中国畜牧兽医学会
CHINESE ASSOCIATION OF ANIMAL SCIENCE AND VETERINARY MEDICINE

中国畜牧兽医学会动物营养学分会
第九届全国猪营养学术研讨会

论文集

安全 | 营养 | 增效

湖南 · 长沙

2023.10.13–2023.10.15

第九届全国猪营养学术研讨会论文集

目　录

一、猪饲料营养价值评定与开发利用

6469 生长育肥猪大麦、高粱和木薯的营养价值评定及预测方程建立 1
李瑞，冯淦熠，欧阳晴，邓梦龙，蒋线吉，刘小杰，杨刚，向强，田明洲，黄瑞林，印遇龙 1
6473 The effects of phytase and non-starch polysaccharide-hydrolyzing enzymes on trace element deposition, intestinal morphology, and cecal microbiota of growing–finishing pigs 3
Fenfen Liu , Jing Li , Hengjia Ni , Md. Abul Kalam Azad , Kaibin Mo , Yulong Yin 3
6474 The digestible and metabolizable energy, and prediction equations of energy values of seven fiber-rich ingredients in growing pigs 5
Kai Li , Guosong Bai , Zhengqun Liu , Ruqing Zhong , Liang Chen, Hongfu. Zhang 5
6479 发酵亚麻籽粕营养价值评定及其在生长猪上的应用研究 7
徐蕾，皮宇，蒋显仁，李习龙 7
6506 糙米对猪的有效能和氨基酸消化率测定与预测模型建立 9
欧阳晴，李瑞，尹杰，冯淦熠，杨刚，蒋线吉，刘小杰，向强，田明州，龙次民，印遇龙9
6509 发酵枳实渣对仔猪抗氧化能力和肠道健康的影响 11
殷运菊，史寒婧，陈思思，吴宜洋，周媛媛，汤赫，郭秋平，李凤娜 11
6516 饲喂中国高粱的猪有效能与氨基酸消化率的预测 12
冯淦熠，李瑞，蒋线吉，杨刚，田明洲，向强，刘小杰，欧阳晴，龙次民，黄瑞林，印遇龙 12
6518 生长猪对中国稻谷有效能与氨基酸消化率的预测 13
冯淦熠，欧阳晴，李瑞，蒋线吉，刘小杰，杨刚，唐辉，田明洲，向强，邓梦龙，龙次民，黄瑞林，印遇龙 13
6555 基于杜长大猪营养价值数据库建立定安猪饲料原料有效能预测模型的探索 14
邹有为，许晏维，张翔宇，邱平飞，王琴，王学梅，王吉喆，张泽宇，赵金标，李笑春，石惠宇，邱晨晨，王军军 14
6586 红曲渣对生长育肥猪生长性能、血液生化及肠道微生物的影响 16
朱龙博，刘正群，李宁，郑梓，梁世岳，闫峻，张春华，穆淑琴 16
6593 不同提取方法对麦麸阿拉伯木聚糖体外发酵特性的影响 17
黄靖懿，孙志强，赵金标 17
6606 小麦麸生长猪消化能和代谢能的测定及预测模型的建立 18
蒋线吉，李瑞，冯淦熠，田明洲，向强，杨刚，刘小杰，欧阳晴，唐辉，龙次民，黄瑞林，印遇龙 18
6606 Determination of digestible energy and metabolizable energy and establishment of prediction model for wheat bran growing and finishing pigs 19
Jiang Xianji , Li Rui , Feng Ganyi , Tian Mingzhou , Xiang Qiang , Yang Gang , Liu Xiaojie , Ouyang Qing , Tang Hui , Long cimin , Huang ruilin ,Yin Yulong 19
6611 饲用酵母培养物营养价值测定及其在低蛋白饲粮上的应用研究 21
胡宝成，刘泰然，张云常，刘明 21
6611 饲用酵母培养物营养价值测定及其在低蛋白饲粮上的应用研究 23
胡宝成，刘泰然，张云常，刘明 23
6621 库存稻糙米饲用营养价值评定及在猪饲粮中的应用 25
何贝贝，刘宽博，施晶晶，王薇薇，李爱科，王永伟 25
6629 产朊假丝酵母饲料对黑猪生长性能、粪便菌群及代谢产物的影响 26
王传奇，齐慧宇，王汝琦，王瑞，张晶 26
6636高、低单宁高粱籽粒在猪胃肠道中消化和发酵特性的比较 27
冯少轩，朱伟云，潘龙 27
6651 不同浓度褐藻寡糖对断奶仔猪生长性能和肠道菌群的影响 28

邓雄 28
6655 不同单宁含量的高粱营养素在猪前肠道和后肠道的消化差异 1
杨向科，朱伟云，潘龙 1
6658 高粱和玉米营养素在猪肠道内消化的差异 2
张梦瑶，朱伟云，潘龙 2
6671 不同来源膨化全脂大豆在空怀、妊娠和哺乳母猪上的标准回肠氨基酸消化率评定 3
王亚，王珂，邹向阳，卓勇，江雪梅，车炼强，吴德 3
6672 不同来源膨化全脂大豆饲喂空怀、妊娠和哺乳母猪的有效能值评定 4
王亚，卓勇，江雪梅，林燕，徐盛玉，冯斌，花伦，李健，方正锋，车炼强，吴德 4
6680 程控仿生模拟生长猪胃肠道消化吸收快速评定饲料有效能的准确性研究 5
曹宁，赵峰，高理想，赵江涛，萨仁娜，解竞静，王钰明 5

二、猪精准营养与饲喂

6094 规模化猪场饲料分类之饲料如何选择 6
迂 斌，李 慧，张玲玲 6
6249 Weaning performance in lactating sow prediction using machine-learning, for precision livestock farming 8
Jiayi Su , Bie Tan , Yulong Yin , Jing Wang 8
6376 饲粮蛋白质限制对育肥猪血清生化指标和结肠微生物群的影响 9
杨润华，刘尚航，曹嘉棋，龚佳妮，范志勇 9
6482 基于间接测热法和心率监测法的妊娠母猪维持净能需要量研究 10
李 哲，高文君，师煌伟，徐 松，曾正程，王腾浩，刘世杰，王凤来，赖长华，张 帅 10
6490 日粮能量水平对宁乡猪生长性能、屠宰性能和肉品质的影响 11
肖银涛，王芳，夏铭隆，郑塞珍，谭碧娥，印遇龙，陈家顺 11
6496 饲粮不同能量源对生长猪净能沉积和能量利用效率的影响 12
高文君，师煌伟，李 哲，曾正程，王腾浩，赖长华，张 帅 12
65364-萜品醇对免疫应激仔猪结肠形态结构、抗氧化功能和免疫功能的调节作用 13
邱广志，刘军，宋致昊，赵建伟，喻礼怀，王洪荣，董丽 13
..... 13
6541 日粮能量源对生长猪组织碳周转速率的比较研究 14
丁婧，冯泽猛，黄瑞林 14
6544 Multi-omics analyses reveal the correlation between dynamic alteration of inulin utilizability and longitudinal development of gut microbiota in Jinhua native pigs 15
Nana Chen, Yizhen Wang, Mingliang Jin 15
6579 育肥期宁乡猪低蛋白日粮适宜粗蛋白水平的研究 19
杨凯，王永超，王晶晶，陈国武，邢艺苑，马晓康 19
6580 Wheat bran fermented by Lactobacillus regulated the bacteria–fungi and reduced fecal heavy metals concentrations in growing pigs 20
Zhang Dongyan, Liu Hui, Wang Sixin, Ji Haifeng 20
6597 低蛋白日粮平衡必需氨基酸模式对育肥猪生长性能、肉品质及肠道健康的影响 21
刘尚航，杨凯，王永超，王晶晶，陈国武，邢艺苑，范志勇，马晓康 21
6626 妊娠早期日粮色氨酸水平影响母猪繁殖性能 22
朱哲坤，曾祥芳 22
6638 铁营养在生命早期通过肠道健康和免疫代谢调控新生仔猪生长发育 23
刘瑶，阎辉，陈代文 23
6657 低蛋白下精氨酸比例对母猪泌乳性能及仔猪肠道健康的影响 25
李帅，温晓鹿，杨雪芬 ，高开国，王丽，蒋宗勇，肖昊 25
6661 饲粮 SID 赖氨酸水平对断奶仔猪生长性能和体成分沉积的影响 26
吴善森，侯静，田敏，徐晓明，邱月琴，王丽，杨雪芬，蒋宗勇 26
6665 不同净能水平饲粮对泌乳母猪乳成分、血浆免疫指标、抗氧化水平和肠道微生物的影响 28
顾 方，高开国，温晓鹿，杨雪芬，王 丽，肖 昊，蒋宗勇 28

