湖南农业大学学报(自然科学版) 2025，51(4)：84–92. DOI：10.13331/j.cnki.jhau.2025.04.011
Journal of Hunan Agricultural University(Natural Sciences)

引用格式：
贾名扬，张琪，陈俊峰，刘付玖，闫祥洲，王磊，邢宝松，王璟. 核桃青皮粉对育肥猪粪便菌群及血清免疫指标的影响[J]. 湖南农业大学学报(自然科学版)，2025，51(4)：84–92.
JIA M Y，ZHANG Q，CHEN J F，LIU F J，YAN X Z，WANG L，XING B S，WANG J. Effect of walnut green husk powder on fecal microflora and serum immune indices in fattening pigs[J]. Journal of Hunan Agricultural University(Natural Sciences)，2025，51(4)：84–92.
投稿网址：http://xb.hunau.edu.cn

核桃青皮粉对育肥猪粪便菌群及血清免疫指标的影响

贾名扬[1,2]，张琪[3]，陈俊峰[1]，刘付玖[1]，闫祥洲[1]，王磊[2]，邢宝松[1]，王璟[1*]

(1. 河南省农业科学院畜牧研究所，河南省畜禽繁育与营养调控重点实验室，河南 郑州 450002；2. 河南科技学院动物科技学院，河南 新乡 453003；3. 河南农业大学动物科技学院，河南 郑州 450046)

摘要：为研究饲粮中添加核桃青皮粉对育肥猪粪便菌群及血清免疫指标的影响，选取育肥期体质量约80 kg的“杜×长×大”三元杂交阉公猪60头，随机分为对照组和核桃青皮粉组，每组各设3个重复，每个重复10头猪。对照组饲喂基础饲粮，核桃青皮粉组在基础饲粮中添加0.1%(质量分数)核桃青皮粉，试验期间每天自由采食，其中，预试期10 d，正试期40 d。试验结束后采集各组的新鲜粪便及血清样本用于粪便菌群和免疫指标分析。结果表明：与对照组相比，核桃青皮粉组的菌群多样性和群落结构无显著差异(P>0.05)。2组中厚壁菌门(Firmicutes)、变形菌门(Proteobacteria)和放线菌门(Actinobacteria)占比均较高，乳杆菌属(*Lactobacillus*)、梭状芽孢杆菌属(*Clostridium*)、志贺菌属(*Shigella*)、SMB53菌属、链球菌属(*Streptococcus*)、苏黎世杆菌属(*Turicibacter*)为2组中的优势菌属。与对照组相比，核桃青皮粉组的乳杆菌属相对丰度极显著升高(P<0.01)，苏黎世杆菌属极显著降低(P<0.01)；非病理状态下核桃青皮粉组血清中IgG质量浓度极显著高于对照组的(P<0.01)，且IgA和IgM质量浓度均显著升高(P<0.05)。综上所述，饲粮中添加核桃青皮粉可调节猪肠道菌群丰度，改善肠道健康，增强免疫功能。

关键词：育肥猪；核桃青皮粉；16S rDNA测序；肠道菌群；血清免疫指标

中图分类号：S828　　**文献标志码**：A　　**文章编号**：1007–1032(2025)04–0084–09

Effect of walnut green husk powder on fecal microflora and serum immune indices in fattening pigs

JIA Mingyang[1,2]，ZHANG Qi[3]，CHEN Junfeng[1]，LIU Fujiu[1]，YAN Xiangzhou[1]，
WANG Lei[2]，XING Baosong[1]，WANG Jing[1*]

(1. Henan Key Laboratory of Farm Animal Breeding and Nutritional Regulation, Institute of Animal Husbandry, Henan Academy of Agricultural Sciences, Zhengzhou, Henan 450002, China; 2. College of Animal Science and Veterinary Medicine, Henan Institute of Science and Technology, Xinxiang, Henan 453003, China; 3. College of Animal Science and Technology, Henan Agricultural University, Zhengzhou, Henan 450046, China)

Abstract: To examine the effect of walnut green husk powder on fecal microflora and serum immune indices in fattening pigs, sixty Duroc×Landrace×Yorkshire castrated male finishing pigs(with body mass of 80 kg) were randomly divided into negative control group(NC) and walnut green husk powder group(WP), with three replicates in each group and ten pigs in each replicate. The NC group was fed with basic diet, and the WP group was fed with basic diet supplemented with 0.1%(mass fraction) walnut green husk powder, with a pre-experimental period of 10 days, and an experimental

收稿日期：2024–09–02　　**修回日期**：2025–02–20
基金项目：河南省重点研发与推广专项(251111110200)；国家重点研发计划项目(2021YFD1301200)；河南省农业科学院基础研究专项(2025XMJC01)；河南省农业科学院应用重点专项(2025XMYG02)；河南省农业科学院科技创新团队项目(2025TD37)
作者简介：贾名扬(1997—)，男，河南郑州人，博士研究生，主要从事抗病育种的研究，jia1my@163.com；*通信作者，王璟，博士，副研究员，主要从事猪的遗传育种研究，wangjing_0407@163.com

period of 40 days(the pigs were ad libitum fed every day during the trial). Fresh feces and blood samples were collected from these two groups at the end of the experimental period, and the diversity of the species, the change pattern of community structure and the serum immunity indexes were analyzed. The results showed that, there was no significant difference in bacterial diversity and community structure between these two groups(P>0.05). Firmicutes, Proteobacteria and Actinobacteria had higher percentages in both groups, and *Lactobacillus*, *Clostridium*, *Shigella*, SMB53, *Streptococcus* and *Turicibacter* were the dominant genera. Compared with NC group, the relative bundance of *Lactobacillus* extremely increased(P<0.01), and that of *Turicibacter* was extremely reduced in WP group(P<0.01). In non-pathological conditions, mass concentration of serum IgG was extremely increased(P<0.01), while those of IgA and IgM were significantly increased in WP group(P<0.05). In summary, the supplementation of walnut green husk powder to diets could regulate the abundance of fecal microflora, improve intestinal health, and enhance the immune function of fattening pigs.

