

# 益生菌对苏尼特羊胃肠道菌群、代谢物及肉品质的影响

杜瑞<sup>1</sup>, 靳焱<sup>1</sup>, 王柏辉<sup>1</sup>, 罗玉龙<sup>1</sup>, 宝勒格<sup>2</sup>, 赵丽华<sup>1</sup>, 苏琳<sup>1,\*</sup>

(1 内蒙古农业大学食品科学与工程学院, 内蒙古 呼和浩特 010018

2 内蒙古巴彦淖尔市乌拉特中旗农牧和科技局, 内蒙古 巴彦淖尔 015300)

**摘要:** 试验选取 3 月龄的苏尼特羊 12 只 (体重  $16.72 \pm 1.32$  kg) 随机分为对照组 (基础饲粮, 6 只) 和益生菌组 (基础饲粮 +  $1.50 \times 10^9$  cfu/g 复合益生菌, 6 只) 进行 90 天的饲养实验, 屠宰后测定肉羊胃肠道菌群、代谢物、血脂指标及肉品质。结果表明: 益生菌组的胃肠道菌群结构发生变化, 益生菌组瘤胃菌群中拟杆菌门 (*Bacteroidetes*)、拟杆菌属 (*p-Bacteroides*) 和 *f-Bacteroidales-BS11-gut-group* 的丰度显著高于对照组 ( $P < 0.05$ ); 益生菌组肠道菌群中毛螺菌 (*f-Lachnospiraceae*) 和 *Ruminococcaceae-UCG-002* 的丰度显著高于对照组 ( $P < 0.05$ ); 益生菌组胃肠道代谢物的丁酸和丙酸均低于对照组 ( $P < 0.05$ ), 益生菌组血液中的 HDL-C 浓度显著高于对照组 ( $P < 0.05$ ), LDL-C 浓度显著低于对照组 ( $P < 0.05$ ), 益生菌组羊肉的 pH<sub>24</sub> 和剪切力值显著低于对照组 ( $P < 0.05$ ), 而 *a\** 值显著高于对照组 ( $P < 0.05$ ); 通过相关性分析可知, 瘤胃菌群中的拟杆菌门与乙酸、丙酸呈显著正相关 ( $P < 0.05$ ), 肠道菌群的 *Ruminococcaceae-UCG-002* 与异丁酸、异戊酸呈显著正相关 ( $P < 0.05$ ), 瘤胃菌群的普雷沃菌属-1 (*Prevotella-1*) 与 HDL-C 呈极显著负相关 ( $P < 0.01$ ); 瘤胃菌群的厚壁菌门 (*Firmicutes*) 与蒸煮损失呈极显著负相关 ( $P < 0.01$ ), 肠道菌群的厚壁菌门与 *a\** 呈显著正相关 ( $P < 0.05$ )。整体上饲粮中添加益生菌能调整肉羊胃肠道菌群的结构, 改变代谢物和血脂指标, 进而改善羊肉品质。

**关键词:** 苏尼特羊; 胃肠道菌群; 代谢物; 血脂指标; 肉品质

Effect of probiotics on gastrointestinal flora, metabolites, and meat quality in Sunit lamb

DU Rui<sup>1</sup>, JIN Ye<sup>1</sup>, WANG Bo-hui<sup>1</sup>, LUO Yu-Long<sup>1</sup>, BAO Le-ge<sup>2</sup>, Zhao Li-hua<sup>1</sup>, SU Lin<sup>1,\*</sup>

(1. College of Food Science and Engineering, Inner Mongolia Agricultural University, Hohhot 010018, China

2. Agriculture, Animal Husbandry and Science and Technology Bureau of Urat Central Banne, Bayannaoer 015300, China)

**Abstract:** The aim of this study was to investigate the effect of probiotics on the abundance of rumen and intestinal flora, metabolites, plasma lipid parameters and meat quality in 12 Sunit lambs of 3 months randomly dividing into control group (basal diet, 6 lambs) and probiotics group (basal diet +  $1.50 \times 10^9$  cfu/g compound probiotics, 6 lambs) for 90 days. The results showed that the structure of rumen and intestinal flora changed in probiotics group. The abundance of *Bacteroidetes*, *p-Bacteroides* and *f-Bacteroidales-BS11-gut-group* in rumen flora of probiotics group were significantly higher than control group ( $P < 0.05$ ); The abundance of *f-Lachnospiraceae* and *Ruminococcaceae-UCG-002* in intestinal flora of probiotics group were significantly higher than control group ( $P < 0.05$ ). The butyric acid and propionic acid of gastrointestinal metabolites in probiotics group were significantly higher than control group ( $P < 0.05$ ); The plasma concentrations of HDL-C in probiotics group was significantly higher than control group ( $P < 0.05$ ), while the concentrations of LDL-C was significantly lower than control group ( $P < 0.05$ ), the pH<sub>24</sub> value and shear force of lamb meat in probiotics group were significantly lower than control group ( $P < 0.05$ ), and *a\** value was significantly higher than control group ( $P < 0.05$ ). Correlation analysis showed that the abundance of *Bacteroidetes* in rumen flora were positively correlated with

基金项目: “十三五”国家重点研发计划重点专项 (2016YFE0106200); 国家自然科学基金地区科学基金项目 (31660439); 内蒙古自治区自然科学基金面上项目 (2018MS03050)

作者简介: 杜瑞 (1994—), 女, 硕士研究生, 研究方向为畜产品加工。E-mail: 513174575@qq.com

通信作者: 苏琳 (1978—), 女, 副教授, 博士, 研究方向为食品科学。E-mail: sulin820911@163.com

acetic acid and propionic acid ( $P < 0.05$ ); *Ruminococcaceae-UCG-002* in intestinal flora was positively correlated with isobutyric acid and isovaleric acid ( $P < 0.05$ ); *Prevotella-1* in rumen flora was positively correlated with HDL-C ( $P < 0.05$ ), and Firmicutes in rumen flora was negatively correlated with cooking loss ( $P < 0.01$ ), Firmicutes in intestinal flora was positively correlated with a\* value ( $P < 0.05$ ). This study concluded that adding probiotics in diet can change rumen and intestinal flora, metabolites and plasma lipid parameters to improve meat quality.