三、营养与健康

6093 集约化猪场怎样提高分娩舍母猪采食量 29
迂斌，李慧 29
6207 宁乡与约克夏母猪初乳免疫球蛋白水平及微生物区系组成的比较 31
吴梓辰，张龙林，李俊瑶，李宏坤，谭碧娥，王婧 31
6208 Maternal Bacteroides Enhances the Gut Development and Barrier Function of offpsring in Early Life 32
Long-Lin Zhang Hai-Bo Shen, Zi-Chen Wu, Mu-Qing Duan, Hao Li, Xue-Ling Gu, Jing Wang & Bi-E Tan 32
6209 Ningxiang pig-derived Enterococcus hirae HNAU0516 promotes intestinal health and improves gut microbiota in piglets 34
Longlin Zhang , Zichen Wu , Junyao Li , Hongkun Li , Pengyi Tian , Haibo Shen , Luya Feng , Yuankun Deng , Xueling Gu , Zhimou Liu , Bie Tan , Jing Wang 34
6212 不同品种仔猪抵抗早期断奶应激诱导肠道干细胞损伤的比较研究 36
咎庚秀，秦颖超，周加义，王晓帆，高春起，严会超，孔祥峰，王修启 36
6215 呕吐毒素通过下调 Frizzled7/β-catenin 信号轴抑制肠道干细胞扩增 37
闫少康，周加义，王晓帆，高春起，严会超，王修启 37
6216 EGFR/TSC2/mTORC1 轴介导呕吐毒素抑制猪肠道干细胞扩增的机制研究 38
窦彩霞，周加义，王晓帆，高春起，严会超，王修启 38
6220 Lactiplantibacillus plantarum L47 and inulin alleviate enterotoxigenic Escherichia coli induced ileal inflammation in piglets by upregulating the levels of α-linolenic acid and 12,13-epoxyoctadecenoic acid 39
Leihong Cui, Hui Zeng, Meixin Hou, Zhongxin Li, Chunlong Mu, Weiyun Zhu, Suqin Hang 39
6225 乳酸锌通过调节断奶仔猪 CAR 信号通路与肠道菌群之间的串扰来缓解氧化应激 40
项轩，汤文杰，王后福，周文涛，李铁军，印遇龙，何流琴 40
6228 丝氨酸对宫内发育迟缓仔猪生长性能、肠道形态结构和免疫相关指标的影响 42
周辉，关鹏，李铁军，印遇龙，何流琴 42
6229 羟基酪醇对氧化应激仔猪生长性能、抗氧化能力和肠道微生物及其代谢产物的影响 43
文晓宾，钟儒清，陈亮，张宏福 43
6230 不同添加水平酶解玉米蛋白粉对断奶仔猪生长性能、血液生理生化指标及血清抗氧化和免疫指标的影响 44
白国松，马腾，钟儒清，陈 亮，张宏福 44
6238 日粮添加噬菌体对断奶仔猪生长性能、腹泻和肠道屏障功能的影响 45
姚婷，周文涛，何流琴，李铁军 45
6239 促进猪内源抗菌免疫肽表达的营养素筛选体系的构建及其应用 47
龚焘，程远之，汪以真 47
6244 D 型天冬氨酸对肌纤维发育和肌内脂肪沉积的影响机制 48
何羿文，黄乐，王晨昱，李铁军，何流琴 48
6246 Phosphatidylethanolamine improves growth performance of postnatal growth retardation piglets involving mucus secretion of goblet cells 49
Nan Wang , Ming Qi , Yulong Yin 49
6251 多种培养方法还原猪肠道微生物的研究 51
王晓帆，Samantha Howe，魏晓媛，邓飞龙，Tsungcheng Tsai，柴建民，肖英平，杨华，Charles V. Maxwell，李英，赵江潮 51
6253 β-hydroxybutyrate improves postnatal growth retardation and intestinal development in piglets 52
Xingtong Lin, Ming Qi, Bie Tan 52
6365 饲粮中添加低聚半乳糖和胆汁酸对母猪初乳成分、抗氧化和胆汁酸代谢的影响 53
曹畅，王洁，余建，郑妍，陈梦婷，谭碧娥，范志勇 53
6398 饲粮添加低聚半乳糖和胆汁酸对母猪繁殖性能和肠道微生物的影响 54
余建，王洁，曹畅，谭碧娥，龚佳妮，曹嘉棋，范志勇 54
6468 脆壁克鲁维酵母水解物替代抗生素和氧化锌对断奶仔猪生长性能、腹泻率和肠道健康

的影响 55
殷成港，李习龙，蒋显仁 55
6470 宿主-微生物组相互作用有助于外源性谷胱甘肽缓解断奶仔猪肝应激损伤 56
项轩，王后福，周文涛，许岗，赵强，李铁军，印遇龙，何流琴 56
6475 Fecal microbiota transplantation: Lactobacillus potentially is a key genus for treating colitis 57
Chengzeng Luo , Ying Chen , Zhaohan Zhan , Ruqing Zhong , Zirong Wang , Liang Chen , Hongfu Zhang 57
6476 自噬对断奶仔猪肠道微生物及其代谢物的影响 58
谷雪玲，王婧，谭碧娥 58
6480 吲哚乙酸钠对断奶仔猪生长性能及肠道发育的影响 60
陈嘉欣，尹蓝梅，王兆斌，王启业，杨焕胜 60
6483 基于干细胞模型的发酵饲料保护仔猪肠道健康机制研究 61
屈浩展，周加义，何慧，王晓帆，高春起，严会超，王修启 61
6492 比较日粮添加吡咯喹啉醌和氧化锌对仔猪生长性能、断奶应激和代谢功能的影响 62
石辰玉，余子柔，王子婕，宁 然，黄彩云，高有军，王凤来 62
6497 β-hydroxybutyrate administration improves liver injury and metabolic abnormality in PGR piglets 63
Chengming Wang, Nan Wang, Yuankun Deng, Andong Zha, Junyao Li, Bie Tan, Ming Qi, Yulong Yin 63
6525 不同品种断奶仔猪胰岛素样生长因子系统比较研究 64
豆梦莹，程雅婷，丁素娟，刘洋，宋博，孔祥峰 64
6532 不同品种猪胆汁酸代谢特征发育模式的比较研究 65
王沛，祝倩，丁素娟，程雅婷，李凤兰，孔祥峰 65
6533 三个品种猪内源抗菌肽表达规律的比较研究 67
辛烨，祝倩，丁素娟，程雅婷，谭碧娥，孔祥峰 67
6535 Effects of Palygorskite clay adsorbed nano zinc oxide on the composition of the microorganisms in the intestine of the weaning piglets 68
Changwei Zhang, Junzhou Mao, Hongrong Wang, Li Dong, Lihuai Yu 68
6539 Construction of immune stress model of weaned piglets by Salmonella challenging 69
Changwei Zhang, Haoyang Yuan, Jun Liu, Hongrong Wang, Lihuai, Yu Li Dong, ... 69
6540 肠道类器官模型的构建和应用研究进展 70
邱广志，喻礼怀，张昌卫，董丽 70
6545 母体甲基供体添加对新生 IUGR 猪肠道功能及基因组 DNA 甲基化的影响 71
林燕，吴江楠，冯斌，方正锋，徐盛玉，卓勇，李健，花伦，吴德，车炼强 71
6547 Effects of dietary fiber on growth performance, nutrient digestibility and intestinal health in different pig breeds 72
Jiahao Liu , Xiangfeng Kong , Jun He 72
6554 Influences of wheat bran fiber on growth performance, nutrient digestibility, and intestinal epithelium functions in Xiangcun pigs 73
Jiahao Liu , Xiangfeng Kong , Jun He 73
6567 潘氏细胞对呕吐毒素诱导的肠道炎症的影响 74
崔琛彬，王心茹，郑瑶，李林灯，王方珂，魏宏逵，彭健 74
6568 生物活性三肽对鼠伤寒沙门氏菌诱导的肠道炎症的影响 75
崔琛彬，刘琪，段兵兵，刘相辰，魏宏逵，彭健 75
6569 Nur77 调控潘氏细胞稳态的作用及机制 76
崔琛彬，王心茹，郑瑶，吴林，李林灯，魏宏逵，彭健 76
6570 一株强纤维降解的发酵乳杆菌介导乙酸缓解肠道炎症性损伤研究 77
罗旭康，佟垚毅，米金秋，王庆凤，王悦，王艳维，马秋刚，黄世猛 77
6571 液态发酵饲料对仔猪生产性能和肠道健康的影响 78
官小凤，钟晓霞，简悦，姚焰础，黄健，刘志云 78
6573 植物乳杆菌及其代谢产物介导 IL-22/AHR/MUC2 信号通路缓解肠道炎症性损伤 79
李诗诺，王毓甜，罗旭康，佟垚毅，王悦，王艳维，马秋刚，黄世猛 79
6578 母鼠青春期和成年期采食低蛋白饲粮加重其后代高脂饮食诱导的脂质代谢紊乱 81