Keywords: fattening pig; walnut green husk powder; 16S rDNA sequencing; fecal microflora; serum immune indices

我国是养猪大国，生猪饲养量和屠宰量均居世界首位，猪肉产量占世界猪肉总产量的50%以上，占全国肉类总产量的60%以上，是居民消费最多的肉类。在饲料“禁抗令”出台前抗生素被广泛用于畜禽养殖生产。虽然适当使用抗生素可预防和治疗疾病、促进畜禽生长、提高机体抵抗力，但过度使用甚至滥用抗生素，不仅会损害动物健康，增加疾病防控难度，还会导致畜禽产品中抗生素残留超标，严重威胁动物源性食品的安全。因此，开发新型绿色、安全、环保的饲料添加剂成为畜禽养殖业的重要课题。核桃青皮是包裹在新鲜核桃外层的青色果皮，在中草药中也称青龙衣，富含多种活性物质，如多酚、类黄酮、多糖及萘醌类等[1]，具有抑制大肠埃希菌[2]和金黄色葡萄球菌[3]的作用。王峰[4]在日粮中添加核桃青皮粉后，海兰褐壳蛋鸡的产蛋数量和产蛋率都得到了提升。魏凯敏等[5]研究发现，核桃青皮粉可使黄羽肉鸡钙的表观代谢率增加，同时可提高胸腺指数，有增强免疫功能的作用。张少秋等[6–7]在日粮中添加1%核桃青皮粉后，蛋鸡肠道内厚壁菌门和乳杆菌属丰度均升高，改善了其产蛋性能、降低了料蛋比。李文菁等[8]研究发现核桃青皮粉可提高肠道微生物多样性和物种丰富度，增加有益菌。由此可见，核桃青皮粉作为饲料添加剂，具有提高饲料利用率和抑菌的作用。王璟等[9]研究发现，在饲粮中添加0.1%核桃青皮粉对育肥猪部分生长性能和胴体性状有一定影响，但其具体调控机制尚不清楚。本实验利用16S rDNA测序技术及血清检测技术分析饲粮添加核桃青皮粉对育肥阉公猪粪便菌群和血清免疫指标的影响，以期为开发新型功能性饲料、提高养殖效率、推动节粮养殖提供参考依据。

1　材料与方法

1.1　试验材料

试验所用核桃青皮粉购自陕西斯诺特生物技术有限公司。核桃青皮粉营养成分见表1。

表1　核桃青皮粉营养成分

Table 1　Nutrients of walnut green husk powder

营养成分	质量分数/%
粗蛋白质	6.32
多糖	3.24
总黄酮	31.57[a]
多酚	18.92[a]

注：上标a表示质量分数单位为mg/g。

1.2　试验设计和饲养管理

试验设计采用单因素随机分组，选择60头“杜×长×大”三元杂交育肥阉公猪(体质量约80 kg)，随机分为对照组(NC)和核桃青皮粉组(WP)，两组各设3个重复，10头猪为1个重复。对照组仅饲喂基础饲粮，试验组(核桃青皮粉组)在基础饲粮中添加0.1%(质量分数)核桃青皮粉。饲粮为粉状配合饲料，基础饲粮组成及营养水平见表2。分别采用GB/T 6432—2018、GB/T 6434—2022、GB/T 6438—2007、GB/T 6436—2018、GB/T 6437—2018和GB/T 18246—2019中的方法检测饲粮粗蛋白质、粗纤维、粗灰分、钙、磷和氨基酸含量。

表2 基础饲粮组成及营养水平

Table 2 Composition and nutrient levels of the basal diet

原料	质量分数/%
玉米	58.00
豆粕	14.00
小麦麸	9.00
草粉	15.00
预混料[1)]	4.00
合计	100.00
营养水平[2)]	质量分数/%
消化能[3)]	11.33
粗蛋白质	13.13
粗纤维	9.10
粗灰分	8.30
钙	0.60
磷	0.50
赖氨酸	0.90

注：1) 预混料为每kg饲粮提供维生素A 10 800 IU；维生素B_1 10 mg，维生素D_3 3 000 IU，维生素E 80 mg，维生素K_3 3 000 IU，维生素B_{12} 20 mg，生物素200 mg，*D*-泛酸15 mg，烟酸10 mg，Fe($FeSO_4$形式) 90 mg，Cu($CuSO_4$形式) 25 mg，Zn(ZnO形式) 100 mg，Mn($MnSO_4$形式) 15 mg；

2) 消化能为计算值，其余为实测值[8]；

3) 消化能单位为MJ/kg。

在河南省农业科学院畜牧研究所新密养殖基地开展试验，所使用的动物及其相关试验操作均经过河南省农业科学院动物伦理和使用委员会批准(ID为LLSC410055)。试验期共计50 d，其中预饲期10 d，正饲期40 d。试验猪舍为传统半敞开式，自然通风。试验猪采用圈养群饲，自由采食和饮水，每天分别在9:00和16:00饲喂2次，其间饲喂足量饲料。每天观察猪健康状况，记录发病情况，按时清扫圈舍，保持圈内干净整洁，定期消毒。试验结束后，采集每头猪的新鲜粪便及血液样本，于−80 ℃保存。