**Keywords:** Sunit lamb; rumen and intestinal flora; metabolites; plasma lipid parameters; meat quality

中图分类号: TS251.1 文献标志码: A

**DOI:** 10.7506/spkx1002-6630-20190714-181

苏尼特羊是内蒙古独特的优良羊种,具有育肥能力强、脂肪率低、抗病性强、遗传性能稳定等优点,在我国得到了广泛的推广<sup>[1]</sup>。苏尼特羊的优良特性不仅与遗传基因有关,还与肠道中的微生物有关。目前,羊肉生产中存在抗生素滥用的现象,因此寻找安全、高效的绿色添加剂替代抗生素是畜牧业的研究热点之一,而益生菌有着安全、高效、低成本的特点,可作为抗生素潜在的替代品,其中嗜酸乳杆菌、链球菌、干酪乳杆菌和植物乳杆菌,能在宿主的消化系统中定植,改善菌群结构,抑制病原微生物,提高畜禽的产肉性能,因此添加益生菌可有效调节畜禽的胃肠道菌群,并在改善肉用品质方面有着巨大的潜力<sup>[2,3]</sup>。国内外的一些学者已经报道了益生菌改善畜禽肉品质的研究,Wang等人将乳杆菌加入到肉鸡的饲料中,发现鸡肠道中的菌群多样性增加,肉中的脂肪沉积降低,鸡的生长性能得到改善<sup>[4]</sup>。张天阳和赵秀英等人给猪饲喂乳酸菌发现,乳酸菌能改善猪的肠道菌群结构,改变厚壁菌门与拟杆菌门的比例,改善肉的风味及嫩度<sup>[5,6]</sup>。Herdian在绵羊饲料中添加益生菌,发现羊肉品质得到明显的改善,肉的保水性提高,且胆固醇含量降低<sup>[7]</sup>。Li等人将复合植物乳杆菌(*Lactobacillus plantarum*)和发酵乳杆菌(*Lactobacillus fermentum*)加入高脂小鼠的饲料中,发现小鼠的肠道菌群发生改变,其中双歧杆菌(*Bifidobacterium*)的数量增加,大肠杆菌(*Enterobacterium*)的数量降低<sup>[8]</sup>。

胃肠道微生物群是一个信号枢纽,它可将饮食等环境输入与影响宿主新陈代谢、免疫和感染反应的遗传和免疫信号结合起来,在饲料中加入益生菌有助于在胃肠道中建立和维持合适的微生物区系<sup>[9-10]</sup>。因此,本试验通过饲料中添加复合益生菌(植物乳杆菌和干酪乳杆菌)研究其对肉羊胃肠道菌群,代谢物及肉品质的影响,以期改善舍饲羊的肉品质,并为益生菌在肉羊产业中的应用提供理论依据。

## 1 材料与方法

### 1.1 试验动物

在内蒙古巴彦淖尔市乌拉特中旗川井苏木哈拉图嘎查顺遂农牧专业合作社,选取3月龄的苏尼特羊12只( $16.72 \pm 1.32$  kg)分为对照组和益生菌组,经过7天的预饲期后,进行90天的饲喂试验。对照组饲喂基础饲料,饲料成分为青贮饲料(8 kg)、葵花饼(5 kg)和育肥饲料(10 kg),并且每月依次增加青贮饲料8 kg、葵花饼5 kg和育肥饲料1 kg;益生菌组则在基础饲料中加入60 g复合乳酸菌( $1.50 \times 10^9$  cfu/g复合益生菌);该动物程序由内蒙古农业大学动物保护和使用委员会批准,并按照科技部“实验动物指南”执行,该研究不涉及任何濒危或受保护物种。

肉羊屠宰放血后采集背最长肌取500 g用于羊肉品质分析;从直肠中收集粪便样品置于50 mL无菌离心管中用于肠道微生物分析。取四层纱布过滤瘤胃内容物,收集瘤胃液于2 mL无菌无酶冻存管中,粪便和瘤胃液样品均液氮运输,并保存在-80 °C冰箱待测。

### 1.2 试验试剂

甘油三酯(triglyceride, TG)测定试剂盒、总胆固醇(total cholesterol, TC)测定试剂盒、高密度脂蛋白胆固醇(high density lipoprotein cholesterol, HDL-C)测定试剂盒、低密度脂蛋白胆固醇(low density lipoprotein cholesterol, LDL-C)测定试剂盒 南京建成生物工程研究所;乳酸菌(植物乳杆菌 *Lactobacillus plantarum* HM-10, 干酪乳杆菌(*Lactobacillus casei* HM-09)内蒙古和美科盛生物技术有限公司的乳安邦复合微生态制剂。

### 1.3 仪器与设备

胴体直测型 pH 计 北京奥依克光电仪器有限公司; CL-M 嫩度仪 东北农业大学工程学院; TC-P2A 全自动色差计 北京奥依克光电仪器有限公司; GRX-9053A 型热空气干燥箱 上海一恒科技有限公司; Eppendorf 5424R 高速台式冷冻离心机 Eppendorf 公司; NanoDrop2000 超微量分光光度计 Thermo Fisher Scientific 公司。

### 1.4 试验方法

#### 1.4.1 胃肠道微生物菌群的测定

##### 1.4.1.1 总 DNA 提取

采用 QIAamp DNA Stool Mini Kit 试剂盒提取细菌总 DNA, 用核酸浓度测定仪测定总 DNA 浓度, 于  $-20^{\circ}\text{C}$  保存备用。

##### 1.4.1.2 菌群 Illumina MiSeq 测序

选取 16S rDNA 的 V4-V5 区序列进行高通量测序分析。进一步对目的 PCR 产物进行文库构建, 在 Illumina MiSeq 平台上完成测序。本试验由上海美吉生物医药科技有限公司完成。

##### 1.4.1.3 生物信息学分析

使用 QIIME 分析平台开展序列的生物信息学分析<sup>[11-12]</sup>。PyNAST 校准排齐序列, 以 100% 相似性进行 UCLUST 归并从而建立无重复的 926R→515F 序列集。采用两步 UCLUST 归并, 在 100% 相似性归并的基础上进一步进行 97% 相似性的归并, 从而建立分类操作单元 (Operational Taxonomic Units, OTUs)。通过 Chimera Slayer 检测充分去除属于嵌合体的 OTU。将 OTU 代表性序列通过 RDP 和 Greengenes (Release13.8) 数据库进行同源性比对, 整合两个数据库的比对结果, 确定每个 OTU 最终分类学地位<sup>[13]</sup>。对样品进行 VENN 和 PCoA 分析。Alpha 多样性计算对样品菌群构成的丰度和多样性进行评价。

#### 1.4.2 血脂指标测定

采用分光光度法, 根据南京建成提供的测定试剂盒的使用说明书测定血液中甘油三酯 (TG)、总胆固醇 (TC)、高密度脂蛋白 (HDL-C) 和低密度脂蛋白 (LDL-C) 的含量。

#### 1.4.3 短链脂肪酸测定

##### 1.4.3.1 短链脂肪酸标准曲线的绘制

取短链脂肪酸标准品 (纯度为 99%) 1 mL 用甲醇定容至 10 mL 容量瓶中, 依次稀释为 6 个梯度 ( $10^{-1}$ 、 $10^{-2}$ 、 $10^{-3}$ 、 $10^{-4}$ 、 $10^{-5}$ 、 $10^{-6}$ )。

##### 1.4.3.2 短链脂肪酸的提取

称取粪便 (0.1-0.2 g) 与 2 mL 冰生理盐水, 1 mL 50% 的硫酸溶液漩涡混匀后离心 ( $10\ 000\ \text{r/min}$ , 5 min), 再加入 2 mL 乙醚充分混匀并离心 ( $10\ 000\ \text{r/min}$ , 5 min), 静止后取上清液, 用  $0.22\ \mu\text{m}$  有机滤膜过滤后保存待用。

