



发酵苹果渣全混合日粮对肉牛育肥性能和胃肠道细菌组成的影响

朱晋佳 陈梁 杨国杰 马志远 李飞 郭旭生 李福厚

Effects of fermented apple pomace based TMR on the performance and gastrointestinal bacteria community of beef cattle

ZHU Jinjia, CHEN Liang, YANG Guojie, MA Zhiyuan, LI Fei, GUO Xusheng, LI Fuhou

在线阅读 View online: <https://doi.org/10.11829/j.issn.1001-0629.2024-0032>

您可能感兴趣的其他文章

Articles you may be interested in

葡萄渣对育肥羊瘤胃发酵和微生物区系的调控作用

Regulation effect of grape pomace on rumen fermentation and microflora of fattening sheep

草业科学. 2023, 40(2): 530 <https://doi.org/10.11829/j.issn.1001-0629.2021-0599>

槲皮素对肉牛体外瘤胃发酵及甲烷产量的影响

Effects of quercetin on *in vitro* rumen fermentation and methane production of beef cattle

草业科学. 2023, 40(1): 280 <https://doi.org/10.11829/j.issn.1001-0629.2022-0152>

添加葡萄渣对苜蓿青贮品质及体外消化特征的效果

Effects of the addition of grape pomace on the quality and *in vitro* digestive characteristics of alfalfa silage

草业科学. 2024, 41(4): 984 <https://doi.org/10.11829/j.issn.1001-0629.2022-0933>

不同添加剂处理柞树叶青贮对延边黄牛体外发酵瘤胃降解率和微生物菌群的影响

Effects of silage of oak leaves treated with different additives on rumen degradation rate and microbial community of Yanbian cattle in *in vitro* fermentation

草业科学. 2023, 40(9): 2384 <https://doi.org/10.11829/j.issn.1001-0629.2022-0602>

溶菌酶饲喂水平对荷斯坦犊牛生长性能和开食料表观消化率的影响

Effect of lysozyme feed supplementation level on growth performance and apparent nutrient digestibility in Holstein calves

草业科学. 2023, 40(7): 1913 <https://doi.org/10.11829/j.issn.1001-0629.2022-0169>

辣木籽对奶牛体外产气量、瘤胃发酵以及瘤胃降解特性的影响

Study of *in vitro* gas production, rumen fermentation, and rumen degradation characteristics of *Moringa Oleifera* seed in dairy cows

草业科学. 2022, 39(11): 2442 <https://doi.org/10.11829/j.issn.1001-0629.2021-0668>



关注微信公众号，获得更多资讯信息

DOI: 10.11829/j.issn.1001-0629.2024-0032

朱晋佳, 陈梁, 杨国杰, 马志远, 李飞, 郭旭生, 李福厚. 发酵苹果渣全混合日粮对肉牛育肥性能和胃肠道细菌组成的影响. 草业科学, 2024, 41(9): 2118-2132.

ZHU J J, CHEN L, YANG G J, MA Z Y, LI F, GUO X S, LI F H. Effects of fermented apple pomace based TMR on the performance and gastrointestinal bacteria community of beef cattle. Pratacultural Science, 2024, 41(9): 2118-2132.



发酵苹果渣全混合日粮对肉牛育肥性能和 胃肠道细菌组成的影响

朱晋佳¹, 陈 梁¹, 杨国杰¹, 马志远¹, 李 飞¹, 郭旭生², 李福厚¹

(1. 草地农业生态系统国家重点实验室 / 兰州大学草地农业科技学院, 甘肃 兰州 730020; 2. 兰州大学生命科学学院, 甘肃 兰州 730000)

摘要: 苹果 (*Malus pumila*) 渣是一种富含多糖和维生素等多种营养物质的天然饲料, 但含水量高不易保存, 严重限制其应用于反刍动物养殖。本试验把苹果渣混在日粮中制备成发酵型全混合日粮, 利用产阿魏酸酯酶的植物乳杆菌 A1 促进发酵, 研究发酵型全混合日粮对肉牛生长性能、血常规和胃肠道微生物的影响。试验采用单因素完全随机试验设计, 选取 50 头健康、体重相近 $[(630.0 \pm 5.5) \text{ kg}]$ 的西门塔尔肉牛, 随机均分为两个处理组。其中, 对照组 (CON) 饲喂典型育肥肉牛普通全混合肉牛饲料, 试验组 (FTMR) 饲喂发酵型全混合日粮。整个试验周期 60 d, 其中包括 15 d 预饲期。结果表明, 与对照组相比, 饲喂发酵全混合日粮显著提高肉牛平均日增重 ($P < 0.01$)、粗蛋白质表观消化率 ($P < 0.01$), 降低了肉牛白细胞总数 ($P = 0.039$)、血红蛋白含量 ($P < 0.01$) 和血小板分布宽度 ($P = 0.039$), 提高了肉牛瘤胃中总挥发性脂肪酸 ($P = 0.026$)、乙酸 ($P = 0.023$) 和丙酸 ($P = 0.039$) 的浓度。发酵全混合日粮对肉牛胃肠道细菌多样性没有显著影响 ($P > 0.05$), 但提高了肉牛瘤胃纤维杆菌门 (*Fibrobacterota*)、纤维杆菌属 (*Fibrobacter*)、普雷沃氏菌属 (*Prevotella*) 和毛螺菌属 (*Lachnospira*) 的相对丰度显著 ($P < 0.05$)。在属水平上, 发酵全混合日粮组盲肠细菌中梭状芽孢杆菌 (*Clostridium_sensu_stricto_1*) 和狄氏副拟杆菌 (*Parabacteroides*) 的细菌丰度均显著高于对照组 ($P < 0.05$)。综上所述, 饲喂添加苹果渣发酵型全混合日粮可以提高肉牛生产性能、改善瘤胃发酵参数, 增加胃肠道有益菌属。因此, 发酵饲料技术可以高效利用难保存的饲料原料, 对挖掘非常规饲料资源有重要意义。

关键词: 发酵饲料; 苹果渣; 肉牛; 发酵参数; 生长性能; 消化率; 微生物多样性

文献标识码: A 文章编号: 1001-0629(2024)09-2118-15

Effects of fermented apple pomace based TMR on the performance and gastrointestinal bacteria community of beef cattle

ZHU Jinjia¹, CHEN Liang¹, YANG Guojie¹, MA Zhiyuan¹, LI Fei¹, GUO Xusheng², LI Fuhou¹

(1. State Key Laboratory of Grassland Agro-Ecosystem / College of Pastoral Agriculture Science and Technology, Lanzhou University, Lanzhou 730020, Gansu, China;

2. School of Life Sciences, Lanzhou University, Lanzhou 730000, Gansu, China)

Abstract: Apple pomace is a by-product of juice industry which rich in polysaccharides and vitamins. But it is also characterized with high-water content that is hard to preserve, which severely restricts its application in ruminant husbandry. In this experiment, apple pomace was mixed into the diet to prepare a fermented total mixed diet (FTMR) utilizing ferulic esterase-producing *Lactobacillus plantarum* A1 to promote fermentation, and to study the effects of FRMR on growth performance, blood parameters and gastrointestinal microorganisms of beef cattle. The experiment was designed as a one-

收稿日期: 2024-01-16 接受日期: 2024-03-28

基金项目: 甘肃中东部黄土高原丘陵区种养生态循环农业关键技术研究与应用项目 (21ZD4NA012)

第一作者: 朱晋佳 (1995-), 女, 河南漯河人, 在读博士生, 主要从事反刍动物营养研究。E-mail: jinjiazhu@yeah.net

通信作者: 李飞 (1985-), 男, 辽宁沈阳人, 教授, 博导, 博士, 主要从事反刍动物营养调控、饲料资源开发与利用方向研究。E-mail: lfei@lzu.edu.cn

way completely randomized trial. A total of 50 Simmental steers with similar body weight [(630.0 ± 5.5) kg] were randomly assigned to the regular TMR dietary treatment (CON) or FTMR treatment. The total period of the whole experiment was 60 d, including a pre-feeding period of 15 d. The results showed that FTMR treatment significantly increased average daily gain ($P < 0.01$), apparent digestibility of crude protein ($P < 0.01$), but decreased count of white blood cells ($P = 0.039$), hemoglobin content ($P < 0.01$) and platelet distribution width ($P = 0.039$). The concentrations of total volatile fatty acids ($P = 0.026$), acetate ($P = 0.023$) and propionate ($P = 0.039$) in rumen were increased. The FTMR treatment significantly increased the relative abundance of Fibrobacterota, *Fibrobacter*, *Prevotella* and *Lachnospira* in rumen ($P < 0.05$) compared to the CON treatment. At the genus level, the abundances of *Clostridium_sensu_stricto_1* and *Parabacteroides* in cecum was significantly higher in the FTMR treatment than those in the CON treatment ($P < 0.05$). In conclusion, the fermented total mixed diet supplemented with apple residue could improve the performance and rumen fermentation parameters, as well as increase beneficial bacteria in gastrointestinal tract of steers. Therefore, fermented TMR technology can efficiently utilize the feedstuffs that were difficult to preserve, and it is important for the development of unconventional feed resources.

