

相同养殖条件下不同育肥效果狮头鹅胸腿肌、肠道结构和微生物组成的差异分析

罗永全, 韩远豪, 许坤杰, 刘 博, 谢泽婷, 伍仲平, 李秀金, 田允波, 张续勳*, 黄运茂*

(仲恺农业工程学院动物科技学院, 广东广州 510225)

摘要: 为探索狮头鹅育肥效果差异的影响机制, 本试验选用相同饲养条件下育肥效果不同的 100 日龄雄性狮头鹅共 1 000 只, 分体型较大组 (H 组) 和体型较小组 (L 组)。每组随机选取 6 只雄性狮头鹅, 采集其胸腿肌和空肠组织进行 H&E 染色和相关基因表达分析。结果表明: 1) H 组胸肌纤维直径大于 L 组 ($P<0.05$)。2) 与 L 组相比, H 组绒毛长度增长 ($P<0.05$), 隐窝深度降低 ($P<0.05$), 绒毛比提高 ($P<0.05$)。3) 在门水平上, H 组疣菌门和变形菌门的相对含量高于 L 组 ($P<0.05$); 在属水平上, H 组拟杆菌属和脱硫弧菌属的相对丰度高于 L 组 ($P<0.05$)。4) 革兰氏阴性菌嗜粘蛋白-阿克曼氏菌属与成肌分化基因 *MyoD*、促生长因子 *Igf-1*, 以及肠道紧密连接蛋白 *Zo-1* 呈正相关 ($r>0.83$, $P<0.05$)。本文从骨骼肌发育与肠道结构及微生物组成层面, 揭示了造成狮头鹅个体差异的影响因素, 为优化狮头鹅规模化养殖管理提供了参考。

关键词: 狮头鹅; 育肥效果; 胸肌; 腿肌; 16S rDNA 测序

中图分类号: S823.5

文献标识码: A

DOI 编号: 10.19556/j.0258-7033.20241231-07

狮头鹅是我国特有的超大型鹅种, 原产于广东饶平, 因额部有发达肉瘤, 形似“狮头”而得名^[1]。狮头鹅品种体型大、生长快、肉质优良, 是极具开发价值的地方畜禽资源^[2], 然而其规模化养殖面临两大瓶颈: 一是性成熟晚, 繁殖能力低^[3]; 二是缺乏统一的饲养标准, 群体内普遍存在体型差异大的现象。特别是后者严重影响商品鹅的整齐度和养殖效益, 但相关致因至今尚未阐明。

收稿日期: 2024-12-31; 修回日期: 2025-05-17

资助项目: 乡村振兴战略专项资金种业振兴项目 (2023-XDY-00-001、2022-XPY-00-011); 国家自然科学基金青年项目 (32302734); 广东省普通高校青年创新人才项目 (2022KQNCX028); 2024 年度广东省重点建设学科科研能力提升项目 (2024ZDJS004); 大学生创新创业训练计划 (S202411347062)

作者简介: 罗永全 (1999-), 男, 硕士研究生, 广东茂名人, 主要从事动物遗传育种研究, E-mail: luoyongquan@zhku.edu.cn; 并列第一作者: 韩远豪 (2002-), 男, 硕士研究生, 广东梅州人, 主要从事动物遗传育种研究, E-mail: hanyuanhao@zhku.edu.cn

*通信作者: 张续勳 (1989-), 男, 博士研究生, 新疆博湖人, 教授, 从事动物遗传育种研究, E-mail: zhangxumeng@zhku.edu.cn; 黄运茂 (1976-), 男, 博士研究生, 湖北襄阳人, 教授, 从事动物遗传育种研究, E-mail: huangyunmao@zhku.edu.cn

禽类体型差异是遗传-营养-环境互作的综合结果。在遗传层面, *IGF2BP1* 基因的持续表达可使鸭体型增大 15%^[4], *MyoD* 和 *Myf5* 等成肌基因的表达调控影响骨骼肌发育^[5]; 营养代谢方面, 肠道菌群通过调节营养吸收效率间接影响生长性能^[6-7]; 环境因素中, 水体污染导致的内毒素积累会导致疾病发生, 抑制家禽生长^[8-9]。值得注意的是, 肌纤维特性 (直径、密度) 与产肉性能直接相关^[10], 而运动干预可促进肌纤维发育^[11]。然而上述研究多集中在鸡、鸭等禽类, 针对狮头鹅的体型分化机制研究仍属空白。当前产业实践中, 狮头鹅同环境饲养仍存显著体型分化。本研究整合肌纤维特性、成肌基因表达、肠道形态及菌群组成四维度, 通过比较体型差异个体生物学特征, 系统揭示狮头鹅体型分化的内在机制, 旨在为建立精准饲养方案、提升群体整齐度提供理论支撑。

1 材料与方法

1.1 试验动物及组织取样 在相同环境下饲养的狮头鹅 1 000 只, 由广东省汕尾市绿丰源农业有限公司提供, 试验期间, 狮头鹅基础饲粮组成及营养水平见表 1。饲养到 100 日龄时, 从体型差异较大的鹅群中随机选择雄

性狮头鹅，分为体重较轻组（L 组， $n=6$ ）和体重较重组（H 组， $n=6$ ），禁食 12 h，采集胸肌、腿肌和空肠组织，快速液氮冷冻，然后用 4% 多聚甲醛溶液固定，进行 H&E 染色。采用翅根静脉采血，采血管加凝血剂保存，离心分离血清，采用萤试剂测定狮头鹅血清内毒素浓度。收集盲肠内容物，对肠道菌群进行 16S rDNA 测序。2 组狮头鹅的养殖环境相同，先在网床平养 20 d，再进行半干旱养殖 80 d，每 2 d 更换 1 次养殖水体，均完成相同的免疫程序，虽然体型不同，但健康状况无异。

表 1 试验期间狮头鹅基础饲料组成及营养水平			
日粮组成	比例，%	营养水平	含量
玉米	34.00	粗蛋白质，%	15.00
米糠	18.00	代谢能，MJ/kg	10.30
玉米麸皮	13.00	粗纤维，%	4.72
木薯粉	10.00	赖氨酸，%	0.92
酒糟蛋白饲料	9.20	精氨酸，%	0.89
莱籽粉	5.40	钙，%	0.61
豆粕	4.40	苏氨酸，%	0.56
石灰	1.60	有效磷，%	0.42
DL- 蛋氨酸	1.40	蛋氨酸，%	0.39
碳酸钙	0.70	半胱氨酸，%	0.24
氯化钠	0.50	色氨酸，%	0.17
预混料	1.80		

