



饲粮能氮比对简州大耳羊粪便排泄参数及微生物区系的影响

付敏, 陈天宝, 欧阳佚亭, 赖靖雯, 陈敏, 曾洪良

引用本文:

付敏, 陈天宝, 欧阳佚亭, 赖靖雯, 陈敏, 曾洪良. 饲粮能氮比对简州大耳羊粪便排泄参数及微生物区系的影响[J]. *农业环境科学学报*, 2023, 42(7): 1597–1605.

在线阅读 View online: <https://doi.org/10.11654/jaes.2023-0129>

您可能感兴趣的其他文章

Articles you may be interested in

日粮添加地衣芽孢杆菌对仔猪发酵床垫料理化性质及微生物群落的影响

宦海琳, 白建勇, 闫俊书, 周维仁, 徐小明, 顾洪如

农业环境科学学报. 2017, 36(10): 2114–2120 <https://doi.org/10.11654/jaes.2017-0490>

不同碳氮磷源改良剂对铅锌尾矿废弃地土壤微生物群落结构的影响

杨胜香, 李凤梅, 彭禧柱, 曹建兵, 高智席

农业环境科学学报. 2019, 38(6): 1256–1264 <https://doi.org/10.11654/jaes.2018-1594>

不同麦秸还田模式对稻田土壤微生物活性和微生物群落组成的影响

王宁, 罗佳琳, 赵亚慧, 李勇, 于建光

农业环境科学学报. 2020, 39(1): 125–133 <https://doi.org/10.11654/jaes.2019-0956>

猪粪厌氧发酵消化液回流体系微生物群落结构特征与产气关系研究

孔德望, 张克强, 房芳, 高文萱, 梁军锋, 梁雨, 杜连柱

农业环境科学学报. 2018, 37(3): 559–566 <https://doi.org/10.11654/jaes.2017-1241>

模拟氮沉降对贝加尔针茅草原土壤氮转化微生物的影响

刘红梅, 张海芳, 秦洁, 王慧, 张艳军, 杨殿林

农业环境科学学报. 2019, 38(10): 2386–2394 <https://doi.org/10.11654/jaes.2019-0231>



关注微信公众号, 获得更多资讯信息

付敏, 陈天宝, 欧阳佚亭, 等. 饲粮能氮比对简州大耳羊粪便排泄参数及微生物区系的影响[J]. 农业环境科学学报, 2023, 42(7): 1597-1605.

FU M, CHEN T B, OUYANG Y T, et al. Effects of dietary energy to nitrogen ratios on fecal excretion parameters and microflora of Jianzhou Da'er goats[J]. Journal of Agro-Environment Science, 2023, 42(7): 1597-1605.

饲粮能氮比对简州大耳羊粪便排泄参数及微生物区系的影响

付敏, 陈天宝*, 欧阳佚亭, 赖靖雯, 陈敏, 曾洪良

(四川省畜牧科学研究院, 动物遗传育种四川省重点实验室, 成都 610000)

摘要:为探索全价颗粒饲粮不同能氮比对全舍饲简州大耳羊粪便排泄参数、氮排泄参数以及粪便微生物区系的影响,选择32只(公母各半)(26.16 ± 2.39)kg的6月龄健康简州大耳羊,随机分到a、b、c、d组,分别饲喂能氮比为0.59、0.51、0.43、0.35的全价颗粒饲粮,开展12 d全收粪尿试验,并采集新鲜直肠粪便测定微生物区系。结果表明:降低饲粮能氮比对试验羊干物质采食量、粪便及尿液排泄参数、氮排泄率和粪氮排泄量均无显著影响,但粪便pH、尿总氮、尿氨氮、日排总氮、单位代谢体质量尿氮和总氮的日排泄量均呈线性增加。随着饲粮能氮比降低,a、b、c组粪便微生物区系无显著差异,但d组Shannon指数和Simpson指数降低;在门水平上,d组厚壁菌门的相对丰度降低,疣微菌门和放线菌门的相对丰度提高;在细菌属水平上,艾克曼菌属的相对丰度提高。综上所述,降低全价颗粒饲粮能氮比将提高简州大耳粪便pH、增加尿氮的排泄,而且能氮比过低(0.35)会影响粪便微生物区系,进而影响机体健康。

关键词:简州大耳羊;能氮比;粪便排泄参数;氮排泄参数;微生物区系

中图分类号:X713 文献标志码:A 文章编号:1672-2043(2023)07-1597-09 doi:10.11654/jaes.2023-0129

Effects of dietary energy to nitrogen ratios on fecal excretion parameters and microflora of Jianzhou Da'er goats

FU Min, CHEN Tianbao*, OUYANG Yiting, LAI Jingwen, CHEN Min, ZENG Hongliang

(Sichuan Animal Sciences Academy, Animal Breeding and Genetics Key Laboratory of Sichuan Province, Chengdu 610000, China)

Abstract: This study was conducted to investigate the effects of complete pellet diets with different energy to nitrogen ratios on fecal excretion parameters, nitrogen excretion parameters, and fecal microflora of Jianzhou Da'er goats. In total, 32 six-month-old healthy Jianzhou Da'er goats (16 male and 16 female) with a body weight of approximately (26.16 ± 2.39) kg were randomly divided into groups a, b, c, and d. They were fed with whole-valent pellet diets with a ratio of metabolic energy to nitrogen (ME/N) of 0.59, 0.51, 0.43, and 0.35, respectively. We collected all feces and urine during a 12-day metabolic test, and then, the fresh rectal feces was collected on the last day to test the microflora. The results showed that reducing the ME/N did not significantly affect the dry matter intake, feces, and urine excretion parameters, or the excretion of fecal nitrogen and nitrogen excretion rate of the experimental goats in each group. However, the fecal pH, excretion of urine nitrogen, urine ammonia nitrogen, total nitrogen increased linearly with the decrease in ME/N. With declining ME/N, there were no significant differences in fecal microflora among groups a to c; however the Shannon and Simpson indices in group d

收稿日期:2023-02-23 录用日期:2023-05-10

作者简介:付敏(1987—),女,四川通江人,硕士,畜牧师,从事动物营养与环境研究。E-mail:3097643200@qq.com

*通信作者:陈天宝 E-mail:3493200595@qq.com

基金项目:四川省财政运行专项(SASA2023CZYX005)

Project supported: Special Financial Operation of Sichuan Province (SASA2023CZYX005)

decreased. At the bacterial phyla level, the relative abundance of Firmicutes was significantly decreased, and the relative abundance of Verrucomicrobiota and Actinobacteriota were significantly increased in group d. At the bacterial genus level, the relative abundance of *Eckmann* in group d was significantly higher than that in the other three groups. The results indicate that the fecal pH and urine nitrogen excretion would be increased with the decrease in the level of ME/N. Moreover, when the ME/N (ME/N=0.35) is extremely low, the fecal microflora will be affected, which causes negative implications for the animals.