Keywords: fermented feed; apple pomace; beef cattle; fermentation parameter; growth performance; digestibility; microbial diversity

Corresponding author: LI Fei E-mail: lfei@lzu.edu.cn

饲料原料的缺乏以及饲喂成本高是限制养殖业快速发展的重要因素。因此,需要大力开发和利用农工副产品等非常规饲料来配置家畜饲粮,以达到最佳的利用效率和生产的经济效益^[1]。我国是最大的苹果 (*Malus pumila*) 生产国家,甘肃特殊的西北黄土高原气候、土壤、环境等高度符合优质苹果生产所需条件,是我国生产苹果的重要优势产区^[2]。种植以及生产成特定产品过程中产生的大量苹果渣,可以用作动物饲料,不仅可以有效降低饲养成本,而且可高效利用农业副产品,减少生产资源浪费,提高农业副产品非常规饲料的利用,是亟需解决的问题。但由于苹果渣含水量高,不宜过久存放,变质后易产生难闻的气味,阻碍家畜利用。将苹果渣调制发酵型全混合日粮,成功解决了饲料原料难以存放这一问题,提高了生产过程中废弃物苹果渣作为非常规饲料原料的适用性。目前,制备发酵全混合日粮已经成为许多地区用来保存反刍动物饲料高水分的有效方法之一。相比于普通全混合日粮 (TMR),发酵型全混合日粮 (FTMR) pH 低,氨氮、乙酸、乳酸含量高^[3];还可以有效减少青贮过程中饲料营养物质的损失,提高代谢能水平^[4]。Silva 等^[5]发现,饲喂 FTMR,可提高营养物质消化率和瘤胃丙酸、总挥发性脂肪酸和氨氮的浓度。不仅如此,FTMR 具有更高的可消化能量和粗蛋白质含量,从而使尿氮排泄增加,粪氮排泄减少^[6]。

发酵饲料作为一种保存饲料的传统方法,不仅

可以保证青绿饲料的品质,在发酵过程中还可以产生有益菌,利于反刍动物消化吸收。作为一种重要的饲料资源,在反刍动物日粮的组成中占 50%~100%^[7]。用石榴 (*Punica granatum*) 渣和葡萄 (*Vitis vinifera*) 渣等富含多酚类物质副产品处理的发酵饲料饲喂奶牛,可以提高奶牛的抗氧化能力^[8]。用苹果渣饲喂育肥牛,增重效果与苹果渣的添加量正相关^[9]。Khosravi 等^[10]发现,用具有抗氧化酚的高粱 (*Sorghum bicolor*) 青贮饲喂奶牛,可以显著提高牛奶中多不饱和脂肪酸的浓度。Tian 等^[11]也表明,富含花青素的青贮玉米 (*Zea mays*) 秸秆饲喂奶山羊,可以显著提高奶中花青素的含量。因此发酵饲料的品质和营养成分对反刍动物生产健康有非常大的影响。发酵饲料最常用的添加菌剂是乳酸菌,但对木质纤维素的降解还存在一定的不足^[12],可能是对发酵饲料中纤维素消化率没有显著影响的原因。因此,各种纤维素酶产品的开发接踵而来,但纤维素酶在青贮过程中,更倾向于利用容易消化的营养成分,并没有显著提高牧草很大一部分中性洗涤纤维消化率,效果并不十分显著^[13]。因为植物细胞壁中的阿魏酸与木质素通过酯键连接,木质素与半纤维素之间的阿魏酸交联,限制了外源酶对多糖的降解,降低了植物细胞壁在瘤胃中发酵的关键成分^[14],从而造成干物质和中性洗涤纤维消化率下降^[13]。兰州大学反刍动物营养与饲料团队前期试验分离出的产阿魏酸酯酶可以使饲料中植物细胞壁结构松

散,有效减少植物细胞壁中的阿魏酸含量;并通过验证发现,玉米秸秆和巨菌草(*Cenchrus fungigraminus*)青贮饲料添加产阿魏酸酯酶乳酸菌,有较好的木质纤维素降解性能,以及增加了饲料中游离阿魏酸的含量^[15-16]。但也有研究报道,产阿魏酸酯酶乳酸菌并不能有效降解纤维素^[13, 17-18],这些研究结果并不一致。因此,本试验选择产阿魏酸酯酶的植物乳杆菌 A1 发酵 TMR,以期达到饲料中纤维素可以充分降解的效果,从而提高饲料的消化率。但很少有研究证实,添加产阿魏酸酯酶乳酸菌 FTMR 饲喂反刍动物后,对瘤胃消化产生的影响,饲喂效果更是不得而知。基于此,探究用产阿魏酸酯酶的植物乳杆菌 A1 发酵苹果渣等非常规饲料配置的 TMR 对肉牛整体生产性能、瘤胃发酵参数和胃肠道微生物多样性的影响,以期对添加苹果渣的 FTMR 的制备和对反刍动物饲喂效果提供有效数据及科学依据。

1 材料与方法

1.1 试验材料

本试验接种的发酵菌株为植物乳杆菌 A1 (*Lactobacillus plantarum* A1),由甘肃普诺贝康生物科技有限责任公司研发的‘青苾牧歌’。制备发酵饲料的详细操作方法参考文献[19]。

1.2 试验设计

1.2.1 试验动物

饲养试验于 2023 年 7 月—9 月在甘肃省定西市生态养殖牛场进行。采用单因素完全随机试验设计。选取 50 头体质健康、体重相近 [(630.0 ± 5.5) kg] 的西门塔尔肉公牛,随机分为两个处理组,每组 25 头,每组分别单独圈舍。

1.2.2 饲粮和动物管理

对照组 (CON) 饲喂牛场 TMR, 包含 65% 精料 (天康牛羊饲料有限公司, 定西) 和 35% 玉米青贮; 试验组 (FTMR) 用 FTMR 替代 50% 的对照组 TMR, FTMR 包含 47.36% 精料 (甘肃润牧生物工程有限责任公司, 金昌)、17.48% 玉米 (*Zea mays*) 青贮、19.37% 苹果渣、15.79% 鲜苜蓿 (*Medicago sativa*); 营养水平为干物质 45.80%, 粗蛋白 16.70%, 中性与酸性洗涤纤维分别为 26.70% 和 18.50%, 能量为 17.49 MJ·kg⁻¹。试验正试期 60 d, 其中包括预饲期 15 d。

日粮配方按照肉牛营养标准 (NRC, 2012) 进行配置, 满足日增重 1.5 kg 育肥肉牛营养需求, 且常规营养组分与对照组 TMR 接近。饲粮组成和营养水平如表 1 所列。试验开始前对牛舍进行圈舍清洁、消毒以及驱虫等准备工作, 并由专人管理, 定期清洁饮水槽和打扫畜舍。整个试验期间, 分别在每天 07:30 和 17:30 各饲喂一次, 全天自由饮水。

1.3 样品采集和指标测定

1.3.1 饲草营养成分及发酵品质测定

发酵完成后, 采集牛场全混合日粮和发酵的全混合饲料样品, 一半放入 65 °C 恒温烘箱烘至 48 h, 再回潮 24 h, 粉碎并过 0.63 mm 网筛, 然后用自封袋保存。根据动物营养与饲料的测定方法^[20], 测定饲草中常规营养成分, 即: 干物质 (dry matter, DM)、粗

表 1 日粮组成和营养水平
Table 1 Dietary composition and nutrient level

项目 Item	对照组 CON	试验组 FTMR
日粮组成 Diet composition		
精料1 Concentrate 1/%	65.00	32.50
精料2 Concentrate 2/%	0.00	23.68
玉米青贮 Corn silage/%	35.00	26.24
苹果渣 Apple pomace/%	—	9.69
鲜苜蓿 Fresh alfalfa/%	—	7.89
合计 Total/%	100.00	100.00
营养水平 Nutritional level		
干物质 Dry matter/%	48.50	47.15
粗蛋白 Crude protein/%	15.80	16.25
中性洗涤纤维 Neutral detergent fiber/%	29.30	28.00
酸性洗涤纤维 Acid detergent fiber/%	22.40	20.45
能量 Energy/(MJ·kg ⁻¹)	17.81	17.65

干物质基础。CON, 全混合日粮组; FTMR, 发酵型全混合日粮组; 营养水平均为实测值。精料1购自天康牛羊饲料有限公司, 含有粗蛋白20%, 中性洗涤纤维22%, 酸性洗涤纤维8%; 精料2购甘肃润牧生物工程有限责任公司, 含有粗蛋白18%, 中性洗涤纤维20%, 酸性洗涤纤维9%。下同。

Dry matter basis. CON, total mixed diet group; FTMR, fermentation-type total mixed diet group; All nutritional levels were measured. Concentrate 1 purchased from Tiankang Cattle and Sheep Feed Co. LTD., containing crude protein 20%, neutral detergent fiber 22%, Acid detergent fiber 8%; Concentrate 2 purchased from Gansu Runmu Biological Engineering Co. LTD., containing crude protein 18%, neutral detergent fiber 20%, Acid detergent fiber 9%. Same below.

蛋白质 (crude protein, CP)、中性洗涤纤维 (neutral detergent fiber, NDF)、酸性洗涤纤维 (acid detergent fiber, ADF) 和酸不溶灰分 (acid insoluble ash, AIA)。另一半饲草于 -20°C 冰箱保存,用于提取微生物。先用生理盐水配置 10% 吐温 80 溶液 200 mL,称取 CON 组和 FTMR 组两种全混合饲料鲜样各 5 g 于样品瓶中,用 100 mL 上述吐温 80 溶液于 4°C $3000\text{ r}\cdot\text{min}^{-1}$ 震荡冲洗 24 h 后,收集冲洗液 10 mL 用于测定饲草中的菌群^[21]。

1.3.2 生长性能及经济效益分析

预饲试验期结束后,从正式试验期第 1 天开始,对试验动物进行空腹称重,记录初始体重数据,试验结束最后 1 d 记录终末体重数据,计算平均日增重。干物质采食量根据 Filho 等^[22]方法计算。在增重、饲料成本和试验期间 (2023 年 9 月) 活牛市场价基础上计算饲料增重成本、增重收益和毛利润。

1.3.3 粪便营养成分测定及营养物质表观消化率

试验结束前 5 d, 每组随机 6 头牛, 每天早、晚两次采集饲料和粪便。并混匀两次采集的粪便, 取 10% 加入硫酸固氮, 用于后续测定 CP 含量, 剩余的粪便样品存放于冰箱 -20°C , 用于其他表观营养成分的测定。饲料和粪便样品解冻, 放入 65°C 恒温烘箱内烘至 48 h, 然后回潮 24 h, 粉碎并过 0.63 mm 网筛, 放入自封袋保存。同样根据动物营养与饲料^[20]的测定方法, 测定样品中的 DM、CP、NDF、ADF 和 AIA 含量, 并采用内源指示剂法计算营养物质表观消化率。

营养物质表观消化率 = $100\% - (\text{粪便中营养物质含量} \times \text{饲料中酸不溶灰分含量}) / (\text{饲料中营养物质含量} \times \text{粪便中酸不溶灰分含量}) \times 100\%$ 。

1.3.4 瘤胃发酵参数

正式饲喂试验结束后, 每组随机 6 头牛空腹 12 h 后屠宰, 采集 10 mL 瘤胃液于 -20°C 保存。将瘤胃液解冻, 取 2 mL 瘤胃液于 4°C $4700\text{ r}\cdot\text{min}^{-1}$ 离心 15 min, 取上清液加入 25% 的偏磷酸, 用 $0.45\text{ }\mu\text{m}$ 有机滤膜过滤, 采用气相色谱仪 (Thermo Scientific, TRACE 1300, Milan, Italy) 测定瘤胃液中总挥发性脂肪酸 (total volatile fatty acid, TVFA)、乙酸、丙酸、丁酸、异丁酸、戊酸和异戊酸; 气相色谱仪测定参数: 温度 230°C , 色谱柱 DB-FFAP (长度 30.0 m, 内径 0.32 mm , 膜厚 $0.25\text{ }\mu\text{m}$, 最高温度 250°C); 气化室温度 220°C ; 分流比 23.0; 进样量 $1\text{ }\mu\text{L}$ 。取 0.2 mL 上清

