



不同生长性能苏姜猪保育猪肠道菌群差异分析

张君胜 徐盼 陶勇 倪黎纲 周春宝 蔡佳炜 朱淑斌*

江苏农牧科技职业学院 江苏 泰州 225300

摘要:【背景】苏姜猪是优质瘦肉型新品种猪,断奶仔猪受到多方面应激影响会出现生长性能差异。

【目的】研究不同生长性能的苏姜猪保育猪肠道菌群结构的异同。【方法】试验选取了同日龄、体重相近、健康情况良好的保育仔猪 100 头,在相同的饲养条件下饲养 42 d,试验结束选取体重较轻的为弱仔猪,3 头弱仔猪体重为 18.43 ± 2.37 kg; 体重较大的为健康仔猪,3 头健康仔猪体重为 27.37 ± 1.36 kg。屠宰后,采集其空肠和盲肠内容物,提取微生物基因组 DNA 进行高通量测序分析其菌群结构。【结果】苏姜猪仔猪空肠和盲肠在菌群丰度、多样性上有极显著的差异($P < 0.01$)。苏姜猪仔猪空肠菌群优势菌群为变形菌门(*Proteobacteria*)假单胞菌属(*Pseudomonas*)的非致病性菌株,占比超过 90%。苏姜猪仔猪盲肠优势菌门依次为拟杆菌门(*Bacteroidetes*)、厚壁菌门(*Firmicutes*)、变形菌门(*Proteobacteria*)。门水平组成结构存在差异,弱仔猪厚壁菌门丰度低于健康仔猪、变形菌门丰度高于健康仔猪。苏姜猪盲肠中普雷沃氏菌属(*Prevotella*)、疣微菌科 UCG-005 (*Ruminococcaceae*_UCG-005)、拟普雷沃菌属(*Alloprevotella*)等与纤维消化有关的菌属丰度较高。弱仔猪与健康仔猪盲肠菌群在属水平结构存在显著差异($P < 0.05$),弱仔猪盲肠中普雷沃氏菌-9 (*Prevotella*_9)、埃希菌-志贺菌属(*Escherichia-shigella*)、疣微菌科 UCG-005 (*Ruminococcaceae*_UCG-005)、Norank_f_普雷沃氏菌(*norank_f_Prevotellaceae*)高于健康仔猪,健康仔猪盲肠中乳酸杆菌属(*Lactobacillus*)、普雷沃氏菌-2 (*Prevotella*_2)、土孢杆菌属(*Terrisporobacter*)、狭义梭菌属 1 (*Clostridium_sensu_stricto*_1)高于弱仔猪。其中乳酸杆菌属和土孢杆菌属与仔猪健康相关,埃希菌-志贺菌属与疾病相关。【结论】不同生长性能仔猪肠道菌群构成存在显著差异,研究结果为进一步研究苏姜猪肠道菌群的功能提供依据。

关键词: 苏姜猪, 保育仔猪, 肠道菌群, 生长性能, 差异分析

Foundation items: National Development and Reform Commission for Capacity Building and Industrialization of Biological Breeding (2150299); Modern Agricultural Industry Technology System Construction Project of Jiangsu Province (JATS2018243); Research Project of Jiangsu Agri-animal Husbandry Vocational College (NSF201802)

*Corresponding author: E-mail: zhushubin2003@163.com

Received: 21-02-2020; Accepted: 22-04-2020; Published online: 12-05-2020

基金项目: 国家发改委生物育种能力建设与产业化资助项目(2150299); 江苏现代农业产业技术体系建设项目(JATS2018243); 江苏农牧科技职业学院科研项目(NSF201802)

*通信作者: E-mail: zhushubin2003@163.com

收稿日期: 2020-02-21; 接受日期: 2020-04-22; 网络首发日期: 2020-05-12

Analysis on the difference of intestinal microflora of Sujiang piglets with different growth performance

ZHANG Jun-Sheng XU Pan TAO Yong NI Li-Gang ZHOU Chun-Bao CAI Jia-Wei
ZHU Shu-Bin*

Jiangsu Agri-animal Husbandry Vocational College, Taizhou, Jiangsu 225300, China

Abstract: [Background] Sujiang pig is a new breed of high-quality lean meat pig. The growth performance of weaned piglets will be different under various stress. [Objective] To study the differences and similarities of intestinal flora structure of Sujiang piglets with different growth performance. [Methods] 100 healthy piglets with similar body weight at the same age were selected and fed under the same feeding conditions for 42 days. At the end of the experiment, three weaker and heavier piglets were selected for the further analysis. The average body weight of the three weak and healthy piglets was 18.43 ± 2.37 kg and 27.27 ± 1.36 kg, respectively. After slaughtering, the contents of jejunum and cecum were collected, and the microbial genomic DNA was extracted and analyzed by high-throughput sequencing. [Results] There were significant differences in microflora abundance and diversity between jejunum and cecum of Sujiang piglets ($P < 0.01$). The predominant strain of jejunum flora of Sujiang piglets is the non-pathogenic strain of *Proteobacteria Pseudomonas*, accounting for more than 90%. The dominant bacteria in the cecum of Sujiang piglets were *Bacteroidetes*, *Firmicutes* and *Proteobacteria* in turn. There were differences in the composition and structure at the phylum level, the abundance of *Firmicutes* in weak piglets was lower than that in healthy piglets, and the abundance of *Proteobacteria* was higher than that in healthy piglets. *Prevotella*, *Ruminococcaceae*_UCG-005, *Alloprevotella* and other bacteria related to fiber digestion were abundant in the cecum of Sujiang pigs. There were significant differences in cecal flora between weak piglets and healthy piglets at genus level ($P < 0.05$). *Prevotella_9*, *Escherichia-shigella*, *Ruminococcaceae*_UCG-005 and norank_f_Prevotellaceae in cecum of weak piglets were higher than those of healthy piglets, while *Lactobacillus*, *Prevotella_2*, *Terrisporobacter* and *Clostridium_sensu_stricto_1* in cecum of healthy piglets were higher than those of weak piglets. *Lactobacillus* and *Terrisporobacter* are related to the health of piglets, *Escherichia-shigella* is associated with disease of piglets. [Conclusion] There were significant differences in the composition of intestinal microflora among piglets with different growth performance. The results provided a basis for further study on the function of intestinal microflora in Sujiang pigs.