Keywords: Jianzhou Da'er goat; dietary energy to nitrogen ratio; fecal excretion parameter; nitrogen excretion parameter; microflora

肉羊养殖是我国畜禽养殖的重要组成部分,与1961年相比,2021年肉羊出栏量增长了34.4倍,羊肉产量增长了46.7倍,肉羊产业稳步增长^[1]。然而,我国肉羊养殖也面临着巨大的挑战:一方面肉羊营养需要量标准不完善,导致生产上饲粮配方差异大,能量蛋白质不平衡,既浪费饲料资源,又造成环境氮污染。肉羊对养分的消化主要通过瘤胃微生物发酵,只有饲粮提供的能量和氮含量达到微生物需求平衡时,微生物才能达到最佳生长状态,进而有利于养分的消化吸收,因此,饲粮适宜的能氮比是合理配制反刍动物饲粮的基础^[2]。研究表明,饲粮适宜的能氮比可以提高肉羊生产性能和养分消化率^[3-5];蛋白质水平过高导致的能氮不平衡问题,不仅会降低肉羊生产性能,还会增加氮的排泄^[5-6],粪便中氮含量与饲料蛋白质摄入量有很强的正相关关系^[6-7]。李闯^[2]、张继伟等^[4]、柴贵宾等^[5]分别提出了不同饲养方式下本地羊适宜的饲粮能氮比,但由于肉羊的窄生态适应性,不同品种肉羊饲粮能氮比适宜值仍然需要根据品种特性和饲养方式进一步探索和研究。另一方面,随着我国内肉羊养殖数量增加和规模化程度提高,养殖污染问题日益突出,威胁到生态环境和人居安全,而且反刍动物对环境的影响是其他牲畜的3~10倍^[8]。畜禽粪便排泄参数不仅能反映畜禽营养健康状况,更是开展畜禽粪污治理和资源化利用的基础数据。国外对羊粪产排特性研究较早,美国农业工程师协会发布了羊的粪尿产生量及粪尿中污染物的含量^[9],而国内对肉羊粪便产排系数监测的重视度不高,研究较晚,杨硕等^[10]研究了规模化羊场杜泊羊和小尾寒羊不同季节粪便主要成分含量差异,粪便产生量研究未见详细报道。我国每10年开展一次的污染普查,只针对生猪、牛、肉鸡和蛋鸡进行产排污系数原位监测,而缺少对羊的产排污监测,这给肉羊粪污治理及资源化利用带来了盲目性。

简州大耳羊是我国人工培育的肉用山羊新品种,生长快、肉质好,在南方地区广泛饲养^[11]。由于缺少

针对性的饲养标准,生产上饲粮能氮比差异较大,这可能导致粪尿特性参数变化,不利于粪污减排和高效利用。因此,本试验旨在探索全价颗粒饲粮不同能氮比(代谢能/总氮)对生长育肥期简州大耳羊粪便排泄参数、氮排泄参数以及粪便微生物区系的影响,为简州大耳羊的低碳高效养殖和粪便资源化利用提供科技支撑。

1 材料与方法

1.1 试验设计

本研究采用单因子试验设计,选择32只体质量为 $(26.16\pm2.39)\text{ kg}$ 的健康简州大耳羊,随机分配到编号为a、b、c、d的4个试验组,每组8只羊(公母各4只),分别饲喂能氮比(ME/N)为0.59、0.51、0.43、0.35的全价颗粒饲粮,适应30 d后移入羊代谢笼开展12 d全收粪尿试验(预饲7 d,正式5 d),测定试验羊粪尿和氮排泄参数,然后在正式试验第5天收集试验羊新鲜直肠粪便测定粪便微生物区系。试验饲粮配方和能氮比设计参照课题组前期研究^[3],能氮比为饲粮代谢能浓度与总氮浓度比值,试验饲粮组成及养分含量见表1。

1.2 饲养管理

饲养试验前对羊舍和用具全面清洗、晾干、消毒。饲养期间按照羊场管理规范进行疫病防控和饲养管理,自由饮水,自由采食。正式试验期,对试验羊空腹称质量后移入羊代谢笼,单只单笼饲养,先预饲7 d以确保肉羊体况正常稳定,然后连续开展5 d的全收粪尿试验,准确称量每只羊每日的采食量、粪便量和尿液量,记录圈舍环境温度、湿度和试验羊健康状况等。

1.3 样品采集与处理

饲粮样品:分别在饲粮加工完成的第1天、适应期第15天和正式试验期每日采集每组饲料样品200 g,测定干物质含量和总氮含量。

粪便样品:正式期每日8:00在每只羊的代谢笼特定位置放置干净带盖塑料桶,用于收集试验羊每次全

表1 饲粮组成及养分含量(干物质基础,%)

Table 1 Composition and nutrient content of experimental diets
(DM basis, %)

项目 Item	a组 Group a	b组 Group b	c组 Group c	d组 Group d
原料 Ingredient				
玉米 Corn	32.00	26.81	21.80	16.70
豆粕 Soybean meal(CP 43%)	1.90	8.00	14.00	20.00
麸皮 Wheat bran	8.00	8.00	8.00	8.00
统糠 Rice bran and hull	6.11	5.20	4.21	3.31
大蒜皮 Garlic skin	2.00	2.00	2.00	2.00
大豆油 Soybean oil	2.00	2.00	2.00	2.00
花生蔓 Peanut vine	46.00	46.00	46.00	46.00
磷酸氢钙 CaHPO ₄	0.20	0.20	0.20	0.20
氯化钠 NaCl	0.50	0.50	0.50	0.50
预混料 Premix ^①	0.29	0.29	0.29	0.29
膨润土 Bentonite	1.00	1.00	1.00	1.00
总计 Total	100.00	100.00	100.00	100.00
营养成分 Nutrient level^②				
粗蛋白质 CP	10.22	11.87	14.07	17.47
粗脂肪 EE	4.20	5.30	4.10	3.80
磷 P	0.33	0.33	0.37	0.40
钙 Ca	0.99	0.99	0.99	0.97
粗灰分 Ash	10.60	10.40	10.50	10.60
酸性洗涤纤维 ADF	25.40	25.50	26.40	25.80
中性洗涤纤维 NDF	32.50	31.80	32.50	32.40
代谢能 ME/(MJ·kg ⁻¹)	9.63	9.64	9.67	9.68
代谢蛋白 MP/(g·kg ⁻¹)	44.71	60.92	82.54	115.95
能氮比 ME/N	0.59	0.51	0.43	0.35

注:①预混料为每千克饲粮提供维生素A 30 000 IU, 维生素D 5 000 IU, 维生素E 200 IU, 铜 12 mg, 锌 70 mg, 钴 0.2 mg, 锰 70 mg, 铁 55 mg, 硒 0.2 mg, 碘 0.5 mg。②代谢能和代谢蛋白为计算值, 参照《肉羊饲养标准》(NY/T 816—2004)和刘洁^[12]的计算方法, 其余指标为实测值。

Note: ①The premix provided following per kg of diets: V_A 30 000 IU; V_D 5 000 IU; V_E 200 IU; Cu 12 mg; Zn 70 mg; Co 0.2 mg; Mn 70 mg; Fe 55 mg; Se 0.2 mg; I 0.5 mg. ②Metabolic energy and metabolic protein were calculated values, referring to the calculation methods of the NY/T 816—2004 and Liu^[12], while the others were measured values.