液, 依次加入亚硝基铁氰化钠和次氯酸钠, 摇匀, 静置 10 min 后, 用分光光度计 (UV-2300, Shimadzu, Japan) 在 700 nm 波长下读取紫外线 OD 值, 测定氨态氮 ($\text{NH}_3\text{-N}$), 方法详见文献^[23]。

1.3.5 血常规

动物屠宰前采集 5 mL 颈静脉血液于 EDTA 的抗凝管中 4°C 保存, 用全自动血细胞分析仪 (爱德士 ProCyt Dx®, 美国) 对全血进行血常规 (总蛋白、血红蛋白、血小板、血细胞计数) 测定。

1.3.6 胃肠道微生物

屠宰后采集 2 mL 瘤胃液和盲肠食糜存放于 -80°C 冰箱低温保存, 用于后续 16s 测序分析。解冻瘤胃液和肠道内容物样品, 根据 Ma 等^[21]推荐的方法从瘤胃液和盲肠食糜样本中提取微生物总 DNA, 并用 1% 的琼脂凝胶验证 DNA 浓度和完整性。选用引物序列 F: ACTCCTACGGGAGGCAGCA 和 R: GGA CTACHVGGGTWCTAAT 扩增细菌 16S rRNA 基因 V3-V4 区, 用 1% 的琼脂凝胶电泳纯化后建库, 并质检。在 Illumina NovaSeq 测序平台 (北京擎科生物科技股份有限公司) 进行双末端测序。使用 Trimmomatic^[24] (version 0.33) 对原始数据进行质量过滤, 用 Cutadapt^[25] (version 1.9.1) 进行引物序列的识别与去除, 用 USEARCH^[26] (version 10) 对双端 reads 进行拼接并去除嵌合体 (UCHIME^[27], version 8.1), 最终获得 ASVs (amplicon sequence variants), 得到有效数据用于后续微生物多样性分析。

1.4 数据分析

用 Excel 软件将测定的试验数据进行整理, 采用 Shapiro-Wilk 对试验数据进行正态分布检验, 符合正态分布的指标 (生长性能、消化率、血常规、瘤胃发酵参数) 采用 SPSS 22 (IBM, Chicago, United States) 软件进行 t 检验, 不符合正态分布的指标 (饲草微生物组成、胃肠道微生物多样性、细菌丰度) 用 Wilcoxon 秩和检验。 $P < 0.05$ 表示差异显著, $P > 0.05$ 表示差异不显著。

2 结果

2.1 饲料中的微生物组成

两种饲料里面微生物存在差异, 特别是乳酸菌含量, FTMR 组里的丰度是 36%, 在 CON 组里的丰度是 59% (图 1)。

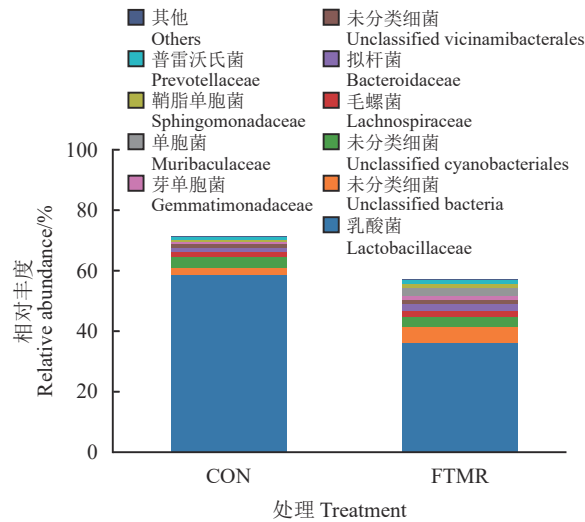


图 1 两种饲料中微生物组成比较

Figure 1 Comparison of microbial composition in two feeds

2.2 肉牛生长性能及经济效益分析

FTMR 组的生长性能高于 CON 组，末体重和平均日增重分别增加了 1.75% 和 15.60%，且差异显著 ($P < 0.01$) (表 2)。试验组经济效益较高 (表 3)。

2.3 肉牛营养物质表观消化率

FTMR 组中粗蛋白质表观消化率显著高于 CON 组 ($P < 0.01$)，干物质、中性和酸性洗涤纤维表观消化率与 CON 组无显著差异 ($P > 0.05$) (表 4)。

2.4 肉牛血常规

FTMR 组白细胞总数、血红蛋白含量和血小板分布宽度均显著低于 CON 组 ($P < 0.05$)；但其他血常规指标均无显著差异 ($P > 0.05$) (表 5)。

2.5 肉牛瘤胃发酵参数

FTMR 组总挥发性脂肪酸浓度显著高于 CON 组 ($P = 0.026$)，乙酸和丙酸含量也显著高于 CON 组 ($P < 0.05$)；其他发酵参数含量两组间均无显著差异 ($P > 0.05$) (表 6)。

2.6 肉牛瘤胃细菌多样性

2.6.1 α 多样性和 β 多样性

两组之间 α 多样性均无显著差异 ($P > 0.05$) (图 2A—D)； β 多样性 NMDS 分析结果显示 (图 2E)，两组之间样品分布距离较远，瘤胃微生物菌群结构差异较大 (Stress = 0.088 6)。

2.6.2 细菌丰度差异分析

门水平组间差异物种分析显示 (表 7)，CON 组瘤

表 2 发酵饲料对肉牛生长性能的影响 ($n = 25$)
Table 2 Effects of fermented feed on growth performance of beef cattle ($n = 25$)

项目 Item	处理 Treatment		P
	CON	FTMR	
初体重 Original weigh/kg	635.04 $\pm$ 10.00	634.64 $\pm$ 10.82	0.893
末体重 Final weight/kg	719.74 $\pm$ 10.01	732.30 $\pm$ 12.36	< 0.01
平均日增重 Average daily gain/kg	1.41 $\pm$ 0.03	1.63 $\pm$ 0.09	< 0.01
平均干物质采食量 Average dry matter intake/(kg·d ⁻¹)	11.00	12.00	

表 3 经济效益分析
Table 3 Economic benefit analysis

项目 Item	处理 Treatment	
	CON	FTMR
每头总增重 Gross weight gain per cow/kg	84	98
饲料增重成本 Feed weight gain cost/(yuan·kg ⁻¹)	22	18
成本合计 Total cost of sales/(yuan·t ⁻¹)	1413	1230
每头增重收益 Gain on weight per cow/yuan	2856	3332
每头毛利润 Gross profit per cow/yuan	1008	1568

表 4 发酵饲料对肉牛营养物质表观消化率的影响 ($n = 6$)
Table 4 Effects of fermented feed on apparent digestibility of nutrients in beef cattle ($n = 6$)

项目 Item	处理 Treatment		P
	CON	FTMR	
干物质 Dry matter/%	79.12 $\pm$ 3.86	80.29 $\pm$ 2.51	0.484
粗蛋白 Crude protein/%	64.31 $\pm$ 1.65	74.27 $\pm$ 1.75	< 0.01
中性洗涤纤维 Neutral detergent fiber/%	60.78 $\pm$ 1.43	61.33 $\pm$ 1.83	0.573
酸性洗涤纤维 Acid detergent fiber/%	51.96 $\pm$ 2.51	53.36 $\pm$ 2.08	0.610

胃疣微菌门 (Verrucomicrobiota) 的相对丰度极显著高于 FTMR 组 ($P < 0.01$)，但纤维杆菌门 (Fibrobacterota) 的相对丰度低于 FTMR 组 ($P > 0.05$)；属水平组间差异物种分析显示 (表 8)，CON 组瘤胃的 *Prevotella*、*Prevotellaceae_UCG_003*、*unclassified_Bacteroidales_*

表 5 发酵饲料对肉牛血常规的影响 ($n = 6$)
Table 5 Effect of fermented feed on blood routine of beef cattle ($n = 6$)

项目 Item	处理 Treatment		<i>P</i>
	CON	FTMR	
红细胞总数 Total erythrocyte count/ $[\times 10^{12} (\text{cell} \cdot \text{L}^{-1})]$	7.36 ± 0.15	7.82 ± 0.18	0.071
白细胞总数 Total white blood cells/ $[\times 10^9 (\text{cell} \cdot \text{L}^{-1})]$	7.53 ± 1.87	5.42 ± 0.77	0.039
血红蛋白 Hemoglobin/ $(\text{g} \cdot \text{L}^{-1})$	116.38 ± 2.40	117.38 ± 3.14	0.804
血红蛋白含量 Hemoglobin content/pg	15.76 ± 0.18	14.95 ± 0.14	0.003
血红蛋白浓度 Hemoglobin concentration/ $(\text{g} \cdot \text{L}^{-1})$	321.88 ± 6.69	306.38 ± 5.27	0.065
淋巴细胞 Lymphocyte/ $[\times 10^9 (\text{cell} \cdot \text{L}^{-1})]$	1.80 ± 0.28	1.78 ± 0.15	0.938
中间细胞 Intermediate cell/ $[10^9 (\text{cell} \cdot \text{L}^{-1})]$	0.78 ± 0.12	0.76 ± 0.07	0.932
粒细胞 Granulocyte/ $[\times 10^9 (\text{cell} \cdot \text{L}^{-1})]$	4.23 ± 0.44	3.36 ± 0.34	0.144
淋巴细胞比率 Lymphocyte ratio/%	26.15 ± 2.12	31.16 ± 3.30	0.222
中间细胞比率 Intermediate cell ratio/%	11.24 ± 1.03	13.20 ± 1.24	0.243
粒细胞比率 Granulocyte ratio/%	62.61 ± 1.96	55.64 ± 3.58	0.110
红细胞压积 Packed cell volume/%	36.15 ± 0.73	38.25 ± 0.74	0.063
红细胞平均体积 Mean corpuscular volume/fL	49.26 ± 0.76	48.98 ± 0.51	0.757
红细胞分布宽度 Red blood cell distribution width SD/fL	25.55 ± 0.77	27.65 ± 1.38	0.204
红细胞分布宽度 Red blood cell distribution width/%	15.20 ± 0.26	16.53 ± 0.67	0.087
血小板总数 Total platelet count/ $[\times 10^9 (\text{cell} \cdot \text{L}^{-1})]$	223.87 ± 31.98	205.25 ± 25.46	0.656
血小板平均体积 Mean platelet volume/fL	6.65 ± 0.16	6.556 ± 0.09	0.551
血小板分布宽度 Platelet distribution width/%	8.29 ± 0.24	7.18 ± 0.37	0.024
血小板压积 Thrombocytocrit/%	0.14 ± 0.02	0.13 ± 0.02	0.604
血小板大细胞比率 Platelet macrocell ratio/%	4.44 ± 1.31	1.43 ± 0.69	0.061

