

引用格式:

张佳鑫, 陈继发. 酵母硒对氧化应激肉鸡盲肠菌群的影响[J]. 湖南农业大学学报(自然科学版), 2023, 49(1): 107–113.

ZHAGN J X, CHEN J F. Effect of yeast selenium on cecal microflora in oxidative stress broilers[J]. Journal of Hunan Agricultural University(Natural Sciences), 2023, 49(1): 107–113.

投稿网址: <http://xb.hunau.edu.cn>



酵母硒对氧化应激肉鸡盲肠菌群的影响

张佳鑫, 陈继发*

(宜春学院生命科学与资源环境学院, 江西 宜春 336000)

摘要: 选取 80 只 3 月龄康乐黄鸡, 随机均分为 4 组, 每组 5 个重复, 每个重复 4 只。对照组(CON 组)和应激组(STR 组)饲喂基础饲料, 酵母硒组(SY 组)和酵母硒+应激组(SY_STR 组)饲喂在基础饲料中添加 0.5 mg/kg 酵母硒的试验饲料。预试期 7 d, 正试期 21 d。试验第 21 天时, 给 STR 组和 SY_STR 组肉鸡腹腔注射 15 mg/kg 敌草快, CON 组和 SY 组注射等量生理盐水, 24 h 后, 每个重复选取 1 只鸡, 采集盲肠内容物样品, 用于肠道菌群分析, 研究酵母硒对氧化应激肉鸡盲肠微生物多样性、菌群结构及物种丰度的影响。结果表明: 盲肠菌群 α 多样性指数在各组间的差异均无统计学意义($P>0.05$); β 多样性分析显示, 与 CON 组和 SY_STR 组相比, STR 组盲肠菌群结构分布相对零散, 物种相似度较低; 与 CON 组相比, STR 组厚壁菌门与拟杆菌门相对丰度之比(F/B)、肠球菌属和埃希氏菌属-志贺氏菌属相对丰度显著($P<0.05$)升高, 毛螺旋菌属和嗜胆菌属相对丰度显著($P<0.05$)降低; 与 STR 组相比, SY_STR 组和 SY 组拟杆菌门相对丰度显著($P<0.05$)升高, F/B 、厚壁菌门、*Monoglobus* 和埃希氏菌属-志贺氏菌属相对丰度显著($P<0.05$)降低; 与 STR 组相比, SY_STR 组 Muribaculaceae 未明确属相对丰度显著($P<0.05$)升高, 肠球菌属相对丰度显著($P<0.05$)降低; LEfSe 分析显示, 与 CON 组相比, STR 组梭菌目 vadinBB60 群、*Monoglobus*、丹毒丝菌科显著富集, 与 STR 组相比, SY_STR 组拟杆菌门、普雷沃氏菌科_UCG-001、拟普雷沃氏菌属、帕拉普氏菌属显著富集。可见, 氧化应激能引起肉鸡盲肠微生物多样性和菌群结构的改变, 添加酵母硒能够缓解氧化应激对肉鸡肠道菌群结构造成的负面影响。

关键词: 肉鸡; 酵母硒; 氧化应激; 盲肠; 肠道菌群

中图分类号: S831.5

文献标志码: A

文章编号: 1007-1032(2023)01-0107-07

Effect of yeast selenium on cecal microflora in oxidative stress broilers

ZHAGN Jiaxin, CHEN Jifa*

(College of Life Science and Resources and Environment, Yichun University, Yichun, Jiangxi 336000, China)

Abstract: A total of 80 healthy 3-month-old Kangle yellow chicks were randomly divided into 4 groups with 5 replicates per group and 4 broilers per replicate. Broilers in the control(CON) group and stress(STR) group were fed a basal diet, broilers in yeast selenium(SY) and yeast selenium + stress (SY_STR) groups were fed the basal diet supplemented with 0.5 mg/kg yeast selenium. The adjustment period lasted for 7 days, and the experimental period lasted for 21 days. Broilers of groups STR and SY_STR were injected intraperitoneally with 15 mg/kg BW diquat at day 21, and broilers of groups CON and SY were injected intraperitoneally with an equivalent amount of sterile saline at day 21. At day 22, one chicken was randomly selected from each replicate, and the cecal content sample was collected for intestinal microflora analysis to investigate the effect of yeast selenium on cecal microbial diversity, microbiota structure, and species richness in oxidative stress broilers. The results showed as follows: 1) There was no significant difference in the α diversity index

收稿日期: 2021-10-18

修回日期: 2023-01-05

基金项目: 江西省教育厅科技项目(GJJ190871); 宜春学院引进高层次人才科研启动基金项目(3360119022)