部粪便,于次日8:00称取前1天粪便总量。粪便混匀后,采用四分法按照粪便总质量的20%采集粪便样品2份测定干物质含量、pH和总氮含量,粪便样品采集方法参照《畜禽粪便监测技术》(GB/T 25169—2022)。

尿液样品:正式期每日8:00将干净的装有15 mL 4.5 mol·L⁻¹ H₂SO₄的接尿桶(容量5 000 mL)放置于羊代谢笼底部固定位置,收集每只羊全部尿液,于次日8:00计量前1天尿液总量,尿液混匀后,调整pH≤3(记录加酸量),并按照总质量的20%采集尿液

样品用于测定总氮和氨氮。所有样品按照标准编号,4℃保存,送实验室检测。

粪便微生物样品:在正式期第5天,用无菌镊子采集每头试验羊直肠末端新鲜无污染粪便,装入5 mL冻存管,并做好标记,-80℃冻存。

1.4 样品检测方法及指标计算

1.4.1 肉羊粪便及氮排泄参数检测与计算

饲料和粪便的干物质含量均参照《饲料分析及饲料质量检测技术》^[13]测定,粪便和尿液pH、总氮、氨氮参照NY/T 525—2021测定。畜禽粪便的排泄量还与体质量呈显著正相关关系^[14],为了降低体质量变化带来的排泄量的差异,用单位代谢体质量粪便尿液(氮)排泄参数来衡量粪尿(氮)排泄量更具代表性。通过以下公式计算:

$$\text{氮摄入量}(\text{g} \cdot \text{d}^{-1}) = \text{日采食干物质量}(\text{g} \cdot \text{d}^{-1}) \times \text{饲粮氮含量}(\%)$$

$$\text{日排粪氮}(\text{g} \cdot \text{d}^{-1}) = \text{日排粪便干物质量}(\text{g} \cdot \text{d}^{-1}) \times \text{粪便总氮含量}(\%)$$

$$\text{日排尿氮}(\text{g} \cdot \text{d}^{-1}) = \text{日排尿液质量}(\text{g} \cdot \text{d}^{-1}) \times \text{尿液总氮含量}(\%)$$

$$\text{日排总氮}(\text{g} \cdot \text{d}^{-1}) = \text{日排粪氮}(\text{g} \cdot \text{d}^{-1}) + \text{日排尿氮}(\text{g} \cdot \text{d}^{-1})$$

$$\text{氮排泄率}(\%) = \text{日排总氮}(\text{g} \cdot \text{d}^{-1}) / \text{日摄入氮量}(\text{g} \cdot \text{d}^{-1}) \times 100\%$$

$$\text{单位代谢体质量粪便日排泄量}(\text{g} \cdot \text{kg}^{-0.75} \cdot \text{d}^{-1}) = \text{日排粪便干物质量}(\text{g} \cdot \text{d}^{-1}) / \text{羊活体质量}^{0.75}(\text{kg}^{0.75})$$

$$\text{单位代谢体质量尿液日排泄量}(\text{g} \cdot \text{kg}^{-0.75} \cdot \text{d}^{-1}) = \text{日排尿液质量}(\text{g} \cdot \text{d}^{-1}) / \text{羊活体质量}^{0.75}(\text{kg}^{0.75})$$

$$\text{单位代谢体质量粪氮日排泄量}(\text{g} \cdot \text{kg}^{-0.75} \cdot \text{d}^{-1}) = \text{日排粪氮}(\text{g} \cdot \text{d}^{-1}) / \text{羊活体质量}^{0.75}(\text{kg}^{0.75})$$

$$\text{单位代谢体质量尿氮日排泄量}(\text{g} \cdot \text{kg}^{-0.75} \cdot \text{d}^{-1}) = \text{日排尿氮}(\text{g} \cdot \text{d}^{-1}) / \text{羊活体质量}^{0.75}(\text{kg}^{0.75})$$

1.4.2 肉羊粪便微生物菌群检测

粪便细菌多样性检测由天津诺禾致源生物信息科技有限公司完成,DNA提取和16S rRNA PCR扩增、测序及数据分析法参照Griffith等^[15]的方法。每个试验组选择8只羊的粪便样品进行微生物菌群检测,分析粪便微生物菌群多样性,及在门和属水平上的组成和相对丰度。

1.5 统计分析

利用SPSS 20.0软件One-way ANOVA进行单因素方差分析,组间采用Duncan's法进行多重比较,随后对饲粮能氮比进行线性(Linear)和二次曲线

(Quadratic)回归分析。数据结果用平均值±标准差表示, $P<0.05$ 表示差异显著, $P>0.05$ 表示差异不显著。

2 结果与分析

2.1 不同能氮比全价颗粒饲粮对简州大耳羊粪便排泄参数的影响

2.1.1 对粪便排泄参数的影响

如表2所示, 饲粮能氮比对试验羊干物质采食量、粪便排泄量、尿液排泄量及单位代谢体质量粪便日排泄参数均无显著影响($P_A>0.05$), 4组试验羊干物质采食量平均为 $1.21\text{ kg}\cdot\text{d}^{-1}$, 粪便、尿液排泄量平均为 $1.25\text{ kg}\cdot\text{d}^{-1}$ 和 $0.70\text{ kg}\cdot\text{d}^{-1}$, 粪便含水率平均为62.32%, 单位代谢体质量粪便和尿液日排泄量平均为 $29.49\text{ g}\cdot\text{kg}^{-0.75}\cdot\text{d}^{-1}$ 和 $50.59\text{ g}\cdot\text{kg}^{-0.75}\cdot\text{d}^{-1}$ 。随着饲粮

能氮比降低, 粪便pH呈线性增加($P_L=0.004$), 且具有显著的组间差异($P_A=0.029$); 单位代谢体质量尿液排泄量呈线性增加($P_L=0.046$), 从 $47.35\text{ g}\cdot\text{kg}^{-0.75}\cdot\text{d}^{-1}$ 增加到 $59.57\text{ g}\cdot\text{kg}^{-0.75}\cdot\text{d}^{-1}$, 增加了25.81%。

2.1.2 对氮排泄参数的影响

如表3所示, 不同能氮比饲粮对试验羊粪氮、氮排泄率、单位代谢体质量粪氮日排泄参数无显著影响($P_A>0.05$), 粪氮日排泄量为 $7.26\sim8.23\text{ g}\cdot\text{d}^{-1}$, 氮排泄率为63.60%~68.55%。但是, 随着饲粮能氮比降低, 氮的日摄入量、尿总氮排泄量、尿氨氮排泄量、日排总氮量、单位代谢体质量尿氮和单位代谢体质量总氮日排泄量均呈线性增加($P_L<0.001$), 且具有显著的组间差异($P_A<0.05$), 相对于a组, d组分别增加了54.90%、152.03%、605.66%、63.82%、147.50%、60.82%。

表2 不同试验组简州大耳羊粪便排泄参数

Table 2 The fecal excretion parameters of Jianzhou Da'er goats in different groups