表 6 发酵饲料对肉牛瘤胃发酵参数的影响 ($n = 6$)
Table 6 Effects of fermented feed on rumen fermentation parameters of beef cattle ($n = 6$)

项目 Item	处理 Treatment		<i>P</i>
	CON	FTMR	
总挥发性脂肪酸 Total VFA/ $(\text{mmol} \cdot \text{L}^{-1})$	131.25 ± 16.05	185.49 ± 12.88	0.026
乙酸/丙酸 Acetate/propionate	2.96 ± 0.15	2.73 ± 0.18	0.350
乙酸 Acetate/ $(\text{mmol} \cdot \text{L}^{-1})$	77.26 ± 9.37	108.04 ± 6.76	0.023
丙酸 Propionate/ $(\text{mmol} \cdot \text{L}^{-1})$	28.60 ± 3.16	40.55 ± 3.90	0.039
丁酸 Butyrate/ $(\text{mmol} \cdot \text{L}^{-1})$	24.04 ± 3.81	28.38 ± 2.61	0.370
异丁酸 Isobutyrate/ $(\text{mmol} \cdot \text{L}^{-1})$	1.36 ± 0.47	1.83 ± 0.20	0.371
戊酸 Valerate/ $(\text{mmol} \cdot \text{L}^{-1})$	1.91 ± 0.27	2.65 ± 0.35	0.126
异戊酸 Isovalerate/ $(\text{mmol} \cdot \text{L}^{-1})$	2.93 ± 0.28	4.04 ± 0.43	0.055
氨氮 Ammonia-nitrogen/ $(\text{mg} \cdot \text{dL}^{-1})$	7.10 ± 2.97	10.32 ± 2.41	0.207

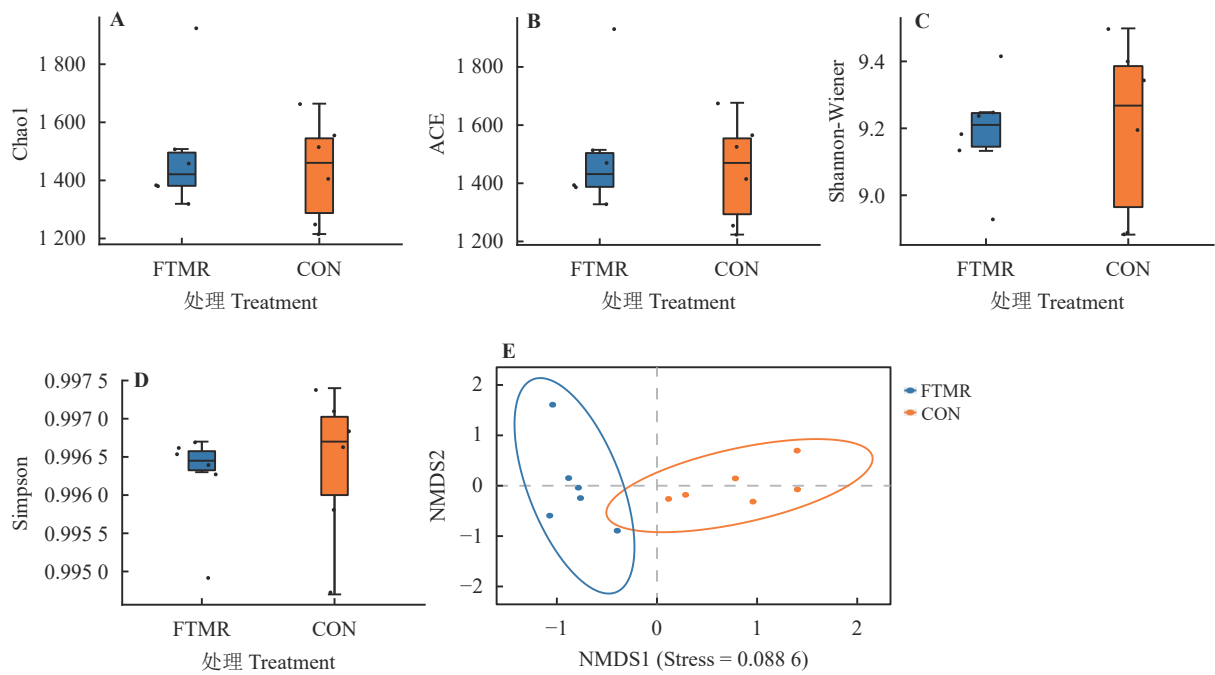


图 2 两组瘤胃细菌 α 多样性和 β 多样性比较 ($n = 6$)
Figure 2 Comparison of α diversity and β diversity of rumen bacteria in two treatments ($n = 6$)

表 7 两组对瘤胃微生物门水平丰度比较 ($n = 6$)
Table 7 Comparison of rumen microbial phylum level abundance between in two treatments ($n = 6$)

门水平 Phylum level	处理 Treatment		<i>P</i>
	CON	FTMR	
疣微菌门 Verrucomicrobiota/%	0.049 ± 0.027	0.010 ± 0.004	0.003
纤维杆菌门 Fibrobacterota/%	0.005 ± 0.003	0.015 ± 0.007	0.336

RF16_group、*Veillonellaceae_UCG_001*、*UCG_004*、*Selenomonas*、*unclassified_Succinivibrionaceae*、*uncultured_rumen_bacterium_4C0d_9* *Anaerovibrio* 和 *unidentified_rumen_bacterium_RFN46* 的相对丰度均显著高于 FTMR 组 ($P < 0.05$), 但 *Fibrobacter*、*Prevotellaceae_NK3B31_group*、*Prevotellaceae_UCG_004*、*Lachnoclostridium*、*Lachnospiraceae_UCG_008*、*Lachnospiraceae_FCS020_group*、*Lachnospiraceae_NK4A136_group*、*Lachnospiraceae_UCG_006* 和 [*Anaerorhabdus*] *furcosa_group* 相对丰度均显著低于 FTMR 组 ($P < 0.05$)。

2.7 肉牛盲肠细菌多样性

2.7.1 α 多样性和 β 多样性

两组之间 α 多样性均无显著差异 ($P > 0.05$) (图 3A—D); β 多样性 NMDS 分析结果显示 (图 3E), 两

组之间样品分布距离较近, 盲肠微生物菌群结构差异较小 (Stress = 0.099 0)。

2.7.2 细菌丰度差异分析

门水平组间差异物种分析显示 (表 9), 两组之间细菌丰度无显著差异 ($P > 0.05$); 属水平组间差异物种分析显示 (表 10), FTMR 组盲肠 *Clostridium_sensu_stricto_1*、*Turicibacter*、*Romboutsia*、*uncultured_rumen_bacterium*、*Parabacteroides* 和 *unclassified_unidentified_rumen_bacterium_RF39* 的细菌丰度均显著高于 CON 组 ($P < 0.05$), 但 *Lachnospiraceae_UCG_001*、*Dorea*、*Candidatus_Stoquefichus*、*unclassified_Alphaproteobacteria*、*unclassified_Paludibacteraceae* 和 *unclassified_Erysipelotrichales* 的细菌丰度均显著低于 CON 组 ($P < 0.05$)。

3 讨论与结论

3.1 发酵 TMR 对肉牛生长和消化的影响

苹果渣一般是指苹果用来生产果酱、果酒以及苹果汁后产生的副产品残渣, 含有丰富的营养成分, 氨基酸、多糖、膳食纤维、矿物质等, 饲喂价值高^[28]。但苹果渣含水量高、易变质, 且其收获季节集中在 10 月^[29], 严重限制了苹果渣在反刍动物生产中的应用。本研究选择与发酵全混合日粮养分组成

表 8 两组对瘤胃微生物属水平丰度比较 (n = 6)

Table 8 Comparison of rumen microbial genus level abundance between in two treatments (n = 6)

属水平 Genus level	处理 Treatment		P
	CON	FTMR	
<i>Prevotella</i>	0.211 ± 0.069	0.121 ± 0.026	0.006
<i>Prevotellaceae_UCG_003</i>	0.016 ± 0.002	0.011 ± 0.002	0.006
<i>unclassified_Bacteroidales_RF16_group</i>	0.019 ± 0.010	0.005 ± 0.003	0.009
<i>Fibrobacter</i>	0.005 ± 0.003	0.015 ± 0.006	0.010
<i>Veillonellaceae_UCG_001</i>	0.011 ± 0.003	0.004 ± 0.002	0.010
<i>UCG_004</i>	0.011 ± 0.008	0.004 ± 0.002	0.010
<i>Prevotellaceae_NK3B31_group</i>	0.002 ± 0.002	0.011 ± 0.003	< 0.001
<i>Prevotellaceae_UCG_004</i>	0.002 ± 0.001	0.007 ± 0.002	0.001
<i>Lachnoclostridium</i>	0.002 ± 0.001	0.004 ± 0.002	0.010
<i>Selenomonas</i>	0.004 ± 0.004	0.001 ± 0.001	0.030
<i>unclassified_Succinivibrionaceae</i>	0.003 ± 0.002	0.001 ± 0.001	0.016
<i>Lachnospiraceae_UCG_008</i>	0.001 ± 0.001	0.003 ± 0.001	0.003
<i>Lachnospiraceae_FCS020_group</i>	0.001 ± 0.001	0.002 ± 0.002	< 0.001
<i>Lachnospiraceae_NK4A136_group</i>	0.001 ± 0.001	0.002 ± 0.001	0.003
<i>Lachnospiraceae_UCG_006</i>	0.001 ± 0.001	0.002 ± 0.001	0.025
<i>Ruminobacter</i>	0.002 ± 0.001	0.004 ± 0.001	0.01
<i>uncultured_rumen_bacterium_4C0d_9</i>	0.002 ± 0.000	0.001 ± 0.000	0.016
<i>Anaerovibrio</i>	0.002 ± 0.001	0.001 ± 0.001	0.025
<i>[Anaerorhabdus]_furfcosa_group</i>	0.000 ± 0.000	0.002 ± 0.001	0.025
<i>unidentified_rumen_bacterium_RFN46</i>	0.001 ± 0.001	0.000 ± 0.000	0.016

