qq.com

表明, 发酵饲料可提高饲料的营养价值和利用率, 增加动物肠道有益菌群定植, 调节肠道健康^[3]。乳杆菌、芽孢杆菌和酵母菌是当前发酵饲料中最常用的菌种^[4]。乳杆菌具有降低饲料 pH, 抑制病原菌生长, 维护肠道菌群结构等功能, 其创造的酸性环境有利于酵母菌的增殖^[5-6]。酿酒酵母在发酵过程中, 通过酶解反应将饲料中的大分子物质降解为小分子物质, 不仅可满足自身及乳酸菌的营养需求, 同时可提高饲料利用率^[7]。枯草芽孢杆菌通过代谢产物促进肠道内优势菌群及益生菌 (如乳酸菌) 的增殖, 并在发酵过程中创造厌氧环境, 利于益生菌生长, 是理想的发酵菌种^[8-9]。这 3 种发酵菌种具有相互促进和相互补充的生长条件, 使其复合发酵的效果优于单独添加。目前, 多菌种复合发酵饲料在生长育肥猪上的应用研究较多, 但在发酵全价饲料及对断奶仔猪肠道菌群及其代谢产物的影响尚需深入研究。本试验选用上述 3 种益生菌组合作为发酵菌种制备发酵饲料, 探究添

加不同比例益生菌复合发酵的全价饲料对川乡黑猪断奶仔猪血清抗氧化指标和免疫指标、便菌群结构及其代谢产物的影响,探讨其缓解断奶应激、提高生长性能的作用机制,确定其适宜添加量,为该发酵菌种在仔猪生产上的应用提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 复合益生菌发酵饲料的制备 本研究以全价饲料(基础饲粮)为发酵底物,采用固态发酵法,将植物乳杆菌、酵母菌、枯草芽孢杆菌菌种以 1:1:1 比例进行混合,其活菌总数 $\geq 10^9$ CFU/g,接种量为 0.05%,发酵水分分为 40%,发酵底物与菌种混合均匀后放入发酵袋中,发酵温度 30~33℃,每天配制,严格密封发酵 5 d 饲喂,开袋后当天饲喂完成。基础饲粮为参照《猪饲养标准》(NY/T 65—2004)配制的玉米-豆粕型饲粮,基础饲粮的组成及营养成分见表 1。

1.2 试验设计及饲养管理 选取 35 日龄体重相近、健康状况良好的 36 头川乡黑猪断奶仔猪,按照完全随机原则分为 3 组,每组 12 个重复,每个重复 1 头猪,分栏饲养。对照组饲喂 100% 基础饲粮,25% 发酵饲料组饲喂 75% 基础饲粮+25% 发酵饲料,50% 发酵饲料组饲喂 50% 基础饲粮+50% 发酵饲料,发酵后饲粮营养成分见表 2。试验预饲期为 3 d,正式期为 28 d。期间自由采食和饮水,饲养管理方式和免疫程序均按猪场规章制度统一执行。

1.3 生长性能测定 试验期间每天记录采食情况,并分别在试验开始当天和结束当天 08:00 进行空腹称体重,计算试验猪平均日增重(ADG)、平均日采食量(ADFI)和耗料增重比(F/G)。

1.4 血清抗氧化指标和免疫指标测定 试验第 28 天早晨,抽取空腹仔猪前腔静脉血液 5.0 mL,置于 EDTA 采血管中,静置 60 min 后 3 500×g、4℃离心 10 min,取血清至无菌管中,保存于-80℃冰箱备用。总超氧化物歧化酶(T-SOD)、总抗氧化能力(T-AOC)、谷胱甘肽过氧化物酶(GSHPx)和尿素氮(BUN)、血清免疫球蛋白 G(IgG)、血清免疫球蛋白 A(IgA)、血清免疫球蛋白 M(IgM)、转化生长因子- β (TGF- β)和肿瘤坏死因子- α (TNF- α)含量测定,试剂盒为上海茁彩生物科技有限公司产品;总蛋白(TP)、葡萄糖(GLU)、甘油三酯(TG)和碱性磷酸酶(ALP)使

表 1 基础饲粮组成及营养成分(干物质基础)

项目	含量
原料组成,%	
玉米	63.94
豆粕	20.72
鱼粉	5.00
乳清粉	5.00
大豆油	2.00
磷酸氢钙	0.83
石粉	0.85
氯化钠	0.40
L-赖氨酸(98%)	0.16
预混料 ^①	1.10
合计	100.00
营养成分 ^②	
代谢能,MJ/kg	14.28
粗蛋白质,%	18.23
粗脂肪,%	5.62
粗纤维,%	3.76
钙,%	0.74
总磷,%	0.62
赖氨酸,%	1.03
蛋氨酸,%	0.35
色氨酸,%	0.29
苏氨酸,%	0.66

注:①预混料可为每千克全价料提供:生物素 0.1 mg,维生素 D₃ 600 IU,维生素 B₁₂ 20 μ g,D-泛酸钙 16 mg,维生素 A 3000 IU,维生素 B₁ 1 mg,维生素 B₂ 4 mg,维生素 E 20 IU,维生素 B₆ 1 mg,维生素 K₃ 2 mg,叶酸 1.5 mg,烟酸 20 mg,铜 7 mg,锰 40 mg,锌 79 mg,铁 100 mg,硒 0.36 mg,碘 0.45 mg;②营养成分中代谢能为计算值,粗蛋白质、粗脂肪、粗纤维、钙、总磷为实测值。