Keywords: Sujiang piglets, Nursery piglets, Intestinal microflora, Growth performance, Analysis on difference

保育仔猪的生长过程会伴随着断奶、转舍、采食方式、饲料变化等一系列不利因素,从而导致仔猪肠道菌群紊乱、易发病、生长缓慢、成活率低。猪的肠道内拥有一个庞大又完整的微生物体系,其中的微生物数量大约为 10^{14} 个,远大于自身的细胞数目^[1]。肠道微生物可以帮助猪分解利用一些单胃动物不能直接消化和利用的物质,比如寡聚糖、纤维素等^[2]。肠道微生物还可以分泌淀粉酶、蛋白酶等消化酶,辅助动物机体的肠道进行消化作用^[3]。同时,这些微生物还能形成和释放许多猪必

需的营养素,如 B 族类维生素和 K 族类维生素^[4]。何贝贝等研究表明,猪的肠道微生物组成与猪的生长性能有一定关联,粪球菌、罗氏菌属细菌和乳酸菌在生长性能高的猪肠道中是优势菌^[5]。Kim 等研究发现 10 周龄猪的生长速度与肠道微生物有关^[6]。

苏姜猪是以姜曲海猪、杜洛克猪为亲本培育而成的优质瘦肉型新品种猪,于 2013 年 8 月通过国家畜牧种质资源委员会审定,获得了畜禽新品种证书^[7],但截至目前未见其弱仔猪和健康仔猪肠道菌群差异的研究报道。

本研究分析了同期断奶体型与健康状况相似的苏姜猪仔猪,采用相同的饲养管理方法,达到保育结束时形成的明显弱仔猪与健康仔猪肠道微生物区系的差异,从而为改善苏姜猪仔猪生产性能、提高苏姜猪生产效率提供解决问题思路。

1 材料与方法

1.1 试验猪只选择

在江苏苏姜种猪有限公司选择同一批次断奶、日龄相近、断奶重基本相同的健康仔猪 100 头,在相同条件下进行饲喂 42 d,全程采用嘉吉公司全价保育仔猪料。饲养过程中如有发病猪及时淘汰,在第 35 天上午 9 时进行称重,选择体重较轻的 3 头作为弱仔猪,体重较大的 3 头作为健康仔猪。

1.2 样品采样与保存

将 6 头试验用猪进行编号,然后分别称重。称重后对猪进行侧卧保定,用干净的刀子刺穿颈部动脉放血,待死亡后进行解剖,用手术线结扎幽门、回盲瓣及分界处。用规格为 20 mL 的一次性离心管进行取样,每支离心管需要准确标明样本采集的仔猪编号及采样的部位。每只猪需要取空肠和盲肠内容物的样本,采集后样品-20 °C 保存。

1.3 主要试剂和仪器

E.Z.N.A.[®] Soil DNA 提取试剂盒, Omega 公司; AxyPrepDNA 凝胶回收试剂盒, Axygen 公司; DNA 聚合酶, 北京全式金生物技术有限公司。Quantus[™]蓝色荧光定量系统, Promega 公司; 紫外分光光度计, NanoDrop 公司; PCR 扩增仪, ABI 公司; 高速台式冷冻离心机, Eppendorf 公司; 电泳仪, Bio-Rad 公司; MiSeq 测序仪, Illumina 公司; 紫外-可见分光光度计, Thermo Fisher Scientific 公司。

1.4 样品 DNA 提取及 PCR 扩增

将保存的内容物样品按照提取试剂盒使用说明提取 DNA, 采用紫外分光光度计检测提取 DNA 样本纯度和浓度, 采用凝胶电泳检测样本的完整性。检测合格的样本委托上海美吉生物公司, 采用 16S rRNA 基因引物 338F (5'-ACTCCTACGG

GAGGCAGCAG-3') 和 806R (5'-GGACTACHVG GGTWTCTAAT-3') 进行细菌 16S rRNA 基因 V3-V4 区 PCR 扩增。PCR 反应体系按照聚合酶说明书配制。PCR 反应条件: 95 °C 3 min; 95 °C 30 s, 55 °C 30 s, 72 °C 45 s, 30 个循环; 72 °C 10 min; 10 °C 保存。将 PCR 产物定量, 之后按照每个样本的测序量要求, 采用 Illumina HiSeq 2500 测序平台进行测高通量测序。

1.5 数据分析

MiSeq 测序得到的 PE reads 首先根据 Overlap 关系进行拼接, 同时对序列质量进行质控、过滤、去杂, 区分样本后进行 OTU 聚类分析和物种分类学分析。OTU 聚类分析在软件平台 USEARCH V7.0 (<http://drive5.com/usearch/>) 进行, 对优化序列提取非重复序列, 便于降低分析中间过程冗余计算量, 去除没有重复的单序列, 按照 97% 相似性对非重复序列(不含单序列)进行 OTU 聚类, 在聚类过程中去除嵌合体, 得到 OTU 的代表序列。为了得到每个 OTU 对应的物种分类信息, 比对数据库采用 16S 细菌和古菌核糖体数据库 Silva (release128 <http://www.arb-silva.de>), 采用 RDP classifier 贝叶斯算法对 97% 相似水平的 OTU 代表序列进行分类学分析, 并分别在各个分类学水平: 域(domain)、界(kingdom)、门(phylum)、纲(class)、目(order)、科(family)、属(genus)、种(species)统计各样本的群落组成。在美吉生物云平台(<https://cloud.majorbio.com/>)进行了物种 α 多样性分析、物种组成分析以及物种差异分析。试验数据采用平均数 \pm 标准差来表示, 差异显著性分析采用 *t* 检验分析, $P < 0.05$ 为差异显著, $P < 0.01$ 为差异极显著。