作者简介: 张佳鑫(1994—), 女, 湖南邵阳人, 硕士, 助教, 主要从事临床兽医研究, 842505951@qq.com; *通信作者, 陈继发, 博士, 讲师, 主要从事动物营养与饲料研究, jifachen66@yeah.net

of the cecal microbiota among all groups ($P>0.05$). The β diversity analysis showed that the cecal microflora structure distribution of group STR was relatively scattered and had lower similarity compared with groups CON and SY_STR. 2) Compared with the group CON, the Firmicutes to Bacteroidota ratio (F/B) and the relative abundance of *Enterococcus* and *Escherichia-Shigella* in cecum of group STR were significantly increased ($P<0.05$), and the relative abundance of *Parasutterella* and *Bilophila* in cecum of group STR were significantly decreased ($P<0.05$). Compared with the group STR, the relative abundance of Bacteroidota in cecum of groups SY_STR and SY was significantly increased ($P<0.05$), and the F/B and the relative abundance of Firmicutes, *Monoglobus* and *Escherichia-Shigella* of groups SY_STR and SY were significantly decreased ($P<0.05$). Compared with the group STR, the relative abundance of norank_f_Muribaculaceae in cecum of group SY_STR was significantly increased ($P<0.05$), and the relative abundance of *Enterococcus* of group SY_STR was significantly decreased ($P<0.05$). 3) Compared with the group CON, the abundance of Clostridiales vadinBB60 group, *Monoglobus* and Erysipelaceae in cecum of group STR were significantly increased ($P<0.05$). Compared with the group STR, the abundance of Bacteroidota, Prevotellaceae_UCG-001, *Alloprevotella* and *Paraprevotella* were significantly increased ($P<0.05$). In conclusion, oxidative stress could cause changes in the cecal microbial diversity and microbiota structure of broilers; dietary supplemented with yeast selenium could intervenes changes of the diversity of cecal microbiota caused by oxidative stress in broilers.

Keywords: broilers; yeast selenium; oxidative stress; cecum; intestinal microflora

肠道微生物对宿主具有重要的作用,如参与营养物质消化吸收、调节机体新陈代谢、维持正常免疫功能等^[1-3]。微生物多样性降低或正常菌群结构破坏可引起宿主营养物质利用率降低、新陈代谢紊乱、免疫防御能力下降等,最终影响宿主健康、生长发育或生产性能^[4-5]。动物生产过程中,可能会由于饲养密度过高、养殖场环境控制不当、细菌或病毒感染及饲料被有毒有害物质污染等产生氧化应激,并因此受到不同程度的氧化损伤。氧化应激会降低肠道微生物多样性,破坏肠道菌群结构并可引起炎症反应、免疫功能失调,直接危害动物健康,最终造成生长受阻、生产性能及产品品质下降,给畜牧业造成重大经济损失^[6-8]。

当前,在饲料中添加抗氧化剂是有效缓解氧化应激损伤的主要方法之一。硒是重要的饲料抗氧化剂来源,为谷胱甘肽过氧化物酶活性中心的组成部分,可通过直接的抗氧化作用、增强免疫功能等缓解动物氧化应激^[9]。酵母硒是通过硒富集在生长酵母的细胞蛋白质结构内生产的。研究^[10-11]表明,酵母硒可显著改善应激状态下动物机体的健康水平。饲料添加酵母硒能增强动物抗氧化及免疫功能、提高生长或生产性能、改善产品品质^[12-13]。此外,研究^[14-15]发现,酵母硒可调节动物肠道菌群结构,改善肠道健康。YANG等^[16]报道,酵母硒能明显减轻赭曲霉毒素-A(OTA)诱导的肉仔鸡盲肠组织损伤,修复肠上皮细胞紧密连接结构,并可通过提高肠道

微生物多样性和减少有害菌丰度来干预 OTA 引起的肠道菌群变化。目前,关于氧化应激对肉鸡肠道微生物的影响及酵母硒调节肉鸡肠道菌群的研究较少,且少见关于酵母硒对氧化应激状态下肉鸡肠道微生物干预作用研究的报道。笔者对饲料添加酵母硒对氧化应激肉鸡盲肠微生物多样性、菌群结构及物种丰度的影响进行研究,以期通过营养调控方式干预肉鸡氧化应激、调节肠道菌群提供依据。