注：①预混料为每千克饲料提供：维生素 A 120 000 IU，维生素 D₃ 25 000 IU，维生素 E 20 IU，维生素 B₁ 100 mg，维生素 B₂ 800 mg，维生素 B₆ 200 mg，维生素 B₁₂ 1 mg，维生素 K₃ 200 mg，生物素 15 mg，叶酸 200 mg，烟酸 5000 mg，泛酸 1500 mg，锰 8 g，锌 12 g，铁 10 g，铜 0.5 g，碘 0.1 g，硒 30 mg；②代谢能为计算值，其余为实测值。

1.2 苏木素 - 伊红（H&E）染色 所有胸腿肌和空肠标本均采用石蜡包埋处理。在所有样品的同一位置切割切片，并用苏木素 - 伊红染色，将切片置于苏木素染液中浸染 3~5 min，随后依次以自来水冲洗，分化液处理，自来水冲洗，返蓝液进行返蓝处理，最后用流水彻底冲洗。随后进行伊红染色，切片依次入 85%、95% 的梯度酒精脱水各 5 min，入伊红染液中染色 5 min 后脱水封片。处理好的组织切片用 PANNORAMIC（V2.0）全景切片扫描仪上传到计算机。使用 CaseViewer 2.4 扫描查看软件选择组织的目标区域进行 200 倍成像。使用 Image-Pro Plus 6.0 分析软件统一以 mm 为标准单位，分别测量每张切片中 6 个肌纤维的直径，并计算平均值。

分别计数每张切片中肌纤维数量并测量对应的组织面积，并计算出肌纤维密度 = 肌纤维数量 / 组织面积。测量每张切片 6 个完整绒毛的长度。计算 6 个凹陷的深度并计算其平均值。绒毛比计算 = 绒毛长度 / 隐窝深度。

1.3 微生物组测序和分析 微生物多样性测序是利用高通量测序技术对 PCR 扩增的 16S 微生物物种特征序列进行检测的一种方法。在本试验中，从样品中提取基因组 DNA 后，用带条形码的特异性引物扩增 rDNA 的保守区域（表 2）。然后将 PCR 产物凝胶化并回收，用荧光定量仪进行定量。将纯化的扩增产物等量混合，连接测序接头，构建测序文库，在 Illumina PE250 测序仪上进行测序。

微生物多样性的研究可分为 α 多样性、 β 多样性、物种分析、功能研究和环境关系。测序获得原始 reads 后，进行过滤，得到 Clean 标签，再去掉嵌合标签，即为有效标签。基于基于有效标签进行 OTU 丰度统计，根据分析过程，进行物种注释、PCoA 分析、 α 多样性分析、 β 多样性分析、群落功能预测等，最后，结合其他因素（如环境因素），进行相关性分析，以明确微生物与环境的关系。

1.4 RNA 提取和反转录 RNA 提取采用 Trizol 法，将提取得到的组织 RNA 先进行 RNA 质量检测，使用微孔板分光光度计（Epoch，北京质研科技有限公司）测量 RNA 样品在 260 nm 和 280 nm 的吸光度，计算 A260/A280 比值，取比值范围在 1.8~2.0 的 RNA。在 65℃ 下热变性 5 min，然后立即置于冰上。配制如下反应溶液（10 μ L 体系，在冰上操作）：4×DN Master Mix（确保加入 gDNA Remover）2 μ L RNA 0.5 μ g，加入 Nuclease-free Water 至 8 μ L，将反应液涡旋混合离心，在 37℃ 金属浴中加热 5 min；然后加入 5×RT Master Mix II 2 μ L，涡旋混合并离心；在 PCR 仪上按以下程序进行反应：37℃，15 min；50℃，5 min；cDNA 在 98℃ 下保存 5 min，-20℃ 保存。

1.5 实时荧光定量 PCR（RT-qPCR） 采用 LightCycler 480 系统（Roche，USA）进行 RT-qPCR 实验，检测鹅肌肉发育有重要作用的成肌相关基因 Myogenic differentiation antigen（MyoD）、Myosin heavy chain 1（Myh1）、

表 2 扩增 rDNA 的保守区域对应引物				
类型	测序区间	F/R	引物序列	序列长度 ,bp
16S bacteria	V3-V4	341F	CCTACGGGNGGCWGCAG	466
		806R	GGACTACHVGGGTATCTAAT	

Insulin-like growth factor-1 (*Igf-1*) 和 Desmin, 紧密连接蛋白相关基因 Tumor Necrosis Factor- α (*Tnf- α*)、Heme oxygenase-1 (*Ho-1*)、Claudin2 (*Cldn2*)、Zonula occludens-1 (*Zo-1*)和 Occludin (*Ocln*)的表达量, 进行 3 次重复。PrimeScript™ RT Master Mix 试剂盒 (TaKaRa, 大连, 中国) 使用寡核苷酸 (dT) 和随机六聚体引物合成 cDNA。RT-qPCR 使用标准 SYBR® 预混 Ex Taq™ II (TaKaRa, 大连, 中国), Bio-Rad CFX96 实时 PCR 检测系统 (Bio-Rad, Hercules, CA, USA), 按照制造商的说明进行。RT-qPCR 所用引物序列见表 3。数据归一化为内参基因 *Gapdh* 数据的几何平均值。本研究使用 $2^{-\Delta\Delta Ct}$ 法计算目标 mRNA 的相对表达水平。

表 3 RT-qPCR 所用引物序列

引物	引物序列 (5'→3')
<i>MyoD</i>	F: AAGCGTGCAAGAGGAAGAC
	R: TGGTTGGGGTTGGTGGA
<i>Myh1</i>	F: CTCCTCACGCTTTGGTAAAT
	R: GCTCTGGCTTCTTGTGGAC
<i>Igf-1</i>	F: AGGTCGTCCATCGTAGTCCTTGCACTTTTAAGAA
	R: GCAATGGA
<i>Desmin</i>	F: ACAGCGTCGTTATCGTTCCTGCAAACACAGGCC
	R: AAGGTAG
<i>Gapdh</i>	F: AAAGACGCATCGAGTCCCTG
	R: GGCAGCGATGCTCTCATACT
<i>Tnf-α</i>	F: TCTGTCTGGGACCTGACCTGC
	R: GCCAGCACCCGCATCAAA
<i>Ho-1</i>	F: ACCCCGTTACAGTTCAGACG
	R: CTGGTTACAGGAAGGGCAAC
<i>Cldn2</i>	F: ATGCCTACACTCGCTATCTG
	R: GCAAGGTCCATCTCAAGG
<i>Zo-1</i>	F: ACCCCGTTACAGTTCAGACG
	R: CTGGTTACAGGAAGGGCAAC
<i>Ocln</i>	F: GCCTGCCACATTGTGACCC
	R: ACGTAAGGTCCATCTCAGTTTCA
β -actin	F: CAGGATGTGGCAGAGGAATACAA
	R: CCTGTGCTAGTCGCTCACCAT
	F: ATGTCGCCCTGGATTTCG
	R: CACAGGACTCCATACCCAAGAA