表 2 各组饲粮的营养成分(干物质基础) %

指标	对照组	25% 发酵饲料组	50% 发酵饲料组
粗蛋白质	18.23	18.78	18.83
粗纤维	3.76	3.69	3.40
粗灰分	7.39	7.41	7.53
钙	0.74	0.76	0.74
总磷	0.62	0.63	0.62

用血液生化分析仪测定,该检测由成都睿琪生物科技有限公司完成。

1.5 粪便微生物多样性测定 试验结束当天,每个试验组随机选择 6 头猪,采集仔猪新鲜粪便样本,共分装于 2 mL 无菌离心管中,液氮速冻,随后于-80℃冰箱保存,进行仔猪粪便 16S rRNA 基因序列分析,包括 DNA 提取及纯度和浓度鉴定,使用细菌 16SrDNA 基因引物进行 PCR 扩增及纯化,利用 NEB Next[®] Ultra[™]

II FS DNA PCR-free Library Prep Kit (New England Biolabs) 构建文库, 使用 fastp 软件 (Version 0.23.1) 进行数据质控, 利用 QIIME 数据处理平台以 97% 的相似性对操作分类单元 (OTU) 进行聚类分析。测序分析由北京诺禾致源股份有限公司完成。

1.6 断奶仔猪粪便短链脂肪酸 (SCFAs) 含量测定 试验结束当天采集新鲜粪便样本, 液氮速冻后于 -80℃ 冰箱保存。首先提取目标代谢物, LC-MS/MS 检测分析使用 Waters ACQUITY UPLC BEH C18 色谱柱、SCIEXQTRAP 6500+ 多反应监测 (MRM) 进行扫描, 随后进行数据分析。测序分析由北京诺禾致源股份有限公司完成。

1.7 统计分析 试验数据使用 Excel 2020 进行初步整理, 采用 SPSS 26.0 统计软件对各项数据进行单因素方差分析 (One-Way ANOVA), 采用 LSD 多重比较进行组间差异分析。结果采用平均值 ± 标准差表示, $P<0.05$ 表示差异显著。

2 结果

2.1 益生菌复合发酵饲料对断奶仔猪生长性能的影响 由表 3 可知, 与对照组和 50% 发酵饲料组相比, 25% 发酵饲料组仔猪 ADG 显著增高, F/G 显著降低; 50% 发酵饲料组与对照组仔猪 ADG、F/G 差异均不显著。

表 3 各组断奶仔猪生长性能测定结果 (n=12)				
指标	对照组	25% 发酵饲料组	50% 发酵饲料组	P 值
初重, kg	10.36±1.53	10.63±1.27	10.58±1.51	0.89
末重, kg	20.89±2.02	22.08±1.66	21.36±1.84	0.30
ADG, g/d	376±32.3 ^b	409±22.1 ^a	385±33.7 ^{ab}	0.03
ADFI, g/d	800±46.8	827±60.8	805±73.3	0.52
F/G	2.13±0.09 ^b	2.02±0.11 ^a	2.09±0.11 ^{ab}	0.04

注: 同行数据肩标不同字母表示差异显著 ($P<0.05$), 含相同字母或无字母标注表示差异不显著 ($P>0.05$)。下表同。

2.2 益生菌复合发酵饲料对断奶仔猪血清生化指标的影响 由表 4 可知, 与对照组相比, 25% 发酵饲料组和 50% 发酵饲料组仔猪血清 Glu 含量均提高 ($P<0.05$), TG 和 ALP 含量均降低 ($P<0.05$)。

2.3 益生菌复合发酵饲料对断奶仔猪血清抗氧化指标和免疫指标的影响 由表 5 可知, 25% 发酵饲料组仔猪血清抗氧化指标 T-AOC、T-SOD 含量高于对照组和 50% 发酵饲料组 ($P<0.05$); 25% 发酵饲料组和 50% 发酵饲料组 IgA 含量均高于对照组 ($P<0.05$), 25% 发酵饲料组 IgM 含量高于其余 2 组 ($P<0.05$)。

表 4 各组断奶仔猪血清生化指标测定结果 (n=8)

指标	对照组	25% 发酵饲料组	50% 发酵饲料组	P 值
TP, g/L	28.56±4.02	32.16±2.60	29.30±4.34	0.15
GLU, mmol/L	3.72±0.38 ^b	4.63±0.81 ^a	4.50±0.79 ^a	0.03
BUN, mmol/L	3.63±0.28	3.60±0.20	3.74±0.69	0.81
TG, mmol/L	0.53±0.10 ^a	0.39±0.11 ^b	0.37±0.12 ^b	0.02
ALP, U/L	199.53±17.65 ^a	169.63±21.79 ^b	153.31±16.3 ^b	<0.01

表 5 各组断奶仔猪血清抗氧化指标和免疫指标测定结果 (n=8)