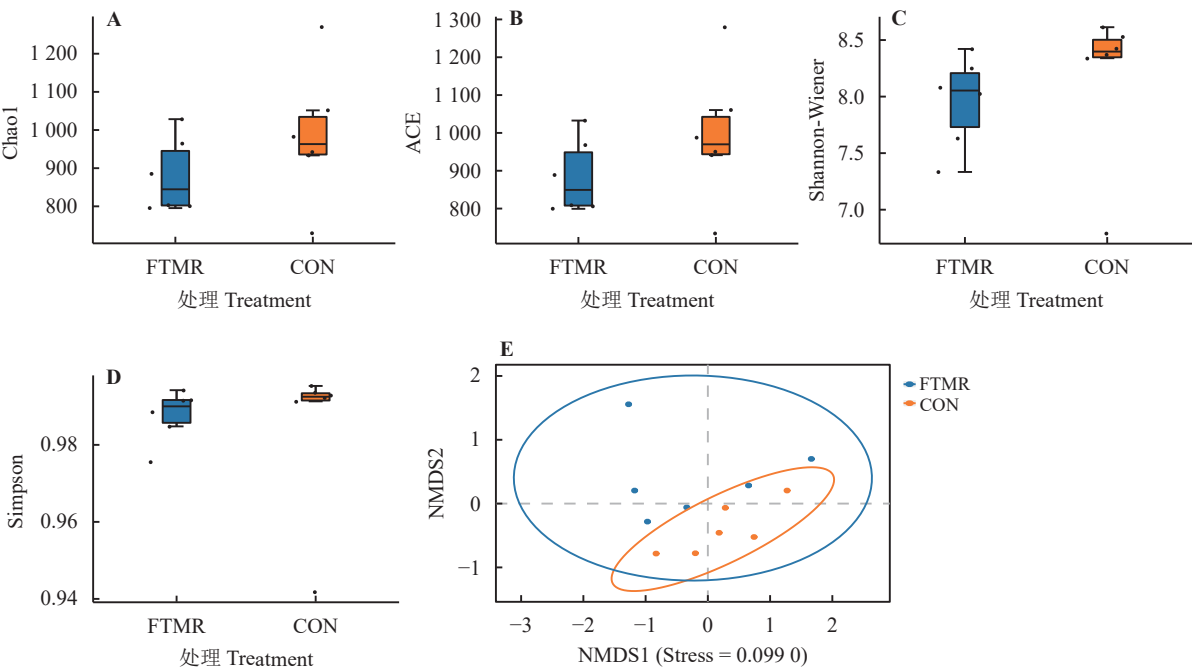


图 3 两组对盲肠细菌 α 多样性和 β 多样性比较 (n = 6)

Figure 3 Comparison of α diversity and β diversity of cecum bacteria in two treatments (n = 6)

表 9 两组对盲肠微生物门水平丰度比较 ($n = 6$)
Table 9 Comparison of the abundance of cecum microorganisms phylum level in two treatments ($n = 6$)

门水平 Phylum level	处理 Treatment		P
	CON	FTMR	
Firmicutes	0.568 ± 0.036	0.600 ± 0.045	0.841
Bacteroidota	0.273 ± 0.080	0.299 ± 0.040	0.958
Proteobacteria	0.081 ± 0.100	0.032 ± 0.039	0.841
Spirochaetota	0.052 ± 0.044	0.040 ± 0.030	0.841
Patescibacteria	0.007 ± 0.002	0.009 ± 0.003	0.841
Actinobacteriota	0.007 ± 0.007	0.010 ± 0.014	0.841
Verrucomicrobiota	0.003 ± 0.001	0.005 ± 0.007	0.841
Fusobacteriota	0.003 ± 0.002	0.002 ± 0.002	0.841
Desulfobacterota	0.002 ± 0.002	0.001 ± 0.001	0.841
Cyanobacteria	0.001 ± 0.001	0.001 ± 0.001	0.841
Acidobacteriota	0.0010 ± 0.0010	0.0001 ± 0.0001	0.841
unclassified_Bacteria	0.0004 ± 0.0005	0.0002 ± 0.0001	1.000
Cloacimonadota	0.0003 ± 0.0008	0	0.841
Chloroflexi	0.0002 ± 0.0005	0.0001 ± 0.0001	0.999
Gemmatimonadota	0.0002 ± 0.0005	0.00004 ± 0.00005	0.841
Myxococcota	0.0001 ± 0.0003	0.00002 ± 0.00003	1.000
Campylobacterota	0.00009 ± 0.00022	0.00003 ± 0.00003	0.841
Elusimicrobiota	0.00007 ± 0.00011	0.00004 ± 0.00006	0.999
Deferribacterota	0.00008 ± 0.00018	0	0.841
Methylomirabilota	0.00007 ± 0.00018	0	0.841

接近的典型育肥饲粮作为对照,从动物生长、养分消化和瘤胃发酵多个方面充分验证发酵技术实现苹果渣高效利用的可行性和有效性。两组饲草微生物组成不同,FTMR 组饲草中乳酸菌含量显著低于对照组。牧草表面附着的微生物组成和数量受不同植物和发酵环境影响^[30],玉米青贮在发酵过程中乳酸菌数量显著高于苜蓿草^[31],因此,对照组中产生大量乳酸菌是饲料中玉米青贮发酵的结果。FTMR 组中 Gemmatimonadaceae 和 Muribaculaceae 细菌丰度更高,由于发酵底物的不同,在发酵过程中微生物演变更替,互相竞争,更能适应环境的微生物主导发酵过程^[32]。

体增重是衡量家畜生产性能最重要的指标。苹果加工后的副产物苹果渣,含有多糖和膳食纤维

等,利于消化吸收,可以提高饲料适口性,改善动物生长性能,饲喂和营养价值高^[9]。张琨^[33]发现羔羊饲料中添加 10% 的干苹果渣可以显著提高羔羊的末重和日增重。马宁等^[9]在育肥牛饲料中添加烘干苹果渣,可以显著增加育肥牛的体重,并改善生长性能。本研究利用发酵技术将鲜苹果渣添加到饲料中制成发酵型全混合日粮,试验表明苹果渣发酵饲料显著提高了肉牛的末体重和平均日增重,证实发酵全混合日粮技术可以实现肉牛生产中苹果渣长期保存和高效利用。

饲料发酵过程中,原料大分子如蛋白质在多种消化酶的作用下进一步分解为小分子物质^[34]。大量动物试验证实,饲喂前饲料发酵有利于提高牛羊饲料消化率^[35-39]。本研究中 FTMR 组苜蓿草含量更高,更有利于动物对蛋白质消化^[40]。通常情况下,利用乳酸菌发酵饲粮不会降解粗纤维素。研究证实发酵饲料对中性洗涤纤维和酸性洗涤纤维表观消化率无显著影响^[39],发酵低质粗饲料后甚至会降低动物对粗纤维素的消化率^[41]。本研究使用的是一类可以降解纤维素的乳酸菌(产阿魏酸酯酶的植物乳杆菌 A1),体外结果证实其具有改变青贮发酵过程中植物细胞壁结构,降低青贮木质纤维素的结晶度,从而降解木质纤维素的作用^[19]。本研究中饲喂 FTMR 对肉牛 NDF 和 ADF 消化率没有影响。饲料原料不同,FTMR 组中粗料 NDF 含量低,易发酵底物如苹果渣和苜蓿含量多。精料中 NDF 的物理有效中性洗涤纤维(peNDF)含量低,饲料发酵过程中降解率也高^[42],最终减少动物对饲料咀嚼时间及唾液分泌量,导致粗饲料的可溶解部分和潜在可以消化部分降低^[43],达不到显著降解饲料中纤维消化率的效果。要验证产阿魏酸酯酶的植物乳杆菌 A1 菌是不是在体内也能促进纤维降解,控制有效纤维水平可能更重要,具体效果有待进一步研究。

3.2 发酵 TMR 对肉牛血液生化的影响

动物机体健康、新陈代谢以及内环境平衡等状态,可以通过血常规指标变化间接反映。血液中白细胞总数反映动物机体的炎症情况^[44]。研究表明,当饲料中添加 5% 和 10% 复合益生菌发酵饲料可以显著降低哺乳羔羊白细胞总数,降低炎症反应^[45]。本研究结果显示,FTMR 组白细胞总数显著低于对照组,与上述研究结果相一致,表明饲料中添加适

表 10 两组对盲肠微生物属水平丰度比较 (n = 6)
Table 10 Comparison of the abundance of cecum microorganisms genus level in two treatments (n = 6)

属水平 Genus level	处理 Treatment		P
	CON	FTMR	
<i>Clostridium_sensu_stricto_1</i>	0.015 ± 0.008	0.025 ± 0.005	0.037
<i>Turicibacter</i>	0.006 ± 0.002	0.024 ± 0.014	0.004
<i>Romboutsia</i>	0.008 ± 0.001	0.021 ± 0.012	0.004
<i>uncultured_rumen_bacterium</i>	0.007 ± 0.003	0.016 ± 0.004	0.010
<i>Lachnospiraceae_UCG_001</i>	0.004 ± 0.002	0.002 ± 0.002	0.025
<i>Parabacteroides</i>	0.0006 ± 0.0004	0.0039 ± 0.0042	0.016
<i>Dorea</i>	0.0019 ± 0.0008	0.0009 ± 0.0007	0.037
<i>Candidatus_Stoquefichus</i>	0.0016 ± 0.0009	0.0005 ± 0.0008	0.037
<i>unclassified_unidentified_rumen_bacterium_RF39</i>	0.0004 ± 0.0003	0.0016 ± 0.0008	0.001
<i>unclassified_Paludibacteraceae</i>	0.0016 ± 0.001	0.0003 ± 0.0003	0.016
<i>unclassified_Alphaproteobacteria</i>	0.0010 ± 0.0004	0.0003 ± 0.0002	0.025
<i>unclassified_Erysipelotrichales</i>	0.0004 ± 0.0002	0.0001 ± 0.0002	0.025