##### 1.4.3.3 气相色谱-质谱条件

气相色谱条件: TR-5 色谱柱 ( $30\ \text{m}\times 0.25\ \text{mm}$ ,  $0.25\ \mu\text{m}$ ), 载气流速  $1.2\ \text{mL/min}$ , 进样口温度  $250^{\circ}\text{C}$ 。程序升温为: 初始温度为  $100^{\circ}\text{C}$ , 保持 0.5 min, 以  $8^{\circ}\text{C/min}$  升至  $180^{\circ}\text{C}$ , 保持 1 min; 再以  $20^{\circ}\text{C/min}$  升至  $200^{\circ}\text{C}$ , 保持 5 min。进样量为  $1\ \mu\text{L}$ , 分流比 10:1。

质谱条件: 离子源温度  $250^{\circ}\text{C}$ , 传输线温度  $250^{\circ}\text{C}$ , 质量扫描范围  $m/z\ 40-450$ 。

#### 1.4.4 羊肉品质测定

肉品质测定参照罗玉龙等人的方法, 包括肉色、pH 值、嫩度和熟肉率<sup>[14]</sup>。

##### 1.4.4.1 pH 测定

肉羊屠宰后, 使用胴体直插式 pH 计分别测定背最长肌的 pH 值, 分别测定宰后 45min 和 24h 的 pH 值, 记作  $\text{pH}_0$  和  $\text{pH}_{24}$ 。

##### 1.4.4.2 色泽测定

将肌肉切成 3 cm×3 cm×1 cm 的肉块，用 TC-P2A 全自动色差计测定肌肉色差。L\*值表示亮度；a\*值表示红色；b\*值表示黄度。

1.4.4.3 嫩度测定

沿羊肉的肌纤维方向进行取样，肉样排酸 24 h 后，于水浴锅中 75 °C 蒸煮 45 min，取出室温冷却后用滤纸擦干表面水分，沿肌纤维方向将其切成 3 cm×1 cm×1 cm 形状的肉条，用嫩度仪测定剪切力值。

1.4.4.4 熟肉率测定

取 50g 左右的肉样记录煮前质量（m<sub>1</sub>），然后在水浴锅中 85 °C 煮制 40 min，室温冷却后，擦干表面水分，记录煮后质量（m<sub>2</sub>），按照下式计算熟肉率。

熟肉率（%）= (m<sub>2</sub>/m<sub>1</sub>)×100

1.5 结果分析

数据用 SPSS 19.0 统计软件进行单因素方差分析和相关性分析（Pearson 系数），采用 Origin8.0 和 Excel2010 软件作图。

2 结果与分析

2.1 益生菌对苏尼特羊胃肠道菌群组成的影响

胃肠道微生物是“第二基因组”，在调节宿主代谢、营养和免疫中扮演着重要角色，而胃肠道菌群失调会引起一系列疾病。通过高通量测序技术对两组羊瘤胃和粪便样品进行测序分析可知，门水平上，胃肠道菌群以拟杆菌门和厚壁菌门为主；在属水平上，测序结果中丰度大于 1% 的主要包括拟杆菌属、普雷沃菌属和瘤胃球菌属等。

2.1.1 益生菌对瘤胃菌群组成的影响

表 1 益生菌对苏尼特羊瘤胃微生物相对丰度的影响（%）

Table 1 Effect of probiotic on the abundance of rumen flora of Sunit lamb（%）			
分类	菌	对照组	益生菌组
门	拟杆菌门（Bacteroidetes）	42.92±20.97 <sup>b</sup>	61.66±9.64 <sup>a</sup>
	厚壁菌门（Firmicutes）	48.03±19.12 <sup>a</sup>	31.38±8.68 <sup>b</sup>
	变形菌门（Proteobacteria）	4.58±7.33	1.32±0.92
	普雷沃菌属-1（Prevotella-1）	26.28±13.66	32.98±10.41
	瘤胃球菌属-1（Ruminococcus-1）	12.11±15.96 <sup>a</sup>	1.13±0.43 <sup>b</sup>
属	Erysipelotrichaceae-UCG-004	0.93±2.05 <sup>b</sup>	2.26±2.27 <sup>a</sup>
	Saccharofermentans	0.45±0.46 <sup>b</sup>	2.07±1.44 <sup>a</sup>
	月形单胞菌属-1（Selenomonas-1）	1.80±1.34 <sup>a</sup>	0.58±1.07 <sup>b</sup>
	密螺旋体属-2（Treponema-2）	0.46±0.32 <sup>b</sup>	1.23±0.97 <sup>a</sup>
	f-Bacteroidales-BS11-gut-group	1.95±1.82 <sup>b</sup>	4.41±2.93 <sup>a</sup>
	拟杆菌属（p-Bacteroidetes）	0.52±0.39 <sup>b</sup>	4.41±4.94 <sup>a</sup>

注：同行肩标小写字母不同表示差异显著（P<0.05）；下同。

表 1 中呈现了苏尼特羊瘤胃中门和属水平上相对丰度较高的瘤胃微生物。在门水平上共检测到 25 种细菌微生物，主要包括厚壁菌门（Firmicutes）、拟杆菌门（Bacteroidetes）和变形菌门（Proteobacteria），这与 Thoetkiattikul 等人研究结果一致<sup>[15]</sup>。其中益生菌组中拟杆菌门的相对丰度显著高于对照组（P<0.05），厚壁菌门的相对丰度显著低于对照组（P<0.05），而变形菌门没有显著差异（P>0.05）。厚壁菌门和拟杆菌门均有助于宿主代谢，调节脂质代谢，从而提升能量效率，其中拟杆菌门是促进动物利用碳水化合物的优势菌群，而厚壁菌门是促进动物胃肠道微生物分解纤维素的优势菌群<sup>[16-17]</sup>。在本实验的结果中，瘤胃中的菌群结构发生变化，这可能与益生菌进入动物瘤胃后，拟杆菌门的数量增高，厚壁菌门的

数量降低，厚壁菌门与拟杆菌门的比例改变，能抑制有害菌的生长，维持肠道菌群结构的稳态有关<sup>[18]</sup>。研究发现，厚壁菌门与拟杆菌门的比值降低，有利于改善畜禽肉的风味<sup>[19]</sup>。

在属水平上共检测到 489 种细菌微生物，苏尼特羊瘤胃中主要包括的微生物（相对丰度大于 1%）：普雷沃菌属-1（*Prevotella-1*）、瘤胃球菌属-1（*Ruminococcus-1*）、*Erysipelotrichaceae-UCG-004*、*Saccharofermentans* 和拟杆菌属（*p-Bacteroidetes*）等。在表 1 中，益生菌组中 *f-Bacteroidales-BS11-gut-group*（ $P<0.05$ ）、拟杆菌属（ $P<0.05$ ）、*Erysipelotrichaceae-UCG-004*（ $P<0.05$ ）、密螺旋体属-2（*Treponema-2*）（ $P<0.05$ ）和 *Saccharofermentans*（ $P<0.01$ ）的相对丰度显著高于对照组，而月形单胞菌属-1（*Selenomonas-1*）（ $P<0.05$ ）和瘤胃球菌属（ $P<0.05$ ）的相对丰度显著低于对照组。拟杆菌属（*Bacteroides*）在帮助宿主分解多糖用于提高营养利用率、加快肠黏膜的血管形成、免疫系统发育及提高宿主的免疫力、维持肠道微生态平衡等方面有着重要作用，在饲料中添加益生菌能提高拟杆菌属的数量<sup>[20-22]</sup>。对照组羊瘤胃中分布着大量的瘤胃球菌，能促进瘤胃中不饱和脂肪酸的生物氢化，这不利于不饱和脂肪酸在肉中的沉积。整体上，添加益生菌可以增加羊瘤胃中拟杆菌属和部分瘤胃球菌属的数量，改善瘤胃菌群结构，这对机体多糖等营养物质及纤维素酶分解有益<sup>[23]</sup>。