指标	对照组	25% 发酵饲料组	50% 发酵饲料组	P 值
T-AOC, U/mL	2.41±0.57 ^b	3.18±0.55 ^a	2.84±0.62 ^{ab}	0.047
T-SOD, g/L	48.26±9.11 ^b	58.93±7.18 ^a	54.48±6.48 ^{ab}	0.04
GSHPx, mmol/L	346.34±32.67	358.76±37.17	344.85±30.99	0.67
IgA, μg/mL	18.32±3.00 ^b	21.26±2.89 ^a	21.99±2.30 ^a	0.33
IgG, mg/mL	4.66±1.02	4.48±0.77	4.57±1.29	0.94
IgM, mg/mL	7.32±0.56 ^b	8.17±0.87 ^a	6.94±0.71 ^b	0.09
TGF-β, pg/mL	204.60±52.91	203.08±51.74	241.88±44.33	0.23
TNF-α, pg/mL	36.88±11.33	40.5±9.74	37.04±10.14	0.73

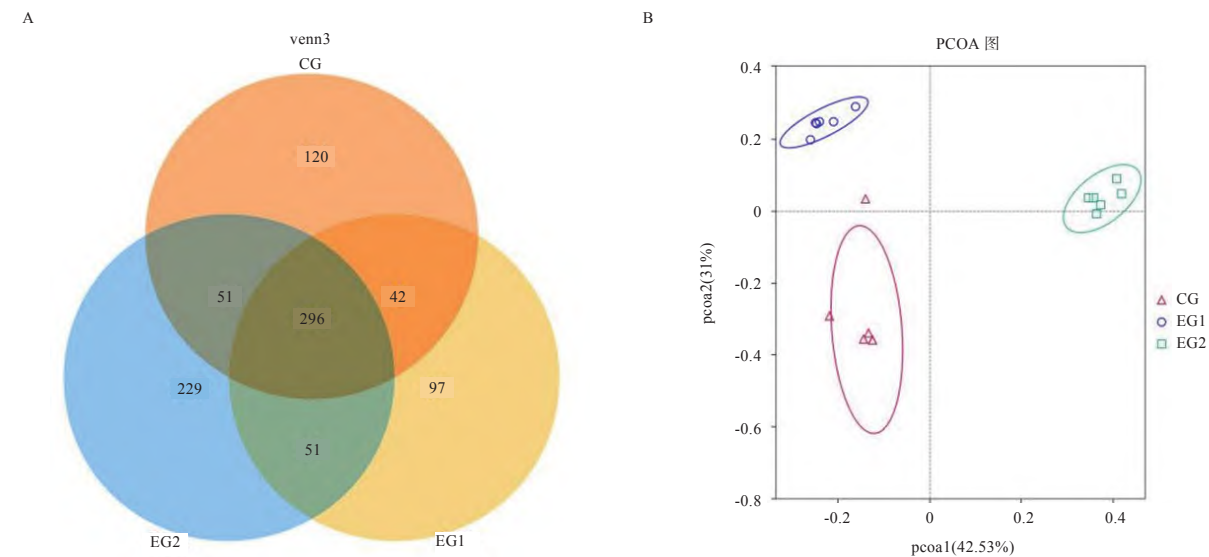
2.4 益生菌复合发酵饲料对断奶仔猪粪便菌群结构的影响

2.4.1 肠道菌群 OTU 丰度分析 由图 1A 可知, 3 个试验组的 OTU 总数为 886 个, 共有 OTU 数为 296 个, 其中对照组独有 120 个, 25% 发酵饲料组独有 97 个, 50% 发酵饲料组独有 229 个。主坐标分析 (PCoA, Principal Co-ordinates Analysis) 如图 1B 所示, 同一处理组的样本聚在一起, 各处理组间分布较远, 说明组间菌群组成结构有差异;

2.4.2 Alpha 多样性分析 由表 6 可知, 与对照组和 25% 发酵饲料组相比, 50% 发酵饲料组断奶仔猪粪便微生物 Shannon 指数、ACE 指数和 Chao1 指数均增加 ($P<0.01$)。

2.4.3 各组断奶仔猪粪便微生物门水平、属水平物种组成和相对丰度分析 由图 2A 可知, 在门水平上, 3 组粪样中厚壁菌门 (Firmicutes)、拟杆菌门 (Bacteroidetes)、放线菌门 (Actinobacteriota) 和螺旋体门 (Spirochaetae) 为主要优势菌门; 25% 发酵饲料组仔猪粪便 Firmicutes 相对丰度高于对照组和 50% 发酵饲料组, Bacteroidetes 相对丰度降低。图 2B 分析结果显示, 变形菌门 (Proteobacteria) 仅在 50% 发酵饲料组中检测到。图 2C 分析结果显示, 25% 发酵饲料组粪便中的 Firmicutes 与 Bacteroidetes 相对丰度比例均高于对照组及 50% 发酵饲料组 ($P<0.05$)。