宜的发酵饲料可以减轻炎症反应利于机体健康。血液中 3 个指标(血红蛋白含量、血红蛋白浓度和红细胞平均体积)反映了红细胞中血红蛋白的含量、体积以及颜色,当含量较低时,可能机体铁含量或者吸收出现障碍,也是鉴定贫血和异常造血的重要指标^[46]。本研究中,FTMR 组肉牛血红蛋白含量显著低于对照组,单独以血红蛋白含量这一个指标来判断红细胞变化的意义不大,说明发酵饲料不影响机体造血功能,也不抑制机体促红细胞生成素的释放,不会造成机体贫血^[47]。血液中血小板分布宽度和平均血小板体积的升高与机体内血小板凝血活性成正比,主要与心血管疾病有关,对维持机体的正常血液循环有显著意义^[37, 48]。本研究 FTMR 组血小板分布宽度显著低于对照组,说明饲喂发酵饲料有助于降低心血管疾病的风险,再次证明发酵饲料对于机体的健康生长有积极效果,与促进生长性能试验结果相一致。

3.3 发酵 TMR 对肉牛瘤胃发酵参数和微生物多样性的影响

反刍动物瘤胃内挥发性脂肪酸是反刍动物主要的能量来源,可以反映饲料在瘤胃内的发酵分解情况。乙酸和丙酸是主要的发酵参数^[49]。调控瘤胃发

酵的方式有很多种,其中调整饲料组成较为常见。发酵饲料可以显著提高绵羊瘤胃挥发性脂肪酸的含量^[50]。孔雪旺等^[51]研究也表明,使用全混合日粮 + 发酵饲料进行离体试验,提高了肉牛挥发性脂肪酸的产量。张政^[52]和郭鹏^[53]体外发酵试验都发现,饲料被微生物发酵后,显著提高了奶牛瘤胃中总挥发性脂肪酸、乙酸、丙酸的含量。而陈光吉等^[54]也有相似的结果,但对乙酸/丙酸的比例无显著影响。杨红建等^[55]把农作物秸秆用阿魏酸酯酶发酵 72 h 后发现,促进了微生物对饲料中细胞壁的降解,增加了瘤胃挥发性脂肪酸的浓度。本研究中,FTMR 组瘤胃中总挥发性脂肪酸、乙酸和丙酸的含量均显高于对照组,与上述研究结果类似。可能是在饲料添加产阿魏酸酯酶的植物乳杆菌 A1 后,在发酵过程中,家畜瘤胃微生物加快了对饲料的降解,更充分的发酵利用营养物质,从而为机体提供更多能量。

瘤胃健康与瘤胃微生物丰度密切相关,16SrRNA 高通量测序技术很好地测定出反刍动物瘤胃微生物多样性。本研究中,β 多样性 NMDS 分析显示,FTMR 组与对照组细菌菌群结构有一定不同,但没有显著差异。瘤胃细菌受多种因素影响,尽管两个组间肉牛饲料品质上有一定区别,但并不足以导致改变复杂的瘤胃微生物组成。众所周知,瘤胃厚壁

菌门和纤维杆菌门主要用于分解饲料中纤维素利于反刍动物对纤维的消化吸收, 本研究中, 细菌门水平, FTMR 组纤维杆菌门细菌丰度较高, 属水平厚壁菌门中 (*Lachnospiraceae_UCG_008*、*Lachnospiraceae_FCS020_group*、*Lachnospiraceae_NK4A136_group*、*Lachnospiraceae_UCG_006*) 和纤维杆菌门中 (*Fibrobacter*) 细菌丰度显著高于对照组。有研究表明, LpA1 产生的阿魏酸酯酶可以降解木质纤维素^[16], 日粮中添加纤维素酶也可以增加一些与纤维分解菌相关细菌的丰度, 这也与本研究结果相一致^[56]。因此, 研究结果表明, FTMR 组的产阿魏酸酯酶的植物乳杆菌 A1 发挥了作用, 并可能增加了细菌在饲料中的附着能力, 刺激降解饲料中纤维素类微生物的活性。但关于最终纤维消化率并没有显著增加还需进一步研究。普雷沃氏菌属主要参与淀粉与蛋白质的降解, 也与纤维物质降解有关^[57]。本研究属水平结果显示, 对照组 *Prevotella* 和 *Prevotellaceae_UCG_003* 的相对丰度显著高于 FTMR, 但 *Prevotellaceae_NK3B31_group* 和 *Prevotellaceae_UCG_004* 的相对丰度显著低于 FTMR 组。这些细菌都属于普雷沃氏菌属, 而导致这种现象产生的原因可能与这些细菌的特性有较大关系。

3.4 发酵 TMR 对肉牛盲肠微生物多样性的影响

肠道微生物对反刍动物的正常生长也发挥一定调控作用^[58]。肠道微生物可以降解一部分反刍动物摄入的纤维物质, 但它们参与更多的糖和氨基酸代谢, 肠道中微生物紊乱也同样影响养分消化吸收, 甚至引起机体发生疾病^[59]。因此, 本研究用 16SrRNA 高通量测序技术测定反刍动物盲肠微生物多样性。分析盲肠微生物组成发现, 在属水平上, FTMR 组盲肠毛螺菌属 (*Lachnospiraceae_*

UCG_001) 和 *Dorea* 细菌丰度显著低于 CON 组。*Lachnospiraceae_UCG_001* 和 *Dorea* 菌属均属于厚壁菌门, 但两组间纤维素表观消化率并没有显著差异, 从微生物的角度考虑也可能是由于 FTMR 组中, 瘤胃中关于降解纤维素的细菌属丰度高于对照组。但 FTMR 组盲肠梭状芽孢杆菌 (*Clostridium_sensu_stricto_1*)、*Turicibacter*、罗姆布茨菌 (*Romboutsia*)、狄氏副拟杆菌 (*Parabacteroides*) 的细菌丰度均显著高于 CON 组。*Romboutsia* 被认为是一种有益菌, 与肠道疾病负相关^[60], 而关于 *Turicibacter* 在反刍动物中研究较少。*Clostridium_sensu_stricto_1* 在动物蛋白质饲料和氨基酸利用中发挥重要作用, 因此该细菌属的显著增加可能在蛋白质利用中发挥作用^[61]。正如预期结果, 本研究中 FTMR 组蛋白质表观消化率显著增加。*Parabacteroides* 与机体糖代谢显著相关, 并发挥正反馈作用, 激活肠道糖异生, 从而调节食欲, 改善糖代谢紊乱, 是一种潜在的新型抗代谢综合症益生菌^[62]。这与本研究生产性能结果中 FTMR 组日增重显著高于对照组相一致。这些结果均进一步证实了 FTMR 饲料增加了肠道微生物有益菌属的丰度, 从而更好地获取和利用饲料中能量和营养, 维持机体健康。

综上, 产阿魏酸酯酶乳酸菌发酵 TMR 与营养组分接近的典型育肥 TMR 饲粮相比, 可以增加肉牛平均日增重和粗蛋白质表观消化率, 减少白细胞总数和血小板分布宽度, 降低疾病风险, 改善生产性能; 增加瘤胃总挥发酸、乙酸和丙酸的含量, 胃肠道有益菌属 (*Firmicutes*、*Clostridium_sensu_stricto_1* 和 *Parabacteroides*) 的丰度, 保障了胃肠道健康。因此, 全混合饲粮发酵技术可以有效利用易腐败的饲料原料, 促进肉牛生长速率、维护胃肠道健康。

参考文献 References:

- [1] PARK J H, SANG W K, DO Y J, KIM H, CHO Y M. Spent mushroom substrate influences Elk (*cervus elaphus canadensis*) hematological and serum biochemical parameters. *Asian-Australasian Journal of Animal Sciences*, 2012, 25(3): 320-324.
- [2] 赵荆玉. 甘肃省苹果生产的比较优势和省域研究. *甘肃农业科技*, 2022, 53(2): 86-90.
ZHAO J Y. Comparative advantage and provincial study of apple production in Gansu Province. *Gansu Agricultural Science and Technology*, 2022, 53(2): 86-90.
- [3] CAO Y, ZANG Y, JIANG Z, HAN Y, HOU J J, LIU H, ZHONG R, FANG J, ZHANG A, YOSHIDA N. Fermentation quality and nutritive value of fresh and fermented total mixed rations containing Chinese wildrye or corn stover. *Grassland Science*, 2016, 62(4): 213-223.