黄晓华，卓勇，方正峰，车炼强，林燕，徐盛玉，花伦，吴德，冯斌 81
6583 移植野猪粪菌对肠道脂质吸收的影响 83
张红，朱洛毅，靳明亮，宗鑫 83
6585 复合益生菌和酶制剂对猪生长性能、肉品质、抗氧化性能的影响 85
冷来福，邱小宇，王敬，齐仁立，王琪 85
6592 半胱氨酸对双酚 A 诱导的仔猪氧化损伤的缓解作用 86
秦鹏翔，马上原，李长金，李扬，姜淑贞，杨维仁，焦宁 86
6594 母源 L-苹果酸对仔猪骨骼肌代谢和发育的影响 87
张鹏光，闫恩法，何琳娟，郭建新，张鑫，尹靖东 87
6600 卫矛醇通过 TLR4/Myd88/NF-κB 通路缓解脂多糖诱导的 IPEC-J2 细胞损伤 88
王晗，刘正群，李宁，郑梓，闫峻，穆淑琴，孙超 88
6607 仔猪肝脏糖代谢和三羧酸循环对早期断奶的响应 90
于成兵，沈城，罗振，张洪才，张京，徐维娜，徐建雄 90
6610 影响杜洛克公猪骨密度的因素分析 92
户玲玲，卢金鑫，郭亮亮，吴英慧，周远飞，魏宏逵，彭健 92
6614 谷氨酰胺缓解仔猪肠道炎性损伤的作用及机制 93
刘梓浩，刘敏，王慧茹，李扬，姜淑贞，杨维仁，焦宁 93
6618 蹄部健康和骨密度对杜洛克公猪跛行的影响 95
卢金鑫，彭健 95
6623 基于代谢组学探究玉米赤霉烯酮诱导猪子宫肥大的分子机制 96
刘恒，刘兴琳，杨维仁，杨立杰，姜淑贞 96
6624 饲粮添加果胶对母猪妊娠后期健康状况及产道和粪便菌群的影响 97
何家齐，郑杰，卓勇*，黄颖妍，吴德 97
6630 混合杂粕替代豆粕对生长猪的生长性能和粪便微生物群的影响 98
何振涛，展宪亮，刘帅曹，舒婷，蒋宗勇，王丽 98
6632 混合杂粕替代豆粕对肥育猪的生长性能和肠道微生物群的影响 99
6633 乙醇梭菌蛋白替代豆粕对断奶仔猪肠道形态、炎症因子水平及肠道菌群的影响 101
姚康，曹舒婷，何振涛，展宪亮，蒋宗勇，王丽 101
6634 水溶性蛋白肽替代饲粮中鱼粉和豆粕对断奶仔猪生产性能、营养物质消化率及肠道健康的影响 103
刘帅，温晓鹿，曹舒婷，蒋宗勇，王丽 103
6640 有机微量元素替代无机微量元素对育肥猪生长性能、血清生化和微量元素排泄的影响 104
徐伟伟，阳治康，闫昭明，殷运菊，陈清华 104
6642 氧化米糠油对猪肠上皮细胞氧化损伤作用的研究 105
王传奇，王汝琦，齐慧宇，张晶 105
6644 槲皮素缓解玉米赤霉烯酮和脂多糖对 IPEC-J2 细胞氧化应激的影响 106
张晶，付玉蓉，王传奇，于浩 106
6645 The development of intestinal ILC3s in suckling piglets 107
Ningning Huang , Hao Li , Ling Ye , Jian Peng Hongkui Wei 107
6646 12R-HETE acts as an endogenous ligand of Nur77 in intestine and regulates ILC3s plasticity 108
Ningning Huang, Jian Peng, and Hongkui Wei 108
6663 氧化油脂对仔猪肠道形态结构及上皮细胞分化的影响 109
6664 猪源嗜淀粉乳杆菌外泌体缓解黄曲霉毒素 B1 诱导的小鼠肠道屏障损伤和炎症 110
刘云欢，李金燕，刘鲜姣，刘金燕，史梦蝶，王禹博，陈兴祥，黄克和 110
6667 猪源罗伊氏乳杆菌 LR1 对断奶后 42 天仔猪肠黏膜细胞外基质动态变化的影响 111
韦洋洋，刘春艳，杨雪芬，黄艳娜，吴绮雯，熊云霞，王丽，蒋宗勇，易宏波 111
6673 Multi-omics analyses reveal the correlation between dynamic alteration of inulin utilizability and longitudinal development of gut microbiota in Jinhua native pigs 112
Nana Chen, Yizhen Wang, Mingliang Jin 112
6676 植物乳杆菌 LP15-1 通过诱导 M 细胞分化调控猪肠道先天性免疫 116

王薇薇，郑越，段涛，李爱科 116
6678 The ubiquitination of key proteins in tryptophan metabolism pathway plays an important role in the regulation of antioxidant levels in pig liver by α-lipoic acid 117
Jie Gao, Yanjun Cui, Weiguang Bao, Yue Hao and Xianhong Gu 117

四、营养与繁殖

6227 种公猪 9-28 月龄精液品质变化规律及饲粮中添加原儿茶酸对精液品质的改善作用 .120
胡睿智，杨茜梓，伍树松，贺建华 120
6247 Effects of Dietary Fiber ISF/SF Ratio in Late Pregnancy on Reproductive Performance, Milk Composition and Inflammatory Responses of Sows 122
Chengming Wang , Nan Wang Yuankun Deng , Andong Zha , Junyao Li , Bie Tan , Ming Qi , Jing Wang , Yulong Yin 122
6488 调节猪早期胚胎发育的功能性营养素高通量筛选细胞模型的建立与应用 124
王新宇，黄俊，曾祥芳 124
6527 叶酸和 VB12 对妊娠后期母猪胎盘功能和胎儿发育的机制研究 125
周锐，方正锋，卓勇，花伦，徐盛玉，李健，林燕，车炼强，冯斌，吴德 125
6528 饲粮添加硫酸钠对妊娠后期母猪繁殖性能和胎盘功能的机制研究 126
周锐，方正锋，卓勇，花伦，徐盛玉，李健，林燕，车炼强，冯斌，吴德 126
6550 复方中草药添加剂对母猪繁殖性能、免疫和抗氧化功能及其仔猪生长的影响 127
张清泰，邓圣庭，方成堃，方亚祥，宋雅婷，张沙，韩金凤，方热军 127
6562 饲粮中不同来源和水平的铁对公猪机体铁状态和精液品质的影响 128
吴英慧，李亚梅，苗悦悦，彭健 128
6598 饲粮添加酵母后生元对泌乳母猪生产性能、乳品质和免疫功能的影响 130
常俊磊，贾新林，刘亚磊，潘旭静，吴德，徐盛玉 130
6613 酵母后生元在提高妊娠晚期和泌乳母猪繁殖性能中的微生物机制 131
6617 功能性日粮纤维调控妊娠期胆汁酸稳态提高母猪繁殖性能 132
吴晓宇，彭健 132
6627 夏季高温下母源添加白藜芦醇通过调节母猪初乳免疫球蛋白和外泌体 miRNA 来促进仔猪肠道健康和增重的机制研究 133
洪常铭，黄宇健，温晓鹿，王丽，杨雪芬，高开国，蒋宗勇，肖昊 133
6628 母猪日粮添加酵母培养物调节其断奶仔猪在脂多糖应激下的免疫性能 134
潘旭静，刘亚磊，贾新林，常俊磊，吴德，徐盛玉 134
6631 可遗传肠道基石菌与公猪精液品质的因果关联研究 135
郭亮亮，彭健 135
6650 Effect of rearing parameters of replacement gilts on their reproductive performance and retention rate of the first two parities 136
Jiajian Tan , Yuanfei Zhou , Jian Peng 136
6652 硫化氢供体对肥胖母体繁殖性能的影响 137
王苗苗，彭健，周远飞 137
6653 初胎高产母猪泌乳期赖氨酸和蛋氨酸水平对繁殖性能的影响 138
刘波，周远飞，彭健 138
6656 肠道功能菌群及代谢物移植对 SD 雌鼠繁殖性能的后续效应研究 139
李梦尧，赵淑敏，胡梦，李佳静，麦蕾蕾，刘伯帅，崔亚垒，李振田，史莹华，李德锋，王成章，朱晓艳 139
6660 鼠李糖乳杆菌对玉米赤霉烯酮损害母猪繁殖性能的保护机制研究 141
原培强，方正锋，卓勇，花伦，徐盛玉，李健，林燕，车炼强，冯斌，吴德 141
6677 苜蓿草粉对生长发育期 SD 雌鼠性发育和繁殖性能的后续效应研究 142
李佳静，赵淑敏，胡梦林，李梦尧，麦蕾蕾，刘伯帅，崔亚垒，王志昌，孙浩，马森，史莹华，朱晓艳 142

五、营养与肉品质

6157 饲粮色氨酸水平对断奶仔肌纤维类型转化的影响及其 circRNAs 调控机制 144

何天乐，袁志栋，陈青云，罗菊，唐志如，赵轩，杨震国 144
6210 Transcriptional and post-transcriptional control of autophagy and adipogenesis by YBX1 145
Ruifan Wu, Shengchun Feng, Fan Li, Gang Shu, Lina Wang, Ping Gao, Xiaotong Zhu, Canjun Zhu, Songbo Wang, Qingyan Jiang 145
6233 发酵红薯渣对肉鸡营养物质消化率、肉品质和肠道微生物的影响 146
姚婷，王晨昱，何流琴，李铁军 146
6245 宁乡猪源罗伊氏乳杆菌通过调节支链氨基酸代谢影响猪脂质代谢的研究 147
杨媚，谢谦，谭碧娥，印遇龙 147
6508 不同品种猪的肉品质差异及其机制解析 148
宋博，祝倩，丁素娟，程雅婷，孔祥峰 148
6556 不同蛋白质水平饲粮中补充异亮氨酸对猪肉品质的影响 149
闫恩法，王宇波，何琳娟，岳潇雨，张鑫，尹靖东 149
6558 基于机器视觉和机器学习的三元杂交猪体成分预测模型构建 151
陈怡然，冯泽猛 151
6584 不同风味添加剂对风味物质在猪肉中沉积的影响 152
崔馨月，李宁，杨丽景，李泽青，郑梓，闫峻 152
6588“雪花猪肉”中脂质沉积的细胞动力学和转录调控机制 153
王力仪，赵雪艳，刘事奇，王继英，汪以真，单体中 153
6590 发酵桑叶对育肥猪屠宰性能、肉品质和肌肉中氨基酸、脂肪酸含量的影响 154
陈玉连，刘纯铭，杨钒 肖定福 154
6608 日粮不同硒源和添加水平对育肥猪肉品质、肌肉中硒含量及形态的影响 155
周晓容，肖融，胡颖，张军民，汤超华，邱小宇，刘志云，杨飞云 155
6612 发酵饲料对育肥猪肠道菌群、代谢图谱及猪肉风味的影响及其机制研究 156
刘事奇，杜满，路则庆，汪以真，单体中 156
6662 饲粮添加 L-茶氨酸对育肥猪肉品质和肌纤维类型转化的影响 157
代涵纳，陈小玲，陈代文，余冰，何军，陈洪，阎辉，郑萍，罗玉衡，黄志清 157
6666 三甲基甘氨酸对育肥猪肉品质的影响及机制探究 158
刘佳琪，王新霞 158
6670 栀子对生长育肥猪生长性能、胴体性状、肉品质及抗氧化功能的影响 159
唐佳希，邱月琴，熊云霞，王丽，高开国，蒋宗勇，杨雪芬 159
6674 慢性免疫应激断奶仔猪肌肉损伤的机制探究 160
余嘉懿，郑昌炳，段叶辉 160
6675 饲粮中添加香菇渣对育肥猪生长性能、猪肉品质和风味物质的影响 161
李奇隆，郭秋平，李凤娜 161
6679 宁乡猪不同月龄肌肉挥发性有机物的比较研究 162
李华丽，刘莹莹，朱吉，任慧波，胡雄贵，邓缘，崔清明，左剑波，喻国均，曹丽华，陈晨，彭英林 162