1 材料与方法

1.1 供试材料

酵母硒购于云南中浙东成生物科技有限公司,总硒质量分数(以硒计)2.0~2.4 g/kg,有机硒占比 $\geq 98\%$ 。3月龄康乐黄鸡购于个体养殖户。

1.2 试验设计

选取3月龄、体质量相近的健康康乐黄鸡80只,随机分为4组,每组5个重复,每个重复4只。对照组(CON组)和应激组(STR组)肉鸡饲喂基础饲料,酵母硒组(SY组)和酵母硒+应激组(SY_STR组)饲喂在基础饲料中添加0.5 mg/kg 酵母硒的试验饲料。预试期7 d,正试期21 d。在试验第21天给STR组和SY_STR组肉鸡腹腔注射15 mg/kg 敌草快,CON组和SY组注射等量生理盐水^[17]。试验鸡采用3层阶梯式笼养,每笼饲养4只。每日喂料2次,自由饮水,自然光照加人工光照。

1.3 样品采集

肉鸡腹腔注射敌草快或生理盐水 24 h 后, 每个重复随机选取 1 只鸡进行屠宰, 剖开腹腔后取适量盲肠内容物置于 2 mL 无菌离心管中, 迅速置于液氮中保存, 然后放入 -80 °C 冰箱冻存, 备用。

1.4 肠道微生物分析

提取肉鸡盲肠内容物总 DNA 后, 采用通用引物 338F/806R 扩增 16S rRNA V3~V4 区保守区域, 用 2% 琼脂糖凝胶回收 PCR 产物, 并对产物进行纯化、定量和均一化, 形成测序文库, 质检合格的文库用 NEXTFLEX[®] Repid DNA-Seq PE300 平台测序。通过对 reads 拼接过滤, 将序列相似性 ≥ 97% 的操作分类单元(OTU)进行聚类并进行物种注释及丰度分析。

1.5 数据处理与分析

试验数据运用 SAS 9.2 进行 Kruskal-Wallis 检验, 差异显著者用 Duncan 氏法进行多重比较。

2 结果与分析

2.1 酵母硒对氧化应激肉鸡盲肠菌群测序数据与 α 多样性的影响

由表 1 可知, 各组样品测序覆盖率均在 99.65% 以上, 说明测序深度已基本覆盖到样品中的所有物种; STR 组样品测序获得的有效序列和盲肠菌群 Shannon 指数、Ace 指数、Chao 指数较 CON 组的均有不同程度的降低, SY_STR 组有效序列和以上 α 多样性指数的数值接近或高于 CON 组的, 但 α 多样性指数在各组间的差异均无统计学意义($P > 0.05$)。

表 1 饲料中添加酵母硒的氧化应激肉鸡盲肠菌群的测序数据与 α 多样性

Table 1 Sequencing data and the α diversity of cecal microflora in oxidative stress broilers fed with SY

组别	覆盖率/%	有效序列数	Ace 指数	Chao 指数	Shannon 指数	Simpson 指数
CON	(99.72±0.07)ab	56 024.20±6032.57	664.86±9.23	675.64±1.97	4.58±0.19	0.030±0.008
STR	(99.79±0.06)a	54 832.40±7687.13	631.91±96.56	637.25±101.33	4.43±0.39	0.030±0.009
SY	(99.72±0.02)ab	61 951.80±1876.77	653.26±62.90	661.16±50.30	4.50±0.25	0.028±0.006
SY_STR	(99.67±0.05)b	55 312.00±6199.82	666.18±69.82	685.37±85.93	4.59±0.08	0.031±0.013
<i>P</i>	0.018	0.228	0.856	0.756	0.763	0.979

同列不同字母示组间差异有统计学意义($P < 0.05$)。

2.2 酵母硒对氧化应激肉鸡盲肠菌群 β 多样性的影响

由图 1 可知, CON 组肉鸡盲肠菌群群落分布较为集中; SY 组、SY_STR 组肉鸡盲肠菌群结构能够

与 CON 组较好的聚集在一起, 且重合度较高; 但 STR 组只有少部分样品与其他组距离相近, 大部分样品与其他组分明显。

2.3 酵母硒对氧化应激肉鸡盲肠菌群物种丰度的影响

由表 2 可知, 各组肉鸡盲肠食糜中的优势菌门均以拟杆菌门(Bacteroidota)和厚壁菌门(Firmicutes)为主, 占比达 87% 以上; 相对丰度大于 1% 的菌门在各组间的差异均无统计学意义($P > 0.05$); STR 组拟杆菌门相对丰度较其他组有降低的趋势($P = 0.089$), 而厚壁菌门相对丰度有升高的趋势($P = 0.062$), 厚壁菌门与拟杆菌门相对丰度之比(F/B)显著($P < 0.05$)高于其他组的。两组之间统计分析结果表明, 与 STR 组相比, SY_STR 组、SY 组厚壁菌门相对丰度显著($P < 0.05$)降低, 拟杆菌门相对丰度显著($P < 0.05$)升高。