- [4] SUN Z, LIU S, TAYO G, TANG S, TAN Z, LIN B. Effects of cellulase or lactic acid bacteria on silage fermentation and *in vitro* gas production of several morphological fractions of maize stover. *Animal Feed Science Technology*, 2009, 152(3/4): 219-231.
- [5] SILVA T H D, TAKIYA C S, VENDRAMINI T H A, DEJESUS E F, ZANFERARI F, RENNO F P. Effects of dietary fibrolytic enzymes on chewing time, ruminal fermentation, and performance of mid-lactating dairy cows. *Animal Feed Science Technology*, 2016, 221: 35-43.
- [6] CAO Y, TAKAHASHI T, HORIGUCHI K I, YOSHIDA N, CAI Y. Methane emissions from sheep fed fermented or non-fermented total mixed ration containing whole-crop rice and rice bran. *Animal Feed Science Technology*, 2010, 157(1/2): 72-78.
- [7] CAO B B, JIN X, YANG H J, LI S L, JIANG L S. Microbial release of ferulic and p-coumaric acids from forages and their digestibility in lactating cows fed total mixed rations with different forage combinations. *Journal of the Science and Food Agriculture*, 2016, 96(12): 650-655.
- [8] KOTSAMPASI B, CHRISTODOULOU C, TSIPLAKOU E, MAVROMMSTIS A, MITSIOPOULOU C, KARAIKOU C, DOTAS V, ROBINSON P H, BAMPIDIS V A, CHRISTODOULOU V, ZERVAS G. Effects of dietary pomegranate pulp silage supplementation on milk yield and composition, milk fatty acid profile and blood plasma antioxidant status of lactating dairy cows. *Animal Feed Science and Technology*, 2017, 234: 228-236.
- [9] 马宁, 何立荣, 许迟, 赵强, 马峰, 张琳, 李博宁, 马帆. 不同水平干苹果渣对育肥牛体外产气量、发酵参数、营养物质消化率和生长性能的影响. *畜牧与饲料科学*, 2021, 42(6): 1-8.
- MA N, HE L R, XU C, ZHAO Q, MA F, ZHANG L, LI B N, MA F. Effects of different levels of dried apple residue on *in vitro* gas production, fermentation parameters, nutrient digestibility and growth performance of fattening cattle. *Animal Husbandry and Feed Science*, 2021, 42(6): 1-8.
- [10] KHOSRAVI M, ROUZBEHAN Y, REZAEI M, REZAEI J. Total replacement of corn silage with sorghum silage improves milk fatty acid profile and antioxidant capacity of Holstein dairy cows. *Journal of Dairy Science*, 2018, 101: 10953-10961.
- [11] TIAN X Z, PAENGKOU M P, PAENGKOU S, CHUMPAWADEE S, BAN C, THONGPEA S. Short communication: Purple corn (*Zea mays* L.) stover silage with abundant anthocyanins transferring anthocyanin composition to the milk and increasing antioxidant status of lactating dairy goats. *Journal of Dairy Science*, 2019, 102: 413-418.
- [12] WEINBERG Z G, SHATZ O, CHEN Y, YOSEF E, NIKBAHAT M, BEN-GHEDALIA D, MIRON J. Effect of lactic acid bacteria inoculants on *in vitro* digestibility of wheat and corn silages. *Journal of Dairy Science*, 2007, 90(10): 4754-4762.
- [13] JIN L, DUNIERE L, LYNCH J P, MCALLISTER T A, BAAH J, WANG Y. Impact of ferulic acid esterase producing lactobacilli and fibrolytic enzymes on conservation characteristics, aerobic stability and fiber degradability of barley silages. *Animal Feed Science and Technology*, 2015, 207: 62-74.
- [14] DE-OLIVEIRA D M, FINGER-TEIXEIRA A, MOTA T R, SALVADOR V H, MOREIRA-VILAR F C, MOLINARI H B C, MITCHELL R A C, MARCHIOSI R, FERRARESE-FILHO O, Dos-SANTOS W D. Ferulic acid: A key component in grass lignocellulose recalcitrance to hydrolysis. *Plant Biotechnology Journal*, 2016, 13: 1224-1232.
- [15] LI F, DING Z, KE W, XU D, ZHANG P, BAI J, MUDASSAR S, MUHAMMAD I, GUO X. Ferulic acid esterase-producing lactic acid bacteria and cellulase pretreatments of corn stalk silage at two different temperatures: Ensiling characteristics, carbohydrates composition and enzymatic saccharification. *Bioresource Technology*, 2019, 282: 211-221.
- [16] LI F, KE W, DING Z, BAI J, ZHANG Y, XU D, LI Z, GUO X. Pretreatment of *Pennisetum sinense* silages with ferulic acid esterase-producing lactic acid bacteria and cellulase at two dry matter contents: Fermentation characteristics, carbohydrates composition and enzymatic saccharification. *Bioresource Technology*, 2020, 295: 122261.
- [17] COMINO L, TABACCO E, RIGHI F, REVELLO-CHION A, QUARANTELLI A, BORREANI G. Effects of an inoculant containing a *Lactobacillus buchneri* that produces ferulate-esterase on fermentation products, aerobic stability, and fibre digestibility of maize silages harvested at different stages of maturity. *Animal Feed Science and Technology*, 2014, 198: 94-106.
- [18] LYNCH J P, JIN L, LARA E C, BAAH J, BEAUCHEMIN K A. The effect of exogenous fibrolytic enzymes and a ferulic acid esterase-producing inoculant on the fibre degradability, chemical composition and conservation characteristics of alfalfa silages. *Animal Feed Science and Technology*, 2014, 193: 21-31.
- [19] 李福厚. 产阿魏酸酯酶乳酸菌对青贮饲料纤维降解、家畜消化及健康的影响及作用机制研究. 兰州: 兰州大学博士学位论文, 2021.

- LI F H. Effect of ferulate esterase-producing lactic acid bacteria on silage fiber degradation, digestion and health of livestock and its mechanism. PhD Thesis. Lanzhou: Lanzhou University, 2021.
- [20] 陈代文. 动物营养与饲料科学. 北京: 中国农业出版社, 2015.
- CHEN D W. Animal Nutrition and Feed Science. Beijing: China Agriculture Press, 2015.
- [21] MA Z Y, ZHANG X M, WANG R, WANG M, LIU T, TAN Z L. Effects of chemical and mechanical lysis on microbial dna yield, integrity, and downstream amplicon sequencing of rumen bacteria and protozoa. *Frontiers in Microbiology*, 2020, 11: 581227.
- [22] FILHO S D C V, SILVA L F C E, GIONBELLI M P, ROTTA P P, PRADOS L F. Nutrient Requirements of Zebu and Crossbred Cattle - BR-CORTE. 2016: 1-334.
- [23] 牛骁麟, 郭涛, 周文静, 郭龙, 李飞, 李发弟. 日粮粗蛋白质水平对育肥湖羊瘤胃微生物组成和发酵参数的影响. *草业科学*, 2020, 37(5): 975-983.
- NIU X L, GUO T, ZHOU W J, GUO L, LI F, LI F D. Effects of dietary crude protein level on rumen microbial composition and fermentation parameters of fattening lake sheep. *Pratacultural Science*, 2020, 37(5): 975-983.
- [24] BOLGER A M, LOHSE M, USADEL B. Trimmomatic: A flexible trimmer for Illumina sequence data. *Bioinformatics*, 2014(15): 2114-2120.
- [25] MARTIN M. Cut adapt removes adapter sequences from high-throughput sequencing reads. *Embnet Journal*, 2011, 17(1): 10-12.
- [26] EDGAR R C. UPARSE: Highly accurate OTU sequences from microbial amplicon reads. *Nature Methods*, 2013, 10(10): 996-1000.
- [27] EDGAR R C, HAAS B J, CLEMENTE J C, QUINCE C, KNIGHT R. UCHIME improves sensitivity and speed of chimera detection. *Bioinformatics*, 2011, 27(16): 2194-2200.
- [28] 乔庆敏, 宋春梅. 苹果渣的饲料化利用技术及对经济效益的影响研究. *饲料研究*, 2022, 45(9): 156-159.
- QIAO Q M, SONG C M. Study on feed utilization technology of apple residue and its influence on economic benefit. *Feed Research*, 2022, 45(9): 156-159.
- [29] 郭全恩, 南丽丽, 曹诗瑜, 展宗冰, 李龙. 地形对苹果园近地面微环境的影响. *经济林研究*, 2019, 37(2): 29-33.
- GUO Q E, NAN L L, CAO S Y, ZHAN Z B, LI L. Effect of terrain on near-surface microenvironment of apple orchard. *Economic Forestry Research*, 2019, 37(2): 29-33.
- [30] 张男吉, 刘江莉, 林波, 邹彩霞. 青绿饲料附生微生物组成特点及其对青贮品质影响的研究进展. *动物营养学报*, 2023, 35(5): 2828-2835.
- ZHANG N J, LIU J L, LIN B, ZOU C X. Research progress on the composition of epiphytic microorganism in green feed and its effect on silage quality. *Chinese Journal of Animal Nutrition*, 2023, 35(5): 2828-2835.
- [31] 许冬梅, 张萍, 柯文灿, 郭旭生. 青贮微生物及其对青贮饲料发酵品质影响的研究进展. *草地学报*, 2017, 25(3): 460-465.
- XU D M, ZHANG P, KE W C, GUO X S. Research progress of silage microorganisms and their effects on fermentation quality of silage. *Journal of Grassland Science*, 2017, 25(3): 460-465.
- [32] 董文卓, 赵帅, 张璐青, 刘佳庆, 柳佳惠, 张家林, 寇建村, 杨文权. 一种新型复合乳酸菌剂对苜蓿青贮品质及细菌群落的影响. *中国草地学报*, 2023, 45(10): 78-86.
- DONG W Z, ZHAO S, ZHANG L Q, LIU J Q, LIU J H, ZHANG J L, KOU J C, YANG W Q. Effects of a new compound lactic acid bacteria agent on the quality and bacterial community of alfalfa silage. *Chinese Journal of Grassland*, 2023, 45(10): 78-86.
- [33] 张琨. 干苹果渣不同添加量对内蒙古细毛羊育肥效果的研究. *吉林农业科学*, 2013, 38(5): 66-68.
- ZHANG K. Study on fattening effect of different amounts of dried apple residue on Inner Mongolia fine wool sheep. *Jilin Agricultural Science*, 2013, 38(5): 66-68.
- [34] ZHANG A R, WEI M, YAN L, ZHOU G L, LIANG Y X. Effects of feeding solid-state fermented wheat bran on growth performance and nutrient digestibility in broiler chickens. *Poultry Science*, 2021, 101(1): 101402.
- [35] KIM T I, MAYAKRISHNAN V, LIM D H, YEON J A, BAEK K L. Effect of fermented total mixed rations on the growth performance, carcass and meat quality characteristics of Hanwoo steers. *Animal Science Journal*, 2018, 89(3): 606-615.
- [36] 樊启文, 郭万正, 赵娜, 兰忠, 李巍, 金枫, 魏金涛. 不同比例发酵饲料桑替代基础饲料对肉牛生长性能、养分表观消化率、血液生理生化指标、血清抗氧化指标的影响. *动物营养学报*, 2023, 35(11): 7235-7246.
- FAN Q W, GUO W Z, ZHAO N, LAN Z, LI W, JIN F, WEI J T. Effects of different proportion of fermented feed mulberry replacing basal diet on growth performance, nutrient apparent digestibility, blood physiological and biochemical indexes and serum