1.3 16S rDNA测序

分别提取对照组和核桃青皮粉组育肥猪粪便总DNA，对细菌16S rDNA的V3~V4区进行PCR扩增，经检测合格后构建文库，使用NovaSeq测序仪进行16S rDNA测序，测序服务由武汉菲沙基因信息有限公司提供。

1.4 测序序列处理

测序原始数据以FASTQ格式保存，首先调用qiime cutadapt trim-paired切除序列的引物片段，去除未匹配引物的序列，然后通过qiime dada2 denoise-paired调用DADA2[10]进行质控、去噪、拼接、去嵌合体，得到有效序列。

1.5 生物信息学分析

序列操作分类单元(operational taxonomic units，OTUs)注释和聚类分析在100%相似度下进行。对比Silva数据库分析样品菌落在门和属水平的丰度。利用QIIME软件绘制稀疏曲线，通过Chao1指数、Shannon指数、Simpson指数、Pielou_e指数、Observed_species指数、Faith_pd指数和Goods_coverage指数对α多样性进行量化。使用QIIME软件生成加权UniFrac距离矩阵并进行β多样性分析，统计主坐标值(PCoA)。通过LEfSe(LDA effect size)进行组间丰度差异的可视化分析，评估不同组间物种丰度差异的显著性水平。

1.6 血清免疫指标的测定

使用酶联免疫吸附测定(ELISA)试剂盒(北京索莱宝科技有限公司)检测血清免疫球蛋白A(IgA)、免疫球蛋白G(IgG)、免疫球蛋白M(IgM)的浓度。

1.7 数据统计与分析

使用Excel统计整理试验数据，使用SPSS 20.0进行*t*检验、Adonis检验。结果以“平均值±标准差”的数据形式表示，$P<0.05$表示差异显著，$P<0.01$表示差异极显著。

2 结果与分析

2.1 饲粮中添加核桃青皮粉对粪便菌群的影响

2.1.1 样本序列信息

NC组获得279 125个16S rDNA基因序列，WP组获得256 199个16S rDNA基因序列。由图1可知，随着测序深度的增加，稀疏曲线变化平缓，表明测序数据基本能覆盖目前状态下的微生物种类，且数据量足以反映真实环境中的微生物群落结构。

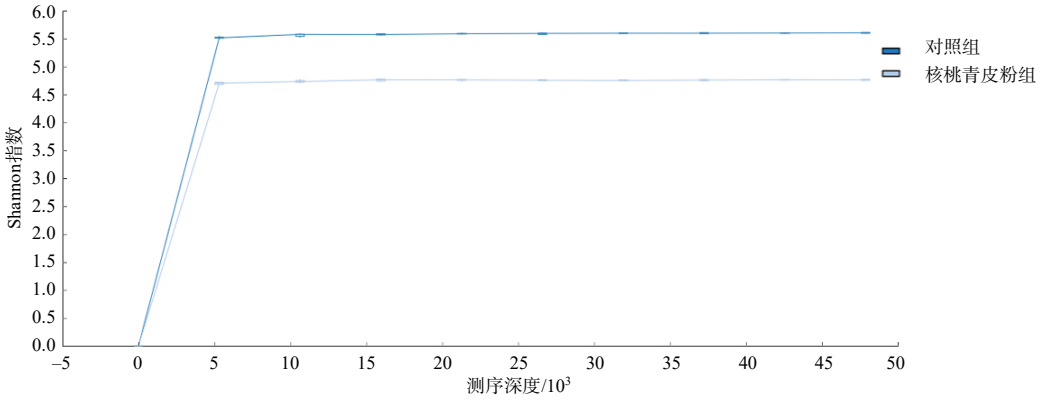
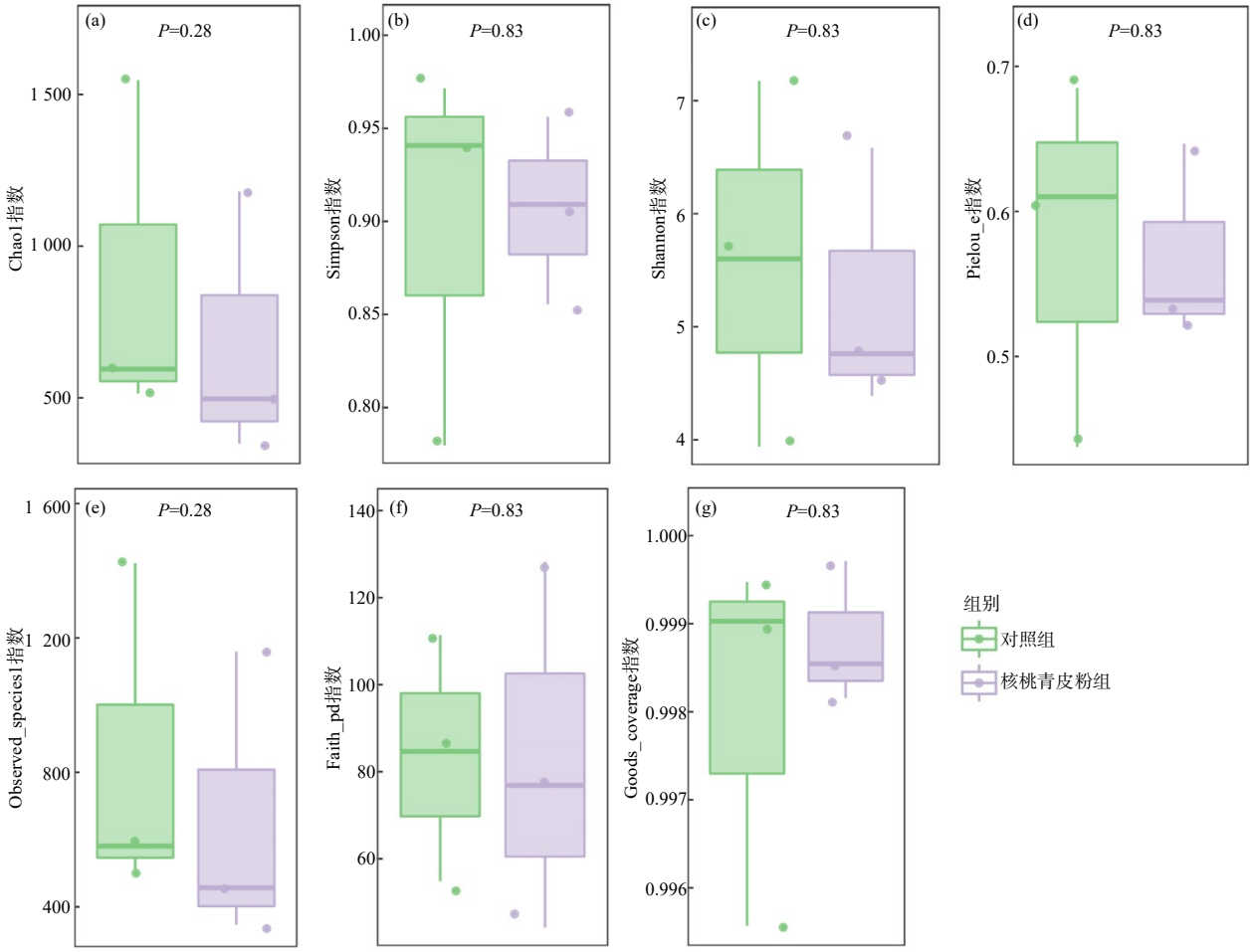