1.6 统计分析 本试验数据经 Excel 2019 初步处理, 采用统计学软件 IBM SPSS Statistics 26.0 作相关性分析, 用 GraphPad Prism 6.0 软件作单因素方差分析、制图。采用 Adobe Photoshop 2020、Adobe Illustrator 2020 软件优化图像。除特别标注, 试验结果均采用平均数 $\pm$ 标准差表示, $P<0.05$ 表示差异显著, $P<0.01$ 表示差异极

显著, $P>0.05$ 表示差异不显著。

2 结果

2.1 不同育肥效果狮头鹅活体、胸腿肌重量分析 表 4 结果表明, H 组的活重、胸肌重高于 L 组 ($P<0.05$), 但腿肌重无显著差异。

表 4 不同育肥效果狮头鹅的活重、胸肌重和腿肌重分析

处理	活体重, kg	胸肌重, g	腿肌重, g
H 组	7.333 $\pm$ 0.212 ^a	618.860 $\pm$ 2.098 ^a	365.167 $\pm$ 27.280
L 组	4.753 $\pm$ 1.343 ^b	346.693 $\pm$ 36.104 ^b	301.500 $\pm$ 49.932
P 值	0.0303	0.0002	0.1247

注: $n=6$, 字母相同或未标注字母表示差异不显著 ($P>0.05$), 字母不同表示差异显著 ($P<0.05$)。

2.2 不同育肥效果狮头鹅血清内毒素浓度分析 图 1 显示, 2 组血清内毒素水平无显著差异。

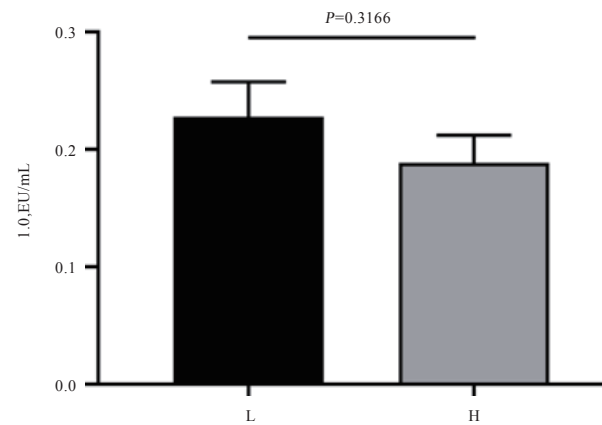


图 1 L 组和 H 组血清内毒素浓度

2.3 不同育肥效果狮头鹅胸腿肌纤维密度和直径差异分析 图 2、表 5 结果显示, H 组与 L 组胸肌纤维密度无显著差异。H 组胸肌纤维直径大于 L 组 ($P<0.05$)。H 组和 L 组腿部肌纤维的密度和直径没有显著差异。

2.4 不同育肥效果狮头鹅空肠形态分析 如图 3 和表 6 所示, H 组空肠绒毛长度长于 L 组 ($P<0.05$)。空肠组织隐窝深度, L 组高于 H 组 ($P<0.05$)。H 组的绒毛比高于 L 组 ($P<0.05$)。

2.5 成肌相关基因与肠道屏障基因的表达情况 结果显示, 所有胸腿肌增殖分化、肠道屏障相关基因在两组间均无显著差异 (表 7)。

2.6 OTU 分析 结果显示, L 组和 H 组总 OTU 数分别为 10 779、10 675, 两组总 OTU 数为 21 454 (图 4)。

2.7 盲肠内容物微生物菌群 在门水平上进行相对定量分析。结果表明, 狮头鹅盲肠食糜的优势菌种为拟杆菌

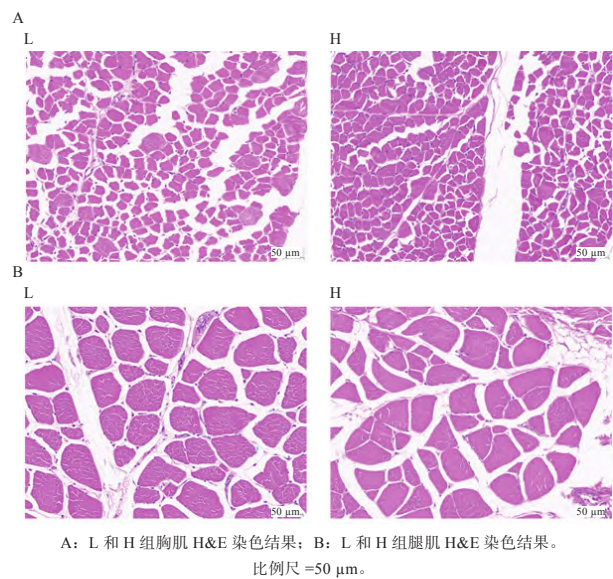


图 2 L 组和 H 组胸腿肌 H&E 染色结果

门、厚壁菌门、脱硫菌门、疣菌门、变形菌门和螺旋体菌门，占食糜中微生物总数的 90% 以上。然后在属水平上进行相对定量分析，结果表明，狮头鹅盲肠食糜的优势菌种为拟杆菌、脱硫弧菌、嗜粘蛋白-阿克曼氏菌、栖粪杆菌和丹毒弧菌。在细菌门方面，大约 75% 的细菌被归类为拟杆菌门和厚壁菌门。在门水平上，H 组疣微菌门和变形菌门的相对含量高于 L 组，在属水平上 H 组拟杆菌属和脱硫弧菌属的相对丰度高于 L 组（图 5A）。

2.8 Alpha 多样性分析 Alpha 多样性分析是对给定区域内物种多样性的一种统计分析。重点分析了常用的 8 个 alpha 多样性指数，如 observved_species（即 sobs）、Chao1、ACE、Shannon、Simpson 和 Good's Coverage 及其相关分析结果。其中具有代表性的 Shannon 指数、Simpson 指数和 Chao 1 指数测量的微生物群多样性如图 5B 所示。L 组盲肠内容物 Shannon 指数、Simpson 指数、Chao 1 指数与 H 组没有显著差异性。