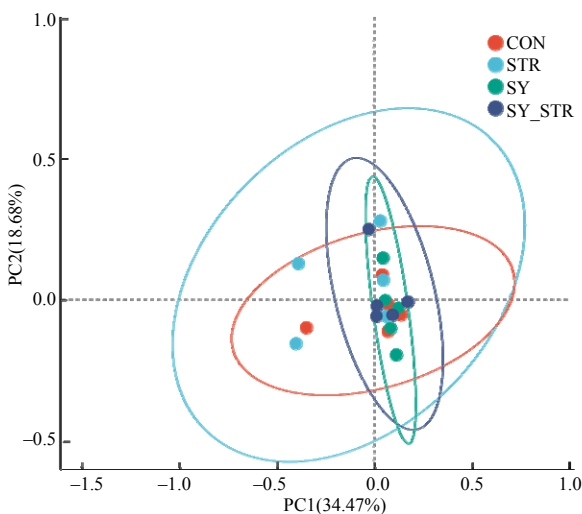


图 1 饲料中添加酵母硒的氧化应激肉鸡盲肠菌群的 β 多样性

Fig.1 The β diversity of cecal microflora in oxidative stress broilers fed with SY

表2 饲料中添加酵母硒的氧化应激肉鸡盲肠菌门的相对丰度

组别	相对丰度/%				
	拟杆菌门	厚壁菌门	放线菌门	Desulfobacterota	螺旋体门
CON	(52.43±9.15)	(35.78±11.67)	5.83±2.85	2.66±1.53	1.49±0.99
STR	(40.25±9.93)	(49.61±9.72)	5.67±3.11	1.84±1.47	0.92±0.61
SY	(57.88±9.15)#	(29.13±9.53)#	6.94±4.37	2.74±1.42	2.18±1.92
SY_STR	(54.34±9.04)*	(34.21±9.93)*	6.60±3.01	2.02±1.50	1.75±1.34
P	0.089	0.062	0.968	0.763	0.608

组别	相对丰度/%				F/B
	互养菌门	Deferribacterota	Verrucomicrobiota	Patescibacteria	
CON	0.84±0.61	0.39±0.34	0.03±0.04	0.11±0.12	(0.73±0.36)b
STR	0.45±0.45	0.15±0.13	0.49±0.79	0.16±0.18	(1.35±0.59)a
SY	0.56±0.44	0.09±0.08	0.06±0.05	0.11±0.08	(0.53±0.20)b
SY_STR	0.32±0.21	0.21±0.16	0.02±0.02	0.09±0.03	(0.67±0.32)b
P	0.372	0.312	0.202	0.907	0.022

“*”示 SY_STR 组与 STR 组之间差异有统计学意义($P<0.05$); “#”示 SY 组与 STR 组之间差异有统计学意义($P<0.05$); 同列不同字母示组间差异有统计学意义($P<0.05$)。

由表3可知,各组间优势菌属存在一定差异,且拟杆菌属(*Bacteroides*)相对丰度最高,其序列约占测序总量的20%;CON组、SY组、SY_STR组相对丰度排前3的菌属依次为拟杆菌属、理研菌科RC9肠道群(*Rikenellaceae_RC9_gut_group*)、拟杆菌科未分类属(*unclassified_Bacteroidales*),而STR组相对丰度排前3的菌属依次为拟杆菌属、副拟杆菌属(*Parabacteroides*)、理研菌科RC9肠道群;与CON组相比,STR组毛螺旋菌属(*Parasutterella*)、嗜胆菌属(*Bilophila*)相对丰度显著($P<0.05$)降低,肠球菌

属(*Enterococcus*)相对丰度显著($P<0.05$)升高,帕拉普氏菌属(*Paraprevotella*)相对丰度有降低的趋势($P=0.061$);与STR组相比,SY_STR组Muribaculaceae未明确属(*norank_f_Muribaculaceae*)相对丰度显著($P<0.05$)升高,*Monoglobus*和肠球菌属相对丰度显著($P<0.05$)降低;STR组瘤胃球菌属(*Ruminococcus*)、消化球菌属(*Peptococcus*)、史雷克氏菌属(*Slackia*)的相对丰度较其他组有升高的趋势($0.05\leq P<0.10$),且只有STR组检测到埃希氏菌属-志贺氏菌属(*Escherichia-Shigella*)。