图1　稀疏曲线

Fig.1　Rarefaction curve

2.1.2　α多样性分析

α多样性可以反映单个样本中物种的丰度和多样性。本研究分别用Chao1指数、Observed_species指数、Simpson指数、Shannon指数和Faith_pd指数描述丰富度、多样性以及进化的多样性，用Pielou_e指数表征均匀度，以Goods_coverage指数表征覆盖度。α多样性分析结果(图2)显示，对照组和核桃青皮粉组育肥猪粪便菌群的Chao1指数、Simpson指数、Shannon指数、Pielou_e指数、Observed_species指数、Faith_pd指数



(a) Chao1指数；(b) Simpson指数；(c) Shannon指数；(d) Pielou_e指数；(e) Observed_species指数；(f) Faith_pd指数；(g) Goods_coverage指数

图2　α多样性指数的分组箱线图

Fig.2　Group boxplot of α diversity indexes

和Goods_coverage指数均无显著变化，提示饲粮中添加核桃青皮粉对育肥猪粪便菌群的多样性和丰度没有显著影响(P>0.05)。

2.1.3 β多样性分析

β多样性指的是样本间的多样性，是衡量个体间微生物组成相似性的一个指标。由图3可见，

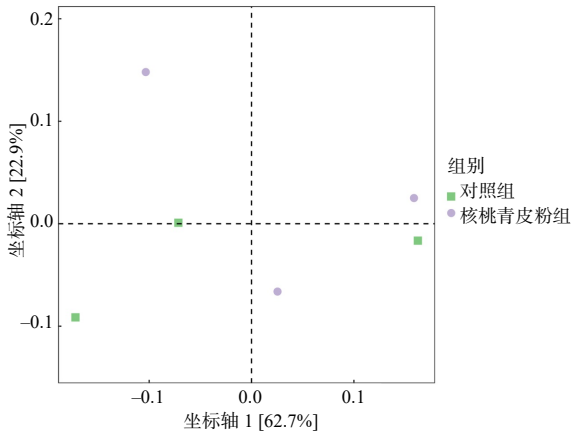


图3 PCoA分析的样本二维图

Fig.3 2D map of sample analyzed by PCoA

β多样性指数仅能区分NC和WP这2组间的部分样本，Adonis检验的结果(表3)表明，2组间粪便菌群组成差异不显著(P>0.05)。

表3 Adonis检验结果

Table 3 Adonis test results

方差来源	自由度	离差平方和	判定系数	检验值	P
组别	1	0.394 757	0.194 577	0.966 336	0.600 000
残差	4	1.634 036	0.805 423		
合计	5	2.028 793	1.000 000		

2.1.4 对照组和核桃青皮粉组育肥猪粪便菌群结构及丰度差异

由图4可见，在门水平上，厚壁菌门、变形菌门和放线菌门为主要菌门,它们在对照组和核桃青皮粉组的占比均在95%以上。由图5可见，在属水平上，乳杆菌属、梭状芽孢杆菌属、志贺菌属、SMB53菌属、链球菌属、苏黎世杆菌属为这2组中的优势菌属。