#### 2.1.2 益生菌对肠道菌群组成的影响

表 2 益生菌对苏尼特羊肠道微生物相对丰度的影响（%）

Table 2 Effect of probiotic on the abundance of intestinal flora of Sunit lamb（%）

分类	菌	对照组	益生菌组
门	拟杆菌门（ <i>Bacteroidetes</i> ）	33.67±6.89	31.83±9.57
	厚壁菌门（ <i>Firmicutes</i> ）	50.39±4.38	46.86±8.34
	变形菌门（ <i>Proteobacteria</i> ）	5.83±5.44	4.89±1.45
属	<i>Ruminococcaceae-UCG-002</i>	2.14±1.20 <sup>b</sup>	3.42±1.22 <sup>a</sup>
	<i>Ruminococcaceae-UCG-010</i>	7.85±2.59 <sup>a</sup>	3.84±1.34 <sup>b</sup>
	<i>Ruminococcaceae-UCG-013</i>	5.76±2.18 <sup>a</sup>	1.29±0.75 <sup>b</sup>
	毛螺菌（ <i>f-Lachnospiraceae</i> ）	3.35±1.23 <sup>b</sup>	7.19±2.68 <sup>a</sup>

肠道微生物的组成与多样性有助于维持肌肉的正常生长和代谢<sup>[24]</sup>。表 2 中呈现了苏尼特羊肠道中门和属水平上相对丰度较高的微生物。在门水平上，苏尼特羊肠道中共检测到 17 种细菌微生物，优势菌门为厚壁菌门（*Firmicutes*）、拟杆菌门（*Bacteroidetes*）和变形菌门（*Proteobacteria*），这些微生物能够有效降解纤维、提高碳水化合物的利用率，进而促进消化，这与瘤胃中的主要微生物呈现一致性，但对照组和益生菌组中的肠道微生物数量不显著（ $P>0.05$ ）。相比于瘤胃，益生菌组肠道中的拟杆菌门数量下降，而厚壁菌门数量增加，和对照组比较接近，说明益生菌对肠道菌群的影响低于瘤胃。

在属水平上共检测到种 249 细菌微生物。苏尼特羊肠道中主要包括的微生物（相对丰度大于 1%）：*Ruminococcaceae-UCG-002*、*Ruminococcaceae-UCG-010*、*Ruminococcaceae-UCG-013* 和毛螺菌（*f-Lachnospiraceae*）等，这些优势菌不仅能维持肠道的健康稳定水平，而且还能参与剩余营养物质的消化吸收，防止养分的流失。益生菌组中毛螺菌（ $P<0.05$ ）和 *Ruminococcaceae-UCG-002*（ $P<0.05$ ）的相对丰度显著高于对照组，而 *Ruminococcaceae-UCG-010*（ $P<0.05$ ）和 *Ruminococcaceae-UCG-013*（ $P<0.05$ ）的相对丰度显著低于对照组。Zhang 等人研究绵羊的肠道菌群发现，菌群的优势菌属为拟杆菌属（*Bacteroides*），瘤胃球菌属（*Ruminococcus*），乳酸菌属（*Lactobacillus*）和梭菌属（*Clostridium*），并且随着肠道的后移（从空肠，盲肠到直肠）乳酸菌属减少，拟杆菌属逐渐增多，这使得乳酸菌属对肠道菌群的影响减少<sup>[25]</sup>。

#### 2.2.1 益生菌对瘤胃微生物代谢物的影响

表 3 益生菌对苏尼特羊瘤胃微生物代谢物含量的影响（μg/g）

Table 3 Effect of probiotic on the contents of rumen short chain fatty acids of Sunit lamb（μg/g）

短链脂肪酸	对照组	益生菌组
乙酸	34.83±3.24	36.92±5.79

丙酸	29.39±6.92 <sup>a</sup>	21.74±6.94 <sup>b</sup>
异丁酸	2.97±0.95 <sup>b</sup>	5.80±2.17 <sup>a</sup>
丁酸	21.85±6.37 <sup>a</sup>	17.60±3.27 <sup>b</sup>
异戊酸	7.22±2.78 <sup>b</sup>	13.81±5.95 <sup>a</sup>
戊酸	3.75±0.52	4.12±1.19

由表 3 可知，益生菌对苏尼特羊瘤胃微生物的代谢物有显著影响。益生菌组的丙酸和丁酸含量显著低于对照组（ $P<0.05$ ），而异丁酸和异戊酸含量显著高于对照组（ $P<0.05$ ），乙酸和戊酸在两组之间没有显著差异（ $P>0.05$ ）。动物摄食后先进入瘤胃消化，瘤胃微生物参与大部分的代谢，代谢产物主要有短链脂肪酸，包括乙酸、丙酸、丁酸、戊酸和异戊酸等。短链脂肪酸可作为主要的能源物质，为脂肪代谢、蛋白质代谢和碳水化合物代谢等提供能量<sup>[26]</sup>。

### 2.2.2 益生菌对肠道微生物代谢物的影响

表 4 益生菌对肠道微生物代谢物含量的影响（ $\mu\text{g/g}$ ）

Table 4 Effect of probiotic on the contents of intestinal short chain fatty acids of Sunit lamb（ $\mu\text{g/g}$ ）

短链脂肪酸	对照组	益生菌组
乙酸	46.39±6.97	51.37±8.83
丙酸	14.34±1.79	15.68±4.19
异丁酸	4.48±0.93 <sup>a</sup>	1.86±1.21 <sup>b</sup>
丁酸	13.89±2.64 <sup>a</sup>	8.29±2.44 <sup>b</sup>
异戊酸	14.95±5.42	19.16±8.40
戊酸	5.97±2.11 <sup>a</sup>	3.64±1.00 <sup>b</sup>

肠道菌群能分解营养物质，并代谢产生一些代谢产物，包括短链脂肪酸、多不饱和脂肪酸和胆汁酸等，其中短链脂肪酸既可作为后肠的能量物质，又可以维持肠道屏障功能和调节肠道动力。由表 4 可知，在苏尼特羊肠道微生物代谢物中，益生菌组的丁酸、异丁酸和戊酸含量显著低于对照组（ $P<0.05$ ），异戊酸含量显著高于对照组（ $P<0.05$ ），而乙酸、丙酸和异戊酸在两组之间没有显著差异（ $P>0.05$ ）。丙酸等 SCFAs 可通过影响糖代谢参与机体的能量代谢，影响肌肉的生长发育。Walsh 研究发现，丁酸能增加肌肉的质量及活性氧和线粒体水平，抑制肌肉萎缩<sup>[27]</sup>。异丁酸主要来源于微生物对未消化蛋白质的发酵，其浓度高低可反映肠道中未消化蛋白量，益生菌组中的异丁酸浓度低，说明乳酸菌能促进苏尼特羊对蛋白质的消化，因而肠道中未消化的蛋白质相对较少。总之，饲料中加入益生菌能够调节肠道菌群的数量，进而改变的菌群代谢物，并最终影响肌肉的生长和功能。