2.9 Beta 多样性分析 经 PCoA 分析比较，发现 L 组与 H 组之间离散程度较大，说明两组菌群组成差异较大（图 5C）。

2.10 肠道微生物、生长性能、内毒素、肌肉生长和肠道

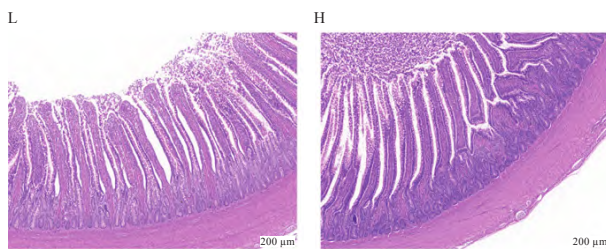


图 3 L 组和 H 组空肠 H&E 染色结果

表 6 L 组和 H 组表 6 空肠绒毛长度、隐窝深度及绒毛隐比分析

处理	绒毛长度, mm	隐窝深度, mm	绒毛隐比
L 组	0.92±0.043 ^b	0.40±0.026 ^a	2.31±0.185 ^b
H 组	1.39±0.023 ^a	0.28±0.009 ^b	5.01±0.246 ^a
P 值	<0.0001	0.0015	0.0001

表 7 肌生成因子在胸肌和腿肌中及肠道屏障基因在空肠组织的表达情况

指标	L 组	H 组	P 值
胸肌			
<i>MyoD</i>	0.78±0.15	0.81±0.21	0.8537
<i>Myh1</i>	0.75±0.06	0.79±0.18	0.7303
<i>Igf-1</i>	0.76±0.06	0.79±0.17	0.8370
<i>Desmin</i>	0.81±0.21	0.77±0.07	0.8204
腿肌			
<i>MyoD</i>	0.79±0.12	0.78±0.15	0.9590
<i>Myh1</i>	0.78±0.18	0.77±0.09	0.9144
<i>Igf-1</i>	0.88±0.39	0.77±0.10	0.7258
<i>Desmin</i>	0.96±0.59	0.76±0.05	0.6192
空肠			
<i>Tnf-α</i>	0.76±0.10	0.81±0.21	0.7598
<i>Ho-1</i>	0.76±0.08	0.83±0.22	0.6623
<i>Clcn2</i>	0.78±0.16	0.79±0.14	0.9593
<i>Zo-1</i>	0.77±0.06	0.90±0.31	0.5836
<i>Ocln</i>	0.81±0.19	0.90±0.31	0.6729

注：胸肌和腿肌相关肌因子 mRNA 表达情况。*MyoD*：重组肌原分化；*Myh1*：肌凝蛋白重链 1；*Igf-1*：胰岛素样生长因子 1；*Desmin*：肌间线蛋白；肠道屏障相关基因的表达情况。*Tnf-α*：肿瘤坏死因子-α；*Ho-1*：血红素加氧酶-1；*Clcn2*：Claudin2，紧密连接蛋白；*Zo-1*：闭塞带-1；*Ocln*：Occludin，紧密连接蛋白。结果以 mean±SD（n=6）表示，字母不同表示差异显著（P<0.05）。

屏障相关因素的相关性分析 本研究筛选了前 10 个重要的盲肠菌群，并与相关基因表达水平、生长性能、肠道屏障、内毒素和肌肉生长情况进行了相关性分析。从图 6A 可以看出，在门水平上排名前 10 位的细菌与血

表 5 L 组和 H 组胸腿肌肌纤维密度和直径分析

处理	胸肌肌纤维密度, n/mm ²	腿肌肌纤维密度, n/mm ²	胸肌肌纤维直径, mm	腿肌肌纤维直径, mm
L 组	1520.00±306.20	245.30±47.38	0.0328±0.0044 ^b	0.0868±0.0028
H 组	1470.00±164.30	252.40±41.19	0.0466±0.0080 ^a	0.0819±0.0065
P 值	0.6669	0.7371	0.0180	0.6920