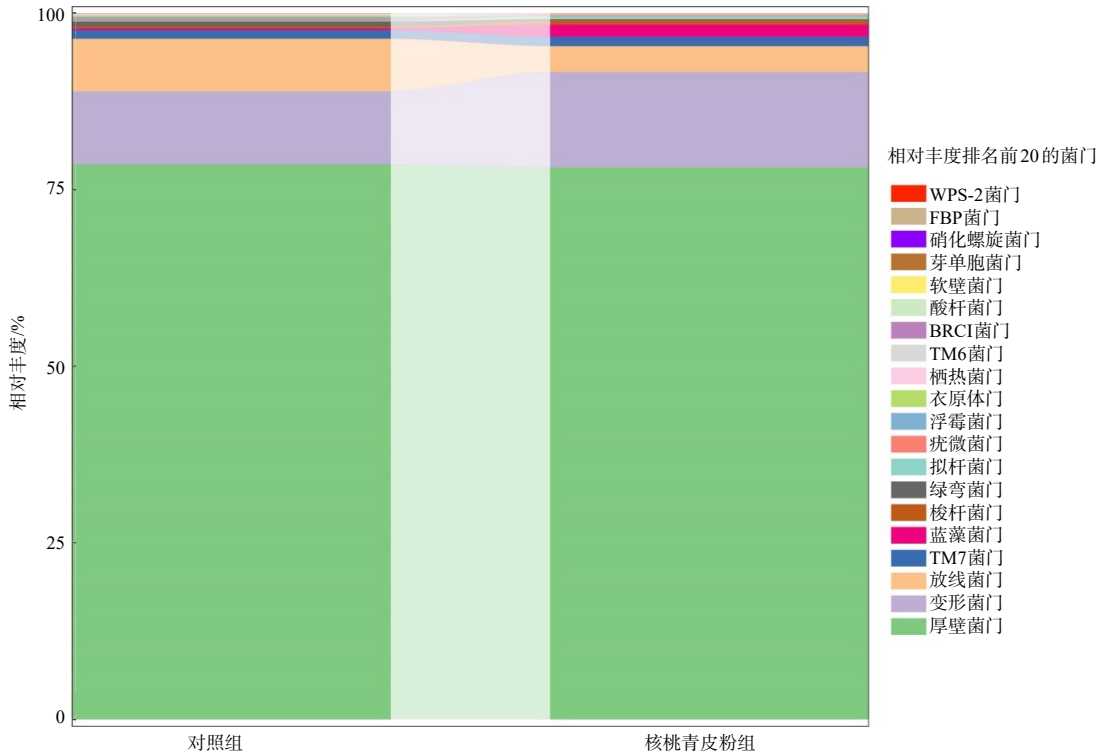


图4 门水平上各组优势菌群相对丰度

Fig.4 Relative abundance of dominant microflora in each group at phylum level

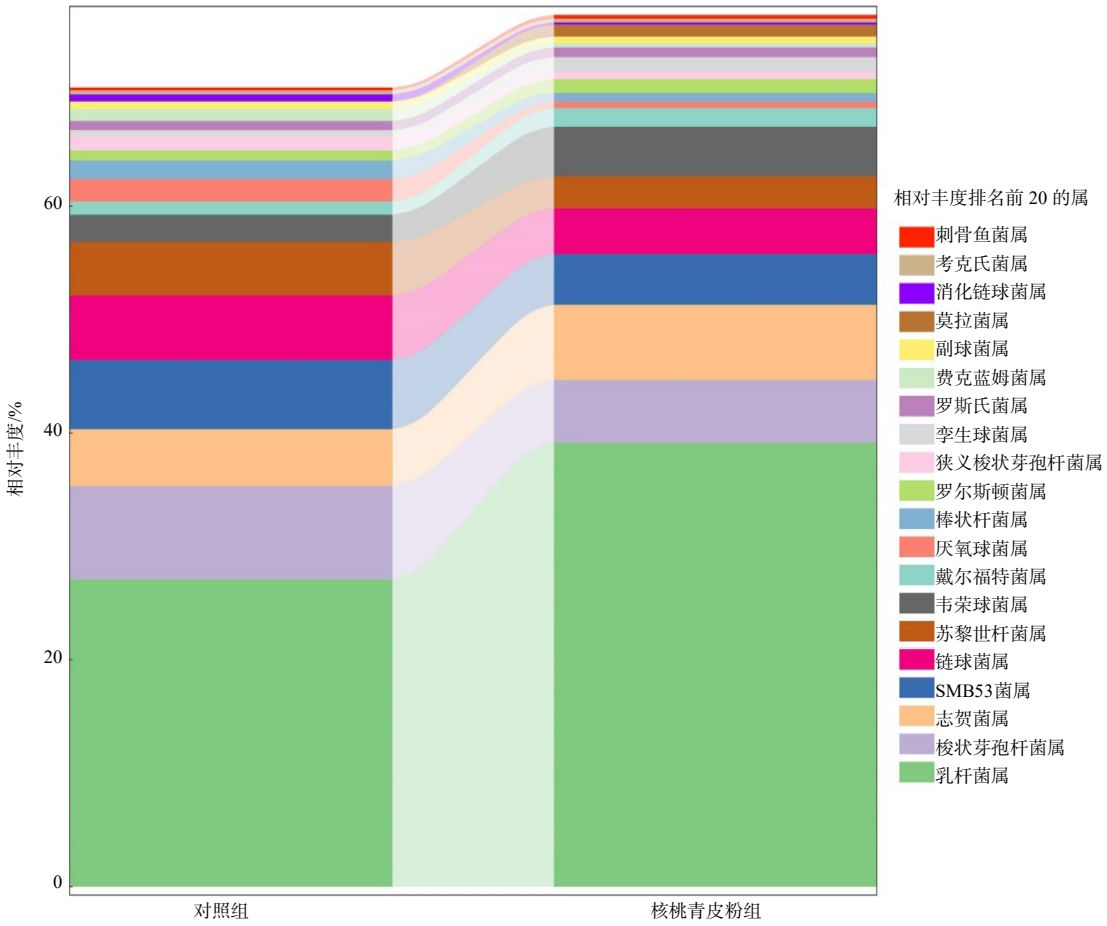


图5　属水平上各组优势菌群相对丰度

Fig.5　Relative abundance of dominant microflora in each group at genus level

由表4可知，在门水平上，对照组和核桃青皮粉组间的相对丰度无显著差异(P>0.05)；在属水平上，相较于对照组，核桃青皮粉组乳杆菌属极显著升高(P<0.01)，苏黎世杆菌属极显著降低(P<0.01)。

表4　2组育肥猪粪便菌群相对丰度差异

Table 4　The differences in the relative abundance of the fecal microflora of two groups of fattening pigs

门或属	菌群相对丰度/%		P
	对照组	核桃青皮粉组	
厚壁菌门	78.57±4.71	78.12±3.96	0.945
变形菌门	10.34±2.95	13.54±1.93	0.420
放线菌门	7.43±2.93	3.63±1.07	0.290
乳杆菌属	23.76±1.99	39.81±2.09	0.000
梭状芽孢杆菌属	11.67±2.06	8.73±3.74	0.530