六、新型饲料添加剂研发

6179 饲粮添加水飞蓟宾对断奶仔猪生长性能及其对肠道氧化损伤和微生物群失调的调节作用 163
蔡龙，李彦品，孙文娟，皮宇，蒋显仁，李习龙 163
6193 槲皮素对围产期母猪繁殖性能的影响及作用机制 164
李垚，应琳琳，毛彦军，杨庆林，刘君红，周帅帅，伏雨欣，刘家言 164
6213 Iturin A 缓解 STb-Rosetta 菌诱导断奶仔猪肠道氧化损伤的研究 165
彭启良，周加义，王晓帆，高春起，严会超，王修启 165
6214 Frizzied7 介导 L -谷氨酸上调 Wnt/β-catenin 信号刺激猪肠道干细胞扩增 166
秦颖超，周加义，朱敏，咎庚秀，高春起，严会超，黎相广，王修启 166
6217 甲酸对抗猪流行性腹泻病毒损伤仔猪肠道干细胞机制研究 167
穆钊坤，周加义，王晓帆，高春起，严会超，王修启 167
6222 饲粮中单独添加有机酸或与不同功能性添加剂组合对断奶仔猪生长性能、血清生化指

标和肠道健康的影响 168
阳治康，徐伟伟，刘雅婷，张关锋，彭洁，江慧琼，陈清华 168
6224 裂殖壶藻对育肥猪生长性能和肉品质的影响 169
宫嘉泰，刘志辉，伍树松 169
6237 饲粮添加小檗碱对 ETEC K88 感染断奶仔猪肠道微生物群、胆汁酸代谢和肠道屏障损伤的影响 170
聂小燕，卢麒，何振涛，李耀杰，熊太第，尹宇呈，戴 洋，王瑞，戢怡文 朱翠 170
6248 宁乡猪源罗伊氏乳杆菌调控母猪初乳免疫球蛋白分泌的研究 172
谢谦，端木青，王婧，谭碧娥 172
6282 Iturin A 缓解 STb-Rosetta 菌诱导断奶仔猪小肠损伤及其机制研究 173
何慧，周加义，王晓帆，高春起，严会超，王修启 173
6438 响应面法优化菌酶协同发酵对夏威夷果青皮抗氧化活性的提升作用 174
黄海波，张成功，李步豪，唐曾标，郑妍，陈梦婷，蒋谦，印遇龙，张琛 174
6478 激发性益生元对母猪泌乳性能和免疫指标以及断奶仔猪生长性能和肠道微生物的影响 176
陈文宁，李敬，李习龙，蒋显仁 176
6484 发酵罗汉果渣对黄羽肉鸡营养物质表观消化率、血清生化指标、肠道形态及盲肠微生物菌群的影响 178
王天丽，梁丽芬，宾石玉，何流琴，姚婷，王晨昱，李铁军 178
6485 抗菌肽 Microcin C7 改善动物机体免疫功能及肠道健康 180
戴子奇 ，曾祥芳，于海涛，谯仕彦 180
6487 Maternal supplementary tapioca polysaccharide iron improves the growth performance of piglets by regulating the active components of colostrum and cord blood 182
Shengting Deng , Chengkun Fang , Ruiwen Zhuo , Qian Jiang , Yating Song , Kaili Yang , Sha Zhang , Juanyi Hao , Rejun Fang 182
6493 饲粮添加铁苋菜提取物对断奶仔猪生长性能、抗氧化指标和结肠微生物区系的影响 184
张佳琦，郭嘉庆，朱伟云，余凯凡 184
6495 硬毛粗盖孔菌 Mafic-2001 发酵产酶及其对非常规饲料原料酶解效果的研究 186
鲍成玲，刘志云，曹云鹤 186
6510 类肠膜魏斯氏菌对猪生长性能、粪菌和代谢产物的影响 187
刘韶娜，赵彦光，张斌，相德才，赵智勇 187
6515 吲哚-3-乙酸对断奶仔猪肠道功能和菌群结构的影响及其机制初探 188
樊雨昕，黄俊，涂佳钰，李思雨，马永航，曾祥芳，谯仕彦，王钢 188
6517 芽孢杆菌发酵豆渣液对湘黄鸡生产性能及肉品质的影响研究 189
陶怡佳，唐小武，陈丽，谭露鹏，慕容翔建，彭歆霏，杨灿，柳序 189
6519 The Effects of Bacillus subtilis QST713 and β-mannanase on growth performance, intestinal barrier function, and the gut microbiota in weaned piglets 190
Junchen Liu , Xiangyuan Ma , Yong Zhuo , Shengyu Xu , Lun Hua , Jian Li , Bin Feng , Zhengfeng Fang , Xuemei Jiang , Lianqiang Che, Zeyuan Zhu ,Yan Lin , De Wu 190
6520 Effects of fermented traditional Chinese medicine on growth performance and meat quality of black pigs 191
Yonglin Hu, XiaoWu Tang, Dan Zhao, Liping Li, Qiufeng Zhong,Can Yang, Nguyen Thi Thanh Hai 191
6522 Functional Characterization and Toxicological Study of Proanthocyanidins in Weaned Pigs 193
Jiahao Liu , Yong Qiao , Bing Yu , Yuheng Luo , Zhiqing Huang , Xiangbing Mao , Jie Yu , Ping Zheng , Hui Yan , Yan Li and Jun He 193
6523 复合有机酸替代金霉素对断奶仔猪生长性能、血清生化指标、肠道健康和微生物代谢产物的影响 194
李志青，杨凯，朱江，赵雨杰，王永超，王晶晶，陈国武，邢艺苑，马晓康 194
65344-萜品醇对氧化应激断奶仔猪生长性能及肠道损伤的调节作用 195
邱广志，李慧敏，董丽，王洪荣，喻礼怀 195
6538 Tea tree oil alleviates oxidative stress in the ileum epithelial cells IPI-2I of pigs 197
Changwei Zhang#, Zhaoxin Zhong, Li Dong, Hongrong Wang, Lihuai Yu 197