由图 2D 可知, 在属水平上, 3 组断奶仔猪粪便微



A 为韦恩图，B 为 PCoA 主坐标分析图；CG 为对照组，EG1 为 25% 发酵饲料组，EG2 为 50% 发酵饲料组，下图同。

图 1 Venn 图和 PCoA 主坐标分析图

表 6 各组断奶仔猪粪便微生物 Alpha 多样性分析结果 (n=6)				
指标	对照组	25% 发酵饲料组	50% 发酵饲料组	P 值
Shannon 指数	5.46±0.34 ^b	5.35±0.24 ^b	6.26±0.16 ^a	<0.01
Simpson's 指数	0.93±0.06	0.94±0.05	0.91±0.08	0.07
ACE 指数	326.95±20.55 ^b	338.33±9.55 ^b	456.44±23.95 ^a	<0.01
Chao1 指数	325.56±22.41 ^b	334.16±7.73 ^b	456.19±24.37 ^a	<0.01

生物优势菌属均为乳杆菌属 (*Lactobacillus*)、狭义梭菌属 1 (*Clostridium sensu stricto 1*) 和普雷沃氏菌属 NK3B31 (*Prevotellaceae NK3B31-group*)。由图 2E 可知，与对照组相比，25% 发酵饲料组和 50% 发酵饲料组仔猪粪便菌群中乳杆菌属 (*Lactobacillus*) 为其优势菌属，链球菌属 (*Streptococcus*) 丰度较低，且 50% 发酵饲料组相对丰度低于 25% 发酵饲料组；25% 发酵饲料组狭义梭菌属 1 相对丰度高于其余 2 组，50% 发酵饲料组中有大量不动杆菌属 (*Acinetobacter*) 富集。图 2F 微生物组间差异性分析结果显示，50% 发酵饲料组普雷沃氏菌 NK3B31 (*Prevotellaceae NK3B31*) 相对丰度低于 25% 发酵饲料组和对照组 ($P<0.05$)。

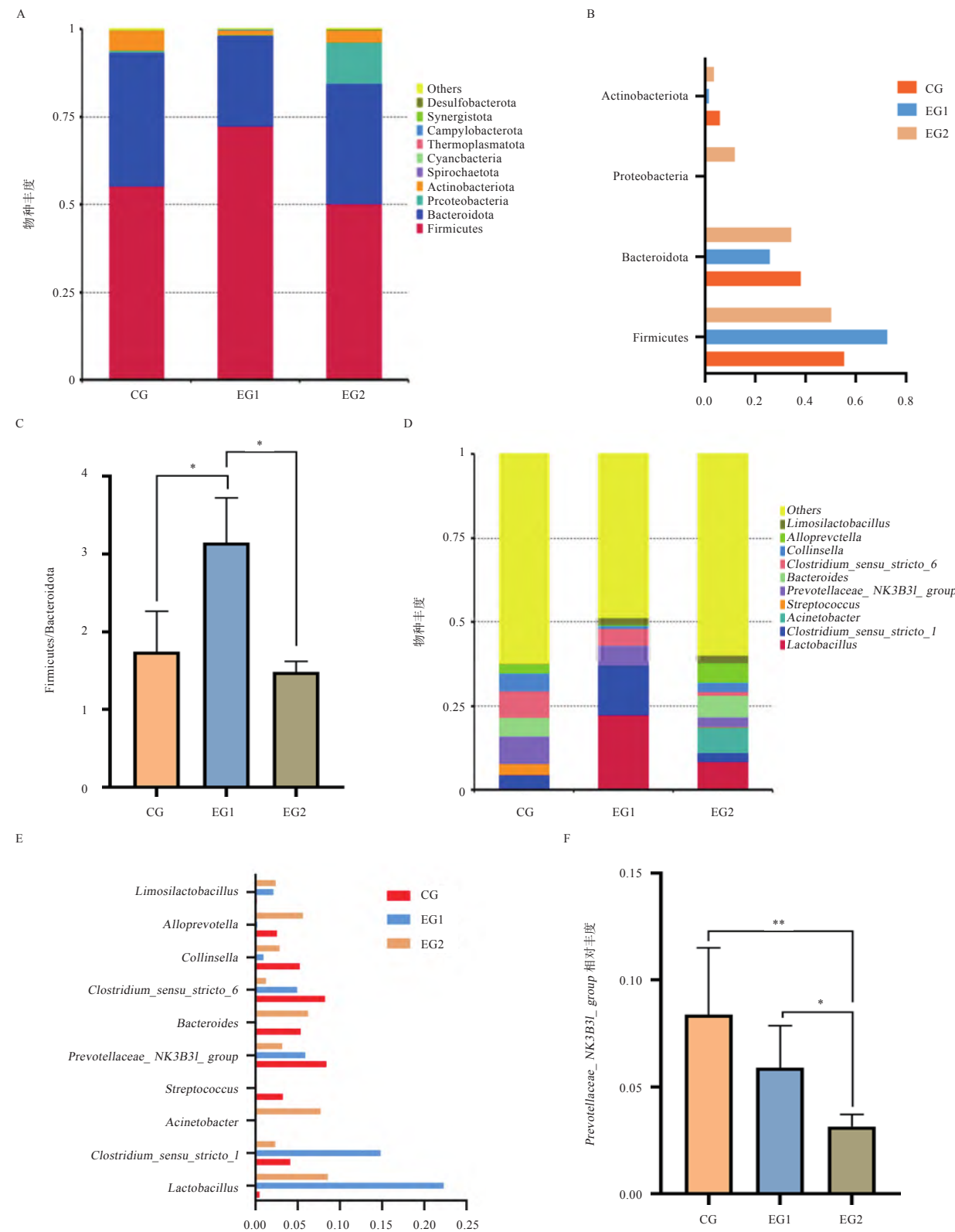
2.4.4 益生菌复合发酵饲料对断奶仔猪粪便中短链脂肪酸含量的影响 由表 7 可知，与对照组和 50% 发酵饲料组相比，25% 发酵饲料组仔猪粪样中乙酸、丙酸、丁酸和异丁酸含量均提高 ($P<0.01$)。