### 2.3 益生菌对苏尼特羊血脂指标的影响

表 5 益生菌对血脂指标的影响

Table 5 Effect of probiotic on plasma lipid parameters of Sunit lamb

指标（mmol/L）	对照组	益生菌组
甘油三脂（TG）	2.89±1.06	2.67±1.08
总胆固醇（TC）	6.45±2.44	8.65±3.21
高密度脂蛋白胆固醇（HDL-C）	2.37±0.45 <sup>b</sup>	4.97±1.74 <sup>a</sup>
低密度脂蛋白胆固醇（LDL-C）	4.14±1.34 <sup>a</sup>	2.05±1.11 <sup>b</sup>

血液生化指标能反映动物脂肪代谢和能量的利用情况，由表 5 可知，益生菌对苏尼特羊血液中的代谢指标有影响，其中益生菌组血液中 HDL-C 的浓度显著高于对照（ $P<0.05$ ），LDL-C 浓度显著低于对照（ $P<0.05$ ），说明饲料添加益生菌可显著增加血液中高密度脂蛋白含量，降低低密度脂蛋白含量。研究发

现，日粮能影响动物血液的代谢物，进而影响机体脂肪沉积，其中低密度脂蛋白能将胆固醇和甘油三酯转运到肝外组织细胞中贮存和利用；而高密度胆固醇则是将肝外组织中过多的胆固醇转运到肝脏代谢，防止胆固醇在这些组织中过多的聚集<sup>[28]</sup>。Huang 等人在饲料中添加植物乳杆菌可降低高胆固醇血症小鼠的 TG 和 LDL 含量进而促进小鼠机体健康，这与本研究的结果一致<sup>[29]</sup>。因此，饲料添加益生菌可通过调节高密度脂蛋白含量改善机体血液脂质代谢水平。

#### 2.4 益生菌对苏尼特羊肉品质的影响

表 6 益生菌对苏尼特羊肉品质的影响

Table 6 Effect of probiotic on meat quality of Sunit lamb

	对照组	益生菌组
pH <sub>0</sub>	6.15±0.29	6.15±0.16
pH <sub>24</sub>	5.66±0.09 <sup>a</sup>	5.45±0.03 <sup>b</sup>
亮度值 (L*)	33.98±1.58	34.95±1.19
红度值 (a*)	17.47±0.23 <sup>b</sup>	18.74±0.48 <sup>a</sup>
黄度值 (b*)	3.51±0.44 <sup>a</sup>	2.78±0.29 <sup>b</sup>
蒸煮损失%	0.42±0.01	0.41±0.17
剪切力 N	79.79±10.59 <sup>a</sup>	61.70±12.39 <sup>b</sup>

肉的 pH 值是决定肉品质的重要因素，试验中两组羊肉的 pH 值均在正常范围内。如表 6 所示，益生菌组羊肉 pH<sub>24</sub> 显著低于对照组 ( $P<0.05$ )，饲料中添加益生菌后可改变宰后羊肉机体内糖酵解速率，使肉中的乳酸增多，进而降低了肉的 pH。色泽能直观评价衡量肉质的好坏，益生菌组羊肉的 a\* 值显著高于对照组 ( $P<0.05$ )，而 b\* 值显著低于对照组 ( $P<0.05$ )，说明益生菌可以提高羊肉的红度值，降低肉的黄度值，从而改善肉的色泽，这与朱爱文的研究结果一致<sup>[30]</sup>。研究发现给家禽饲喂乳杆菌也能提高肉的红度值<sup>[31]</sup>。

嫩度是反映肉质地的重要指标之一，益生菌组的剪切力值显著低于对照组 ( $P<0.05$ )，说明益生菌组的肉较嫩，乳酸菌能改善肉的嫩度，这与张天阳的研究结果一致<sup>[32]</sup>。分析其原因可能是益生菌改善了苏尼特羊的菌群结构，促进了肉中脂肪的沉积，肌内脂肪增加可使肌纤维的密度降低，并减少肌纤维间的联结组织，进而改善了嫩度<sup>[33-34]</sup>。本实验中益生菌对羊肉的蒸煮损失没有显著影响，这验证了 Ebrahim Alfaig 的研究结果<sup>[35]</sup>。但有研究表明，益生菌的添加可降低肉的滴水损失，提高肉的保水力，从而降低肉的蒸煮损失<sup>[36]</sup>。

#### 2.5 胃肠道菌群与代谢产物之间的相关性

表 7 瘤胃菌群与代谢产物的相关性分析

Table 7 Correlation coefficients between rumen and gut microbiota and metabolites

分类	微生物	乙酸	丙酸	异丁酸	丁酸	异戊酸	戊酸
瘤胃 菌群	拟杆菌门 (Bacteroidetes)	0.588*	0.677*	-0.450	-0.690*	-0.489	-0.373
	厚壁菌门 (Firmicutes)	-0.557	-0.545	0.434	0.426	0.499	0.413
	变形菌门 (Proteobacteria)	-0.079	-0.139	-0.089	0.468	-0.094	-0.069
	普雷沃菌属-1 ( <i>Prevotella-1</i> )	0.362	0.442	-0.308	-0.420	-0.319	-0.295
	瘤胃球菌属 ( <i>Ruminococcus-1</i> )	-0.142	0.151	-0.110	-0.061	-0.050	0.013
	<i>Erysipelotrichaceae-UCG-004</i>	-0.500	-0.412	0.453	0.179	0.472	0.403
	<i>Saccharofermentans</i>	-0.511	-0.673*	0.745**	0.139	0.754**	0.658*
	月形单胞菌属-1 ( <i>Selenomonas-1</i> )	-0.374	-0.109	-0.205	0.680*	-0.130	0.070
	密螺旋体属-2 ( <i>Treponema-2</i> )	-0.180	-0.259	0.534	-0.357	0.494	0.369
	<i>f-Bacteroidales-BS11-gut-group</i>	0.297	0.023	0.018	-0.194	-0.039	-0.012
	拟杆菌属 ( <i>p-Bacteroidetes</i> )	-0.309	-0.478	0.575	-0.036	0.541	0.726**

肠道菌群	门	拟杆菌门 (Bacteroidetes)	-0.213	-0.122	0.019	0.196	0.064	0.355
		厚壁菌门 (Firmicutes)	-0.306	-0.218	0.241	0.150	0.235	0.167
		变形菌门 (Proteobacteria)	0.276	0.011	-0.083	-0.028	0.080	-0.188
	属	<i>Ruminococcaceae-UCG-002</i>	-0.648*	-0.568	0.673*	0.171	0.692*	0.446
		<i>Ruminococcaceae-UCG-010</i>	0.019	0.107	-0.390	0.462	-0.358	-0.203
		<i>Ruminococcaceae-UCG-013</i>	-0.106	0.182	-0.386	0.307	-0.310	0.024
		毛螺菌 ( <i>f-Lachnospiraceae</i> )	-0.382	-0.580*	0.672*	0.099	0.646*	0.318