2 结果与分析

2.1 仔猪增重差异

经过称重选择, 选择试验仔猪体重见表 1, 经过保育阶段后, 长势弱的仔猪体重极显著地小于健康仔猪($P < 0.01$)。

表 1 仔猪体重数据

Table 1 Weight data of piglets

项目	弱仔猪	健壮仔猪	P 值
Item	Weak piglet	Healthy piglet	P value
初始重	6.35±0.09	6.43±0.27	0.680
Initial weight (kg)			
末重	18.43±2.37	27.37±1.36	0.005
Final weight (kg)			
增重	12.08±2.39	20.94±1.19	0.004
Weight gain (kg)			

2.2 测序数据统计

试验共采集样本 12 个, 扩增获得 587 945 条序列, 优化序列 487 945 条, 优化碱基 206 285 580 bp, 平均长度为 420.954 9 bp。以分类学水平下的 OTU 数目排序等级为横坐标, 以该分类水平下的物种数目的相对百分含量为纵坐标, 样本曲线的延伸终点的横坐标位置为该样本的物种数量, 作 OTU Rank-abundance 曲线图, 结果见图 1。由结果可见弱仔猪空肠曲线下降最快, OTU 数量也最少; 其次是健康仔猪空肠。这说明弱仔猪空肠物种多样性最低, 其次是健康仔猪空肠, 盲肠的物种多样性高于空肠, 空肠优势菌群所占比例很高。

2.3 α 多样性分析

由表 2 中多样性指数可以看到试验各样本 Coverage 均超过 99.7%, 这说明内容物种的细菌没

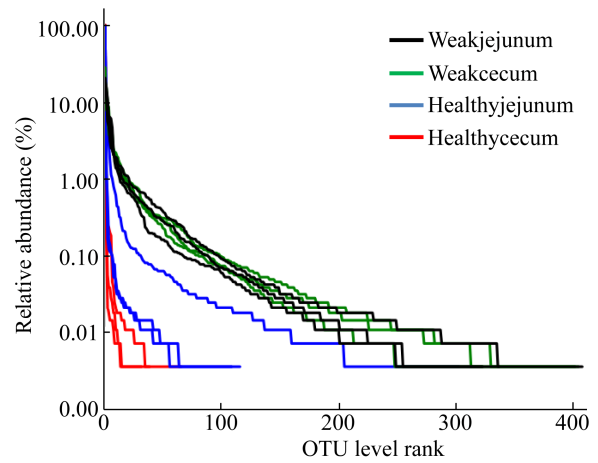


图 1 OTU rank-abundance 曲线图

Figure 1 OTU rank-abundance curves

注: Weakjejunum: 弱仔猪空肠; Healthyjejunum: 健康仔猪空肠; Healthycecum: 健康仔猪盲肠; Weakcecum: 弱仔猪盲肠。
 Note: Weakjejunum: Weak piglets jejunum; Healthyjejunum: Healthy piglets jejunum; Healthycecum: Healthy piglets cecum; Weakcecum: Weak piglets cecum.

有被检出的概率极低。该指数反映本次测序结果可以代表样本中微生物的真实情况。样本的各种多样性指数采用 Student's *t* 检验(Student's *t* test)进行分组检验差异显著性, 结果见表 3。苏姜猪仔猪空肠的 Sobs 指数、Shannon 指数、Simpson 指数极显著地低于盲肠($P < 0.01$), 这说明空肠菌群丰富度低于盲肠。在健康仔猪空肠的各项指数略高于弱仔猪, 健

表 2 α 多样性指数表

Table 2 Alpha diversity index table

Samples	Sobs index	Shannon index	Simpson index	ACE index	Chao1 index	Coverage (%)
弱仔猪空肠 1 Weakjejunum 1	68	0.15	0.96	104.67	101.46	99.9
弱仔猪空肠 2 Weakjejunum 2	32	0.03	0.99	59.283	53.857	99.9
弱仔猪空肠 3 Weakjejunum 3	43	0.05	0.99	250.59	101.50	99.9
健仔猪空肠 1 Healthyjejunum 1	123	0.22	0.94	259.22	194.87	99.8
健仔猪空肠 2 Healthyjejunum 2	303	1.66	0.46	410.53	408.46	99.7
健仔猪空肠 3 Healthyjejunum 3	111	0.24	0.93	167.88	186.20	99.8
弱仔猪盲肠 1 Weakcecum 1	409	3.92	0.05	450.50	446.56	99.8
弱仔猪盲肠 2 Weakcecum 2	341	3.56	0.07	411.61	422.43	99.8
弱仔猪盲肠 3 Weakcecum 3	412	3.55	0.10	495.14	535.24	99.7
健仔猪盲肠 1 Healthycecum 1	413	3.95	0.05	460.28	465.16	99.8
健仔猪盲肠 2 Healthycecum 2	357	3.28	0.09	466.19	454.02	99.7
健仔猪盲肠 3 Healthycecum 3	328	3.57	0.08	374.77	366.93	99.8