志贺菌属	5.03±0.47	6.53±0.75	0.080
SMB53菌属	6.10±1.21	4.45±1.37	0.420
链球菌属	5.69±0.74	4.05±0.20	0.100
苏黎世杆菌属	4.72±0.21	2.80±0.30	0.000

2.1.5　对照组和核桃青皮粉组育肥猪粪便共有菌群和特有菌群分析结果

由图6可知，对照组和核桃青皮粉组共有457个OTU，占总OTU数的13.34%。分析结果(图7和图8)表明，S24_7菌科(S24_7)、奈瑟菌目(Neisseriales)、奈瑟菌科(Neisseriaceae)、类芽孢杆菌属(*Paenibacillus*)为核桃青皮粉组的代表性细菌(LDA值大于2)。

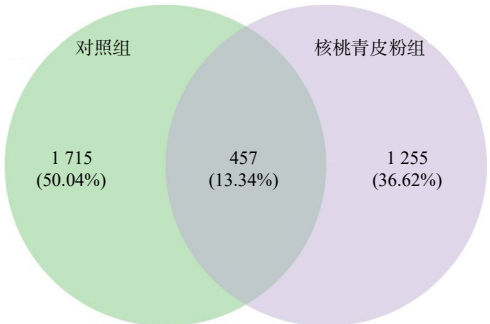
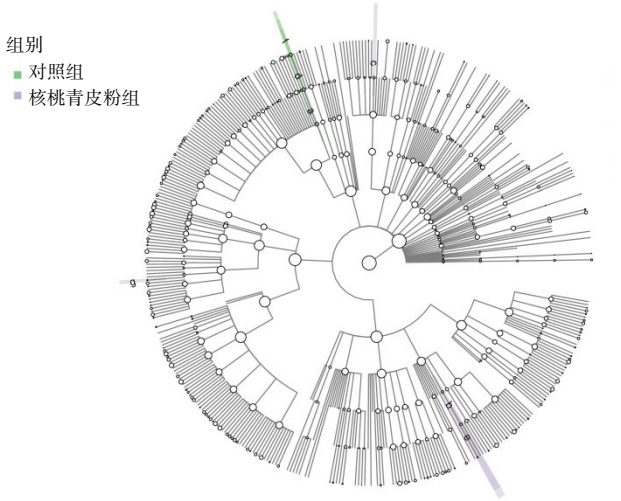


图6　2组育肥猪粪便共有菌群和特有菌群分析

Fig.6　Analysis of shared commons and specific flora of two groups of fattening pigs



a为双歧杆菌目；b为奈瑟菌目；c为S24_7菌科；d为双歧杆菌科；e为奈瑟菌科；f为双歧杆菌属；g为类芽孢杆菌属。

图7 LEfSe分析结果

Fig.7 LEfSe analysis result

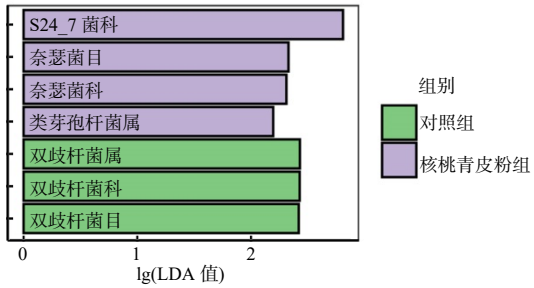
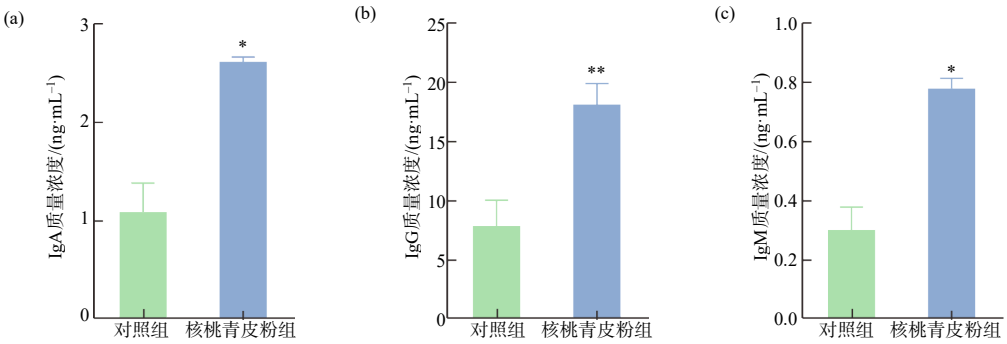