注: \*相关性显著 ( $P<0.05$ ); \*\*相关性极显著 ( $P<0.01$ ); 下同。

由表 7 可知, 通过分析胃肠道菌群与短链脂肪酸的相关性可知, 瘤胃菌群中的拟杆菌门与乙酸、丙酸呈显著正相关 ( $P<0.05$ ), 与丁酸呈显著负相关 ( $P<0.05$ ), 这表明拟杆菌门能促进乙酸、丙酸的生成, 但能抑制丁酸的产生; *Saccharofermentans* 与异丁酸 ( $P<0.01$ )、异戊酸 ( $P<0.01$ ) 和戊酸 ( $P<0.05$ ) 呈显著正相关, 与丙酸呈显著负相关 ( $P<0.05$ ); 月形单胞菌属与丁酸呈显著正相关 ( $P<0.05$ ); 拟杆菌属与戊酸呈显著正相关 ( $P<0.05$ )。瘤胃微生物可分解可溶性的膳食纤维产生短链脂肪酸, 主要包括乙酸、丙酸和丁酸。在本研究中, 益生菌组中的丙酸和丁酸显著高于对照组, 说明益生菌能够调节瘤胃菌群, 进而促进丙酸和丁酸的生成。

在肠道菌群中, *Ruminococcaceae-UCG-002* 与异丁酸、异戊酸呈显著正相关 ( $P<0.05$ ), 与乙酸呈显著负相关 ( $P<0.05$ ); 毛螺菌与异丁酸、异戊酸呈显著正相关 ( $P<0.05$ ), 与丙酸呈显著负相关 ( $P<0.05$ ); 这说明 *Ruminococcaceae-UCG-002* 和毛螺菌均能促进异丁酸和异戊酸的生成; 在本研究中发现摄入益生菌可对肉羊粪便短链脂肪酸中的乙酸和丙酸有上调作用; 这两种脂肪酸对机体有促进细胞代谢、影响肌肉生长等积极作用<sup>[37]</sup>。

## 2.6 肠道菌群与血脂指标之间的相关性

表 8 胃肠道菌群与血脂指标之间的相关性分析

Table 8 Correlation coefficients between rumen and gut microbiota and plasma lipid parameters

分类	菌	TG	TC	HDL-C	LDL-C
瘤胃菌群	拟杆菌门 (Bacteroidetes)	-0.111	0.382	-0.160	-0.030
	厚壁菌门 (Firmicutes)	0.450	-0.580*	0.140	0.260
	变形菌门 (Proteobacteria)	-0.486	-0.436	-0.256	-0.079
	普雷沃菌属-1 ( <i>Prevotella-1</i> )	-0.330	0.020	-0.840**	0.490
	瘤胃球菌属 ( <i>Ruminococcus-1</i> )	0.110	0.140	-0.220	-0.360
	<i>Erysipelotrichaceae-UCG-004</i>	0.211	0.329	-0.073	-0.219
	<i>Saccharofermentans</i>	0.280	0.298	-0.283	0.691*
	月形单胞菌属-1 ( <i>Selenomonas-1</i> )	-0.580*	-0.557	0.573	-0.512
	密螺旋体属-2 ( <i>Treponema-2</i> )	0.146	0.074	-0.122	-0.079
	<i>f-Bacteroidales-BS11-gut-group</i>	0.261	0.257	0.087	0.523
肠道菌群	拟杆菌属 ( <i>p-Bacteroides</i> )	0.326	0.385	-0.393	0.539
	拟杆菌门 (Bacteroidetes)	0.336	0.332	-0.212	0.525
	厚壁菌门 (Firmicutes)	-0.067	-0.149	0.012	-0.491
	变形菌门 (Proteobacteria)	-0.334	-0.314	-0.044	-0.072
	<i>Ruminococcaceae-UCG-002</i>	0.049	-0.011	0.218	0.106
	<i>Ruminococcaceae-UCG-010</i>	-0.695*	-0.696*	0.416	-0.318
	<i>Ruminococcaceae-UCG-013</i>	-0.126	-0.112	-0.058	-0.430
	毛螺菌 ( <i>f-Lachnospiraceae</i> )	0.617*	0.610*	-0.275	0.589*



通过分析胃肠道微生物与血脂指标的关系可知（表8），在瘤胃菌群中，*Saccharofermentans* 与 LDL-C 呈显著正相关（ $P<0.05$ ）；厚壁菌门与 TC 浓度呈显著负相关（ $P<0.05$ ）；月形单胞菌属-1 与 TG 浓度呈显著负相关（ $P<0.05$ ）；普雷沃菌属-1 与 HDL-C 呈极显著负相关（ $P<0.01$ ）；说明瘤胃菌群中 *Saccharofermentans* 能促进 LDL-C 的产生，而厚壁菌门能抑制 TC 的生成，月形单胞菌属-1 能抑制 TG 的生成，普雷沃菌属-1 则能抑制 HDL-C 生成。

在肠道菌群中，*Ruminococcaceae*-UCG-010 与 TG、TC 呈显著负相关（ $P<0.05$ ），说明 *Ruminococcaceae*-UCG-010 能抑制 TG 和 TC 的生成；毛螺菌与 TG、TC、LDL-C 呈显著正相关。有研究发现毛螺菌的浓度与动脉粥样硬化患者血浆中 TC 和 LDL-C 的浓度呈正相关（ $P<0.05$ ），其原因是 NPC1L1 蛋白是介导小肠对胆固醇吸收的关键蛋白质，益生菌能够抑制肠道中 NPC1L1 蛋白的表达，从而降低血液中的 TC 和 LDL-C 的浓度<sup>[38]</sup>。

2.7 肠道菌群与肉品质之间的相关性

表 9 胃肠道菌群与肉品质的相关性分析

Table 9 Correlation coefficients between rumen and gut microbiota and meat quality

分类	菌	pH <sub>0</sub>	pH <sub>24</sub>	a*	蒸煮损失	剪切力
瘤胃 菌群	拟杆菌门（Bacteroidetes）	0.336	0.056	-0.124	-0.180	0.050
	厚壁菌门（Firmicutes）	-0.457	0.129	0.131	-0.78**	-0.37
	变形菌门（Proteobacteria）	0.325	-0.106	-0.038	-0.105	-0.033
	普雷沃菌属-1（ <i>Prevotella-1</i> ）	0.388	0.141	-0.414	0.410	0.300
	瘤胃球菌属（ <i>Ruminococcus-1</i> ）	0.110	0.512	-0.152	0.070	0.090
	<i>Erysipelotrichaceae</i> -UCG-004	-0.572	0.151	0.223	0.014	-0.084
	<i>Saccharofermentans</i>	-0.709**	-0.554	0.191	-0.280	-0.308
	月形单胞菌属-1（ <i>Selenomonas-1</i> ）	0.224	0.303	0.071	-0.654*	0.109
	密螺旋体属-2（ <i>Treponema-2</i> ）	-0.611*	0.236	0.519	0.101	-0.612*
	<i>f-Bacteroidales-BS11-gut-group</i>	-0.234	-0.456	0.163	0.040	-0.050
	拟杆菌属（ <i>p-Bacteroidetes</i> ）	0.543	-0.477	0.392	-0.178	-0.174
	拟杆菌门（Bacteroidetes）	0.204	0.066	-0.278	0.290	0.460
肠道 菌群	厚壁菌门（Firmicutes）	0.129	0.091	0.645*	-0.110	0.400
	变形菌门（Proteobacteria）	-0.156	0.432	-0.375	-0.049	-0.062
	<i>Ruminococcaceae</i> -UCG-002	-0.818**	-0.672**	0.147	-0.427	-0.696
	<i>Ruminococcaceae</i> -UCG-010	0.572	0.357	-0.223	-0.284	-0.012
	<i>Ruminococcaceae</i> -UCG-013	0.484	-0.688**	-0.096	-0.224	-0.048
	毛螺菌（ <i>f-Lachnospiraceae</i> ）	-0.458	-0.597	-0.433	0.619*	0.007