6546 苹果多酚通过激活 Nrf2/Keap1 信号通路促进育肥猪肠道抗氧化能力和屏障功能 198
黄腾腾 ，车强军 ，陈小玲 ，陈代文 ，余冰 ，何军 ，陈洪 ，阎辉 ，郑萍 ，罗玉衡 ，黄志清 198
6552 液体发酵饲料对断奶仔猪生长性能、腹泻率、抗氧化能力及肠道微生物菌群的影响199
郭振兴，黄兴国 199
6561 妊娠后期饲粮添加后生元对母猪繁殖性能及其后代仔猪生长性能和免疫功能的影响200
刘阳，王一凡，周强，王昌勤，方正锋，林燕，徐盛玉，冯斌，卓勇，吴德，车炼强 ... 200
6563 双层微囊包被精油对断奶仔猪生长性能、肠道发育、抗氧化及抗炎能力的影响 201
戴志琦，张倚剑，吴胜 201
6564 饲粮添加富含 DHA 和月桂酸单甘酯复合物对公猪精液品质的影响 202
邬妍婷，杨志鹏，李亚梅，李豪，彭健，魏宏逵，王济华 202
6566 妊娠期饲粮中添加维生素 D3 或 25-羟基维生素 D3 对母猪繁殖性能、乳成分、血液激素和后代仔猪骨骼发育的影响 204
王昌勤，周强，刘阳，吴江楠，方正锋，林燕，徐盛玉，冯斌，卓勇，吴德，车炼强 ... 204
6574 色氨酸代谢产物吲哚-3-乳酸对肠道炎症性损伤的作用效果探究 205
孙倚帆，周嘉毓，罗旭康，佟垚毅，米金秋，王庆凤，马秋刚，黄世猛, ... 205
6576 基于转录组分析猪β-防御素 114 在巨噬细胞中的免疫调节作用及机制 206
李林峰，黄升，陈利，江山，黄金秀，杨飞云，王贵学，刘作华，苏国旗 206
6587 马克思克鲁维酵母 Sec16 蛋白的功能分析 208
潘婷，郭瑞婷，刘明 208
6589 猪源解淀粉芽孢杆菌 SM12 对断奶小鼠肠道发育的影响 209
刘肖若薇，王启业，王鑫，耿春春，杨焕胜 209
6596 芪翁黄柏散对断奶仔猪生长性能及肠道屏障功能的调节作用 210
丁泽强，朱苗苗，袁浩洋，董丽，王洪荣，喻礼怀 210
65994-萜品醇对氧化应激断奶仔猪结肠形态结构、抗氧化功能和免疫功能的调节作用 212
孙中伟，侯宇轩，李慧敏，董丽，王洪荣，喻礼怀 212
66014-萜品醇对免疫应激仔猪肠上皮细胞稳态的调节作用 213
周杨淑，王梦璇，董丽 213
6602 饲粮添加吲哚-3-醛对断奶仔猪生长性能、肠上皮功能及肠道微生物区系的影响 215
张若凡，王孟婷，朱伟云，余凯凡 215
6616 饲粮添加胍基乙酸对低出生重仔猪断奶后生长性能、养分消化、能量代谢和肌肉发育的影响 216
宋倞汇，胡亮，刘阳，方正锋，林燕，徐盛玉，冯斌，卓勇，吴德，Peter Loibl ，车炼强216
6637 饲料中呕吐毒素和玉米赤霉烯酮脱毒菌的筛选及脱毒效果评价 217
张璐瑶，王永伟，范志勇，何贝贝 217
6654 栀子对断奶仔猪生长性能、肠道发育、抗氧化能力和微生物区系的影响 219
刘世龙，张贝贝，徐晓明，田敏 ，邱月琴，杨雪芬，蒋宗勇 219
6659 饲粮中添加β丙氨酸对母猪繁殖性能及其子代肠道形态结构的影响 221
张伟东，王兆斌，王茜茜，王启业，杨焕胜 221
6668 饲粮补充酵母硒对荣昌商品猪肠道屏障和肠道菌群的影响 222
邱小宇，周晓容，王琪，王敬，杨飞云，齐仁立 222
6669 关键窗口期补充谷氨酸对沙子岭猪不同部位组织脂质代谢的影响及其作用机制 223
郑昌炳，段叶辉，印遇龙 223

6469 生长育肥猪大麦、高粱和木薯的营养价值评定及预测方程建立

李瑞 1，冯淦熠 1，欧阳晴 2，邓梦龙 2，蒋线吉 1,2，刘小杰 1,2，杨刚 1,2，向强 1,2，田明洲 1,2，黄瑞林 1*，印遇龙 1*

（1.中国科学院亚热带农业生态过程重点实验室，畜禽养殖污染控制与资源化技术国家工程实验室，动物营养生理与代谢过程湖南省重点实验室，中国科学院亚热带农业生态研究所，长沙，410125；2.湖南农业大学动物科学技术学院，湖南畜禽安全生产协同创新中心，长沙 410128）

摘要：本研究选取不同来源的大麦、高粱和木薯各 10 个，分别测定各自的猪 DE、ME 和 SID_{AA}，并基于各类原料的有效化学养分含量构建 DE、ME 和 SID_{AA} 的预测方程，旨在为快速测定未知大麦、高粱和木薯的猪营养价值提供数据支撑，更好地指导猪饲料的精准配制。试验一，选取 22 头阉公猪，采用 2 个 11×3 设计，每个安排 11 种饲粮（基础饲粮+10 个目标饲粮）和 3 个连续周期，每期 7 d 预饲+5 d 粪尿收集。试验二，选用 22 头回肠瘘管猪，按照 2 个 11×3 设计，包括 11 种日粮（无氮日粮+10 个目标日粮）和 3 个连续周期，每期 5 d 预饲+2 d 食糜收集。日粮均添加 0.3 %的 TiO_2 作指示剂。结果表明，风干状态下，大麦间的 EE，Ca，Ash，ADF 和 CF 的 CV 值接近或>10 %，DE 和 ME 分别为 11.29～13.58 MJ/kg 和 10.95～13.15 MJ/kg，最佳预测方程分别为 DE = -23.594+3.582 CP+0.430 EE（R^2=0.947）和 ME = -12.781+0.996 DE-0.125 ADF+0.711 GE+0.018 DM-0.081 TP（R^2=1）。大麦中 Lys、Met、Thr 和 Trp 的 SID 值分别为 73.13～80.90 %，80.34～87.23 %，79.30～82.15 %和 76.02～85.78 %，最佳预测方程分别为 SID_{Lys} = 72.818+1.564 EE（R^2=0.661），SID_{Met} = 100.290-0.409 TS（R^2=0.736），SID_{Thr} = 76.709+1.694 ADF-0.953 CF（R^2=0.973）和 SID_{Trp} = 146.762-6.291 CP-0.334 NDF（R^2=0.993）。高粱间 CP、EE、CF、NDF、ADF、Ca、P 和单宁含量的 CV 值均>10 %，DE 和 ME 分别为 11.80～15.85 MJ/kg 和 11.63～15.50 MJ/kg，最佳预测方程分别为 DE = 36.823 - 6.532 单宁 - 5.387 Ash - 0.147 TS（R^2=0.907）和 ME = 0.229 + 0.974 DE（R^2=0.990）。高粱中 Lys、Met、Trp 和 Thr 的 SID 值分别为 61.11～90.60 %，85.16～95.40 %，84.21～92.37 %和 66.39～80.80 %，最佳预测方程分别为 SID_{Lys} = 158.984 - 811.047 Trp - 1.342 NDF（R^2=0.889），SID_{Met}=111.347 - 232.298 Trp（R^2=0.647），SID_{Trp} = 95.676-10.824 单

基金项目：国家重点研发计划（2021YFD1300201；2021YFD1301004）；生长育肥猪常用能量饲料原料营养价值评定与参数建立（16190298；16200142；20210406）；云南省重大科技专项计划（202202AE090032）；湖南省自然科学基金（2022JJ40532）

作者简介：李瑞（1987-），男，湖北潜江人，助理研究员，从事猪饲用资源开发与应用研究。手机：15874143174 E-mail: lirui181000@163.com

*通信作者：黄瑞林，研究员，硕士生导师，E-mail: huangrl@isa.ac.cn；印遇龙，研究员，博士生导师，E-mail: yinyulong@isa.ac.cn

数据已见刊: Animal Feed Science and Technology, 2023; Journal of Animal Science, 2023; 动物营养学报, 2022

宁（R^2=0.523）和 SID_{Thr} = 55.187 + 3.851 ADF（R^2=0.609）。木薯间 CP、EE、Ca、TP、NDF、ADF 和 CF 含量的 CV 值均 >10 %，DE 和 ME 分别为 12.63～14.49 MJ/kg 和 12.47～14.28 MJ/kg，最佳预测方程分别为 DE = 17.753-0.057 HCN（R^2=0.93）和 ME = 17.465-0.057 HCN（R^2=0.96）。木薯中 Lys、Met、Thr 和 Trp 的 SID 值分别为 69.20～95.53 %，69.62～97.81 %，73.04～95.44 %和 84.50～96.20 %。综上所述，（1）不同来源大麦间化学组成变异较大，EE、CF 和 ADF 可作为大麦猪 DE、ME 和 SID_{AA} 的关键预测因子。（2）不同来源高粱间化学组分差异较大，单宁可作为高粱猪 DE、ME 和 SID_{AA} 的关键预测因子。（3）不同来源木薯的淀粉含量高且变异小，但 CP 和 EE 含量均偏低且变异大，氢氰酸（HCN）是造成木薯间猪 DE、ME 和 SIDAA 变异的关键预测因子。

关键词：猪，大麦，高粱，木薯，有效能，氨基酸消化率，预测方程

6473 The effects of phytase and non-starch polysaccharide-hydrolyzing enzymes on trace element deposition, intestinal morphology, and cecal microbiota of growing–finishing pigs

Fenfen Liu 1,†, Jing Li 1,2,†, Hengjia Ni 1,*, Md. Abul Kalam Azad 1, Kaibin Mo 1,3, Yulong Yin 1,*

(1. Key Laboratory of Agro-Ecological Processes in Subtropical Region, Hunan Provincial Key Laboratory of Animal Nutritional Physiology and Metabolic Process, Hunan Research Center of Livestock and Poultry Sciences, South Central Experimental Station of Animal Nutrition and Feed Science in the Ministry of Agriculture, Institute of Subtropical Agriculture, Chinese Academy of Sciences, Changsha 410125, China; 2. Department of Animal Science, Hunan Agriculture University, Changsha 410125, China; 3. College of Veterinary Medicine, South China Agricultural University, Guangzhou 510642, China)

Abstract: This study investigated the effects of supplementing phytase and non-starch polysaccharide-degrading enzymes (NSPases) to corn-soybean meal-based diet on the growth performance, trace element deposition, and intestinal health of growing–finishing pigs. Fifty pigs were randomly assigned into the control (basal diet), phytase (basal diet + 100 g/t of phytase), β-mannanase (basal diet + 40 g/t of β-mannanase), β-glucanase (basal diet + 100 g/t of β-glucanase), and xylanase (basal diet + 100 g/t of xylanase) groups. The results show that the supplementation of phytase and NSPases had no impacts ($p > 0.05$) on the growth performance of pigs. Compared with the control group, pigs fed with xylanase had higher ($p < 0.05$) Zn concentrations in the ileum and muscle and those fed with phytase had higher ($p < 0.05$) Zn concentrations in the ileum. Phytase and xylanase supplementation decreased ($p < 0.05$) fecal Zn concentrations in pigs compared with the control group ($p < 0.05$). In addition, phytase, β-mannanase, β-glucanase, and xylanase supplementation up-regulated ($p < 0.05$) the *FPN1* expression, whereas xylanase up-regulated ($p < 0.05$) the *Znt1* expression in the duodenum of pigs compared with the control group. Moreover, phytase, β-glucanase, and xylanase supplementation up-regulated ($p < 0.05$) the jejunal *Znt1* expression compared with the control group. The intestinal morphology results show that the phytase, β-mannanase, and xylanase groups had