表3 饲料中添加酵母硒的氧化应激肉鸡盲肠菌属的相对丰度

组别	相对丰度							%
	拟杆菌属	理研菌科RC9肠道群	拟杆菌科未分类属	<i>Olsenella</i>	毛螺旋菌科未分类属	副拟杆菌属	瘤胃球菌属torques群	
CON	23.02±6.36	12.24±7.25	5.42±1.90	4.20±2.17	3.39±2.08	3.85±4.47	2.60±2.06	
STR	19.60±8.88	5.73±4.86	3.07±1.30	2.91±2.04	3.50±3.12	6.72±7.46	3.12±3.20	
SY	24.71±5.21	16.04±9.13	7.54±5.11	5.60±3.92	3.87±1.93	2.10±1.61	4.25±1.90	
SY_STR	23.35±7.80	13.11±11.25	6.58±3.17	4.54±2.50	4.42±1.61	2.13±0.29	3.86±3.06	
P	0.642	0.277	0.103	0.386	0.708	0.754	0.484	

组别	相对丰度						
	克里斯滕森菌科_R-7_群	粪杆菌属	消化球菌属	Muribaculaceae未明确属	拟普雷沃氏菌属	帕拉普氏菌属	<i>Monoglobus</i>
CON	2.12±0.68	4.81±7.69	1.13±0.56	(1.01±0.53)ab	0.37±0.26	0.31±0.22	(0.11±0.06)ab
STR	5.25±5.19	1.78±1.20	4.35±2.65	(0.78±0.64)b	0.20±0.23	0.07±0.05	(0.34±0.24)a
SY	1.40±0.62	1.68±0.47	1.09±0.71	(0.98±0.42)ab	0.60±0.40	0.12±0.07	(0.05±0.02)b
SY_STR	2.18±1.63	2.47±2.81	1.76±0.95	(2.62±1.68)a	0.70±0.35	0.13±0.06	(0.07±0.05)b
P	0.613	0.962	0.079	0.036	0.093	0.061	0.021

表 3(续)

组别	相对丰度							%
	<i>Shuttleworthia</i>	史雷克氏菌属	肠球菌属	瘤胃球菌属	毛螺旋菌属	嗜胆菌属	埃希氏菌属-志贺氏菌属	
CON	0.06±0.04	0.06±0.04	(0.006±0.008)c	0.026±0.012	(0.070±0.037)a	(0.010±0.004)a	(0.000±0.000)b	
STR	0.06±0.06	0.14±0.07	(0.024±0.027)b	0.161±0.274	(0.019±0.015)b	(0.001±0.002)b	(0.007±0.008)a	
SY	0.12±0.05	0.04±0.03	(0.282±0.475)a	0.015±0.015	(0.039±0.021)ab	(0.003±0.002)ab	(0.000±0.000)b	
SY_STR	0.14±0.08	0.09±0.04	(0.005±0.010)c	0.013±0.014	(0.035±0.020)ab	(0.001±0.001)b	(0.000±0.000)b	
<i>P</i>	0.060	0.065	0.031	0.083	0.045	0.012	0.019	

同列不同字母示组间差异有统计学意义($P < 0.05$)。

2.4 酵母硒对氧化应激肉鸡盲肠差异微生物的影响

通过 LEfSe 分析不同分类水平上具有显著差异的微生物(图 2)。与 CON 组相比, STR 组梭菌目 vadinBB60 群(*Clostridia_vadinBB60_group*)、*Mono-globus*、丹毒丝菌科(*Erysipelatoclostridiaceae*)等显著富集; SY_STR 组 *Muribaculaceae*、*Erysipelatoclostridium*、*Faecalicoccus*、毛螺菌科_UCG-002(*Lachno-*

spiraceae_UCG-002)等显著富集; SY 组肠球菌属、*Shuttleworthia*、阿克曼氏菌属(*Akkermansia*)等显著富集。与 STR 组相比, SY_STR 组拟杆菌门、普雷沃氏菌科_UCG-001 (*Prevotellaceae_UCG-001*)、拟普雷沃氏菌属(*Alloprevotella*)、帕拉普氏菌属等显著富集; 与 SY_STR 组相比, STR 组厚壁菌门、瘤胃球菌属、肠球菌属等显著富集。