表 3 α 多样性指数组间差异表

Table 3 Alpha diversity index inter-group difference table

参数 Estimators	健康仔猪空肠 Healthyjejunum	健康仔猪盲肠 Healthycecum	弱仔猪空肠 Weakjejunum	弱仔猪盲肠 Weakcecum	P 值(健康仔猪空肠/ 健康仔猪盲肠) P value (healthyjejunum/ healthycecum)	P 值(健康仔猪盲肠/ 弱仔猪盲肠) P value (healthycecum/ weakcecum)	P 值(健康仔猪空肠/ 弱仔猪空肠) P value (healthyjejunum/ weakjejunum)	P 值(弱仔猪盲肠/ 弱仔猪空肠) P value (weakcecum/ weakjejunum)
Sobs	179.00±107.55	366.00±43.21	47.67±18.45	387.33±40.15	0.05	0.57	0.11	0.00
Shannon	0.71±0.83	3.60±0.33	0.08±0.07	3.68±0.21	0.00	0.76	0.26	9.248e-06
Simpson	0.78±0.27	0.07±0.02	0.98±0.02	0.07±0.02	0.01	0.98	0.28	8.837e-07
ACE	279.21±122.55	433.74±51.16	138.18±99.96	452.42±41.80	0.11	0.65	0.20	0.01
Chao1	263.18±125.89	428.70±53.79	85.61±27.50	468.08±59.41	0.10	0.44	0.08	0.00

健康仔猪盲肠各项指数与弱仔猪差异不明显。

采用随机抽样的方法,模拟输入序列数目与 OTU 数目产出间关系,以 α 多样性指数 Sobs 值为纵坐标绘制稀疏曲线。由图 2 所示,本次测序所有样品的稀释性曲线均趋向平坦,说明测序数据量合理,可以反映样本中绝大多数微生物的信息。

2.4 肠道菌群组成

基于 OTU 样本的群落丰度对样本中不同菌群在门水平和属水平进行了差异分析,结果见图 3 和图 4。由图 3 可见,在空肠阶段弱仔与健康仔猪菌群在门水平和属水平都差异不明显。空肠阶段门

水平主要优势菌群为变形菌门(*Proteobacteria*)、厚壁菌门(*Firmicutes*)和拟杆菌门(*Bacteroidetes*),其中变形菌门占比高达 90%以上。在盲肠阶段微生物多样性大大增加,在门水平上拟杆菌门、厚壁菌门、变形菌门、放线菌门(*Actinobacteria*)为优势菌群,弱仔猪拟杆菌门和变形菌门丰度更高,健康仔猪厚壁菌门和放线菌门丰度更高。

由图 4 可见,空肠阶段属水平的优势菌群为假单胞菌属(*Pseudomonas*)、埃希菌-志贺菌属(*Escherichia-Shigella*)、拟杆菌属(*Bacteroides*)、韦永氏球菌属(*Veillonella*)和粪杆菌属(*Faecalibacterium*),其中假单胞菌属占比超过 90%。盲肠阶段属水平优势菌群有普雷沃氏菌-9(*Prevotella_9*)、埃希菌-志贺菌属(*Escherichia-Shigella*)、拟普雷沃菌属(*Alloprevotella*)、乳酸杆菌属(*Lactobacillus*)、疣微菌科 UCG-005(*Ruminococcaceae_UCG-005*)、普雷沃氏菌-2(*Prevotella_2*)、土孢杆菌属(*Terrisporobacter*)、Norank_f_普雷沃氏菌(*norank_f_Prevotellaceae*)、狭义梭菌属 1(*Clostridium_sensu_stricto_1*)、疣微菌科 UCG-0014(*Ruminococcaceae_UCG-014*)、未命名-f-毛螺菌科(*unclassified_f_Lachnospiraceae*)、普雷沃氏菌科 NK3B31 群(*Prevotellaceae_NK3B31_group*)、真杆菌属 *Coprostanoligenes* 群(*Eubacterium_coprostanoligenes_group*)以及罕见小球菌属(*Subdoligranulum*)。其中,弱仔猪盲肠中普雷沃氏

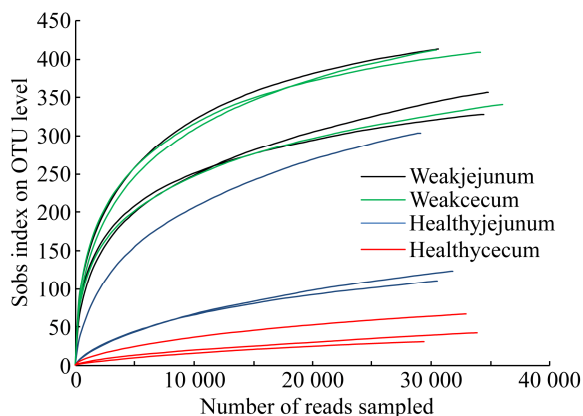


图 2 Sobs 指数稀释性曲线

Figure 2 Sobs rarefaction curves

注: Weakjejunum: 弱仔猪空肠; Healthyjejunum: 健康仔猪空肠; Healthycecum: 健康仔猪盲肠; Weakcecum: 弱仔猪盲肠。
Note: Weakjejunum: Weak piglets jejunum; Healthyjejunum: Healthy piglets jejunum; Healthycecum: Healthy piglets cecum; Weakcecum: Weak piglets cecum.

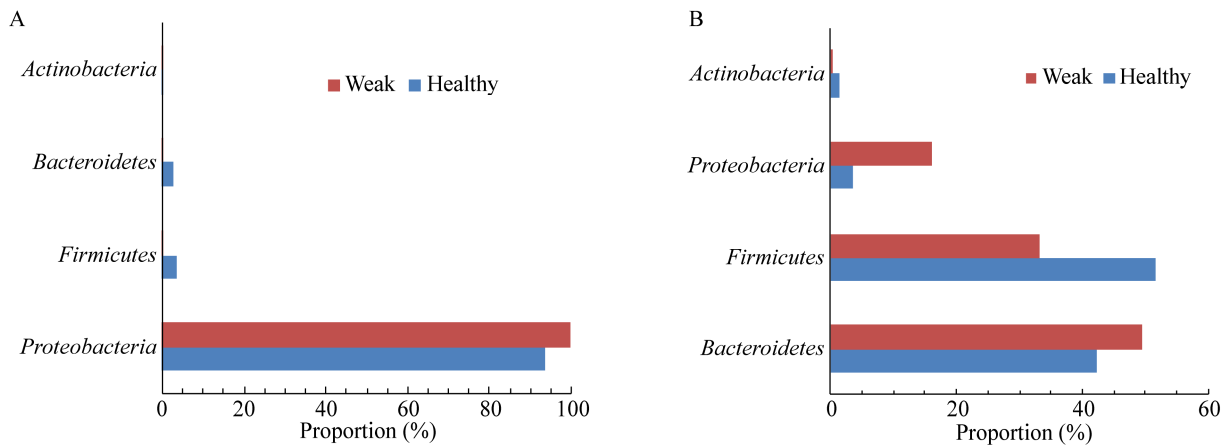


图3 门水平菌群丰度差异对比

Figure 3 Bacterial community different at the phylum level

注: A: 空肠; B: 盲肠. Weak: 弱仔猪; Healthy: 健康仔猪.