基金项目：国家重点研发计划（2022YFD1300504）；长沙市科技项目（kh2201234）；湖南省创新型省份建设专项资金（2019RS3022）

作者简介：刘粉粉（1991—），女，山东单县人，博士研究生，从事动物营养与饲料科学专业研究。手机：13507460327 E-mail: 13507460327 @163.com

*通信作者：倪垣佳，副研究员，E-mail: nihengjia@isa.ac.cn；印遇龙，研究员，E-mail: yinyulong@isa.ac.cn

increased villus heights (VHs), an increased villus height–crypt depth ratio (VH:CD), and decreased crypt depths (CDs) in the duodenum, whereas phytase, β-mannanase, β-glucanase, and xylanase groups had decreased VH and VH:CD, and increased CD in the jejunum compared with the control group ($p < 0.05$). Pigs fed with exogenous enzymes had decreased bacterial diversity in the cecum. The dietary supplementation of NSPases increased the relative abundance of Firmicutes and decreased spirochaetes ($p < 0.05$). Compared with the control group, dietary NSPase treatment decreased ($p < 0.05$) the opportunistic pathogens, such as *Treponema_2* and *Eubacterium_ruminantium*. Moreover, the relative abundances of *Lachnospiraceae_XPB1014* and Lachnospiraceae were enriched in the β-glucanase and β-mannanase groups ($p < 0.05$), respectively. In conclusion, phytase and xylanase supplementation may promote zinc deposition in pigs. Additionally, the supplementation of NSPases may improve the gut health of pigs by modulating the intestinal morphology and microbiota.

Keywords: phytase; non-starch polysaccharide-hydrolyzing enzymes; trace element; gut health; pig

6474 The digestible and metabolizable energy, and prediction equations of energy values of seven fiber-rich ingredients in growing pigs

Kai Li [1], Guosong Bai 1, Zhengqun Liu 2, Ruqing Zhong 1, Liang Chen1,2, Hongfu. Zhang 1

(1. State Key Laboratory of Animal Nutrition and Feeding, Institute of Animal Sciences, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Beijing, 100193, China; 2. Tianjin Key Laboratory of Animal Molecular Breeding and Biotechnology, Institute of Animal Science and Veterinary, Tianjin Academy of Agriculture Sciences, Tianjin 300381, China.)

Abstract: The objective of this study was to assess the digestible energy (DE), and metabolizable energy (ME) of seven fiber-rich ingredients [wheat bran (WB), wheat shorts (WS), corn distillers dried grains with solubles (DDGS), alfalfa meal (AM), palm kernel cake (PKC), rice hull meal (RHM), and corncob powder (CCP)] for growing pigs. Additionally, the prediction equation for DE and ME was also developed based on chemical analysis. A total of twenty-four crossbred barrows were assigned to a 2×8 Youden square design. This experiment consisted of two periods and eight dietary treatments, with three replicated pigs per diet in each period. The eight dietary treatments included a corn-soybean meal basal diet (BD) and seven experimental diets containing 20% seven fiber-rich ingredients to replace corn, soybean meal, and soybean oil in the BD diet, respectively. Each period consisted of an initial 7-day adaptation phase, followed 5-day period for the collection of total urine and feces. The pigs were provided with one of two equal portions of a daily feed allowance at 09:00 and 17:00 h individually every day and provided ad libitum access to water. The DE and ME were determined by the total collection method and difference method. Among the seven test diets, the diet containing DDGS exhibited the highest apparent total tract digestibility (ATTD) of dry matter (DM). The diet consisting of PKC demonstrated the greatest ATTD of crude protein (CP) and ether extract (EE). The diet composed of AM displayed the best AATD of neutral detergent fiber (NDF) and acid detergent fiber (ADF). The results indicated that the available energy content (DE and ME) of WB, WS, DDGS, AM, PKC, RHM, and CCP were 2,519 and 2,366 kcal/kg DM, 3,188 and 3,063 kcal/kg DM, 3,738 and 3,563 kcal/kg DM, 1,566

Funding: Fundamental Research Funds for the Chinese Academy of Agricultural Sciences (2023-YWF-ZX-03)

[1]Author: Kai Li (1996-), Male, Shaanxi Hanzhong, Ph. D. student, Major: Animal Ntrition and Feed Science. Cell:18008349847 E-mail: xndxlk@139.com

[2]Correspondence: Liang Chen, researcher, chenliang01@caas.cn

and 1,428 kcal/kg DM, 3,436 and 3,400 kcal/kg DM, 559 and 506 kcal/kg DM, and 1,076 and 950 kcal/kg DM, respectively. The contents of DE and ME in DDGS, PKC, and WS are greater than those values in other ingredients (P<0.05). On DM basis, the DE and ME values of these seven fiber-rich ingredients could be predicted through the following equations: DE = 2.32 × gross energy (GE) - 30.37 × NDF – 6,644 (R^2 = 0.96, P = 0.002) and ME = 297.68 × EE - 39.58 × ADF + 1,624 (R^2 = 0.98, P < 0.001), respectively, in which energy values are expressed as kcal/kg and chemical compositions are expressed as %. In conclusion, the DDGS had the greatest DE and ME contents, and the contents of GE, NDF and EE, ADF can be used as factors to predict the values of DE and ME, respectively, in fiber-rich ingredients.

Keywords: Growing pigs; Digestible energy; Metabolizable energy; Prediction equation; Fiber-rich ingredients

6479 发酵亚麻籽粕营养价值评定及其在生长猪上的应用研究

徐蕾，皮宇，蒋显仁，李习龙*

（中国农业科学院饲料研究所，农业农村部饲料生物技术重点开放实验室，北京 100081）[3]

摘要：亚麻籽粕（FSC）是亚麻籽榨油后的副产物，其营养价值丰富，富含蛋白质、不饱和脂肪酸等营养物质，可作为优质的新型蛋白饲料原料，但是 FSM 中抗营养因子（ANF）限制了其在饲料中的应用。微生物发酵处理可显著降低 FSC 中 ANF（生氰糖苷 CGs 等），然而关于发酵亚麻籽粕（SFFSC）在生长猪上的营养价值评定及应用研究鲜有报道。为明确 SFFSC 在猪生产中的应用价值，本研究开展 3 个试验，测定 SFFSC 的化学组成、消化能（DE）、代谢能（ME）和氨基酸消化率，建立 SFFSC 的营养价值数据库，并探究饲粮中添加 SFFSC 在生长猪上的应用效果。试验 1：选取 18 头体重为 53.64 ± 5.04 kg 杜×长×大去势公猪，随机分为 3 个处理组（每组 6 个重复、每个重复 1 头）。对照组饲喂基础饲粮，试验组用 FSC 和发酵 FSC 替代基础饲粮中 30%的豆粕，采用全收粪法测定 FSC 和 SFFSC 的营养物质消化率、以及 DE 和 ME。试验 2：选取 6 头体重为 50.5±6.64 kg 的杜×长×大安装回肠末端 T 型瘘管的生长猪，采用 3×3 尤丁方设计，3 期 3 种饲粮，饲粮包括无氮饲粮以及 FSC 和 SFFSC 试验饲粮，采用无氮饲粮测定基础回肠内源性 AA 损失，试验饲粮中添加 40%FSC 作为饲粮氮的唯一来源，采用外源指示剂法和直接法测定 FSC 和 SFFSC 的氨基酸表观和标准回肠消化率。试验 3：选取 96 头体重 39.57±3.57kg 的生长猪，随机分为 4 个处理（每组 8 个重复、每个重复 3 头），分别为对照组（基础饲粮），10% SF 组（添加 10%SFFSC），15%SF 组（添加 15%SFFSC）以及 20%SF 组（添加 20%SFFSC），试验期 30 天。试验 1 结果显示：1）与 FSC 相比，SFFSC 中 CP、Ca、P 分别提高 2.86%、9.54%、4.56%，NDF、ADF 分别降低 34.09%、12.71%；FSC 中 CGs 降解率高达 55%；2）FSC 及 SFFSC 的 DE 和 ME 分别为 14.54 MJ/kg、16.68 MJ/kg（DE）和 12.85 MJ/kg、15.24 MJ/kg（ME）；3）饲粮中添加 SFFSC 能够显著提高生长猪 CP、NDF、ADF、Ca、P 表观消化率（$P < 0.05$）。试验 2 结果显示：SFFSC 显著提高蛋氨酸标准回肠末端消化率（$P < 0.05$)。试验 3 结果显示：1）各处理组对生长性能无显著性差异（$P > 0.05$），20%SF 组对生长猪生长性能也无负面影响。2）与对照组相比，添加 SFFSC 显著提高血浆免疫球蛋白（IgG 和 IgM）的浓度，并随着添加剂量呈线性增加（$P < 0.05$)；3）IGF-1 水平随着剂量的增加呈线性和二次效应，20%SF