项目 Item	组别 Group				方差分析 Anova	P值 P value
	a组 Group a	b组 Group b	c组 Group c	d组 Group d		
干物质采食量 DMI/(kg·d ⁻¹)	1.28±0.27	1.19±0.27	1.20±0.18	1.16±0.28	0.810	0.393 0.800
新鲜粪便排泄量 Fresh feces/(kg·d ⁻¹)	1.25±0.50	1.03±0.29	1.16±0.30	1.05±0.36	0.631	0.446 0.685
绝干粪便排泄量 Dry feces/(kg·d ⁻¹)	0.45±0.11	0.40±0.08	0.40±0.07	0.39±0.07	0.460	0.169 0.549
粪便排泄量 pH Feces pH	8.84±0.20b	8.97±0.21ab	8.99±0.17ab	9.13±0.14a	0.029	0.004 0.962
尿液排泄量 Urine/(kg·d ⁻¹)	0.64±0.18	0.56±0.16	0.77±0.24	0.82±0.28	0.108	0.044 0.429
单位代谢体质量粪便日排泄量 Fecal per unit metabolic weight/(g·kg ^{-0.75} ·d ⁻¹)	32.89±6.61	28.49±4.98	28.61±4.65	27.95±4.23	0.224	0.084 0.317
单位代谢体质量尿液日排泄量 Urine per unit metabolic weight/(g·kg ^{-0.75} ·d ⁻¹)	47.35±14.43	40.43±10.65	55.00±16.79	59.57±18.83	0.091	0.046 0.303

注: 同行不同小写字母表示组间差异显著($P<0.05$), 无字母或字母相同表示差异不显著($P>0.05$)。下同。

Note: In the same row, different lowercase letters indicate significant difference ($P<0.05$); While with the same or no letter mean no significant difference ($P>0.05$). The same below.

表3 不同试验组简州大耳羊氮排泄参数

Table 3 The nitrogen excretion parameters of Jianzhou Da'er goats in different groups

项目 Item	组别 Groups				方差分析 Anova	P值 P value
	a组 Group a	b组 Group b	c组 Group c	d组 Group d		
日摄入氮 Daily nitrogen intake/(g·d ⁻¹)	20.93±4.39c	22.62±5.15bc	27.07±4.16ab	32.42±7.88a	<0.001	<0.001 0.363
粪氮排泄量 Fecal nitrogen/(g·d ⁻¹)	7.72±2.11	7.26±1.36	8.23±1.51	7.86±1.62	0.715	0.603 0.95
尿总氮排泄量 Urine nitrogen/(g·d ⁻¹)	5.42±0.89c	7.25±1.37c	9.23±2.15b	13.66±2.47a	<0.001	<0.001 0.054
尿氨氮排泄量 Urine ammonia nitrogen/(g·d ⁻¹)	2.65±2.14b	2.52±1.70b	6.13±3.47b	18.70±18.9a	0.007	<0.001 0.190
日排总氮量 Daily total nitrogen/(g·d ⁻¹)	13.13±1.99c	14.51±2.42c	17.46±1.71b	21.51±3.20a	<0.001	<0.001 0.126
氮排泄率 Nitrogen excretion rate/%	63.60±6.33	65.28±7.75	65.84±11.64	68.55±14.40	0.822	0.363 0.891
单位代谢体质量粪氮日排泄量 Fecal nitrogen per unit metabolic weight/(g·kg ^{-0.75} ·d ⁻¹)	0.57±0.14	0.52±0.09	0.58±0.09	0.57±0.09	0.643	0.688 0.695
单位代谢体质量尿氮日排泄量 Urine nitrogen per unit metabolic weight/(g·kg ^{-0.75} ·d ⁻¹)	0.40±0.06c	0.52±0.09c	0.66±0.16b	0.99±0.19a	<0.001	<0.001 0.033
单位代谢体质量总氮日排泄量 Total nitrogen per unit metabolic weight/(g·kg ^{-0.75} ·d ⁻¹)	0.97±0.11c	1.04±0.15c	1.24±0.13b	1.56±0.21a	<0.001	<0.001 0.037

2.2 不同能氮比全价颗粒饲粮对简州大耳羊粪便微生物区系的影响

2.2.1 粪便样品 16S rRNA 基因测序结果

4组粪便32个样本中共获得1 616 790条优质细菌16S rRNA基因序列,每个样本平均产生55 751.38条,序列平均长度为371.8 bp,有效标记(Effective Tags)中碱基质量值大于20(测序错误率小于1%)和30(测序错误率小于0.1%)的碱基所占的百分比分别为98.16%和94.30%。

2.2.2 OTUs分析和物种注释

所有样品共注释了41个门、74个纲、163个目、234个科、419个属和146个种。如图1所示,4个组共聚类得到2 538个OTU,a、b、c、d组OTU数分别为1 665、1 627、1 663、1 855个,共用1 170个OTU,占OTU总数的46.10%,独有的OTU数分别为75、81、57、430个,占OTU总数的比例分别为2.96%、3.19%、2.25%、16.94%,表明a、b、c组相似度较高,差异较小,d组与其他3组差异较大。

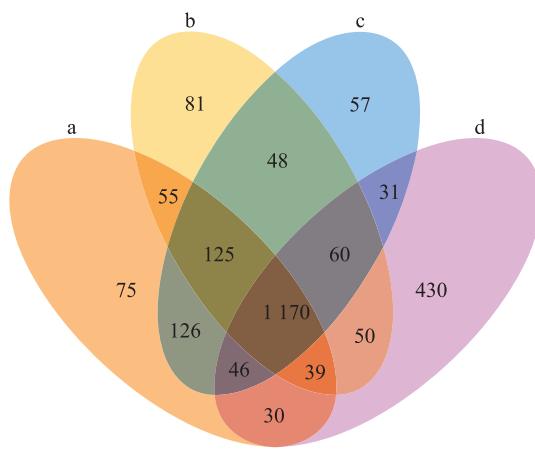


图1 不同试验组粪便微生物Venn图

Figure 1 The venn diagram of fecal microorganisms in different groups

2.2.3 菌群 α 多样性分析

由表4可知,4个组的覆盖度均大于0.99,能准确地反映试验羊粪便中细菌的组成。a、b、c组 α 多样性差异不显著,但随着能氮比降低,Shannon指数和Simpson指数均呈显著下降趋势($P_t<0.05$, $P_0<0.05$),d组的Simpson指数显著低于a、b组和c组($P_A<0.05$),Shannon指数显著低于b组($P_A<0.05$)。

2.2.4 菌群 β 多样性分析

主成分分析(PCA)如图2所示,主成分1和主成分2的贡献值分别为13.15%和7.98%,a、b、c 3组样本差异较小,微生物群落结构相似度较高,而d组与其他3组距离较远,差异较大。