图8 LDA值柱状图

Fig.8 Bar graph of LDA values

2.2 饲粮中添加核桃青皮粉对育肥猪血清免疫指标的影响

与对照组相比(图9)，核桃青皮粉组极显著提高育肥猪IgG质量浓度(P<0.01)，显著提高IgA和IgM质量浓度(P<0.05)。



*表示差异显著(P<0.05)；**表示差异极显著(P<0.01)。

(a) IgA质量浓度；(b) IgG质量浓度；(c) IgM质量浓度

图9 核桃青皮粉对育肥猪血清免疫指标的影响

Fig.9 Effect of walnut green husk powder on serum immunity index of fattening pigs

3 讨论

近年来，在饲料原料价格上涨、饲料成本增加的背景下，养殖者们充分挖掘农副产品资源，将其加工处理后作为饲料添加剂，以节省养殖成本，达到节本增效的目的。河南省是全国核桃主产区，核桃品种繁多。每当核桃采收季节，产生大量核桃青皮，这些废弃物的堆积不仅带来环境问题，还造成了资源浪费[10]，因此，对核桃青皮进行合理有效的开发和利用，不仅符合可持续发展的原则，更有助于构建资源节约型社会。肠道微生物影响宿主的生长、新陈代谢和免疫功能[11−12]。粪便微生物可以反映肠道微生物的组成，越来越多研究者通过新鲜粪便的微生物组成来研究肠道微生物群落[13]。本研究在基础饲粮中添加0.1%核桃青皮粉，饲喂“杜×长×大”三元杂交育肥阉公猪，通过对育肥猪粪便微生物进行16S rDNA测序，探究核桃青皮粉对育肥猪肠道微生物菌群产生的影响，从而为开发新型功能性饲料，提高养殖效率，推动节粮养殖提供参考依据。

本研究中，对照组和核桃青皮粉组育肥猪肠道微生物的α多样性和β多样性分析结果表明，各组肠道微生物的丰富度、多样性、均匀度和覆盖度无明显差异，说明基础饲粮中添加核桃青皮粉不影响育肥猪肠道微生物菌群多样性和稳定性。2组粪便菌群在门水平上的相对丰度无显著差异，均以厚壁菌门、变形菌门和放线菌门为优势菌群，与文献[14]中的结果相符。在门水平上，厚壁菌门占比较大，其参与短链脂肪酸在肠道中的代谢反应，包括大量

分解纤维的细菌，是动物胃肠道中促进纤维饲料分解的主要菌群[15–16]。研究表明，厚壁菌门丰度占比多于拟杆菌门(Bacteroidetes)时可调控宿主对食物中热量的吸收，导致脂肪沉积[17]。同时，厚壁菌门与拟杆菌门的丰度之比可作为衡量肠道健康的重要指标，比值升高可能提示肠道中有害菌增多，容易引起肠道炎症等疾病；比值降低则可能提示益生菌减少，导致消化不良、免疫力下降等问题[18]。本研究中，2组微生物菌群中拟杆菌门相对丰度不足1%，且差异不显著。这可能是因为育肥猪肠道内厚壁菌门和拟杆菌门通过其特定的代谢活动和相互作用共同影响着机体对饲料的消化吸收过程，添加核桃青皮粉并不影响育肥猪肠道健康和稳态。

在属水平上，核桃青皮粉组乳杆菌属相对丰度极显著高于对照组的(P<0.01)。乳杆菌属可以通过其代谢产物与肠黏膜上皮细胞形成屏障，以减少其他致病菌的黏附定植[19]。与对照组相比，苏黎世杆菌属相对丰度极显著降低(P<0.01)。苏黎世杆菌属是一种革兰阳性厌氧菌，研究表明其与肠道疾病相关[20–21]。徐成等[22]的研究结果表明，苏黎世杆菌属可能会影响育肥猪采食进而影响肌肉表型，高丰度的苏黎世杆菌属显示出更高的瘦肉率。结合本团队前期研究结果[9]可知，在基础饲粮中添加0.1%核桃青皮粉后，背膘厚、板油质量以及肌内脂肪含量等指标升高，这间接反映肌肉瘦肉率下降，与本研究结果一致，即核桃青皮粉组苏黎世杆菌属相对丰度降低，瘦肉率下降。综上所述，饲粮中添加0.1%核桃青皮粉可提高益生菌相对丰度，抑制致病菌生长和繁殖。

免疫球蛋白是体液免疫的重要组成部分,其含量在一定程度上反映了动物的免疫功能和生理状态[23]。在本研究中，基础饲粮中添加核桃青皮粉极显著提高育肥猪IgG质量浓度(P<0.01)，显著提高IgA和IgM质量浓度(P<0.05)，饲养期内每日记录猪的健康情况，未见疾病发生，说明非病理状态下核桃青皮粉具有增强免疫力的功效，推测可能是因为核桃青皮粉通过促进益生菌生长、抑制致病菌定植，提高了肠道屏障功能，从而增强了机体免疫力。

4　结论

本研究结果表明，饲粮中添加0.1%核桃青皮粉不会影响育肥猪的肠道菌群多样性，有极显著提高乳杆菌属相对丰度、极显著降低苏黎世杆菌属相对丰度的作用，从而提高育肥猪的免疫功能。这些结果可为开发新型功能性饲料、提高养殖效率、推动节粮养殖提供参考依据。

参考文献：

[1] JAHANBAN-ESFAHLAN A，OSTADRAHIMI A，TABIBIAZAR M，et al. A comprehensive review on the chemical constituents and functional uses of walnut (*Juglans* spp.) husk[J]. International Journal of Molecular Sciences，2019，20(16)：3920.