- antioxidant indexes of beef cattle. *Chinese Journal of Animal Nutrition*, 2023, 35(11): 7235-7246.
- [37] 丁亚伟, 郭云霞, 王海玉, 杨彩虹, 田星哲, 徐艳辉, 段春辉, 慧慧, 纪守坤, 刘月琴, 张英杰. 复合益生菌发酵饲料对羔羊营养物质表观消化率、血清激素含量、粪便微生物及消化酶活性的影响. *动物营养学报*, 2022, 34(12): 7945-7959.
DING Y W, GUO Y X, WANG H Y, YANG C H, TIAN X Z, XU Y H, DUAN C H, YAN H, JI S K, LIU Y Q, ZHANG Y J. Effects of compound probiotic fermented feed on nutrient apparent digestibility, serum hormone content, fecal microorganisms and digestive enzyme activities of lambs. *Chinese Journal of Animal Nutrition*, 2022, 34(12): 7945-7959.
- [38] 丁亚伟, 郭云霞, 王海玉, 刘月琴, 张英杰, 王媛, 郝艳菊, 段春辉. 复合益生菌发酵饲料对哺乳羔羊生长性能、血常规指标及血清免疫、抗氧化指标的影响. *动物营养学报*, 2023, 35(4): 2406-2416.
DING Y W, GUO Y X, WANG H Y, LIU Y Q, ZHANG Y J, WANG Y, XI Y J, DUAN C H. Effects of compound probiotic fermented feed on growth performance, blood routine indexes, serum immunity and antioxidant indexes of lactating lambs. *Chinese Journal of Animal Nutrition*, 2023, 35(4): 2406-2416.
- [39] 周瑞, 李耀东, 罗建芬, 张小明, 吴慧昊, 朱凯, 吴凡, 徐红伟, 臧荣鑫. 西兰花尾菜发酵饲料对绵羊生长性能、营养物质表观消化率及血清生化、抗氧化和免疫指标的影响. *动物营养学报*, 2023, 35(10): 6497-6506.
ZHOU R, LI Y D, LUO J F, ZHANG X M, WU H H, ZHU K, WU F, XU H W, ZANG R X. Effects of fermented broccoli feed on growth performance, apparent digestibility of nutrients and serum biochemical, antioxidant and immune indexes of sheep. *Chinese Journal of Animal Nutrition*, 2023, 35(10): 6497-6506.
- [40] 王涛. 苜蓿草粉的营养价值及其对动物生产和经济效益的影响. *饲料研究*, 2021, 44(8): 154-156.
WANG T. Nutritional value of alfalfa meal and its effect on animal production and economic benefit. *Journal of Feed Research*, 2021, 44(8): 154-156.
- [41] 张喆萍, 李瑞银, 李树静, 李建国, 沈宜钊, 高艳霞, 李妍, 范京惠, 谢鹏, 李秋凤, 曹玉凤. 饲料添加发酵枣粉对高温季节荷斯坦公牛生长性能、免疫性能和抗氧化性能的影响. *动物营养学报*, 2022, 34(2): 1027-1039.
ZHANG Z P, LI R Y, LI S J, LI J G, SHEN Y Z, GAO Y X, LI Y, FAN J H, XIE P, LI Q F, CAO Y F. Effects of dietary fermented jujube powder on growth performance, immune performance and antioxidant performance of Holstein bulls in high temperature season. *Chinese Journal of Animal Nutrition*, 2022, 34(2): 1027-1039.
- [42] CUNHA G S P, MAIA M D A, FERNANDES L M G, GERASEEV L C, CHAVES A S. Physically effective fiber changes nutrient levels of total mixed ration and fecal parameters in beef feedlots. *Ciência Rural*, 2021, 51(5): 20200663.
- [43] YANG W Z, BEAUCHEMIN K A. Physically effective fiber: Method of determination and effects on chewing, ruminal acidosis, and digestion by dairy cows. *Journal of Dairy Science*, 2006, 89(7): 2618-2633.
- [44] 尹福泉, 吴征敏, 王志敬, 吴浩浩, AAMIR N, 庄桂锋, 钟耿杰, 黄昇. 不同精粗比饲料对雷州山羊生长性能、血液生化指标和瘤胃微生物多样性的影响. *广东海洋大学学报*, 2018, 38(1): 80-86.
YIN F Q, WU Z M, WANG Z J, WU H H, AAMIR N, ZHUANG G F, ZHONG G J, HUANG S. Effects of different ratio of concentrate to crude diets on growth performance, blood biochemical indexes and rumen microbial diversity of Leizhou goats. *Journal of Guangdong Ocean University*, 2018, 38(1): 80-86.
- [45] 张霞, 王维中, 王虎成, 郭旭生. 青贮组合型全混合日粮对育肥肉牛生长性能及血液指标的影响. *动物营养学报*, 2018, 30(12): 4980-4990.
ZHANG X, WANG W Z, WANG H C, GUO X S. Effects of silage combined total mixed diet on growth performance and blood indexes of fattening beef cattle. *Chinese Journal of Animal Nutrition*, 2018, 30(12): 4980-4990.
- [46] LAWAL B, SHITTU O K, OIBIOKPA F I, MOHAMMED H, UMAR S I, HARUNA G M. Antimicrobial evaluation, acute and sub-acute toxicity studies of allium sativum. *Journal of Acute Disease*, 2016, 5(4): 296-301.
- [47] TABARRAEI H, HASSAN J, REZA PARVIZI M, GOLSHAHI H, KESHACARZ-TARIKHI H. Evaluation of the acute and sub-acute toxicity of teh black caraway seed essential oil in Wistar rats. *Toxicology Reports*, 2019(6): 869-874.
- [48] 朱巧, 郭丽君. 平均血小板体积与心血管疾病的关系. *中国心血管杂志*, 2014, 19(3): 225-228.
ZHU Q, GUO L J. Relationship between mean platelet volume and cardiovascular disease. *Chinese Journal of Cardiology*, 2014, 19(3): 225-228.
- [49] 李红丽, 柴沙驼, 王迅. 不同能量和蛋白质水平饲料对冷季舍饲育肥牦牛生长性能、血清生化指标及瘤胃发酵参数的影响. *动物营养学报*, 2022, 34(7): 4498-4511.

- LI H L, CHAI S T, WANG X. Effects of different energy and protein levels on growth performance, serum biochemical parameters and rumen fermentation parameters of fattening yaks in cold season. *Chinese Journal of Animal Nutrition*, 2012, 34(7): 4498-4511.
- [50] 李满双, 薛树媛, 王超, 王莉梅, 郭天龙, 金海. 体外产气法研究沙柳混合发酵饲料对绵羊瘤胃内环境参数的影响. *动物营养学报*, 2015, 27(27): 1943-1953.
- LI M S, XUE S Y, WANG C, WANG L M, GUO T L, JIN H. The effects of sallow and willow mixed fermented feed on rumen environmental parameters of sheep were studied by in vitro gas production. *Chinese Journal of Animal Nutrition*, 2015, 27(27): 1943-1953.
- [51] 孔雪旺, 周敏, 肖杰, 张书汁. 含发酵饲料的全混合日粮对肉牛瘤胃离体发酵、生长性能和血液特性的影响. *中国饲料*, 2020(10): 56-60.
- KONG X W, ZHOU M, XIAO J, ZHANG S Z. Effects of total mixed diet containing fermented feed on in vitro fermentation, growth performance and blood characteristics of rumen of beef cattle. *China Feed*, 2020(10): 56-60.
- [52] 张政. 活性酵母及其发酵饲料对瘤胃发酵及营养物质消化率的影响. 呼和浩特: 内蒙古农业大学硕士学位论文, 2017.
- ZHANG Z. Effects of active yeast and its fermented feed on rumen fermentation and nutrient digestibility. Master Thesis. Hohhot: Inner Mongolia Agricultural University, 2017.
- [53] 郭鹏. 奶牛微生物发酵饲料组方及配套使用技术的研究. 呼和浩特: 内蒙古农业大学硕士学位论文, 2016.
- GUO P. Study on the formulation of microbial fermented feed for dairy cows and its supporting technology. Master Thesis. Hohhot: Inner Mongolia Agricultural University, 2016.
- [54] 陈光吉, 彭忠利, 宋善丹, 王斌星, 郭春华, 张正帆, 柏雪, 王永, 钟金城, 蹇尚林, 朱友军. 发酵酒糟对舍饲牦牛生产性能、养分表观消化率、瘤胃发酵和血清生化指标的影响. *动物营养学报*, 2015, 27(9): 2920-2927.
- CHEN G J, PENG Z L, SONG S D, WANG B X, GUO C H, ZHANG Z F, BAI X, WANG Y, ZHONG J C, JAI S L, ZHU Y J. Effects of fermented wine lees on performance, nutrient apparent digestibility, rumen fermentation and serum biochemical indices of farm-fed yaks. *Chinese Journal of Animal Nutrition*, 2015, 27(9): 2920-2927.
- [55] 杨红建, 黎大洪, 谢春元, 岳群. 阿魏酸酯酶处理对羊草、玉米秸、稻秸及麦秸瘤胃体外发酵特性的影响. *动物营养学报*, 2010, 22(1): 207-211.
- YANG H J, LI D H, XIE C Y, YUE Q. Effect of ferulate esterase treatment on rumen fermentation characteristics of *leymus chinensis*, corn stalk, rice stalk and wheat stalk in vitro. *Chinese Journal of Animal Nutrition*, 2010, 22(1): 207-211.
- [56] NSEREKO V L, BEAUCHEMIN K A, MORGAVI D P, RODE L M, FURTADO A F, MCALLISTER T A, IWAASA D, YANG W Z, WANG Y. Effect of a fibrolytic enzyme preparation from *Trichoderma longibrachiatum* on the rumen microbial population of dairy cows. *Canadian Journal of Microbiology*, 2002, 48: 14-20.
- [57] WANG Y Y, CAO P H, WANG L, ZHAO Z Y, CHEN Y L, YANG Y X. Bacterial community diversity associated with different levels of dietary nutrition in the rumen of sheep. *Applied Microbiology and Biotechnology*, 2017, 101(9): 3717-3728.
- [58] YEOMAN C J, ISHAQ S L, BICHI E, OLIVO S K, LOWE J, ALDRIDGE B M. Biogeographical differences in the influence of maternal microbial sources on the early successional development of the bovine neonatal gastrointestinal tract. *Scientific Reports*, 2018, 8(1): 3197.
- [59] HUSSO A, JALANKA J, ALIPOUR M, HUHTI P, KARESKOSKI M, PESSA-MORIKAWA T, IIVANAINEN A, NIKU M. The composition of the perinatal intestinal microbiota in cattle. *Scientific Reports*, 2018, 8(1): 10437.
- [60] MANGIFESTA M, MANCABELLI L, MILANI C, GAIANI F, DE'ANGELIS N, De'Angelis G L, SINDEREN D, VENTURA M, TURRONI F. Mucosal microbiota of intestinal polyps reveals putative biomarkers of colorectal cancer. *Scientific Reports*, 2018, 9(18): 13974-13974.
- [61] GONG L X, LIU B Y, WU H, FENG J, JIANG T L. Seasonal dietary shifts alter the gut microbiota of avivorous bats: Implication for adaptation to energy harvest and nutritional utilization. *mSphere*, 2021, 4(6): 54322.
- [62] O'HARA E, NEVES A L A, SONG Y, GUAN L L. The role of the gut microbiome in cattle production and health: Driver or passenger. *Annual Review of Animal Biosciences*, 2020, 8(1): 199-220.

(责任编辑 苟燕妮)