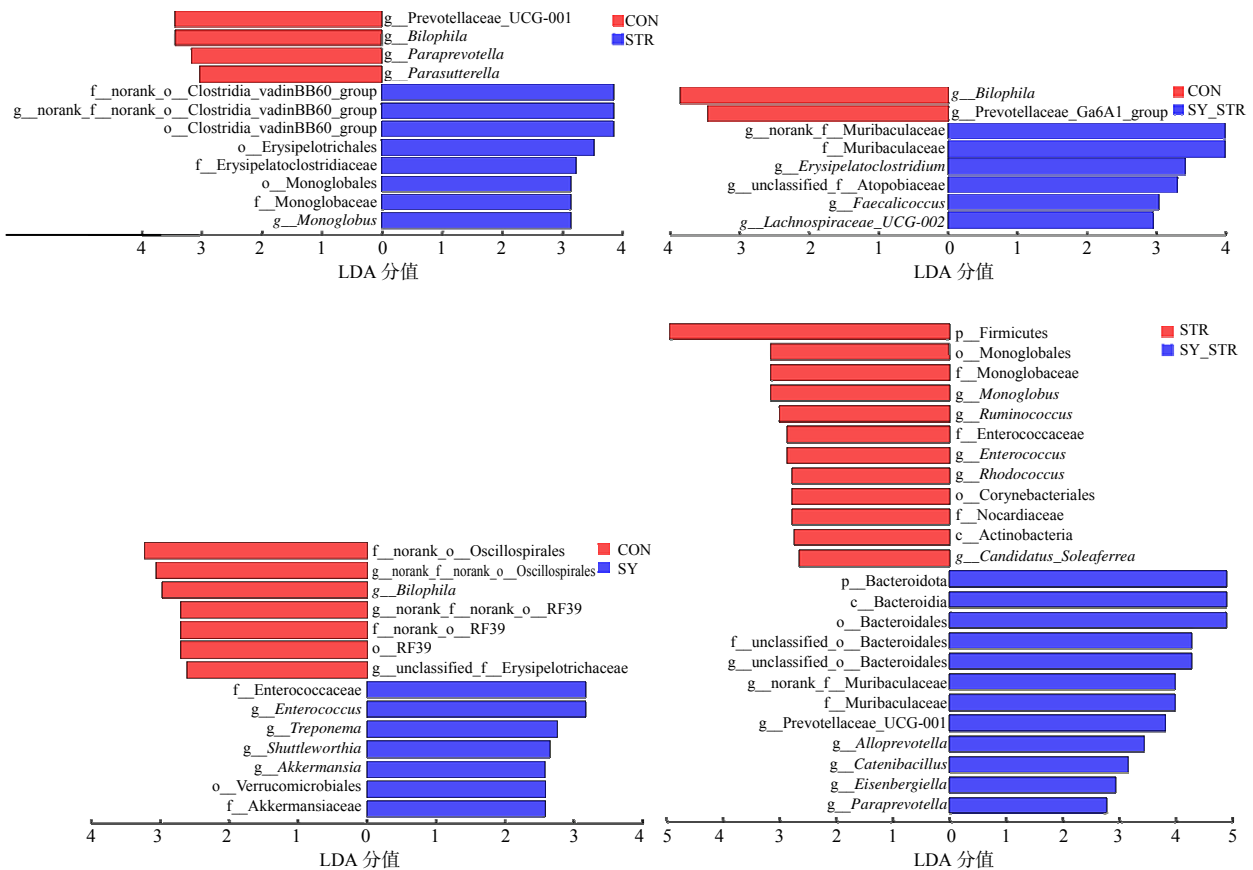


图 2 供试肉鸡盲肠差异微生物 LEfSe 分析结果

Fig.2 LEfSe analysis result on differential cecal microflora in tested broilers

3 结论与讨论

本研究中, α 多样性指数在各组样品间的差异均无统计学意义, 但 STR 组 Ace 指数、Chao 指数

和 Shannon 指数较 CON 组均有一定降低, 而 SY_STR 组 α 多样性指数值与对照组相近。此外, 经 PCoA 方法分析 β 多样性发现, STR 组大部分样品与 CON 组、SY 组和 SY_STR 组明显分开, 且菌

群结构分布相对零散,相似度较低,提示氧化应激会影响肉鸡盲肠微生物多样性,而添加酵母硒能够缓解氧化应激对微生物多样性造成的负面影响。LIU等^[10]报道,高脂日粮能诱导草鱼肠道氧化损伤,降低肠道微生物 Chao 1 指数和 Shannon 指数,使微生物群落构成差异变大;而添加纳米硒能缓解高脂日粮对草鱼造成的不利影响,提高肠道微生物多样性。YANG等^[16]研究表明,OTA显著降低了肉鸡盲肠微生物 Ace 指数、Chao 指数和 Shannon 指数,且降低了微生物 β 多样性;而酵母硒干预显著提高了盲肠微生物 Ace 指数、Shannon 指数及微生物 β 多样性,说明 OTA 显著降低了肉鸡盲肠微生物多样性,而酵母硒可有效减轻 OTA 的毒性作用,提高盲肠微生物多样性。本研究的结果与以上学者的研究结果基本相符。