Note: A: Jejunum; B: Cecum. Weak: Weak piglets; Healthy: Healthy piglets.

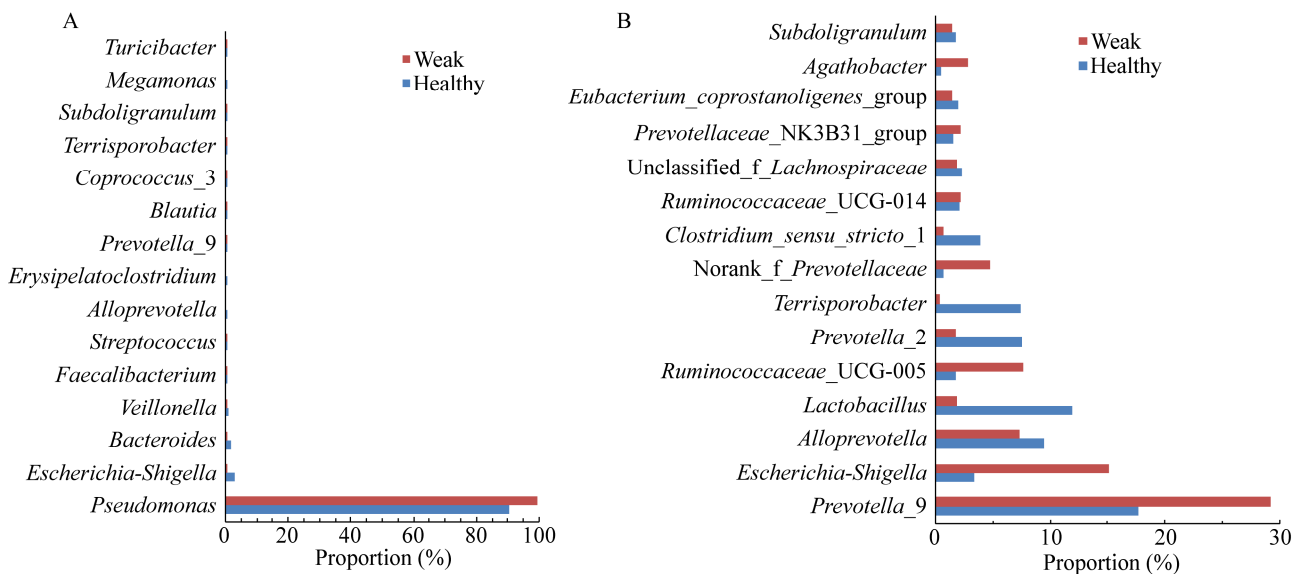


图4 属水平菌群丰度差异对比

Figure 4 Bacterial community different at the genus level

注: A: 空肠; B: 盲肠. Weak: 弱仔猪; Healthy: 健康仔猪.

Note: A: Jejunum; B: Cecum. Weak: Weak piglets; Healthy: Healthy piglets.

菌-9、埃希菌-志贺菌属、疣微菌科 UCG-005、norank_f_普雷沃氏菌以及 *Agathobacter* 含量高于健康仔猪内容物。健康仔猪盲肠内容物中乳酸杆菌属、普雷沃氏菌-2、土孢杆菌属以及狭义梭菌属 1 的含量明显高于弱仔猪盲肠内容物。

由于在空肠阶段检测出超过 80% 的假单胞菌属成员, 研究进一步分析了空肠细菌种的组成结果见图 5, 发现空肠阶段假单胞菌主要为未分类假单胞菌(*unclassified_g_Pseudomonas*)、产氮假单胞菌(*Pseudomonas azotoformans*)、布氏假单胞菌

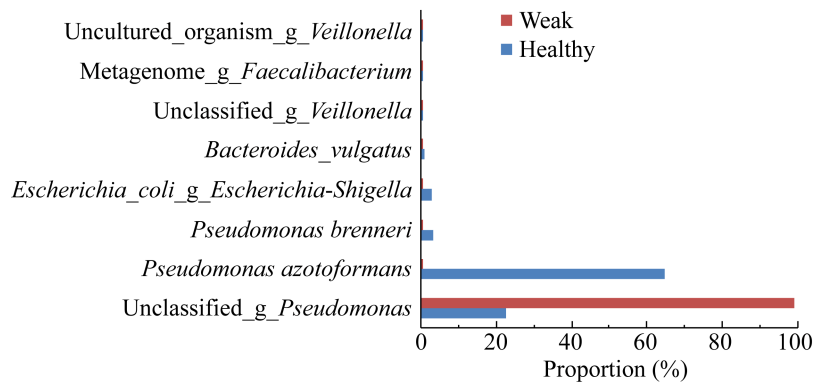


图 5 空肠种水平菌群丰度差异对比

Figure 5 Bacterial community different at the species level of jejunum

注: Weak: 弱仔猪; Healthy: 健康仔猪.

Note: Weak: Weak piglets; Healthy: Healthy piglets.