3 讨论

3.1 益生菌复合发酵饲料对断奶仔猪生长性能的影响

相关研究表明，通过全价饲料作为发酵底物进行固态发酵，可提升饲料中的营养价值，显著提高饲料的适口性和生物利用率^[10]，且发酵饲料的促生长效果与添加剂量有关^[11]。本研究中，益生菌复合发酵后全价饲料中 CP 水平增加，粗纤维水平降低。当益生菌复合发酵饲料添加量为 25% 时，能有效提高断奶仔猪的 ADG，并降低 F/G，可能是益生菌发酵饲料能增加肠道有益菌群定植，改善猪群肠道功能，进而提高断奶仔猪的生长性能；而当发酵饲料添加量为 50% 时，断奶仔猪生长性能并无显著变化，表明过高的益生菌复合发酵饲料添加量并不利于断奶仔猪生长性能的发挥。同时，为验证本研究的结果是否具有更广泛的适用性，后续研究将在更大规模的群体中进行。

3.2 益生菌复合发酵饲料对断奶仔猪血液生化指标的影响 血清生化指标可在一定程度上反映动物机体的营养代谢及各组织的健康状况。已有研究表明，植物乳杆菌可降低断奶仔猪血清中 TG 含量，其含量的降低与减轻肝脏蛋白质合成负担、调节脂肪沉积相关^[12]。乳杆菌可参与次级胆汁酸的生物转化，具有降低胆固醇的作用，降低血清中 TG 含量^[13]。ALP 是肝脏等组织的代谢产物，血清中该酶活性越低说明肝脏等组织越健康。本研究中，饲喂发酵饲料组仔猪血清 GLU 含量增加，TG 含量和 ALP 活性降低，表明本研究使用的益生菌发酵菌种能够在一定程度上改善断奶仔猪的脂质代谢，且对机体肝脏等组织器官具有保护作用，对动物健康有益。



A 为门水平物种丰度柱状图; B 为门水平主要优势菌群物种丰度柱状图; C 为 Firmicutes 与 Bacteroidetes 相对丰度比例; D 为属水平物种丰度柱状图; E 为属水平主要优势菌群物种丰度柱状图; F 为 Prevotellaceae NK3B31 相对丰度。

图 2 物种丰度柱状图

表 7 各组断奶仔猪 SCFAs 测定结果分析 (n=6)

指标	对照组	25% 发酵饲料组	50% 发酵饲料组	mg/g P 值
乙酸	5262.07±779.70 ^c	8659.41±1327.66 ^a	6838.04±1242.51 ^b	<0.01
丙酸	3040.23±587.67 ^b	5251.94±406.34 ^a	3813.29±836.49 ^b	<0.01
丁酸	3361.79±1148.30 ^b	6516.29±1055.17 ^a	2972.76±774.92 ^b	<0.01
2- 甲基丁酸	204.43±33.11	234.48±21.53	246.75±34.25	0.07
异丁酸	512.34±85.01 ^b	735.39±76.18 ^a	610.88±86.26 ^b	0.01
异戊酸	422.65±107.29	492.53±51.21	496.98±105.29	0.32

3.3 益生菌复合发酵饲料对断奶仔猪血清抗氧化和免疫指标的影响 仔猪断奶后易引起动物机体自由基的代谢紊乱，导致仔猪氧化应激，影响机体机能及后续生长。T-SOD 和 T-AOC 等是机体内重要的抗氧化酶，对清除活性氧自由基具有重要作用^[14]。研究发现，在生长育肥猪饲料中添加乳杆菌发酵饲料能显著提高血清 T-AOC 和 SOD 活性^[15]，生长育肥猪饲喂复合益生菌发酵的全价饲料也得到类似的结果^[16]。有研究指出，乳酸菌可通过降低脂质过氧化水平并增强抗氧化酶的活性，缓解氧化油导致的小鼠肝脏损伤^[17]。植物乳杆菌可通过激活抗氧化应激的关键转录因子核因子 E2 相关因子 2 (Nrf2) 信号途径，从而改善脂质代谢异常和肝脏的氧化应激反应^[18]。本研究中，饲料中使用 25% 发酵饲料可提高断奶仔猪血清 T-AOC 和 T-SOD 活性，其原因可能与植物乳杆菌通过激活 Nrf2 途径，上调包括 CAT、SOD 及 GSH-Px 等下游抗氧化酶的表达有关。

血清免疫球蛋白在机体免疫防御方面发挥着重要作用，可反映动物机体的免疫功能^[19]。已有研究指出，复合乳酸菌发酵饲料可显著提高生长猪的血清中 IgG 和 IgM 水平^[20]。枯草芽孢杆菌能够显著提高仔猪血清内免疫球蛋白 IgG 的浓度^[21]。本研究进一步发现，饲喂发酵饲料组断奶仔猪的血清 IgA 和 IgM 水平均得到提高，表明该益生菌组合在改善机体氧化应激，调节宿主免疫反应中起关键作用。