[3]基金项目：河北省重点研发计划项目（21326609D）

作者简介：徐蕾（1999—），女，吉林延边人，硕士研究生，从事猪营养与饲料方面的研究，E-mail: xlei0611@163.com

*通信作者：李习龙，研究员，E-mail: lixilong@caas.cn

组 IGF-1 水平显著低于 10%SF 组（$P < 0.05$）；4）ALT、TC、TG、LDL、HDL 和尿素氮水平随着 SFFSC 剂量的增加呈线性效应（$P < 0.05$)；5）10%SF 和 15%SF 组显著增加粪便中丁酸含量，且呈线性增加（$P < 0.05$）。综上，微生物固态发酵处理能够提高 FSC 的营养价值及其在生长猪上营养物质的消化利用率，对生长猪免疫功能、脂质代谢及其微生物代谢均具有积极影响，并进一步提升了 FSC 在生长猪上的使用量。

关键词：发酵 FSC；生长猪；消化代谢；标准回肠末端氨基酸消化率

6506 糙米对猪的有效能和氨基酸消化率测定与预测模型建立

欧阳晴 1,2，李瑞 2*，尹杰 1，冯淦熠 1,2，杨刚 1,2，蒋线吉 1,2，刘小杰 1,2，向强 1,2，田明州 1,2，龙次民 2，印遇龙 2*

（1.湖南农业大学动物科学技术学院，湖南畜禽安全生产协同创新中心，长沙，410128；2.中国科学院亚热带农业生态过程重点实验室，畜禽养殖污染控制与资源化技术国家国家工程实验室，动物营养生理与代谢过程湖南省重点实验室，中国科学院亚热带农业生态研究所，长沙，410125）[4]

摘要：本研究通过 2 个试验测定糙米对生长猪 DE 和 ME，及氨基酸标准回肠消化率（SID_{AA}），并基于糙米的物理特性与化学组成构建 DE、ME 和 SID_{AA} 的预测模型。试验一，选取 22 头杂交阉公猪（杜×长×大；50.0 + 1.7 kg BW），采用 2 个 11×3 的不完全拉丁方设计，分别饲喂 1 个玉米-豆粕饲粮和 10 种糙米饲粮，试验 3 个周期，每期 12 天（7 天预饲+5 天粪尿收集）。试验二，选取 22 头回肠瘘管猪（杜×长×大;，42.0±1.2 kg），采用 2 个 11×3 的不完全拉丁方设计，11 种日粮（无氮日粮+10 个糙米日粮），试验 3 个周期，每期 7 天（5 天适应+2 天食糜收集）。以糙米为唯一氮源配制糙米日粮，用无氮日粮法测定基础内源氮损失，所有试验日粮均添加 0.3 %三氧化二铬作为指示剂。结果显示，糙米的 GE、DM、CP、EE、CF、Ash、Ca、P、NDF、ADF、淀粉（TS）、容积、千粒重和千粒容积分别为 15.42 MJ/kg（14.98～15.95MJ/kg），87.39%（86.40%～88.40%），6.73%（5.34%～8.39%），1.97%（1.10%～2.77%），0.92%（0.20%～1.53%），1.06%（0.87%～1.29%），0.02%（0.01%～0.03%），0.17%（0.14%～0.20%），5.04%（2.17%～9.58%），1.61%（0.74%～2.49%），69.08%（56.76%～77.94%），0.76 Kg/L（0.73～0.78 Kg/L），20.53 g/千粒（14.59～25.82 g/千粒），25.22 mL/千粒（19.9～32 mL/千粒），其中 CP、EE、Ca、CF、NDF、ADF、Ash、TP、TS、千粒重和千粒容积含量的变异系数（CV）均大于 10%。糙米对生长猪的 DE 和 ME 平均值分别为 14.22MJ/kg 和 13.83MJ/kg，DE 和 ME 最佳预测方程分别为 DE=-13.149-0.104TS-2.603CF+2.309GE+1.426ADF-53.251Ca（R^2=0.96）和 ME=2.194+0.894DE+16.815Ca+0.312EE-0.028TS（R^2=0.99）。糙米的 CP、Lys、Met、Thr 和 Trp 的 SID 值分别为 78.47% (69.56~84.23%)，74.27% (61.11~90.60%)，92.07% (85.16~95.40%)，75.46% (66.39~80.80%) 和 87.99% (84.21~92.37%)，最佳预测方程分别为：SID_{CP}=-664.181+8.484DM（R^2=0.40）；SID_{Lys}=53.126+6.031EE+0.893× 千粒容积（R^2=0.66）；

基金项目：国家重点研发项目（2021YFD1300201；2021YFD1301004）；云南省重大科技专项计划（202202AE090032）；湖南省自然科学基金（2022JJ40532）

作者简介：欧阳晴（2000-），女，湖南湘潭人，硕士研究生。手机：17397322980 E-mail：2645364283@qq.com

通信作者：李瑞，助理研究员，E-mail：lirui181000@163.com

SID_{Thr}=39.916+7.843EE（R^2=0.41）；SID_{Trp}=-361.588+4.891DM+0.387TS（R^2=0.85）。综上，不同来源糙米之间的物理特性和化学组成变异较大，DM、EE 和 TS 可以作为糙米猪 DE、ME 和 SID_{AA} 的关键预测因子。

关键词：糙米，生长猪，有效能，氨基酸消化率，预测模型

6509 发酵枳实渣对仔猪抗氧化能力和肠道健康的影响

殷运菊 1,2，史寒婧 1,3，陈思思 1,5，吴宜洋 2，周媛媛 2，汤赫 4，郭秋平 1，李凤娜5*

（1. 中国科学院亚热带农业生态研究所亚热带农业生态过程重点实验室，长沙 410125；2. 湖南农业大学动物科学技术学院，长沙 410128；3. 湖南师范大学生命科学学院，动物肠道功能调控湖南省重点实验室，长沙 410081；4. 张家界继源科技有限公司，张家界 427099；5. 中国科学院大学，现代农业科学学院，北京 100049）

摘要：本试验旨在探究发酵枳实渣对仔猪生长性能，机体抗氧化能力和肠道健康的影响，选取 32 头体重为 7.65±0.18 kg 杜×长×大三元杂交仔猪，随机分为 4 组，分别使用 0，4%，8%，12%的发酵枳实渣代替部分玉米。结果表明：1）与对照组相比，8%和 12%的发酵枳实渣能显著提高平均日增重（ADG）（P<0.05），8%的发酵枳实渣能显著提高平均日采食量（ADFI）（P<0.05）。2）与对照组相比，8%、12%的发酵枳实渣显著提高血清中总蛋白（TP）的水平，4%的发酵枳实渣显著降低血清中葡萄糖（GLU）水平（P<0.05）。发酵枳实渣显著提高仔猪血清中总抗氧化能力（T-AOC）、谷胱甘肽过氧化物酶（GSH-Px）、超氧化物歧化酶（SOD）、过氧化氢酶（CAT）的活性，显著降低丙二醛（MDA）的含量（P<0.05）。3）8%的发酵枳实渣显著提高了仔猪空肠绒毛高度和杯状细胞数量，并降低了空肠隐窝深度，同时提高了空肠的绒隐比（V/C），空肠肠道切片 HE 染色结果显示，对照组有少量肠绒毛断裂，其他三组空肠绒毛与肠道形态完整。发酵枳实渣显著提高了空肠超氧化物歧化酶 1（SOD1）和核因子 E2 相关因子 2（Nrf2）mRNA 的表达水平（P<0.05）。4）发酵枳实渣显著提高仔猪空肠肠道微生物多样性，在门水平上，发酵枳实渣显著提高拟杆菌门（Bacteroidetes）的相对丰度，显著降低厚壁菌门（Firmicutes）的相对丰度。在属水平上，发酵枳实渣显著提高乳杆菌属（*Lactobacillus*）和普氏菌属（*Prevotella*）的相对丰度，显著降低链球菌（*Streptococcus*）的相对丰度。综上所述，在仔猪饲粮中使用发酵枳实渣替代部分玉米，对仔猪生长性能无负面影响，并且能提高机体的抗氧化性能，显著改善仔猪肠道形态，增加肠道微生物多样性，最终改善仔猪的生长性能，且替代量以 8%的效果最好。

关键词：发酵枳实渣；抗氧化能力；肠道健康；仔猪

基金项目：湖南省重点研发计划项目（2022NK2026），湖南省科技创新领军人才计划资助（2021RC4039）

作者简介：殷运菊（1997-），女，贵州六盘水人，硕士研究生，主要从事动物营养学与饲料资源开发与利用研究。手机：17891009973，E-mail: yinyj1124@163.com

*通讯作者：李凤娜，研究员，E-mail: lifengna@isa.ac.cn

6516 饲喂中国高粱的猪有效能与氨基酸消化率的预测

冯淦熠 1，李瑞 1*，蒋线吉 1,2，杨刚 1,2，田明洲 1,2，向强 1,2，刘小杰 1,2，欧阳晴 2，龙次民 1，黄瑞林 1，印遇龙 1

（1.中国科学院亚热带农业生态过程重点实验室，畜禽养殖污染控制与资源化技术国家工程实验室，动物营养生理与代谢过程湖南省重点实验室，中国科学院亚热带农业生态研究所，长沙，410125；2.湖南农业大学动物科学技术学院，湖南畜禽安全生产协同创新中心，长沙 410128）