(*Pseudomonas brenneri*)。其中, 弱仔猪未分类假单胞菌含量高于健康仔猪, 健康仔猪产氮假单胞菌含量高于弱仔猪。

3 讨论与结论

3.1 不同生长性能与肠道菌群多样性和丰度的关系

猪肠道的位置不同, 生理阶段不同, 肠道内微生物的数量、组成也不同^[8]。本研究中, 苏姜猪仔猪空肠阶段 OTU 总数低于盲肠, 空肠阶段肠道菌群多样性指数也低于盲肠阶段, 这与徐娥等^[9]研究大约克猪肠道菌群变化结果一致。肠道菌群在生命活动中起着重要左右, 赵秀英等在研究中指出菌群多样性增加说明肠道抗干扰能力增强, 断奶前后提高菌群多样性, 可以降低腹泻率, 提高断奶重^[10]。何贝贝等研究发现高生长性能猪肠道细菌丰度更高^[5]。本研究中健康仔猪盲肠的 OTU 总数要高于弱仔, 多样性指数也要高于弱仔猪, 但本次样本量较少, 差异不显著。

3.2 空肠肠道菌群组成的分析

仔猪空肠阶段, 细菌数量逐渐增加, 需氧或兼性厌氧的细菌比例升高。本研究中, 苏姜猪仔猪空肠阶段最优势的菌群是需氧菌假单胞菌属的未分类假单胞菌、产氮假单胞菌和布氏假单胞菌。产氮

假单胞菌(*Pseudomonas azotoformans*)广泛存在于土壤中, 感染谷物, 特别是大米^[11], 具有保护植物免受非生物胁迫、帮助植物在半干旱生态系统中茁壮生长、在金属污染的土壤中加速植物修复过程方面的潜力^[12]。布氏假单胞菌(*Pseudomonas brenneri*)广泛存在于自然水体中^[13]。空肠阶段检出的优势假单胞菌是随着饲料饮水等进入肠道, 假单胞菌是严格好氧菌, 在小肠阶段内容物含氧量比较高, 所以假单胞菌成为优势菌种, 进入到盲肠氧消耗殆尽, 假单胞菌则不再是优势菌群。

3.3 苏姜猪保育猪盲肠菌群组成分析

猪肠道菌群组成受到猪品种及饲养环境等多种因素影响, Holman 等对 20 篇研究猪胃肠道不同部位的核心微生物群的论文进行了分析, 发现不同研究之间显示出巨大差异^[14]。张冬杰等在研究民猪与大白猪肠道菌群比较时指出, 不同实验室测定结果的不一致可能与猪品种即遗传背景、饲养环境及饲料的营养标准不同有关^[15]。苏姜猪是新培育品种, 具有品种的独特性, 这些因素可能导致了本研究中苏姜猪保育猪盲肠拟杆菌门、厚壁菌门、变形菌门为优势菌门, 与康润敏等、罗玉衡等研究结果^[16-17]一致, 但是在属水平上差异较大。

猪盲肠中有众多的纤维分解菌, 可以将粗纤维

发酵形成挥发性脂肪酸, 能满足猪的部分能量需要。普雷沃氏菌属被认为具有帮助分解纤维的能力, 长期摄入水果和豆类纤维为主的非洲儿童粪便中普雷沃氏菌属细菌丰度极高^[18]。刘颖在梅山猪肠道菌群变化研究中发现随着日龄的增加, 饲料中粗纤维含量升高, 肠道中普雷沃氏菌属和拟普雷沃氏菌属丰度逐渐升高, 180 日龄时丰度分别达到 12.47% 和 5.13%^[19]。疣微菌科 UCG-005 具有纤维降解活性, 在犊牛盲肠中随着日粮中纤维水平的提高其丰度显著增加^[20]。王晶等研究发现低蛋白质水平饲料可以增加长大二元肥猪盲肠疣微菌科属的丰度^[21]。周根来等研究指出苏姜猪具有良好的耐粗饲能力, 饲料粗纤维水平的提高有助于改善育肥苏姜猪的生长性能^[22]。本研究中在苏姜猪健康仔猪盲肠中普雷沃氏菌属、拟普雷沃氏菌属、疣微菌科属等纤维降解菌丰度较高可能与苏姜猪具有优良的耐粗饲能力相关。

健康动物肠道菌群保持动态平衡, 肠道菌群失调即会诱发各方面的疾病^[23]。由于仔猪的生理特点, 体质较差的仔猪就可能肠道菌群失调, 乳酸杆菌、双歧杆菌数量会降低, 大肠杆菌的数量增加^[24]。仔猪肠道菌群中厚壁菌门、普雷沃氏菌属和埃希菌的菌群相对比例的改变可导致仔猪肠道微生态失调、肠上皮细胞功能紊乱、肠道通透性增加、肠黏膜损伤、免疫应答失调, 进而影响仔猪生长性能^[25]。本研究中弱仔猪拟杆菌门和变形菌门的丰度高于健康仔猪, 厚壁菌门的丰度低于健康仔猪; 弱仔猪在普雷沃氏菌-2、乳酸杆菌属、土孢杆菌属、狭义梭菌属 1 丰度低于健康仔猪, 普雷沃氏菌-5、埃希菌-志贺菌属、疣微菌科 UCG-005 丰度高于健康仔猪。埃希菌-志贺菌菌群作为肠道致病菌, 导致仔猪腹泻等疾病, 影响动物健康, 不利于仔猪健康生长^[26]。乳酸杆菌属具有调节动物免疫、维护动物健康、协助消化和提高仔猪生长速度的功能^[27]。土孢杆菌属(*Terrisporobacter*)普遍存在于猪的鲜粪中^[28], 毕早安研究中发现土孢杆

菌属与人体健康有关, 健康人群肠道中土孢杆菌属的丰度更高^[29]。黄林生等研究发现在健康人群肠道内普雷沃氏菌-2 属和狭义梭菌属 1 (*Clostridium_sensu_stricto_1*) 丰度显著高于便秘人群, 便秘人群疣微菌科丰度高于健康人群, 普雷沃氏菌-2 属和狭义梭菌属 1 与人肠道健康相关^[30]。由分析可见本研究中苏姜猪弱仔猪盲肠菌群失调, 菌群失调影响了仔猪健康和营养吸收, 这可能与弱仔猪形成有一定关系。