3.4 益生菌复合发酵饲料对断奶仔猪肠道微生物菌群的影响 动物肠道微生物稳态对机体代谢和生理功能具有重要作用^[22]。本研究结果显示，饲喂益生菌发酵饲料可增加断奶仔猪肠道菌群的 Alpha 多样性，且以发酵饲料添加量为 50% 组最为显著，提示饲喂发酵饲料能在一定程度上提高断奶仔猪粪便微生物菌群的多样性。

门水平菌群相对丰度分析结果显示，25% 发酵饲料组中厚壁菌门相对丰度升高，拟杆菌门相对丰度降低。厚壁菌门和拟杆菌门是猪群肠道微生物群落的主要组成

部分，对维持肠道微生态平衡具有至关重要的作用^[23-24]。厚壁菌门参与肠道菌群中的多糖降解过程，说明发酵饲料组血清 GLU 含量的增加可能与厚壁菌门的相对丰度增加有关。属水平分析结果显示，随着发酵饲料添加比例的增加，断奶仔猪粪便中普雷沃氏菌属 NK3B31 的相对丰度降低，而狭义梭菌属 1 的相对丰度升高。普雷沃氏菌属具有较强的纤维素分解能力，而狭义梭菌属 1 则与蛋白质代谢有关^[25-26]。本研究中，发酵饲料的添加使得饲料中粗纤维水平降低，而粗蛋白质水平增加。根据以上结果推测，普雷沃氏菌属 NK3B31 的相对丰度降低和狭义梭菌属 1 的相对丰度升高，可能与饲料中粗蛋白质和粗纤维水平的变化密切相关。饶泽斌^[27]研究表明，饲喂益生菌发酵饲料可降低仔猪粪便中链球菌属的相对丰度。链球菌属的相对丰度过高提示宿主肠道菌群处于失调状态，会增加断奶仔猪患病的风险^[28]。益生菌复合发酵饲料可提高育肥猪粪便乳杆菌属的相对丰度^[29-30]。据此推测，饲料中添加益生菌发酵饲料可促进仔猪肠道内乳杆菌属的增殖，从而有效抑制肠道内致病菌的生长繁殖。本研究中，发酵饲料组链球菌属丰度较低，并伴随着乳杆菌属等有益菌群的大量富集。但当发酵饲料添加量为 50% 时，仔猪粪便有大量变形菌门富集，还检测到致病菌不动杆菌属。变形菌门相对丰度的增加与肠道微生态的失调相关^[31]，提示 50% 发酵饲料组中粪便菌群 Alpha 多样性增高可能与某些致病菌定植增加有关。其原因可能与饲料发酵进行中乳杆菌属逐渐成为优势菌群，转而抑制其他微生物的生长有关。同时，乳杆菌属之间可能产生竞争性抑制作用，导致其数量急剧下降，进而影响饲料品质，这可能是 50% 发酵饲料组粪便乳杆菌属相对丰度低于 25% 发酵饲料组，且出现其他致病菌的原因。上述结果提示，在本试验条件下制备的益生菌复合发酵饲料添加量不宜过高。

3.5 益生菌复合固态发酵饲料对断奶仔猪粪便 SCFAs 的影响 SCFAs 是肠道菌群主要的代谢产物之一，是

肠道上皮细胞的主要能量来源,对调节肠道 pH、减少病原菌定植、调节肠道免疫均具有重要作用^[32]。肠道菌群的变化会使 SCFAs 随之发生改变。研究表明,SCFAs 的含量与乳杆菌属呈正相关^[33]。本研究中,断奶仔猪饲喂发酵饲料其粪便中 SCFAs 含量增加,可能与仔猪肠道中乳杆菌属相对丰度增加有关。此外,25% 发酵饲料组乙酸、丙酸、丁酸和异丁酸含量均显著高于其余 2 组,而其优势菌群厚壁菌门和梭菌群等具有产生大量能量丰富的短链脂肪酸的能力^[34],说明益生菌复合发酵饲料可通过增加肠道有益菌群的相对丰度,使代谢产物 SCFAs 含量增加,从而发挥其益生作用。

4 结 论

本研究结果表明,基础饲料中添加 25% 益生菌复合发酵饲料可改善断奶仔猪脂质代谢,增强抗氧化和免疫功能,增加肠道有益菌群的相对丰度和 SCFAs 含量,对提高生长性能有利。当发酵饲料添加量增至 50% 时,可能会导致某些致病菌的增加,影响仔猪肠道健康,不利于仔猪生长性能的发挥。在此种益生菌复合发酵饲料的制备条件下,建议发酵饲料的添加量以 25% 为宜。同时,为最大程度保留全价饲料营养价值,需进一步研究并优化全价饲料发酵条件。

参考文献:

- [1] Gresse R L, Chaucheyras-Durand F, Fleury M L A, et al. Gut microbiota dysbiosis in postweaning piglets: Understanding the keys to health[J]. Trends in Microbiology, 2017, 5(10): 851-873.
- [2] 王永伟,宋丹,李爱科,等.发酵饲料资源开发及应用技术研究进展[J].中国饲料,2019(11): 6.
- [3] 朱原,石博文译,赵洪明,等.发酵饲料对猪肠道微生物菌群的影响[J].北方牧业,2019(15): 2.
- [4] 贺晨晨.不同益生菌发酵饲料对断奶仔猪生产性能与血液生化指标的影响研究[D].长沙:湖南农业大学,2018.
- [5] Sadiq F A, Yan B W, Tian F W, et al. lactic acid bacteria as antifungal and anti-mycotoxigenic agents: A comprehensive review[J]. Compr Rev Food Sci Food Saf, 2019, 1: 1403-1436.
- [6] Mugula J K, Narvhus J A, S Rhaug T. Use of starter cultures of lactic acid bacteria and yeasts in the preparation of togwa, a Tanzanian fermented food[J]. Int J Food Microbiol, 2003, 83(3): 307-318.
- [7] 袁园,葛莹,钟佳祎,等.酵母菌在动物饲料营养学中的研究进展[J].饲料博览,2018(4): 4.
- [8] 贾冬文,夏子涵,王家莹,等.益生菌抑制断奶仔猪腹泻的作用及机制[J].动物营养学报,2024,36(8): 4795-4808.
- [9] 王玥,杨明美,李梦丽,等.柿子乳酸菌发酵饮料的加工工艺研究[J].中国食品学报,2020,20(7): 8.
- [10] Canibe N, Jensen B B. Fermented and nonfermented liquid feed to growing pigs: effect on aspects of gastrointestinal ecology and growth performance.[J]. J Anim Sci, 2003, 8: 2019.
- [11] Wang Y, Liu X T, Wang H L, et al. Optimization of processing conditions for solid-state fermented soybean meal and its effects on growth performance and nutrient digestibility of weanling pigs[J]. Livest Sci, 2014, 170: 91-99.
- [12] 郭振兴,韦良开,谢仁杰,等.发酵饲料和湿拌料对断奶仔猪生长性能、抗氧化能力及肠道菌群的影响[J].动物营养学报,2024,36(7): 4258-4270.
- [13] Pu G, Li P H, Du T R, et al. Adding appropriate fiber in diet increases diversity and metabolic capacity of distal gut microbiota without altering fiber digestibility and growth rate of finishing pig[J]. Front Microbiol, 2020, 11: 533.
- [14] Chen K L, Wang H L, Jiang L Z, et al. Heat stress induces apoptosis through disruption of dynamic mitochondrial networks in dairy cow mammary epithelial cells[J]. In Vitro Cell Dev Biol Anim, 2020, 56(4): 322-331.
- [15] Wang A N, Yi X W, Yu H F, et al. Free radical scavenging activity of *Lactobacillus fermentum* in vitro and its antioxidative effect on growing-finishing pigs[J]. J Appl Microbiol, 2010, 107(4): 1140-1148.
- [16] Tang X P, Liu X G, Zhang K. Effects of microbial fermented feed on serum biochemical profile, carcass traits, meat amino acid and fatty acid profile, and gut microbiome composition of finishing pigs[J]. Front Vet Sci, 2021, 8: 744630.
- [17] Wang A N, Cai C J, Zeng X F, et al. Dietary supplementation with *Lactobacillus fermentum* I5007 improves the anti-oxidative activity of weanling piglets challenged with diquat[J]. J Appl Microbiol, 2013, 114(6): 1582-1591.
- [18] Zhao Z J, Wang C, Zhang L, et al. *Lactobacillus plantarum* NA136 improves the non-alcoholic fatty liver disease by modulating the AMPK/Nrf2 pathway[J]. Appl Microbiol Biotechnol, 2019, 103(2): 5843-5850.
- [19] 胡宇超,郭焘,杨毅,等.复合营养素对育肥羊生长性能、消化率和血清指标的影响[J].中国畜牧兽医,2022,49(4): 1343-1351.
- [20] 刘辉,季海峰,王四新,等.复合乳酸菌发酵饲料对生长猪生长性能、粪便菌群、血清免疫和抗氧化指标的影响[J].动物营养学报,2022(2): 34.
- [21] 茹敏,蒋小丰,罗国升,等.饲料添加枯草芽孢杆菌对大肠杆菌攻毒仔猪生长性能、血清免疫及抗氧化功能、肠道形态和微生物的影响[J].畜牧兽医学报,2025,56(9): 4461-4471.
- [22] Vos W M D, Tilg H, Hul M V, et al. Gut microbiome and health: mechanistic insights[J]. Gut, 2022, 71(5): 1020-1032.
- [23] 张铮,朱坤,朱伟云,等.发酵饲料对生长育肥猪结肠微生物发酵及菌群组成的影响[J].微生物学报,2019,59(1): 10.
- [24] Soo-Je P, Jinu K, Jong-Soo L, et al. Characterization of the fecal microbiome in different swine groups by high-throughput sequencing - sciencedirect[J]. Anaerobe, 2014, 28: 157-162.
- [25] Gong L X, Liu B Y, Wu H, et al. Seasonal dietary shifts alter the gut microbiota of avivorous bats: Implication for adaptation