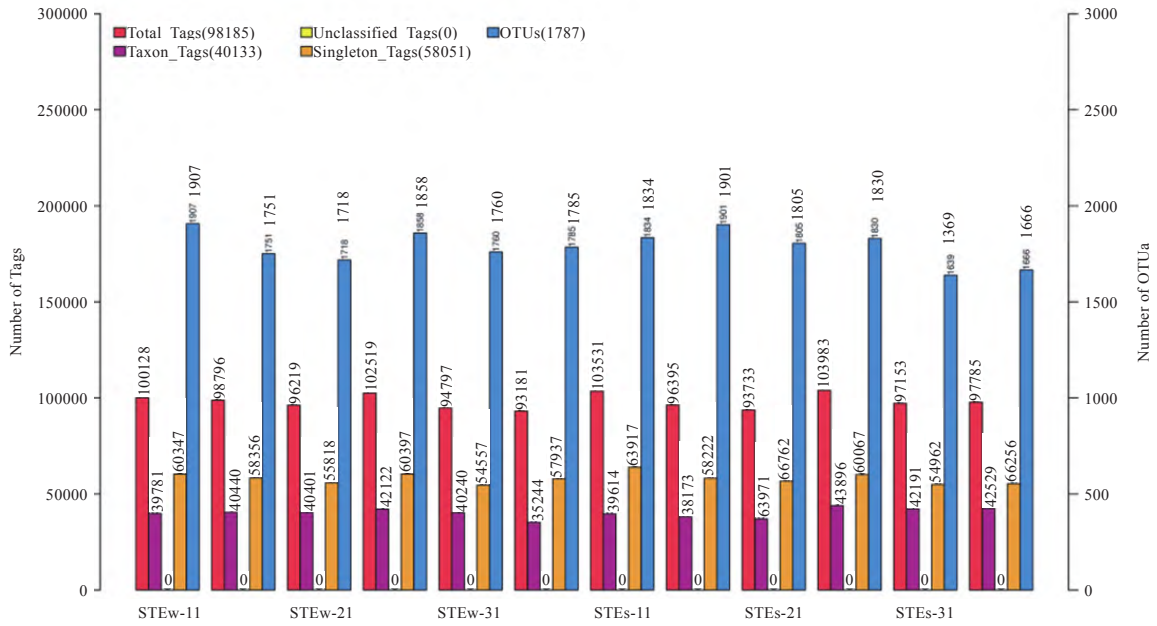
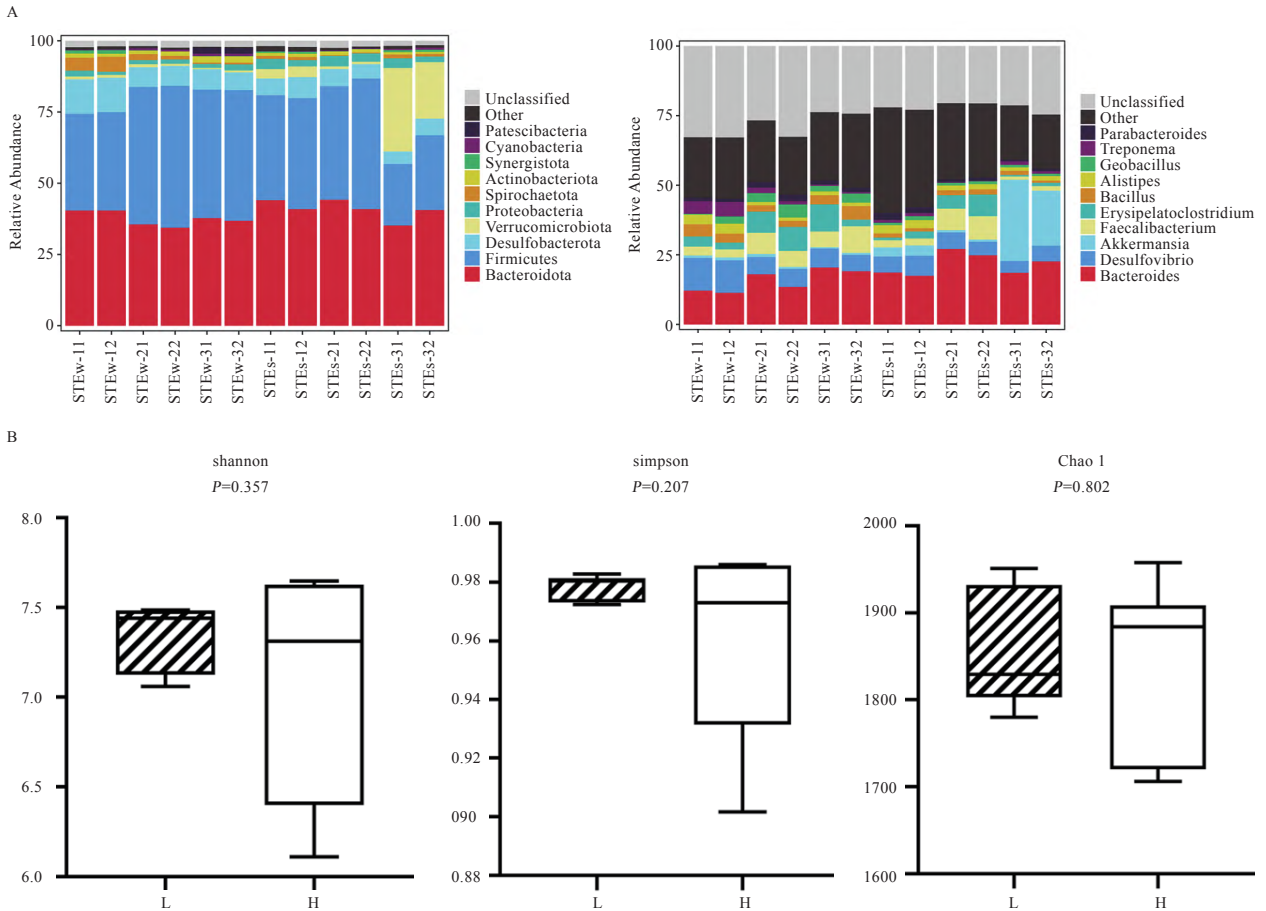
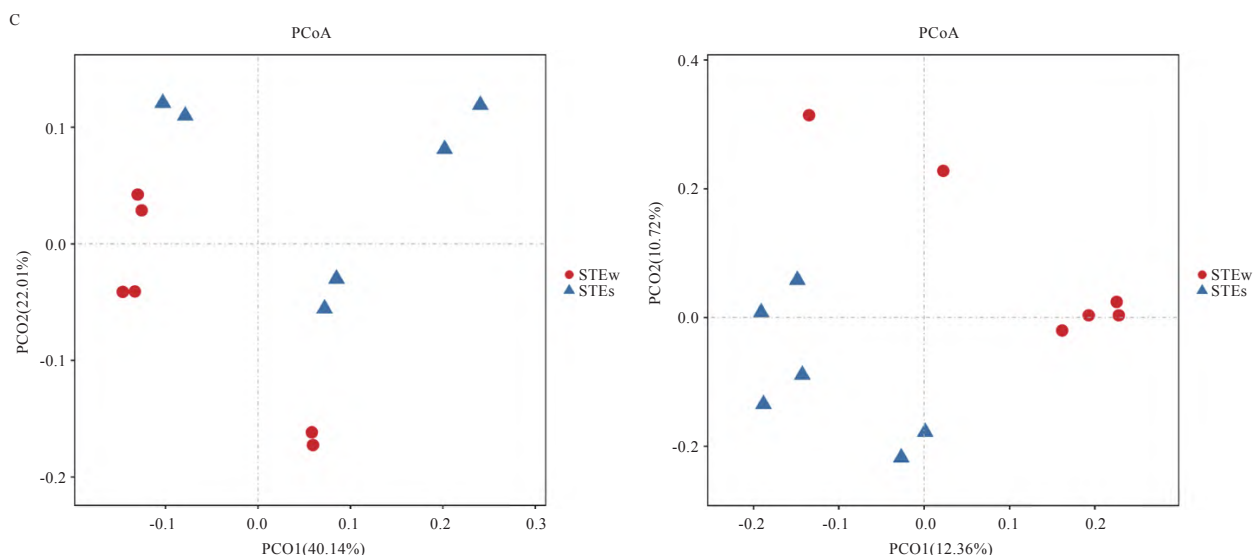


图 4 Tags 和 OTUs 数量统计图

清内毒素，生长性能，肠道与肌肉相关基因相对表达量和肠道切片数据存在相关性。厚壁菌门和微生物暗物质

与狮头鹅血清内毒素，空肠隐窝深度和 *Myh1* 表达呈正相关 ($P<0.05$)，但和活体重、绒隐比、腿肌重、空肠





A: 肠道微生物在门(左)和属(右)水平上的分布。B: L组和H组的alpha多样性。Shannon指数衡量生物群落中物种多样性, Simpson指数描述从一个群落连续两次抽样所得到的个体数属于同一种的概率, Chao 1指数代表物种丰富度。横坐标为群体, 纵坐标为alpha多样性指数具体值。C: 以PCoA表达的微生物群落beta多样性, 左图基于加权UniFrac距离的PCoA分析, 右图基于未加权UniFrac距离的PCoA分析。