本研究利用高通量测序技术对不同生长性能苏姜猪仔猪肠道菌群进行了分析, 以期更深入地理解肠道微生物对苏姜猪生长性能的影响, 为进一步研究苏姜猪仔猪肠道各菌群的作用和提高仔猪生长性能提供依据。

REFERENCES

- [1] Li H, Yang DR, Liu BS. Enumeration and distribution of aerobic bacteria in large intestinal contents of finishing pigs[J]. Feed Industry, 2018, 39(15): 39-42 (in Chinese)
李慧, 杨大荣, 刘宝生. 成年商品猪大肠肠道菌群的计数与分析[J]. 饲料工业, 2018, 39(15): 39-42
- [2] Cao KF. Effects of dietary protein source on intestinal microbiota and protease producing strains of pigs[D]. Changchun: Master's Thesis of Jilin Agricultural University, 2016 (in Chinese)
曹克飞. 不同氮源对猪肠道微生物多样性及主要产蛋白酶菌株的影响[D]. 长春: 吉林农业大学硕士学位论文, 2016
- [3] Ling ZC, Guo LH, Ren SF, et al. Research progress of gastrointestinal microflora and the regulatory techniques in swine[J]. Acta Ecologiae Animalis Domastici, 2011, 32(5): 5-9 (in Chinese)
凌泽春, 郭立辉, 任素芳, 等. 猪胃肠道微生物菌群的研究现状及调控技术进展[J]. 家畜生态学报, 2011, 32(5): 5-9
- [4] Zhou QF, Wang YC. Microecology in animal gastrointestinal tracts and regulation[J]. Ecology of Domestic Animal, 2004, 25(4): 214-217 (in Chinese)
周勤飞, 王永才. 动物胃肠微生态及其调控[J]. 家畜生态学报, 2004, 25(4): 214-217
- [5] He BB, Li TT, Zhu YH, et al. Differential analysis of intestinal microflora in pigs with different growth performance[J]. Chinese Journal of Animal Nutrition, 2014, 26(8): 2327-2334 (in Chinese)
何贝贝, 李天天, 朱玉华, 等. 不同生长性能猪肠道菌群差

- 异分析[J]. 动物营养学报, 2014, 26(8): 2327-2334
- [6] Kim HB, Borewicz K, White BA, et al. Microbial shifts in the swine distal gut in response to the treatment with antimicrobial growth promoter, tylosin[J]. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 2012, 109(38): 15485-15490
- [7] Tao Y, Ji HF, Wu CY, et al. Effects of compound plant extracts on growth performance, nutrient apparent digestibility and manure microbial proportion in Sujiang pigs[J]. Acta Agriculturae Boreali-occidentalis Sinica, 2019, 28(12): 1942-1947 (in Chinese)
陶勇, 吉慧帆, 吴楚筠, 等. 复合植物提取物对苏姜猪生长性能、养分消化率及粪中微生物比例的影响[J]. 西北农业学报, 2019, 28(12): 1942-1947
- [8] Isaacson R, Kim HB. The intestinal microbiome of the pig[J]. Animal Health Research Reviews, 2012, 13(1): 100-109
- [9] Xu E, Yang H, Liu XT, et al. Study on bacterial community structure and short chain fatty acid content in different parts of intestines of Yorkshire pigs[J]. Chinese Journal of Animal Nutrition, 2019, 31(10): 4509-4518 (in Chinese)
徐娥, 杨华, 刘秀婷, 等. 大约克猪肠道不同部位的菌群结构和短链脂肪酸含量研究[J]. 动物营养学报, 2019, 31(10): 4509-4518
- [10] Zhao XY, Xian YH, Li CB, et al. Feeding *Lactobacillus plantarum* and *Lactobacillus casei* increased microbial diversity and short chain fatty acids production in the gut-intestinal tract of weaning piglets[J]. Acta Microbiologica Sinica, 2016, 56(8): 1291-1300 (in Chinese)
赵秀英, 县怡涵, 李晨博, 等. 灌喂植物乳杆菌和干酪乳杆菌增加仔猪肠道菌群多样性及短链脂肪酸生成[J]. 微生物学报, 2016, 56(8): 1291-1300
- [11] Fang Y, Wu LJ, Chen GQ, et al. Complete genome sequence of *Pseudomonas azotoformans* S4, a potential biocontrol bacterium[J]. Journal of Biotechnology, 2016, 227: 25-26
- [12] Ma Y, Rajkumar M, Moreno A, et al. Serpentine endophytic bacterium *Pseudomonas azotoformans* ASS1 accelerates phytoremediation of soil metals under drought stress[J]. Chemosphere, 2017, 185: 75-85
- [13] Baïda N, Yazourh A, Singer E, et al. *Pseudomonas brenneri* sp. nov., a new species isolated from natural mineral waters[J]. Research in Microbiology, 2001, 152(5): 493-502
- [14] Holman DB, Brunelle BW, Trachsel J, et al. Meta-analysis to define a core microbiota in the swine gut[J]. Msystems, 2017, 2(3): 4-17
- [15] Zhang DJ, Zhang YL, Wang WT, et al. Comparative study on intestinal flora between Minzhu and large white pigs[J]. Animal Husbandry & Veterinary Medicine, 2018, 50(1): 67-72 (in Chinese)
张冬杰, 张跃灵, 王文涛, 等. 民猪与大白猪肠道菌群的比较研究[J]. 畜牧与兽医, 2018, 50(1): 67-72
- [16] Kang RM, Li Y, Lv XB, et al. Analysis of the cecum microbial diversity of different pig breeds by Illumina amplicon sequencing of 16S rDNA tag[J]. China Animal Husbandry & Veterinary Medicine, 2017, 44(11): 3121-3129 (in Chinese)
康润敏, 李瑶, 吕学斌, 等. 利用 16S rDNA 扩增子测序技术分析不同品种猪盲肠微生物菌落多样性[J]. 中国畜牧兽医, 2017, 44(11): 3121-3129
- [17] Luo YH, Chen H, Yu B, et al. Short-term or long-term intake of high-level pea fiber specifically affects the bacterial community and metabolites in the cecum of pigs[J]. Acta Veterinaria et Zootechnica Sinica, 2017, 48(8): 1459-1467 (in Chinese)
罗玉衡, 陈洪, 余冰, 等. 短期或长期饲喂高水平豌豆纤维对猪盲肠微生物群落结构和代谢产物的影响[J]. 畜牧兽医学报, 2017, 48(8): 1459-1467
- [18] de Filippo C, Cavalieri D, Paola MD, et al. Impact of diet in shaping gut microbiota revealed by a comparative study in children from Europe and rural Africa[J]. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 2010, 107(33): 14691-14696
- [19] Liu Y. The dynamics of gut microbiome and immune regulatory mechanism analysis of Meishan pigs at different growth stage[D]. Yangzhou: Doctoral Dissertation of Yangzhou University, 2018 (in Chinese)
刘颖. 梅山猪不同发育阶段肠道微生物变化及免疫调控机制分析[D]. 扬州: 扬州大学博士学位论文, 2018
- [20] Ren CY. Study on effects of starter diets with different NDF level on growth, slaughter performance, antioxidant, immune and gastrointestinal development in calves[D]. Lanzhou: Doctoral Dissertation of Gansu Agricultural University, 2018 (in Chinese)
任春燕. 不同 NDF 水平的开食料对犊牛生长、屠宰性能、抗氧化、免疫及胃肠道发育的影响[D]. 兰州: 甘肃农业大学博士学位论文, 2018
- [21] Wang J, Wang SX, Liu H, et al. Effects of low protein diets on growth performance and intestinal microbiota of growing-finishing pigs[J]. Chinese Journal of Animal Nutrition, 2018, 30(12): 4864-4873 (in Chinese)
王晶, 王四新, 刘辉, 等. 低蛋白质水平饲料对生长育肥猪生长性能及肠道菌群的影响[J]. 动物营养学报, 2018, 30(12): 4864-4873
- [22] Zhou GL, Zhao XT, Tao Y, et al. Effects of dietary digestible energy, crude protein and crude fiber levels on growth performance, carcass traits and meat quality of fattening Sujiang pigs[J]. Chinese Journal of Animal Nutrition, 2018, 30(8): 3293-3301 (in Chinese)
周根来, 赵旭庭, 陶勇, 等. 饲料中消化能、粗蛋白质和粗纤维水平对育肥苏姜猪生长性能、胴体性状和肉品质的影响[J]. 动物营养学报, 2018, 30(8): 3293-3301