家禽肠道菌群主要由拟杆菌门和厚壁菌门组成^[18]。本研究中,肉鸡盲肠微生物的优势菌门为拟杆菌门和厚壁菌门,二者占比达到 87%以上,与前人^[15-16]的研究结果基本一致。本研究发现,与 CON 组相比,STR 组拟杆菌门和厚壁菌门相对丰度分别呈降低、升高的趋势, F/B 显著升高;SY_STR 组优势菌门相对丰度、 F/B 均无显著变化;与 STR 组相比,SY_STR 组的拟杆菌门相对丰度显著升高,厚壁菌门相对丰度显著降低, F/B 显著降低。厚壁菌门和拟杆菌门存在一种相互促进的共生关系,二者比例的相对稳定对宿主养分吸收、新陈代谢和维持免疫等非常重要,二者比例失调可能会导致宿主代谢综合征。

本研究中,各组间盲肠优势菌属的组成存在一定差异,STR 组副拟杆菌属为第 2 优势菌属,而排第 3 的理研菌科 RC9 肠道群相对丰度较其他组的大幅降低;氧化应激显著降低了肉鸡盲肠毛螺旋菌属、嗜胆菌属相对丰度,显著提高了埃希氏菌属-志贺氏菌属、肠球菌属相对丰度。毛螺旋菌属是一类肠道有益菌群^[19]。嗜胆菌属可代谢三甲胺,能降低心血管疾病风险^[20]。埃希氏菌属-志贺氏菌属是常见的肠道致病菌。肠球菌属可引起尿路感染、腹部创伤和术后感染。本研究还发现,氧化应激时肉鸡盲肠消化球菌属和瘤胃球菌属相对丰度有升高的趋势,帕拉普氏菌属相对丰度有降低的趋势。消化球菌属和瘤胃球菌属均是条件致病菌,常与其他

菌混合感染,也可单独感染。研究^[21]指出,炎症性肠病通常伴随着瘤胃球菌属相对丰度的增加,且此菌与肠易激综合征呈正相关。帕拉普氏菌属是肠道有益菌群。高仁元等^[22]报道,结肠癌大鼠粪便菌群中帕拉普氏菌属的相对丰度显著降低。另外,经 LEfSe 分析发现,氧化应激使条件致病菌梭菌目 vadinBB60 群显著富集。

研究^[14-15]指出,饲料添加酵母硒能调节动物肠道菌群结构。与 STR 组相比,SY_STR 组肠球菌属、埃希氏菌属-志贺氏菌属相对丰度显著降低,消化球菌属、瘤胃球菌属相对丰度呈降低的趋势;经 LEfSe 分析发现,SY_STR 组普雷沃氏菌科_UCG-001、拟普雷沃氏菌属、帕拉普氏菌属显著富集。普雷沃氏菌科_UCG-001 和拟普雷沃氏菌属均为肠道有益菌群,有利于肠道菌群代谢产物短链脂肪酸的产生^[23-24]。可见,氧化应激能引起肉鸡盲肠菌群结构发生紊乱,而在基础饲料中添加 0.5 mg/kg 酵母硒可有效干预氧化应激对肉鸡盲肠微生物造成的不利影响。

参考文献:

- [1] TREMAROLI V, BÄCKHED F. Functional interactions between the gut microbiota and host metabolism[J]. *Nature*, 2012, 489: 242-249.
- [2] HORAI R, SEN H N, CASPI R R. Commensal microbiota as a potential trigger of autoimmune uveitis[J]. *Expert Review of Clinical Immunology*, 2017, 13(4): 291-293.
- [3] CLAVIJO V, FLÓREZ M J V. The gastrointestinal microbiome and its association with the control of pathogens in broiler chicken production: a review[J]. *Poultry Science*, 2018, 97(3): 1006-1021.
- [4] WU L T, TANG Z R, CHEN H Y, et al. Mutual interaction between gut microbiota and protein/amino acid metabolism for host mucosal immunity and health[J]. *Animal Nutrition*, 2021, 7(1): 11-16.
- [5] ZHANG S, ZHONG G, SHAO D, et al. Dietary supplementation with *Bacillus subtilis* promotes growth performance of broilers by altering the dominant microbial community[J]. *Poultry Science*, 2021, 100(3): 100935.
- [6] QIU Y Q, YANG J, WANG L, et al. Dietary resveratrol attenuation of intestinal inflammation and oxidative damage is linked to the alteration of gut microbiota and butyrate in piglets challenged with deoxynivalenol[J]. *Journal of Animal Science and Biotechnology*, 2021(4):