图5 盲肠内容物微生物区系差异分析

绒毛长度呈负相关($P<0.05$)。疣微菌门、螺旋体门和互养菌门与狮头鹅 *MyoD*、*Igf-1*、*Zo-1* 表达呈正相关($P<0.05$)。然后在属水平上进一步分析情况。同样, 从图 6B 可以看出脱硫弧菌属和厚壁菌属与鹅腿肌重, 绒毛长度呈负相关($P<0.05$); 副拟杆菌属与肠道紧密连接蛋白 *Ho-1* 表达呈负相关($P<0.05$); 另枝菌属与肠道紧密连接蛋白 *Cldn2* 表达呈负相关($P<0.05$), 但与调节肌肉快肌纤维基因 *Myh1* 表达呈正相关($P<0.05$)。另外, 革兰氏阴性菌嗜粘蛋白-阿克曼氏菌属与 *MyoD*、*Igf-1* 以及 *Zo-1* 表达呈正相关($P<0.05$)。

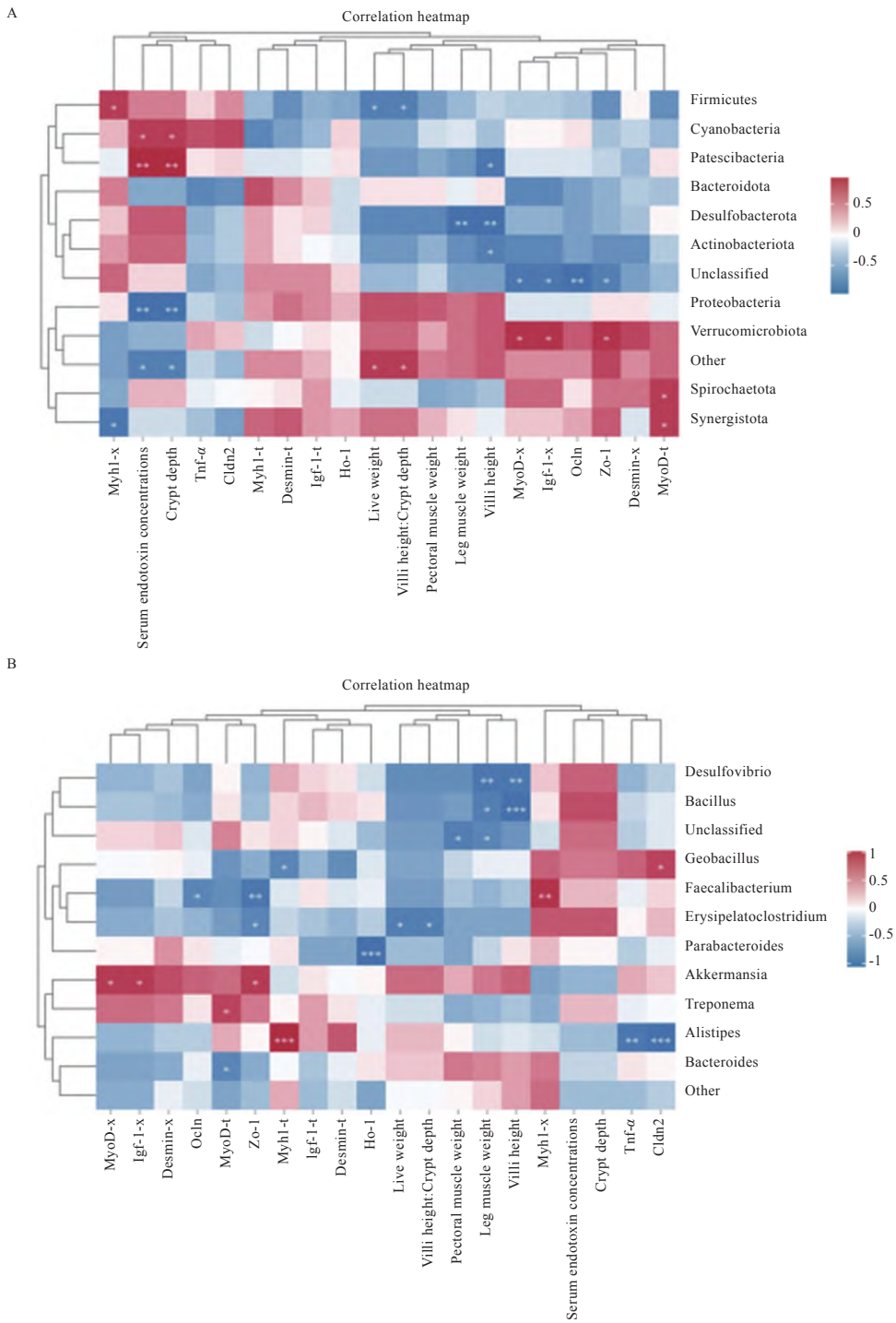
3 讨论

3.1 体型较大的狮头鹅活体重、胸肌重较优 体重是评估家禽生长性能高低的重要指标, 能够反映家禽的生长发育状况。本试验结果表明, 体型较大的组别(H组)活体重和胸肌重相较体型较小的组别(L组)明显要高。骨骼肌是动物体重最主要的组成部分, 胸肌本身占狮头鹅骨骼肌的比重较大, 故胸肌重量很大程度上决定了狮头鹅的产肉量^[12]。另有研究表明, 在相同饲养条件下, 体重较大的扬州鹅的屠体重、体全长和头颈长均高于体重较小组, 产肉率更高^[13]。Okoh等^[14]在观测同一地区土鸡群体时, 发现在同一饲养条件下, 土鸡依旧出现了体重差异显著的现象。这些研究结果与本试验结果相似。

3.2 不同育肥效果的狮头鹅体内血清内毒素差异 本试

验结果表明, 相同饲养环境下育肥效果不同的狮头鹅体内血清内毒素浓度积累无显著差异。有研究显示, 肠道菌群可通过代谢产物(如短链脂肪酸)激活宿主免疫调控通路(如 *PPAR γ*), 抑制内毒素诱导的炎症反应, 从而减少内毒素对生理功能的直接影响。这种肠道-菌群互作可掩盖内毒素代谢能力的个体差异, 导致血清内毒素浓度未出现显著变化^[15]。虽然血清内毒素含量差异不大, 但是不同育肥效果的鹅可能对内毒素的耐受性表现不同。据报道, 不同鹅个体间肝脏代谢酶的活性差异可达 35% (如 *CYP450* 家族酶), 这种差异可通过加速内毒素的解毒与排泄, 维持血清内毒素浓度的稳态^[16]。此外, 江丹莉等^[9]研究发现养殖水体污染会降低鹅血液中的白细胞数量, 导致鹅的免疫机能下降, 从而影响其健康状况。课题组过往研究表明, 高浓度的外源性 LPS 体外注射可能通过降低血液中生长激素(GH)和白介素-6(IL-6)损伤山麻鸭的肝脏与脾脏组织^[17]。故相同饲养条件下不同育肥效果的狮头鹅可能受到体内内毒素的影响, 从而导致生长性能和免疫功能受到影响, 可进一步探究。