胃肠道菌群与肉品质的相关性分析结果见表 9，在瘤胃菌群中，*Saccharofermentans* 与 pH<sub>0</sub> 呈极显著负相关（ $P<0.01$ ），厚壁菌门（ $P<0.01$ ）、月形单胞菌属-1（ $P<0.05$ ）与肉的蒸煮损失呈极显著负相关，密螺旋体属-2 与 pH<sub>0</sub>、剪切力呈显著负相关（ $P<0.05$ ）；研究发现 *Saccharofermentans* 增多能促进肠道中短链脂肪酸的生成，其中 60-70% 被用于能源物质，其余的进入肌肉组织并引起了肉 pH 的降低<sup>[39-40]</sup>。

在肠道菌群中，厚壁菌门与 a\* 呈显著正相关（ $P<0.05$ ），本研究发现益生菌能够提高肉的红色，这可能是益生菌改变了肠道中厚壁菌门和拟杆菌门的比例，增加了肉中肌红蛋白的合成，进而调控肉色。*Ruminococcaceae*-UCG-002 与 pH<sub>0</sub>、pH<sub>24</sub> 呈极显著负相关（ $P<0.01$ ），*Ruminococcaceae*-UCG-013 与 pH<sub>24</sub> 呈显著负相关（ $P<0.01$ ），说明肠道中的一些菌属能降 pH 值，使肉的 pH 保持在正常的范围内。毛螺菌与蒸煮损失呈显著正相关（ $P<0.05$ ），目前毛螺菌与肉的保水性的作用机理仍不明确，这可能与细胞因子的变化有关<sup>[41]</sup>。

3 结论

- 3.1 饲粮中添加益生菌能影响胃肠道菌群的组成, 其中益生菌组羊瘤胃菌群中拟杆菌门、拟杆菌属和 *Bacteroidales-BS11-gut-group* 的丰度增加; 肠道菌群中毛螺菌和 *Ruminococcaceae-UCG-002* 的丰度增加。
- 3.2 在胃肠道代谢物中, 益生菌组瘤胃中的丙酸和丁酸含量降低; 益生菌组的肠道中的丁酸、异丁酸和戊酸含量降低; 血脂指标中, 益生菌组的 HDL-C 的浓度增加, LDL-C 浓度降低; 肉品质中, 益生菌组羊肉的 pH<sub>24</sub> 和剪切力值降低, 而 a\* 值增加。
- 3.3 苏尼特羊胃肠道菌群与代谢物、血脂指标、肉品质的相关性中, 瘤胃菌群中的拟杆菌门与乙酸、丙酸呈显著正相关 ( $P<0.05$ ); 肠道菌群的 *Ruminococcaceae-UCG-002* 与异丁酸、异戊酸呈显著正相关 ( $P<0.05$ ); 肠道菌群的毛螺菌与 TG、TC、LDL-C 呈显著正相关 ( $P<0.05$ ); 肠道菌群的厚壁菌门与 a\* 呈显著正相关 ( $P<0.05$ )。

## 参考文献

- [1] 王柏辉, 杨蕾, 苏日娜, 等. 饲养方式对苏尼特羊屠宰性能、羊肉品质及脂质氧化性能的影响[J]. 食品科学, 2018, 39(23): 41-46. DOI: 10.7506/spkx1002-6630-201823007
- [2] LEMA M, WILLIAMS L, RAO D R. Reduction of fecal shedding of enterohemorrhagic *Escherichia coli* O157:H7 in lambs by feeding microbial feed supplement[J]. Small Ruminant Research, 2001, 39; 31-39. DOI:10.1016/s0921-4488(00)00168-1.
- [3] 杜瑞, 王柏辉, 罗玉龙, 等. 益生菌调控胃肠道菌群改善肉品质的研究进展[J]. 微生物学通报:1-10. DOI: 10.13344/j.microbiol.china.180692.
- [4] WANG H, NI X, QING X, et al. Live Probiotic *Lactobacillus johnsonii* BS15 promotes growth performance and lowers fat deposition by improving lipid metabolism, intestinal development, and gut microflora in broilers[J]. Frontiers in Microbiology, 2017, 7(8):1073. DOI:10.3389/fmicb.2017.01073.
- [5] 张天阳. 饲喂乳酸菌对生长育肥猪生长、胴体及肉质特性影响的研究[D]. 山东农业大学, 2013.
- [6] 赵秀英, 县怡涵, 李晨博, 等. 灌喂植物乳杆菌和干酪乳杆菌增加仔猪肠道菌群多样性及短链脂肪酸生成[J]. 微生物学报, 2016, 56(08): 1291-1300. DOI: 10.13343/j.cnki.wsxb.20150529
- [7] HERDIAN H, SOFYAN A, SAKTI A A, et al. Performance and meat quality of local sheep administered with feed additive containing probiotic and organic mineral complex[J]. Media Peternakan, 2014, 36(3): 203-208. DOI:10.5398/medpet.2013.36.3.203.
- [8] LI X, SONG Y, MA X, et al. *Lactobacillus plantarum*, and *Lactobacillus fermentum*, alone or in combination regulate intestinal flora composition and systemic immunity to alleviate obesity syndrome in high-fat diet rat[J]. International Journal of Food Science & Technology, 2017. DOI:10.1111/ijfs.13567.
- [9] AGARWAL N, KAMRA D N, CHAUDHARY L C. Microbial status and rumen enzyme profile of crossbred calves fed on different microbial feed additives[J]. Letters in Applied Microbiology, 2002, 34, 329 - 336. DOI:10.1046/j.1472-765X.2002.01092.x
- [10] THAISS C A, ZMORA N., LEVY M. The microbiome and innate immunity[J]. Nature, 2016, 535, 65-74. DOI: 10.1038/nature18847.
- [11] LEE O O, WANG Y, YANG J, et al. Pyrosequencing reveals highly diverse and species-specific microbial communities in sponges from the red sea[J]. International Society for Microbial Ecology, 2011, 5(4): 650-664. DOI: 10.1038/ismej.2010.165
- [12] KUCZYNSKI J, STOMBAUGH J, WALTERS W A, et al. Using QIIME to analyze 16S rRNA gene sequences from microbial communities[J]. Current Protocols in Microbiology, 2012, 11(1): 1-2. DOI: 10.1002/0471250953.bi1007s36
- [13] CAPORASO J G, BITTINGER K, BUSHMAN F D, et al. PyNAST: a flexible tool for aligning sequences to a template alignment[J]. Bioinformatics, 2010, 26(2): 266-267.
- [14] 罗玉龙, 杨晶, 靳志敏, 等. 不同部位苏尼特羊食用品质与脂肪酸组成[J]. 食品工业, 2015, 36(09): 294-297.
- [15] THOETKIATTIKUL H., MHUANTONG W., LAOTHANACHAREON T., TANGPHATSORNRUANG S., PATTARAJINDA V., EURWILAICHITR L., et al. Comparative analysis of microbial profiles in cow rumen fed with different dietary fiber by