- [23] Bhattarai Y, Pedrogo DAM, Kashyap PC. Irritable bowel syndrome: a gut microbiota-related disorder[J]. *American Journal of Physiology Gastrointestinal and Liver Physiology*, 2017, 312(1): G52-G62
- [24] Yan XY, He HJ, Liu BS, et al. Diversity difference analysis of intestinal microflora between healthy and diarrheal piglets[J]. *Acta Agriculturae Universitatis Jiangxiensis*, 2015, 37(2): 302-307 (in Chinese)
闫学艳, 何后军, 刘宝生, 等. 健康与腹泻仔猪肠道菌群多样性差异分析[J]. *江西农业大学学报*, 2015, 37(2): 302-307
- [25] Yang QL. Structure and function of the fecal microbiota in diarrheic piglets and association between *SLA-DQA* gene and fecal bacterial community[D]. Lanzhou: Doctoral Dissertation of Gansu Agricultural University, 2017 (in Chinese)
杨巧丽. 腹泻仔猪粪便微生物结构和功能及 *SLA-DQA* 基因与粪便菌群的相关性[D]. 兰州: 甘肃农业大学博士学位论文, 2017
- [26] Suh MJ, Kuntumalla S, Yu YB, et al. Proteomes of pathogenic *Escherichia coli/Shigella* group surveyed in their host environments[J]. *Expert Review of Proteomics*, 2014, 11(5): 1-17
- [27] Ji W, Xie CY, Zhao YP, et al. Biological functions of *Lactobacillus* and its application in sows' and piglets' production[J]. *Chinese Journal of Animal Nutrition*, 2018, 30(11): 4320-4326 (in Chinese)
计伟, 谢春艳, 赵艳平, 等. 乳酸菌的生物学功能及其在母猪和仔猪生产中的应用[J]. *动物营养学报*, 2018, 30(11): 4320-4326
- [28] Huang YN, Wang XH, Cao Q, et al. Analysis of microbial community changes in pig excrement during compost process based on high-throughput sequencing technology[J]. *Journal of Microbiology*, 2018, 38(5): 21-26 (in Chinese)
黄雅楠, 王晓慧, 曹琦, 等. 高通量测序技术分析猪粪堆肥过程中微生物群落结构变化[J]. *微生物学杂志*, 2018, 38(5): 21-26
- [29] Bi ZA. Analysis of gut microbiota in patients with Parkinson's disease[D]. Nanjing: Master's Thesis of Nanjing Medical University, 2018 (in Chinese)
毕早安. 帕金森病患者肠道菌群分析[D]. 南京: 南京医科大学硕士学位论文, 2018
- [30] Huang LS, Gao RY, Yan XB, et al. Structure analysis of the gut microbiota in chronic functional constipation patients[J]. *Chinese Journal of Colorectal Diseases*, 2017, 6(2): 121-126 (in Chinese)
黄林生, 高仁元, 严雪冰, 等. 慢性功能性便秘患者的肠道菌群分析[J]. *中华结直肠疾病电子杂志*, 2017, 6(2): 121-126