3.3 不同育肥效果的狮头鹅肠道菌群组成差异 动物肠道内栖息着数量庞大、种类繁多的微生物, 通过其代谢产物参与宿主的消化分解、能量代谢、免疫等过程。研究表明, 在饮食和饲养环境相同的条件下, 四川白鹅的肠道微生物仍存在较大差异^[18], 这与本试验结果一致。



A: 门水平上的肠道微生物与生长性能、内毒素、肌肉和肠道屏障相关参数的相关热图; B: 属水平上的肠道微生物与生长性能、内毒素、肌肉和肠道屏障相关参数的相关热图。
不同颜色深浅代表不同的 P 值 (-1~1)。

图 6 肠道微生物、生长性能、内毒素、肌肉和肠道屏障相关参数的相关热图

本试验结果表明,在门水平上,H组疣菌门和变形菌门的相对含量高于L组;在属水平上,H组拟杆菌属和脱硫弧菌属的相对丰度高于L组。且2组在PCoA分析中,菌群组成差异较大。研究表明,疣微菌门和变形菌门为

鹅粪便中的优势菌门,五龙鹅高产蛋组盲肠中变形菌门中脱硫弧菌属、变形菌门显著富集^[19],说明其可能对产蛋调控其一定作用。据报道,在门水平上,体重较大组的扬州鹅厚壁菌门/拟杆菌门比值比小体重组高

约 20%，且初生体重与门水平上的铁杆菌群呈显著正相关^[20]。上述研究说明肠道菌群差异可能是导致狮头鹅育肥效果差异的影响因素。

3.4 盲肠菌群结构与生长性能、内毒素、肌肉和肠道屏障基因表达的相关性 本研究基于 16S rDNA 序列的组间动态相关性分析，揭示了狮头鹅肠道菌群与生长性能、肌肉生长及肠道屏障功能之间的复杂关联，主要可归纳为以下 3 个层面的相互作用机制：

1) 厚壁菌门的双重调控作用。本研究发现厚壁菌门丰度与血清内毒素水平呈显著正相关，赵彩娇等^[21]提出的厚壁菌门通过脂多糖释放破坏肠道屏障的机制相印证。值得注意的是，该菌门与活体重、腿肌重等生长指标呈负相关，Li 等^[22]在肉鸡研究中观察到的类似现象，可能源于其产生的内毒素诱导的慢性炎症反应：一方面，内毒素通过 TLR4/NF-KB 通路激活肌肉蛋白降解系统；另一方面，炎症因子分泌增加导致能量向免疫应答倾斜，抑制生长性能。这种“代谢代价”机制或可解释 H 组和 L 组育肥效果差异。

2) 菌群-肌肉发育的协同网络。疣微菌门、螺旋体门与 *MyoD*、*Igf-1* 表达的正相关性揭示了微生物调控肌肉发育的新途径。结合 Xu 等^[23]关于另枝菌属改善代谢的研究，本研究推测这些菌属可能通过以下机制发挥作用：产生支链氨基酸（如亮氨酸）激活 mTORC1 信号通路，促进成肌细胞增殖；调控 IGF-1/PI3K-Akt 通路增强肌纤维分化^[24]；代谢产生的丁酸盐通过 HDAC 抑制维持 *MyoD* 表达稳定性。而嗜粘蛋白-阿克曼氏菌属与 *MyoD*、*Zo-1* 表达的正相关，提示其可能通过增强肠道屏障功能来维持肌肉发育所需的营养吸收稳态。

3) 菌群-肠道屏障的动态平衡。在属水平上，脱硫弧菌属与绒毛长度的负相关可能与其产生的硫化氢损伤肠上皮细胞有关，而副拟杆菌属与 HO-1 的负相关则反映该菌属可能通过激活 Nrf2 通路影响抗氧化防御系统。值得注意的是，嗜粘蛋白-阿克曼氏菌属与 *Zo-1* 的正相关表明其可能通过分泌 P9 蛋白等效应分子，直接增强紧密连接蛋白的组装稳定性，这与兰连成等^[25]报道的菌群调控肠道屏障机制形成补充。

本研究的实践启示主要体现在：1) 通过调控厚壁菌门/嗜粘蛋白-阿克曼氏菌属的比例平衡，可能实现生长性能与抗炎效应的最优化；2) 开发包含疣微菌门、

螺旋体门的益生菌制剂，或可成为促进鹅肌肉发育的新策略。后续研究应结合代谢组学，重点解析关键菌属的特征代谢产物（如 SCFAs、色氨酸代谢物）在菌群-宿主对话中的介导作用^[26]。

4 结 论

本研究对相同养殖条件下不同育肥效果狮头鹅胸腿肌、肠道结构和微生物组成差异进行了系统分析，发现体型较大的狮头鹅活体重、胸肌重较优，且空肠绒隐比较高，肠道微生物多样性较为丰富。此外，肠道菌群的优势可能是体型较大狮头鹅育肥效果优于体型较小狮头鹅的原因。

参考文献：

- [1] 罗永全, 韩远豪, 黎颂超, 等. 狮头鹅种质资源概述及保护与开发利用建议 [J]. 中国畜禽种业, 2024, 20(7): 32-39.
- [2] 刘思扬, 刘秋翔, 饶平狮头鹅 [J]. 广东畜牧兽医科技, 2019, 44(6): 10-13.
- [3] 丁丽艳, 刘国君, 赵秀华, 等. 营养调控种鹅繁殖性能研究进展 [J]. 中国家禽, 2018, 40(7): 46-48.
- [4] Zhou Z, Li M, Cheng H, et al. An intercross population study reveals genes associated with body size and plumage color in ducks[J]. Nat Commun, 2018, 9(1): 3974.
- [5] Carrió E, Díez-Villanueva A, Lois S, et al. Deconstruction of DNA methylation patterns during myogenesis reveals specific epigenetic events in the establishment of the skeletal muscle lineage[J]. Stem Cells, 2015, 33(6): 2025-2036.
- [6] Saint-Martin V, Guillory V, Chollot M, et al. The gut microbiota and its metabolite butyrate shape metabolism and antiviral immunity along the gut-lung axis in the chicken[J]. Commun Biol, 2024, 7(1): 1185.
- [7] Hao Y, Ji Z, Shen Z, et al. Effects of total dietary fiber on cecal microbial community and intestinal morphology of growing white pekin duck[J]. Front Microbiol, 2021, 12: 727200.
- [8] 阳金金, 杨芷, 杨雨, 等. 甜菜碱对脂多糖刺激仔鹅生长性能、器官指数、血清生化指标及脾脏炎症因子表达的影响 [J]. 动物营养学报, 2021, 33(4): 2044-2054.
- [9] 江丹莉, 刘丽, 陈芳, 等. 细菌内毒素对肉鹅生长性能及免疫机能的影响研究 [J]. 中国家禽, 2011, 33(7): 10-15.
- [10] 张丽, 孙宝忠. 肌纤维类型与生理代谢、生长性能及肉质的关系 [J]. 肉类研究, 2013, 27(8): 25-30.
- [11] 陈建洲. 不同运动量对扬州鹅生长发育、肉用性能与品质及福利状况的影响 [D]. 扬州: 扬州大学, 2023.
- [12] 魏宝宁, 詹佩龙, 黄晓凤, 等. Myostatin 表达规律及其在鹅胚成肌细胞分化过程中的作用分析 [J]. 中国畜牧杂志, 2024, 60(11): 96-103.
- [13] 刘威. 快长系扬州鹅生产性能测定、遗传参数估计及肠道微生物多样性分析 [D]. 扬州: 扬州大学, 2024.
- [14] Okoh J J, Mbap S, Mancha Y, et al. Effects of plumage colour