竹酢粉对断奶湖羊生长性能、血液生理生化及免疫指标的影响

王 景, 万 艳, 高录贵, 刘明美*

(江苏联合职业技术学院淮安生物工程分院, 江苏淮安 223200)

摘 要: 为探究饲料中添加 5% 的竹酢粉对断奶湖羊生长性能、血液生理生化指标及免疫指标的影响, 本试验选择 2 月龄健康、体重 (20.00 ± 1.16) kg 的断奶湖羊 10 只, 随机分为 2 组, 每组 5 只, 单栏饲养。对照组饲喂基础饲料, 试验组在基础饲料中添加 5% 的竹酢粉, 预试期 7 d, 正试期 42 d。试验结束后, 采集颈静脉血用于测定血液生理生化及血清免疫指标。结果表明: 试验组与对照组断奶湖羊的平均日增重 (ADG) 和耗料增重比 (F/G) 均无显著差异。与对照组相比, 试验组断奶湖羊血液中的平均血红蛋白含量 (MCH) 和平均血红蛋白浓度 (MCHC) 显著降低; 白蛋白 (ALB) 和白球比 (A/G) 显著升高, 总蛋白 (TP)、球蛋白 (GLB)、葡萄糖 (GLU) 和钙 (Ca) 含量极显著升高。与对照组相比, 试验组断奶湖羊血清中白细胞介素-2 (IL-2)、 γ -干扰素 (IFN- γ) 含量显著升高, 免疫球蛋白 A (IgA) 含量极显著升高。以上结果表明, 日粮中添加 5% 竹酢粉能提高断奶湖羊的免疫力和抗病力, 预防羔羊应激, 有利于其机体健康。

关键词: 竹酢粉; 断奶湖羊; 生长性能; 生理生化指标; 免疫指标

中图分类号: S826.5

文献标识码: A

DOI 编号: 10.19556/j.0258-7033.20250727-02

断奶是羔羊生长发育的关键阶段^[1], 此时羔羊的消化系统、免疫系统发育尚不完善, 瘤胃微生物平衡尚未完全建立^[2-3]。羔羊断奶期面临与母羊分离、饲喂方式

和饲养环境的改变, 使得羔羊容易产生断奶应激, 进而抑制羔羊的生长发育、损害机体健康, 具体表现为体重减轻、免疫力下降、发病率和死亡率增加等^[4-6]。目前, 缓解断奶应激的主要措施有改善饲养管理、饲喂代乳料、饲料添加剂等^[7]。其中, 兼具抗应激、促生长及免疫增强功能的饲料添加剂因适配规模化养殖需求, 成为缓解断奶湖羊应激、提高羔羊生长性能的营养策略, 已得到广泛研究和应用。

收稿日期: 2025-07-27; 修回日期: 2025-10-30

资助项目: 江苏省淮安市自然科学研究计划项目 (HAB202242)

作者简介: 王景 (1987-), 女, 硕士, 讲师, 研究方向为预防兽医学, E-mail: 673712536@qq.com

* 通信作者: 刘明美 (1974-), 女, 山东青岛人, 博士, 副教授, 研究方向为动物营养与饲料研究, E-mail: 63584646@qq.com

- to energy harvest and nutritional utilization[J]. mSphere, 2021, 6(4): e0046721.
- [26] 郭晶晶. 植物乳杆菌 WW 及其发酵制品对高脂饮食大鼠体质的影响 [D]. 沈阳: 沈阳农业大学, 2019.
- [27] 饶泽斌. 噬淀粉乳杆菌 TZR-PI001 固态发酵饲料对猪生长性能、抗氧化性能和粪便微生物区系的影响 [D]. 重庆: 西南大学, 2022.
- [28] 胡萍. 多菌复合固态发酵不同粗纤维水平的日粮对育肥猪生长性能、营养物质消化、血清生化指标和粪便微生物的影响 [D]. 重庆: 西南大学, 2022.
- [29] Wang J, Han Y, Zhao J Z, et al. Consuming fermented distillers' dried grains with solubles (DDGS) feed reveals a shift in the faecal microbiota of growing and fattening pigs using 454 pyrosequencing[J]. J Integr Agr, 2017(4): 900-910.
- [30] Liu B, Yu D Y, Ge C Y, et al. Combined effects of microplastics and chlortetracycline on the intestinal barrier, gut microbiota, and antibiotic resistome of Muscovy ducks (Cairina moschata) [J]. Sci Total Environ, 2023, 887: 164050.
- [31] Tan J, Mckenzie C, Vuillermin P J, et al. Dietary fiber and bacterial scfa enhance oral tolerance and protect against food allergy through diverse cellular pathways[J]. Cell Reports, 2016, 15(12): 2809-2824.
- [32] Gao K, Pi Y, Peng Y, et al. Time-course responses of ileal and fecal microbiota and metabolite profiles to antibiotics in cannulated pigs[J]. Appl Microbiol Biotechnol, 2018, 102(5): 2289-2299.
- [33] Zhang L L, Gu X L, Wang J, et al. Effects of dietary isomaltoligosaccharide levels on the gut microbiota, immune function of sows, and the diarrhea rate of their offspring[J]. Front Microbiol, 2021, 11: 588986.

(责任编辑: 郑本艳)