- 1555–1571.
- [7] QIAO Y, SUN J, DING Y Y, et al. Alterations of the gut microbiota in high-fat diet mice is strongly linked to oxidative stress[J]. *Applied Microbiology and Biotechnology*, 2013, 97(4): 1689–1697.
- [8] GOU Z Y, FAN Q L, LI L, et al. High dietary copper induces oxidative stress and leads to decreased egg quality and reproductive performance of Chinese Yellow broiler breeder hens[J]. *Poultry Science*, 2021, 100(3): 100779.
- [9] ZAKERI N, KELISHADI M R, ASBAGHI O, et al. Selenium supplementation and oxidative stress: a review[J]. *PharmaNutrition*, 2021, 17: 100263.
- [10] LIU S, YU H B, LI P J, et al. Dietary nano-selenium alleviated intestinal damage of juvenile grass carp (*Ctenopharyngodon idella*) induced by high-fat diet: insight from intestinal morphology, tight junction, inflammation, anti-oxidation and intestinal microbiota[J]. *Animal Nutrition*, 2022, 8(1): 235–248.
- [11] 孙林. 富硒酵母对 OTA 诱导的肉鸡肠道黏膜屏障损伤干预作用的研究[D]. 沈阳: 沈阳农业大学, 2019.
- [12] HAN X J, QIN P, LI W X, et al. Effect of sodium selenite and selenium yeast on performance, egg quality, antioxidant capacity, and selenium deposition of laying hens[J]. *Poultry Science*, 2017, 96(11): 3973–3980.
- [13] 赵亚伟, 汤加勇, 贾刚, 等. 不同硒源对肉鸡生长性能、血清和肌肉硒含量、抗氧化能力及肉品质的影响[J]. *动物营养学报*, 2021, 33(4): 2024–2032.
- [14] 范琰, 解林奇, 郝薇, 等. 微生态制剂、多酚和酵母硒对仔猪生产性能和肠道菌群的影响[J]. *饲料与畜牧*, 2017(15): 27–32.
- [15] 辛可启, 聂泽健, 万敏艳, 等. 有机硒对肉仔鸡生长性能和肠道微生物区系的影响[J]. *甘肃农业大学学报*, 2020, 55(5): 37–38.
- [16] YANG S H, LI L, YU L H, et al. Selenium-enriched yeast reduces caecal pathological injuries and intervenes changes of the diversity of caecal microbiota caused by Ochratoxin-A in broilers[J]. *Food and Chemical Toxicology*, 2020, 137: 111139.
- [17] 李驰, 闫峻, 穆淑琴, 等. 一次性腹腔注射 Diquat 诱导构建肉仔鸡慢性氧化应激模型[J]. *西北农业学报*, 2017, 26(4): 509–513.
- [18] 曲湘勇, 陈继发, 匡佑华, 等. 饲粮添加蒙脱石和枯草芽孢杆菌对产蛋鸡盲肠菌群和肠道通透性的影响[J]. *动物营养学报*, 2019, 31(4): 1887–1896.
- [19] JU T T, KONG J Y, STOTHARD P, et al. Defining the role of *Parasutterella*, a previously uncharacterized member of the core gut microbiota[J]. *The ISME Journal*, 2019, 13(6): 1520–1534.
- [20] KIVENSON V, GIOVANNONI S J. An expanded genetic code enables trimethylamine metabolism in human gut bacteria[J]. *mSystems*, 2020, 5(5): e00413–20.
- [21] HALL A B, YASSOUR M, SAUK J, et al. A novel *Ruminococcus gnavus* clade enriched in inflammatory bowel disease patients[J]. *Genome Medicine*, 2017, 9: 103.
- [22] 高仁元, 朱庆超, 伍雯, 等. 肠癌大鼠与正常大鼠粪便菌群的结构性差异[J]. *世界华人消化杂志*, 2014, 22(5): 661–667.
- [23] KONG C, GAO R Y, YAN X B, et al. Probiotics improve gut microbiota dysbiosis in obese mice fed a high-fat or high-sucrose diet[J]. *Nutrition*, 2019, 60: 175–184.
- [24] SONG X F, ZHONG L, LYU N, et al. Inulin can alleviate metabolism disorders in ob/ob mice by partially restoring leptin-related pathways mediated by gut microbiota[J]. *Genomics, Proteomics & Bioinformatics*, 2019, 17(1): 64–75.

责任编辑: 邹慧玲
英文编辑: 柳正