2.2.5 粪便菌群在门和属水平上的组成与相对丰度

如表5所示,在门水平上厚壁菌门(Firmicutes)和拟杆菌门(Bacteroidota)是优势菌门,两个菌门占总细

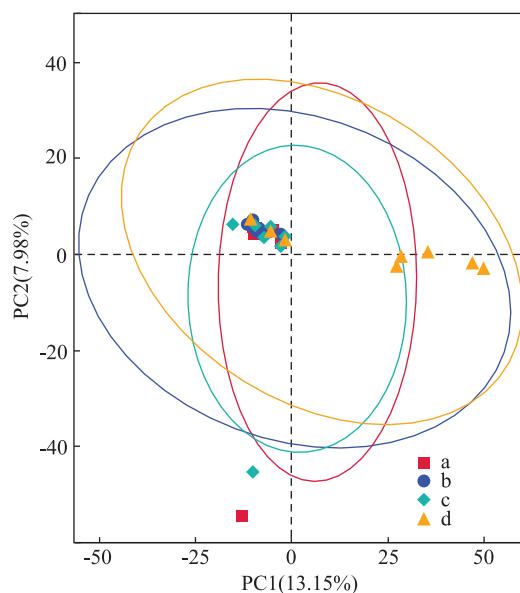


图2 粪便微生物主成分分析

Figure 2 The principal component analysis(PCA) of fecal microorganisms

表4 不同试验组简州大耳羊菌群多样性指数

Table 4 The microbial diversity index of Jianzhou Da'er goats in different groups

项目 Item	组别 Group				方差分析 Anova	线性 Linear	二次 Quadratic
	a组 Group a	b组 Group b	c组 Group c	d组 Group d			
Shannon指数 Shannon index	7.46±0.32ab	7.61±0.17a	7.48±0.30ab	7.15±0.34b	0.036	0.029	0.042
Simpson指数 Simpson index	0.981±0.005a	0.983±0.002a	0.982±0.003a	0.976±0.007b	0.024	0.027	0.026
Chao1指数 Chao1 index	1 101.29±129.97	1 122.64±71.71	1 060.00±98.66	1 044.13±105.83	0.456	0.179	0.641
ACE指数 ACE index	1 151.52±137.99	1 176.26±73.88	1 113.98±103.27	1 101.21±120.37	0.564	0.254	0.663
覆盖度 Goods coverage	0.992±0.001	0.992±0.001	0.993±0.001	0.993±0.002	0.816	0.436	0.995

表5 粪便微生物门水平的相对丰度(%)

Table 5 The relative abundance of fecal microflora at phylum level(%)

项目 Item	组别 Group				P值 P-value		
	a组 Group a	b组 Group b	c组 Group c	d组 Group d	方差分析 Anova	线性 Linear	二次 Quadratic
厚壁菌门 Firmicutes	50.39±4.29a	51.78±3.93a	52.51±6.06a	41.07±8.13b	0.003	0.007	0.007
拟杆菌门 Bacteroidota	32.73±6.68	35.02±2.35	34.65±5.54	37.60±5.66	0.381	0.111	0.864
疣微菌门 Verrucomicrobiota	1.92±1.68b	2.52±1.76b	3.20±2.27b	8.45±6.33a	0.008	0.002	0.103
变形菌门 Proteobacteria	2.81±4.89	0.49±0.50	0.71±1.29	0.98±0.59	0.311	0.230	0.179
软壁菌门 Tenericutes	5.59±2.03	4.60±0.77	4.46±1.34	4.49±1.26	0.395	0.159	0.348
螺旋体门 Spirochaeta	2.02±1.40	1.85±1.51	1.28±0.57	1.89±1.84	0.778	0.724	0.466
蓝菌门 Cyanobacteria	0.53±1.22	0.18±0.10	0.11±0.09	0.13±0.06	0.520	0.214	0.425
放线菌门 Actinobacteriota	0.12±0.18b	0.23±0.36b	0.14±0.12b	1.01±0.94a	0.009	0.006	0.068

菌种类的80%左右。随着饲粮能氮比降低,厚壁菌门的相对丰度先增加后降低($P_q=0.007$),c组最高,但与a、b组差异不显著,d组显著低于前3组($P_A=0.003$);疣微菌门(Verrucomicrobiota)和放线菌门(Actinobacteriota)相对丰度呈线性升高($P_L<0.05$),且d组显著高于前3组($P_A<0.05$);其他菌群相对丰度没有受到显著影响($P>0.05$)。

如表6所示,在属水平上,拟杆菌属(*Bacteroides*)、瘤胃球菌科(UCG-005)、另枝菌属(*Alistipes*)、理研菌科RC9(*Rikenellaceae_RC9*)、克里斯滕森菌科R7(*Christensenellaceae_R-7*)、普雷沃氏菌属(UCG-002)和艾克曼菌属(*Akkermansia*)等是各组粪便优势菌属。随着饲粮能氮比降低,艾克曼菌属($P_L=0.002$)和拟杆菌属($P_L=0.021$)的相对丰度呈线性增加,而且d组艾克曼菌属相对丰度显著高于前3组($P_A=0.007$)。毛螺菌科(*Lachnospiraceae_AC2044_group*)的相对丰度先增加后降低,呈显著的二次曲线关系($P_q=0.042$)。

3 讨论

3.1 不同能氮比全价颗粒饲粮对简州大耳羊粪便及氮排泄的影响

与猪和鸡的粪便相比,肉羊粪便呈颗粒状,具有含水率较低及适宜的碳氮比等特点^[16-17],在粪肥还田利用中深受种植业主的喜爱,但由于缺少粪便排泄相关参数指导,粪肥资源化利用效率受到限制。因此,本研究获取了饲粮不同能氮比条件下简州大耳羊的粪便排泄参数,并探索其影响规律和机理。我国肉羊粪便排泄参数相关研究报道较少,李丹阳等^[18]研究报道半放牧半舍饲贵州半细毛羊的粪便量、尿液量分别为 $0.97 \text{ kg} \cdot \text{d}^{-1} \cdot \text{只}^{-1}$ 和 $0.53 \text{ L} \cdot \text{d}^{-1} \cdot \text{只}^{-1}$,全舍饲湖羊分别为 $0.99 \text{ kg} \cdot \text{d}^{-1} \cdot \text{只}^{-1}$ 和 $0.56 \text{ L} \cdot \text{d}^{-1} \cdot \text{只}^{-1}$,略低于本研究结果。宋大利等^[19]报道的羊粪便排泄量($1.9 \text{ kg} \cdot \text{d}^{-1}$)高于本研究,尿液排泄量($0.6 \text{ kg} \cdot \text{d}^{-1}$)略低于本研究。分析原因主要是因为测试羊的品种、饲养方式、饲粮形

表6 粪便微生物属水平相对丰度(%)

Table 6 The relative abundance of fecal microflora at genus level(%)