- on measureable attributes of indigenous chicken in north central nigeria[J]. Scientific Papers-Series D-Animal Science, 2024, LXIII(2): 1-8.
- [15] 刁有江, 范学政. 山东部分地区规模化肉鸭场致病性大肠杆菌优势血清型调查与耐药性检测[J]. 医学动物防制, 2015, 31(5): 476-480.
- [16] 郝家胜, 周开亚. 狮头鹅、莱茵鹅和灰雁 mtDNARFLP 分析[J]. 安徽师大学报(自然科学版), 1998(2): 32-36.
- [17] 张续勤, 黎颂超, 蔡颖宇, 等. 外源性脂多糖对山麻鸭雏鸭生长、血清激素、肝、脾及肌纤维发育的影响[J]. 畜牧与兽医, 2021, 53(10): 35-41.
- [18] 袁岩聪, 何航, 刘安芳, 等. 不同体重四川白鹅消化生理、免疫和肠道微生物的比较分析[J]. 畜牧兽医学报, 2023, 54(3): 1124-1134.
- [19] 赵思宇, 王宝维, 凡文磊, 等. 不同产蛋水平五龙鹅肠道形态、肠道菌群结构及养分利用率比较分析[J]. 动物营养学报, 2024, 36(4): 2406-2415.
- [20] Xu X, Fan S, Wu H, *et al.* A 16S RNA analysis of yangzhou geese with varying body weights: gut microbial difference and its correlation with body weight parameters[J]. Animals (Basel), 2024, 14(14): 2042.
- [21] 赵彩娇, 谌桑妮, 李鑫, 等. 艾灸“足三里”对衰老大鼠氧化应激和肠道菌群的影响[J]. 中国针灸, 2024, 44(3): 303-308.
- [22] Li Y, Xu Q, Huang Z, *et al.* Effect of *Bacillus subtilis* CGMCC 1.1086 on the growth performance and intestinal microbiota of broilers[J]. J Appl Microbiol, 2016, 120(1): 195-204.
- [23] Xu X, Wang Y, Wu X, *et al.* Administration of *Alistipes indistinctus* prevented the progression from nonalcoholic fatty liver disease to nonalcoholic steatohepatitis by enhancing the gut barrier and increasing *Lactobacillus* spp[J]. Biochem Biophys Res Commun, 2024, 741: 151033.
- [24] 刘作兰, 黄勇, 王启贵, 等. 四川白鹅体重、肌肉、消化道生长曲线拟合和分析研究[J]. 中国畜牧杂志, 2017, 53(1): 21-27.
- [25] 兰连成, 杨梅雄, 单庆文. Th17 在腹型过敏性紫癜胃肠黏膜损伤中的作用机制研究进展[J]. 广西医科大学学报, 2019, 36(1): 148-151.
- [26] 张名爱, 王宝维, 龙芳羽, 等. 五龙鹅肠道正常菌群的研究[A]. 中国畜牧兽医学会. 中国畜牧兽医学会 2006 学术年会论文集(上册)[C]. 北京: 中国畜牧兽医学会, 2006: 421-424.

(责任编辑: 周会会)

(上接第 262 页)

- 121.
- [12] 李莹, 何静怡, 陈鹏, 等. 麻黄鸡体质量与体尺性状的相关分析和主成分分析[J]. 河南农业科学, 2022, 51(5): 126-132.
- [13] 蒋发俊, 许文坤, 梅国栋, 等. 腾冲雪鸡体重与体尺性状的主成分和聚类分析[J]. 饲料研究, 2024, 47(19): 86-90.
- [14] 黄得纯, 吕敏芝, 池仕红, 等. 东涛鸡体质量与体尺性状的相关分析及通径分析[J]. 河南农业科学, 2020, 49(8): 130-135.
- [15] 袁红艳, 李先玉, 吴昊昱, 等. 白羽雏鸡体尺与屠宰性能的相关性及回归分析[J]. 中国畜禽种业, 2024, 20(9): 16-23.
- [16] Oduguwa B, Adedeji A, Sowande S, *et al.* Estimation of live weight from linear body measurements of three african breeds of cattle under extensive management system in Nigeria[J]. Nigerian J Anim Sci, 2013, 15(1): 1-9.
- [17] 张淑雅. 肉用系略阳乌鸡选育效果评估及与生长性状相关的基因有效选择位点的研究[D]. 杨凌: 西北农林科技大学, 2023.
- [18] 侯英东, 耿晓文, 张志远, 等. 固始鸡 A 系与矮小贵妃鸡杂交 F1 代生长性能探究及生长曲线拟合[J]. 中国家禽, 2024, 46(6): 8-14.
- [19] Adenaike A S, Ajibade B S, Akpan U, *et al.* Prediction of live weight and morpho-biometric traits of male nigerian indigenous chickens using path coefficient analysis[J]. Agric Conspec Sci, 2023, 88(1): 61-65.
- [20] 李家辉, 赵晓钰, 李海英, 等. 也迷离鸡生长发育规律及体重体尺的相关性分析[J]. 新疆农业科学, 2023, 60(5): 1281-1291.
- [21] 蒋发俊, 许文坤, 范新阳, 等. 武定鸡、大围山微型鸡及尼西鸡体尺对体重影响的比较研究[J]. 中国畜牧杂志, 2025, 61(2): 129-137.
- [22] Atta M, Ali S B A, Mohamed B M, *et al.* Prediction of body weight using body measurements in some sheep and goats in Qatar[J]. J Appl Anim Res, 2024, 52(1): 2288917.
- [23] 章明, 巨晓军, 唐燕飞, 等. 瑶鸡体尺与体重通径分析及最优回归模型的建立[J]. 中国家禽, 2020, 42(8): 12-17.

(责任编辑: 赵楠)