[2] AHMAD T，SUZUKI Y J. Juglone in oxidative stress and cell signaling[J]. Antioxidants，2019，8(4)：91.

[3] 唐春丽，杨冰，方自扬，等. 核桃青皮提取物的抑菌和协同抑菌作用[J]. 中国药师，2018，21(04)：577–580.

[4] 王峰. 添加核桃青皮提取物和核桃青皮粉对产蛋后期蛋鸡生产性能和蛋品质的影响[D]. 乌鲁木齐：新疆农业大学，2018.

[5] 魏凯敏，张少秋，李文菁，等. 核桃青皮粉及其提取物对黄羽肉仔鸡生产性能、屠宰性能和营养物质表观代谢率的影响[J]. 新疆农业大学学报，2019，42(5)：349–354.

[6] 张少秋，陈威，杨东林，等. 核桃青皮及其提取物对产蛋后期蛋鸡肠道结构形态及肠道菌群多样性的影响[J]. 中国家禽，2021，43(5)：41–48.

[7] 张少秋. 核桃青皮提取物活性成分鉴定及其对产蛋后期蛋鸡机体抗氧化性能、肠道形态结构及肠道菌群的影响[D]. 乌鲁木齐：新疆农业大学，2021.

[8] 李文菁，魏凯敏，张少秋，等. 核桃青皮及其提取物对黄羽肉仔鸡肠道形态、黏膜抗氧化性能及微生物多样性的影响[J]. 中国畜牧兽医，2021，48(6)：2056–2065.

[9] 王璟，贾名扬，陈俊峰，等. 核桃青皮粉及其提取物对猪生长性能、胴体性状和肉品质的影响[J]. 中国畜牧兽医，2024，51(6)：2451–2459.

[10] 朱姝俣，何念武，高琦，等. 核桃青皮多糖对肠道致病菌抑菌活性研究[J]. 广西林业科学，2024，53 (5)：623–628.

[11] CHEN C Y，ZHOU Y Y，FU H，et al. Expanded catalog of microbial genes and metagenome-assembled genomes from the pig gut microbiome[J]. Nature Communications，2021，12(1)：1106.

[12] LIAO R R，XIE X H，LV Y H，et al. Ages of weaning

influence the gut microbiota diversity and function in Chongming white goats[J]. Applied Microbiology and Biotechnology，2021，105(9)：3649–3658.

[13] 王娜，商志伟，赵敏. 混合益生菌对仔猪生长及肠道菌群的影响[J].湖南农业大学学报(自然科学版)，2014，40(3):305–310.

[14] 高崇敏，文裕，易显凤，等. 不同纤维源饲粮对育肥猪肠道微生物菌群的影响[J]. 饲料研究，2022，45(8)：27–31.

[15] PANDIT R J，HINSU A T，PATEL N V，et al. Microbial diversity and community composition of caecal microbiota in commercial and indigenous Indian chickens determined using 16S rDNA amplicon sequencing[J]. Microbiome，2018，6(1)：115.

[16] EVANS N J，BROWN J M，MURRAY R D，et al. Characterization of novel bovine gastrointestinal tract *Treponema* isolates and comparison with bovine digital dermatitis treponemes[J]. Applied and Environmental Microbiology，2011，77(1)：138–147.

[17] RIVA A，BORGO F，LASSANDRO C，et al. Pediatric obesity is associated with an altered gut microbiota and discordant shifts in Firmicutes populations[J]. Environmental Microbiology，2017，19(1)：95–105.

[18] SINGH K M，SHAH T，DESHPANDE S，et al. High through put 16S rRNA gene-based pyrosequencing analysis of the fecal microbiota of high FCR and low FCR broiler growers[J]. Molecular Biology Reports，2012，39(12)：10595–10602.

[19] 胡萍. 多菌复合固态发酵不同粗纤维水平的日粮对育肥猪生长性能、营养物质消化、血清生化指标和粪便微生物的影响[D]. 重庆：西南大学，2022.

[20] WOODS J A，ALLEN J M，MILLER M E B，et al. Exercise alters the gut microbiome and microbial metabolites：implications for colorectal cancer and inflammatory bowel disease[J]. Brain Behavior and Immunity，2015，49：53205996.

[21] RETTEDAL E，VILAIN S，LINDBLOM S，et al. Alteration of the ileal microbiota of weanling piglets by the growth-promoting antibiotic chlortetracycline[J]. Applied and Environmental Microbiology，2009，75(17)：5489–5495.

[22] 徐成，田文杰，马月辉，等. 基于16S rRNA测序分析敲除基因ZBED6后巴马猪肠道微生物菌群的变化[J]. 畜牧兽医学报，2024，55(10)：4302–4310.

[23] GAO X L，GONG J G，YANG B W，et al. Effect of classical music on growth performance，stress level，antioxidant index，immune function and meat quality in broilers at different stocking densities[J]. Frontiers in Veterinary Science，2023，10：1227654.

责任编辑：伍锦花
英文编辑：张承平