项目 Item	组别 Group				P值 P-value		
	a组 Group a	b组 Group b	c组 Group c	d组 Group d	方差分析 Anova	线性 Linear	二次 Quadratic
拟杆菌属 <i>Bacteroides</i>	11.18±4.01	13.53±4.02	12.50±2.68	16.95±5.18	0.065	0.021	0.490
瘤胃球菌科 UCG-005	11.91±2.37	12.65±1.90	12.44±2.36	11.22±3.00	0.682	0.545	0.296
另枝菌属 <i>Alistipes</i>	6.36±2.88	5.09±1.86	6.33±2.52	5.02±2.74	0.606	0.494	0.969
理研菌科 RC9 <i>Rikenellaceae_RC9_gut_group</i>	5.72±2.07	6.67±2.42	5.73±1.87	4.98±2.30	0.534	0.368	0.310
克里斯滕森菌科 R7 <i>Christensenellaceae_R-7_group</i>	5.27±1.73	5.32±0.75	6.43±3.41	4.29±1.98	0.331	0.56	0.184
普雷沃氏菌属 UCG-002 <i>Prevotellaceae_UCG-002</i>	3.29±2.06	2.50±0.49	2.77±0.75	2.11±0.69	0.277	0.095	0.885
艾克曼菌属 <i>Akkermansia</i>	1.76±1.72b	2.35±1.69b	3.14±2.26b	8.30±6.24a	0.007	0.002	0.106
密螺旋体属 <i>Treponema</i>	1.50±1.21	1.79±1.51	1.23±0.56	1.87±1.83	0.808	0.777	0.730
弧菌属 <i>Vibrio</i>	1.74±4.11	0.12±0.09	0.04±0.10	<0.01±<0.01	0.312	0.129	0.304
毛螺菌科 <i>Lachnospiraceae_AC2044_group</i>	0.72±0.40	1.04±0.47	1.92±1.74	0.80±0.33	0.076	0.543	0.042

态都具有较大的差异。本研究结果表明全价颗粒饲粮能氮比对试验羊干物质采食量、粪便和尿液排泄量均无显著影响,原因是肉羊干物质采食量与饲粮原料组成、形态、能量和纤维含量显著相关^[20],本试验中饲粮原料组成、形态以及能量和纤维水平一致,因此4组试验羊干物质采食量无显著差异,而干物质采食量显著影响粪便排泄量^[21~22],因此,粪尿排泄量也无显著差异,这与前人研究结果一致。粪便pH不仅能反映肠道内环境,而且是影响氨气挥发的关键因素,一般呈中性或者弱碱性,pH升高将增加氮的损失^[23]。目前未见关于肉羊粪便pH的报道,但有研究显示生猪粪便pH为6.42~7.64^[24],肉鸡粪便pH为6.15~8.17^[25],肉牛粪便pH为6.42~6.9^[26],均低于本研究结果。生猪和肉鸡均采用全价精饲粮饲喂,而肉牛采用全混合日粮饲喂,精饲粮的占比较低,因此生猪和肉鸡粪便pH较肉牛更高,而本研究采用全价颗粒饲粮饲喂,且营养浓度按照肉羊饲养标准的最高生产性能(日增质量200 g)进行配方,营养密度较大,导致粪便中未消化的碱性物质含量较高,而且饲粮能氮比降低,增加了饲粮氮的摄入,导致后肠含氮碱性物质增加,进而造成粪便pH增加。

本研究结果表明,饲粮能氮比降低显著增加了尿氮的排泄,且呈现了显著的线性相关性,但对粪氮排泄量没有显著影响。这与牛骁麟等^[27]用蛋白水平分别为11.5%、14.0%和16.5%的饲粮饲喂32.25 kg左右湖羊的研究结果一致,同时,樊艳华等^[28]和Marini等^[29]也得出了相似的试验结果。粪氮排泄量差异不显著是由于粪氮主要来源于未消化的日粮氮、未被消化的微生物氮和内源氮,排泄量一般比较稳定^[30];尿氮排泄与反刍动物特殊的消化功能有关,研究表明,反刍动物饲粮中的大部分养分在瘤胃被分解消化,饲粮蛋白质被分解为肽、氨基酸和氨,一部分氨被瘤胃微生物利用合成微生物蛋白,另一部分则被瘤胃壁或后肠吸收,通过血液循环经门静脉进入动物肝脏转化为尿素,其中一部分被尿液排出体外,当蛋白质不足时,部分尿素重新进入血液循环到达唾液腺,随唾液重新进入瘤胃^[2]。因此,随着能氮比降低,饲粮氮浓度升高,多余的氮以尿素的形式通过尿液排出体外,导致尿液中的氮排泄量增加,而当尿液中尿素排出体外遇到粪便尿素酶时会转化为氨,导致尿总氮和氨氮的量显著增加。而尿氨氮容易挥发,且具有刺激性气味,尿氨氮排泄量的增加不但增加了氮的损失,还会导致圈舍内NH₃的浓度增加,影响动物健康。

3.2 不同能氮比全价颗粒饲粮对简州大耳羊粪便微生物区系的影响

16S rRNA高通量测序技术可以很好地揭示肉羊粪便微生物多样性。Shannon指数和Simpson指数可反映菌群的多样性,d组的Simpson指数最低,说明粪便菌群的多样性和均匀度低于前3组,这与PCA结果一致。本研究发现,拟杆菌门和厚壁菌门为试验羊主要优势菌门,这与魏子维等^[31]对雷州山羊及潘锋等^[32]对肉牛粪便微生物的研究结果一致。本研究结果显示,随着饲粮能氮比降低,d组的厚壁菌门相对丰度显著降低。研究表明,厚壁菌门主要与碳水化合物和蛋白质的吸收有关^[33],厚壁菌门相对丰度越高,可能越有利于饲粮蛋白质的消化吸收,其相对丰度降低不利于蛋白质的消化吸收。付敏等^[3]的研究表明在饲粮能氮比为0.43时,简州大耳羊生长性能最佳,能氮比为0.35时,生长性能下降。因此,饲粮能氮比可能会通过影响肉羊后肠菌群的相对丰度,进而影响生长性能。与此同时,本试验结果显示,当饲粮能氮比为0.35时,疣微菌门和放线菌门的相对丰度显著增加,而疣微菌门具有诱导和调节免疫的能力^[34],放线菌主要通过产生多种抗生素消灭致病菌群来保护宿主,部分放线菌还能分泌蛋白酶等帮助宿主消化分解饲粮营养物质^[35],由此推断,在能氮比降低到0.35时,肉羊后肠可能存在潜在的健康问题,诱导了机体产生免疫反应,同时分泌抗生素抵抗致病菌。研究表明,拟杆菌属能产生纤维素酶,提高动物对饲粮的消化吸收^[36],在属水平上,本研究最主要的优势菌是拟杆菌属,说明后肠仍然具有较多的待消化养分,需要微生物分泌更多酶帮助消化。本试验中,饲粮能氮比降为0.35时,艾克曼菌属的相对丰度显著提高,研究认为艾克曼菌可以改善肠道屏障功能、增厚黏膜层,其数量的增加有助于缓解炎症性肠病症状^[37],因此,饲粮能氮比过低可能增加了后肠的消化负担,可能导致后肠黏膜炎症。

4 结论

(1)饲粮能氮比对试验羊粪便和尿液排泄参数无显著影响。

(2)随着饲粮能氮比降低,粪便pH和尿氮排泄量显著提高。

(3)饲粮能氮比降低到0.35时,粪便菌群的多样性和相对丰度受到显著影响,粪便菌群的结构发生改变,不利于动物对养分消化吸收,进而影响动物肠

道健康。

参考文献:

- [1] 潘丽莎, 李军. 我国肉羊产业“十三五”时期发展回顾及“十四五”趋势展望[J]. 中国畜牧杂志, 2022, 58(1): 262–267. PAN L S, LI J. Review of the 13th five-year plan and outlook of the 14th five-year plan of meat goat and sheep industry in China[J]. *Chinese Journal of Animal Science*, 2022, 58(1): 262–267.
- [2] 李闯. 不同能氮水平日粮对放牧绵羊生产性能、消化代谢和瘤胃发酵参数的影响[D]. 武汉: 华中农业大学, 2016: 3–10. LI C. Effects of rations with different energy-nitrogen levels on productivity, digestion, metabolism and ruminal fermentation parameters of grazing sheep [D]. Wuhan: Huazhong Agricultural University, 2016: 3–10.
- [3] 付敏, 陈天宝, 赖靖雯, 等. 不同能氮比对舍饲简州大耳羊生长性能、血清生化指标及瘤胃发酵的影响[J]. 中国畜牧杂志, 2021, 57(12): 196–200. FU M, CHEN T B, LAI J W, et al. Effects of diets with different energy-to-nitrogen ratio on growth performance, serum biochemical index and rumen fermentation of growing-fattening Jianzhou Da'er goat[J]. *Chinese Journal of Animal Science*, 2021, 57(12): 196–200.
- [4] 张继伟, 高昆, 张英杰, 等. 日粮能氮比对燕山绒山羊生长性能及营养物质表观消化率的影响[J]. 中国农业科学, 2019, 52(1): 154–165. ZHANG J W, GAO K, ZHANG Y J, et al. Effects of diets with energy-to-estrogen ratios on growth performance and nutrients apparent digestibility in growing Yanshan cashmere goat[J]. *Scientia Agricultura Sinica*, 2019, 52(1): 154–165.
- [5] 柴贵宾, 李健云, 张微, 等. 不同能量蛋白水平对舍饲辽宁绒山羊产绒性能和营养物质代谢率的影响[J]. 中国畜牧杂志, 2011, 47(11): 29–33. CHAI G B, LI J Y, ZHANG W, et al. Effect of different energy and protein supplementation levels on cashmere performance and nutrients metabolic rate in Liaoning cashmere goats[J]. *Chinese Journal of Animal Science*, 2011, 47(11): 29–33.
- [6] 付敏, 陈天宝, 赖靖雯, 等. 饲粮能氮比对简州大耳羊生长性能及养分消化代谢的影响[J]. 中国畜牧兽医, 2022, 49(7): 2523–2533. FU M, CHEN T B, LAI J W, et al. Effects of dietary energy nitrogen ratios on growth performance, nutrient digestibility and metabolism of Jianzhou Da'er goats[J]. *China Animal Husbandry & Veterinary Medicine*, 2022, 49(7): 2523–2533.
- [7] 付敏, 陈天宝, 刘怡, 等. 四川典型养殖模式下肉牛粪污产排量及氮磷养分特性研究[J]. 家畜生态学报, 2022, 43(9): 80–87. FU M, CHEN T B, LIU Y, et al. Study on manure production and characteristics of nitrogen and phosphorus in feces of the cattle under typical breeding modes in Sichuan Province[J]. *Journal of Domestic Animal Ecology*, 2022, 43(9): 80–87.
- [8] BOUWMAN L, GOLDEWIJK K K, VAN DER HOEK K W, et al. Exploring global changes in nitrogen and phosphorus cycles in agriculture induced by livestock production over the 1900–2050 period[J]. *PNAS*, 2013, 110(52): 20882–20887.
- [9] American Society of Agricultural Engineers. Manure production and characteristics[M]. 51th Edition. St. Joseph, Mich.: ASABE, 2004: 666–669.
- [10] 杨硕, 丁莹, 娜仁花, 等. 季节对规模化羊场粪便污染特性的影响[J]. 家畜生态学报, 2017, 38(5): 60–65. YANG S, DING Y, NA R H, et al. Effect of seasons on feces discharge in large-scale sheep farms[J]. *Journal of Domestic Animal Ecology*, 2017, 38(5): 60–65.
- [11] 范景胜, 熊朝瑞, 郑水明, 等. 简阳大耳羊生长发育规律研究[J]. 四川畜牧兽医, 2012, 39(9): 31–32, 35. FAN J S, XIONG C R, ZHENG S M, et al. Research on the growth-development law of Jianyang Da'er goat[J]. *Sichuan Animal & Veterinary Science*, 2012, 39(9): 31–32, 35.
- [12] 刘洁. 肉用绵羊饲料代谢能与代谢蛋白预测模型的研究[D]. 北京: 中国农业科学院, 2012. LIU J. Study on prediction model of metabolic energy and metabolic protein in meat sheep feed[D]. Beijing: Chinese Academy of Agricultural Sciences, 2012.
- [13] 张丽英. 饲料分析及饲料质量检测技术[M]. 2版. 北京: 中国农业大学出版社, 2007. ZHANG L Y. Feed analysis and feed quality detection technology[M]. 2nd Edition. Beijing: China Agricultural University Press, 2007.
- [14] 吴国芝. 绵羊日粪便排泄量与体重和采食量的关系[J]. 甘肃畜牧兽医, 1990, 2(1): 10–11. WU G Z. Relationship between daily fecal excretion and body weight and feed intake of sheep[J]. *Gansu Animal Husbandry and Veterinary*, 1990, 2(1): 10–11.
- [15] GRIFFITH G W, OZKOE E, THEODOROU M K, et al. Diversity of anaerobic fungal populations in cattle revealed by selective enrichment culture using different carbon sources[J]. *Fungal Ecology*, 2009, 2(2): 87–97.
- [16] 李丹阳, 马若男, 亓传仁, 等. 含水率对羊粪堆肥腐熟度及污染气体排放的影响[J]. 农业工程学报, 2020, 36(20): 254–262. LI D Y, MA R N, QI C R, et al. Effects of moisture content on maturity and pollution gas emissions during sheep manure composting[J]. *Transactions of the Chinese Society of Agricultural Engineering*, 2020, 36(20): 254–262.
- [17] 李书田, 刘荣乐, 陕红. 我国主要畜禽粪便养分含量及变化分析[J]. 农业环境科学学报, 2009, 28(1): 179–184. LI S T, LIU R L, SHAN H. Nutrient contents in main animal manures in China[J]. *Journal of Agro-Environment Science*, 2009, 28(1): 179–184.
- [18] 李丹阳, 王娟, 袁京, 等. 不同饲养方式下的羊产排污系数对比研究[J]. 农业环境科学学报, 2023, 42(3): 672–681. LI D Y, WANG J, YUAN J, et al. Comparative study of pollutant production and the discharge coefficient of sheep under different feeding methods[J]. *Journal of Agro-Environment Science*, 2023, 42(3): 672–681.
- [19] 宋大利, 侯胜鹏, 王秀斌, 等. 中国畜禽粪尿中养分资源数量及利用潜力[J]. 植物营养与肥料学报, 2018, 24(5): 1131–1148. SONG D L, HOU S P, WANG X B, et al. Nutrient resource quantity of animal manure and its utilization potential in China[J]. *Journal of Plant Nutrition and Fertilizers*, 2018, 24(5): 1131–1148.
- [20] 李文娟, 刁其玉. 肉羊日粮干物质采食量及其影响因素的研究进展[J]. 中国畜牧兽医文摘, 2016, 32(12): 95–98. LI W J, DIAO Q Y. Research progress of dry matter intake and its influencing factors in diet of mutton sheep[J]. *Zhongguo Xumu Shouyi Wenzhai*, 2016, 32(12): 95–98.
- [21] 郭璇, 卞欣欣, 蒲雪松, 等. 饲喂棉籽壳对哈萨克羊饮水量、排尿