- tagged 16s rRNA gene pyrosequencing[J]. *Curr. Microbiol.*, 2013, 67: 130–137. DOI: 10.1007/s00284-013-0336-3.
- [16] BRULC J M, ANTONOPOULOS D A, MILLER M E B, et al. Gene-centric metagenomics of the fiber-adherent bovine rumen microbiome reveals forage specific glycoside hydrolases[J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 2009, 106(6): 1948-53. DOI: 10.1073/pnas.0806191105
- [17] CHERYL S W, GREG W C, JEFFREY S. Characterization of the primary starch utilization operon in the obligate anaerobe *Bacteroides fragilis*: Regulation by carbon source and oxygen [J]. *Journal of Bacteriology*, 2006, 188(13): 4663. DOI: 10.1128/jb.00125-06
- [18] 臧凯丽, 贾彦, 崔文静, 等. 瑞士乳杆菌调控小鼠肠道菌群变化规律的研究[J]. *食品科学*, 2018, 39(1): 156-164.
- [19] WANG H, NI X, QING X, et al. Live Probiotic *Lactobacillus johnsonii* BS15 Promotes Growth Performance and Lowers Fat Deposition by Improving Lipid Metabolism, Intestinal Development, and Gut Microflora in Broilers[J]. *Frontiers in Microbiology*, 2017, 8. DOI: 10.3389/fmicb.2017.01073
- [20] HOOPER L V, MACPHERSON A J. Immune adaptations that maintain homeostasis with the intestinal microbiota [J]. *Nature Reviews Immunology*, 2010, 10(3): 159-69. DOI: 10.1038/nri2710
- [21] FREDRIK B C, HAO D, TING W, et al. The gut microbiota as an environmental factor that regulates fat storage [J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 2004, 101(44): 15718-23. DOI: 10.1073/pnas.0407076101
- [22] 吴婷婷. 补喂绵羊瘤胃液、益生菌对 28 日龄羔羊胃肠道菌群及免疫的影响[D]. 新疆农业大学, 2016.
- [23] DOERMER K C, WHITE B A. Assessment of the endo-1,4-beta-glucanase components of *Ruminococcus flavefaciens* FD-1[J]. *Applied & Environmental Microbiology*, 1990, 56(6):1844-1850. DOI: 10.1002/bit.260360114.
- [24] 吴敏, 刘作华, 齐仁立. 肠道微生物调控动物肌肉的生长和发育[J]. *动物营养学报*, 2019:1-7.
- [25] HAO Z, MINGXU S, HE H, et al. The dynamic distribution of small-tail han sheep microbiota across different intestinal segments[J]. *Frontiers in Microbiology*, 2018, 9: 32. DOI:10.3389/fmicb.2018.00032.
- [26] LEY R, TURNBAUGH P, KLEIN S, et al. Microbial ecology: human gut microbes associated with obesity[J]. *Nature*, 2006, 444: 1022-1023. DOI: 10.1038/4441022a
- [27] Walsh M E, Bhattacharya A, Sataranatarajan K, et al. The histone deacetylase inhibitor butyrate improves metabolism and reduces muscle atrophy during aging[J]. *Aging Cell*, 2015, 14(6): 957-970.
- [28] 周顺伍. 动物生物化学[M]. 化学工业出版社, 2008.
- [29] HUANG Y, WANG X, WANG J, et al. *Lactobacillus plantarum* strains as potential probiotic cultures with cholesterol-lowering activity[J]. *Journal of Dairy Science*, 2013, 96(5): 2746-2753. DOI: 10.3168/jds.2012-6123.
- [30] 朱爱文, 殷洁鑫, 穆立然, 等. 微生态制剂对湖羊营养物质消化率、屠宰性能和肉质性状的影响[J]. *安徽农学通报*, 2017, (20): 85-87.
- [31] HACI 9 K P, TREMBECKA L, BOBKO M, et al.:Evaluation of meat quality after application of different feed additives in diet of broiler chickens[J]. *Potravinarstvo*, 2015, 9: 174-182. DOI: 10.5219/429
- [32] 张天阳. 饲喂乳酸菌对生长育肥猪生长、胴体及肉质特性影响的研究[D]. 山东农业大学, 2013.
- [33] RIPOLL G, TOY M, MUOZ F, et al. Meat and fat colour as a tool to trace grass-feeding systems in light lamb production[J]. *Meat Science*, 2008, 80(2): 239-48. DOI: 10.1016/j.meatsci.2007.11.025
- [34] ANGOOD K M, WOOD J D, NUTE G R, et al. A comparison of organic and conventionally-produced lamb purchased from three major UK supermarkets: Price, eating quality and fatty acid composition [J]. *Meat Science*, 2008, 78(3): 176-84. DOI: 10.1016/j.meatsci.2007.06.002
- [35] ALFAIG E, ANGELOVICOVA M, KRAL M, et al. Influence of probiotics and thyme essential oil on the sensory properties and cooking loss of broiler chicken meat[J]. *Animal Science & Biotechnologies*, 2014, 47(1): 1-6.
- [36] LIU T Y, SU B C, WANG J L, et al. Effects of probiotics on growth, pork quality and serum metabolites in growing-finishing Pigs[J]. *Journal of Northeast Agricultural University(English Edition)*, 2013, 20(04): 57-63. DOI: 10.1016/S1006-8104(14)60048-9
- [37] 汪翰林, 魏俊淑, 李晨辉, 等. 亚麻籽粉摄入对健康成年人肠道菌群结构的影响[J]. *食品科学*, 2018, 39(21): 224-229. DOI:

10.7506/spkx1002-6630-201821034

- [38] HUANG Y, WANG J, CHENG Y, et al. The hypocholesterolaemic effects of *Lactobacillus acidophilus* American type culture collection 4356 in rats are mediated by the down-regulation of Niemann-Pick C1-like 1[J]. *British Journal of Nutrition*, 2010, 104(6): 807-812. DOI: 10.1017/s0007114510001285
- [39] YANG C T, SI B W, DIAO Q Y, et al. Rumen fermentation and bacterial communities in weaned Chahaer lambs on diets with different protein levels[J]. *Journal of Integrative Agriculture*, 2016, 15(7):1564-1574. DOI: 10.1016/S2095-3119(15)61217-5.
- [40] 杜蕾. 菌群移植对新生仔猪肠道发育的影响[D]. 西南大学, 2018.
- [41] XIONG X, ZHOU J, LIU H, et al. Dietary lysozyme supplementation contributes to enhanced intestinal functions and gut microflora of piglets[J]. *Food & Function*, 2019. DOI: 10.1039/C8FO02335B.