- 量、排粪量及相关指标的影响[J].新疆农业大学学报,2009,32(3):42-44. GUO X, BIAN X X, PU X S, et al. Effect of different cotton seed hull contents on drinking, urination, excretion and other parameters of Kazak sheep[J]. *Journal of Xinjiang Agricultural University*, 2009, 32(3):42-44.
- [22] 林萌萌, 郑爱华, 刘玉, 等. 青贮杂交构树替代蛋白饲料对肉羊粪污排放和表观消化率的影响[J]. 中国草食动物科学, 2018, 38(6): 33-35. LIN M M, ZHENG A H, LIU Y, et al. Effect of silage cross-bred *Broussonetia papyrifera* as protein feed replacer on manure discharge and apparent digestibility in mutton sheep[J]. *China Herbivore Science*, 2018, 38(6):33-35.
- [23] 姜新有,王晓东,周江明,等. 初始pH值对畜禽粪便和菌渣混合高温堆肥的影响[J].浙江农业学报,2016,28(9):1595-1602. JIANG X Y, WANG X D, ZHOU J M, et al. Effects of initial pH values on maturity and nitrogen loss during co-composting of pig manure and edible fungus residue[J]. *Acta Agriculturae Zhejiangensis*, 2016, 28(9): 1595-1602.
- [24] 宋敏,王超普,崔艺燕,等. 桑叶提取物对断奶仔猪粪便中主要微生物数量和臭气物质生成的影响[J]. 动物营养学报, 2023, 35(2): 823-833. SONG M, WANG C P, CUI Y Y, et al. Effects of mulberry leaf extract on number of main microbes and production of odorous substances in feces of weaned piglets[J]. *Chinese Journal of Animal Nutrition*, 2023, 35(2):823-833.
- [25] 谭莉,袁栎,张云兵,等. 不同类型芽孢杆菌制剂对肉鸡生长性能和排泄物氨逸失的影响[J]. 动物营养学报, 2012, 24(5):877-885. TAN L, YUAN D, ZHANG Y B, et al. Different bacillus probiotics affect growth performance and ammonia emission from excreta of broilers[J]. *Chinese Journal of Animal Nutrition*, 2012, 24(5):877-885.
- [26] 郝俊玺,王加启,李长皓,等. 日粮添加维吉尼亚霉素对肉牛瘤胃发酵及粪便pH的影响[J]. 中国畜牧兽医, 2008(5):5-8. HAO J X, WANG J Q, LI C H, et al. The effect of dietary virginiamycin supplementation on rumen fermentation and feces pH of beef cattle[J]. *China Animal Husbandry & Veterinary Medicine*, 2008(5):5-8.
- [27] 牛晓麟,张智安,李飞,等. 日粮粗蛋白质水平对育肥湖羊生产性能、消化代谢及血清参数的影响[J]. 草业科学, 2020, 37(9):1871-1879. NIU X L, ZHANG Z A, LI F, et al. Effects of diet crude protein level on the production performance, nutrient digestion, and serum parameters of finishing Hu sheep[J]. *Pratacultural Science*, 2020, 37(9):1871-1879.
- [28] 樊艳华,孙海洲,桑丹,等. 不同日粮氮水平对山羊氮代谢和微生物蛋白质合成的影响[J]. 中国畜牧杂志, 2015, 51(1): 28-32. FAN Y H, SUN H Z, SANG D, et al. Effects of dairy crude protein levels on nitrogen metabolism and microbial protein synthesis in growing inner mongolia white cashmere goats[J]. *Chinese Journal of Animal Science*, 2015, 51(1):28-32.
- [29] MARINI J C, KLEIN J D, SANDS J M, et al. Effect of nitrogen intake on nitrogen recycling and urea transporter abundance in lambs[J]. *Journal of Animal Science*, 2004, 82(4):1157-1164.
- [30] CASTILLO A R, KEBREAB E, BEEVER D E, et al. A review of efficiency of nitrogen utilisation in lactating dairy cows and its relationship with environmental pollution[J]. *Journal of Animal and Feed Sciences*, 2000, 9(1):1-32.
- [31] 魏子维,池宙,邓铭,等. 饲粮精料和丙酸铬水平对雷州山羊生长性能、粪便发酵参数和微生物区系的影响[J]. 动物营养学报, 2021, 33(10): 5781-5793. WEI Z W, CHI Z, DENG M, et al. Effects of dietary concentrate and chromium propionate levels on growth performance, fecal fermentation parameters and microflora of Leizhou goats[J]. *Journal of Animal Nutrition*, 2021, 33(10):5781-5793.
- [32] 潘锋,孙光明,田刚,等. 酵母培养物和糖蜜对肉牛生长性能、营养物质表观消化率和粪便微生物区系组成的影响[J]. 动物营养学报, 2022, 32(2):1040-1049. PAN F, SUN G M, TIAN G, et al. Effects of yeast culture and molasses on growth performance, apparent digestibility of nutrients and fecal microflora composition of beef cattle [J]. *Journal of Animal Nutrition*, 2022, 32(2):1040-1049.
- [33] GRUNINGER R J, SENSEN C W, MCALLISTER T A, et al. Diversity of rumen bacteria in Canadian cervids[J]. *PLoS One*, 2014, 9 (2) : e89682.
- [34] LINDBERG F, KRYCH L, FIELDEN J, et al. Expression of immune regulatory genes correlate with the abundance of specific Clos-tridiales and Verrucomicrobia species in the equine ileum and cecum [J]. *Scientific reports*, 2019, 9(1):1-10.
- [35] QI M, CAO Z, SHANG P, et al. Comparative analysis of fecal microbiota composition diversity in Tibetan piglets suffering from diarrheagenic Escherichia coli (DEC)[J]. *Microbial Pathogenesis*, 2021, 158: 105106.
- [36] 薛帅帅,李亚飞,李可瑶,等. 饲粮中添加布拉迪酵母对安格斯犊牛生长性能、血清免疫指标及粪便微生物区系的影响[J]. 动物营养学报, 2022, 34(6):3743-3757. XUE S S, LI Y F, LI K Y, et al. Effects of dietary supplementation of *Saccharomyces boulardii* on growth performance, serum immune indexes and fecal microflora of angus calves[J]. *Journal of Animal Nutrition*, 2022, 34 (6) : 3743-3757.
- [37] CLARA B, WILLEM M V. Microbes inside: from diversity to function: the case of *Akkermansia*[J]. *The ISME Journal*, 2012, 6 (8) : 1449-1458.