摘要：本试验旨在测定生长育肥猪对 10 个中国高粱的消化能（Digestible energy，DE），代谢能（Metabolizable energy，ME），粗蛋白质（Crude protein，CP）和氨基酸（Amino acids，AA）的标准化回肠消化率（Standardized ileal digestibility，SID）。试验 1 共选取 22 头健康的 70±1.8 kg“杜×长×大”阉公猪，按照 2 个 11×3 的重复不完全拉丁方设计，分别饲喂 10 个高粱饲粮和 1 个基础饲粮，并保持饲粮中玉米与豆粕的比值不变，使用替代法与差异法测定中国高粱中的有效能值，试验 1 共有 3 个连续的周期，每个周期 12 d（7 天预饲期+5 天粪尿收集期）；试验 2 选取 22 头健康的 41.3±1.2 kg“杜×长×大”阉公猪，在回肠远端安装 1 个“T”型瘘管后，按照 2 个 11×3 的重复不完全拉丁方设计，分别饲喂 10 个以中国高粱为唯一氮源的日粮和 1 个无氮日粮，采用无氮日粮法测定基础内源性氮损失，在试验 2 的所有日粮中均添加 0.30%的二氧化钛，采用指示剂法计算 CP 与 AA 的 SID，试验 2 共有 3 个连续的周期，每个周期 7 d（5 d 预饲期+2 d 食糜收集期）。试验结果表明：1）在饲喂基础下，生长育肥猪对中国高粱的 DE 与 ME 值分别为 3,410 kcal/kg （2,826~3,794 kcal/kg） 和 3,379 kcal/kg （2,785~3,709 kcal/kg）；2）单宁和灰分是 DE 与 ME 的第一和第二预测因子，中国高粱中 DE 和 ME 的最佳预测方程分别为：DE = 6,267.945 - （1,271.154 × % tannin） - （1,109.720 × % ash） （R^2 = 0.803） 和 ME = 51.263 + （0.976 × DE） （R^2 = 0.994）；3）CP、赖氨酸（Lys）、蛋氨酸（Met）、苏氨酸（Thr）和色氨酸（Trp）的 SID 值分别为 78.48%（69.56~84.23%），74.27% （61.11~90.60%），92.07% （85.16~95.40%），75.46%（66.39~80.80%） 和 87.99% （84.21~92.37%）；4）单宁、粗脂肪（Ether extract，EE）、Trp、酸性洗涤纤维（Acid detergent fiber，ADF）、粗纤维（Crude fiber，CF）和 Trp 可作为 CP 与前 4 种限制性 AA 的 SID 的关键预测因子，中国高粱中 CP 和 AA 的 SID 最佳预测方程分别为：SID_{CP} = 93.404 - （21.026 × % tannin） （R^2=0.593）, SID_{CP} = 42.922 - （4.011 × % EE） + （151.774 × % Met） （R^2 = 0.696）, SID_{Lys} = 129.947 - （670.760 × % Trp） （R^2 = 0.821）, SID_{Met} = 111.347 - （232.298 × % Trp） （R^2 = 0.647）, SID_{Thr} = 55.187 + （3.851 × % ADF） （R^2 = 0.609） 和 SID_{Trp} = 95.676 - （10.824 × % tannin） （R^2 = 0.523）。

关键词：有效能；氨基酸消化率；中国高粱；生长育肥猪；单宁

---

*通信作者：李瑞，助理研究员， Email：lirui181000@163.com

6518 生长猪对中国稻谷有效能与氨基酸消化率的预测

冯淦熠 1，欧阳晴 2，李瑞 1*，蒋线吉 1,2，刘小杰 1,2，杨刚 1,2，唐辉 1,2，田明洲 1,2，向强 1,2，邓梦龙 2，龙次民 1，黄瑞林 1，印遇龙 1

（1. 中国科学院亚热带农业生态过程重点实验室，畜禽养殖污染控制与资源化技术国家工程实验室，动物营养生理与代谢过程湖南省重点实验室，中国科学院亚热带农业生态研究所，长沙，410125；2. 湖南农业大学动物科学技术学院，湖南畜禽安全生产协同创新中心，长沙 410128）

摘要：本试验基于 11 个中国稻谷中的有效化学组分含量，构建了生长猪对中国稻谷的消化能（Digestible energy，DE），代谢能（Metabolizable energy，ME），粗蛋白质（Crude protein，CP）和氨基酸（Amino acids，AA）的标准化回肠消化率（Standardized ileal digestibility，SID）的动态预测模型。试验 1 共选取 24 头健康的 20±1.3 kg“杜×长×大”阉公猪，按照 2 个 12×3 的重复不完全拉丁方设计，分别饲喂 11 个稻谷饲粮和 1 个基础饲粮，并保持饲粮中玉米与豆粕的比值不变，试验 1 共有 3 个连续的周期，每个周期 12 d（7 天预饲期+5 天粪尿收集期），使用替代法与差异法测定中国稻谷中的有效能值；试验 2 选取 24 头健康的 15.4±1.8 kg“杜×长×大”阉公猪，在回肠远端安装 1 个“T”型瘘管后，按照 2 个 12×3 的重复不完全拉丁方设计，分别饲喂 11 个以稻谷为唯一氮源的日粮和 1 个无氮日粮，采用无氮日粮法测定基础内源性氮损失，在试验 2 的所有日粮中均添加 0.30%的二氧化钛，采用指示剂法计算 CP 与 AA 的 SID，试验 2 共有 3 个连续的周期，每个周期 7 d（5 d 预饲期+2 d 食糜收集期）。试验结果表明：1）在饲喂基础下，生长猪对中国稻谷的 DE 与 ME 值分别为 12.05 MJ/kg 和 11.46 MJ/kg；2）有效磷（Available phosphorous, AP）、植酸磷（Phytate phosphorous, PP）和植酸可作为 DE 与 ME 的关键预测因子，中国稻谷中 DE 和 ME 的最佳预测方程分别为：DE（MJ/kg）=9.12+（71.855×% AP）（R^2=0.507，RSD=0.93，P=0.013）和 ME（MJ/kg）=-0.439+0.987×DE（R^2=0.941，RSD=0.33，P<0.01）；3）CP、赖氨酸（Lys）、蛋氨酸（Met）、苏氨酸（Thr）和色氨酸（Trp）的 SID 值分别为 74.05%、78.13%、68.72%、75.61%和 86.61%；4）干物质（Dry matter，DM）、中性洗涤纤维（Neutral detergent fiber，NDF）、酸性洗涤纤维（Acid detergent fiber，ADF）、粗纤维（Crude fiber，CF）和 Trp 可作为 CP 与 AA 的 SID 的关键预测因子，中国稻谷中 CP 和 Lys 的 SID 最佳预测方程分别为：SID_{CP} = 109.065 – (3.273 × % ADF) (R^2 = 0.495, RSD = 7.81, P = 0.016) ，SID_{Lys} = 446.184 – (3.507 × % DM) – (654.238 × % Trp) – (3.397 × % CF) (R^2 = 0.856, RSD = 3.50, P<0.01)。

关键词：有效能；氨基酸消化率；中国稻谷；生长猪；有效磷；植酸磷

*通信作者：李瑞，助理研究员，Email：lirui181000@163.com

6555 基于杜长大猪营养价值数据库建立定安猪饲料原料有效能预测模型的探索

邹有为 1,3，许晏维 1，张翔宇 1，邱平飞 2，王琴 2，王学梅 2，王吉喆 1，张泽宇 1，赵金标 1，李笑春 2，石惠宇 2，邱晨晨 1，王军军 1*

（1. 中国农业大学动物科学技术学院，畜禽营养与饲养全国重点实验室，北京 100193；2. 海南大学热带农林学院，海南 570228；3. 广东省中山市农业农村局，广东 528403）

摘要：定安猪是我国海南省地方猪品种，定安黑猪是以定安猪为母本，杜洛克等为父本获得的二元杂交后代，由于缺乏定安猪和定安黑猪饲料有效能值评价的系统研究，定安猪的饲养标准多参考杜长大三元猪或者养殖场经验值，从而制约了定安猪和定安黑猪的精准营养与高效养殖。本研究旨在通过评价玉米、豆粕等常规原料以及海南省地源性饲料原料在杜长大猪、定安猪和定安黑猪上的有效能值，比较相同饲料原料在三个猪种间的差异利用规律，并在此基础上，探讨建立基于杜长大猪营养价值数据库的定安猪和定安黑猪饲料原料有效能值预测模型。本试验选用 90 日龄（去势公猪）杜×长×大三元杂交猪、定安猪和定安黑猪各 10 头（初始体重分别为 29.31 ± 2.94、 23.36 ± 4.88、31.60 ± 4.41 kg），评定 10 种饲料原料的有效能值（玉米、豆粕和其他 8 种海南省地源性饲料原料），按照 3 个 10 × 6 不完全拉丁方设计随机分配 10 个饲粮处理组，每个处理 6 个重复，每个重复 1 头猪，采用全收粪尿法和套算法测定饲料原料的有效能值。结果表明：玉米、豆粕、木薯、甘薯、椰子粕、棕榈粕、木薯渣、果渣（诺丽）、米糠和椰蓉对杜长大猪的代谢能分别为 13.32、14.76、12.22、11.99、16.29、10.01、6.38、5.92、5.25、18.37 MJ/kg；定安猪代谢能分别为：13.53、15.04、12.13、12.49、16.37、10.64、6.70、7.73、5.37、18.88 MJ/kg；定安黑猪代谢能分别为 13.52、15.00、12.46、12.67、16.89、10.99、7.34、6.69、6.79、18.85 MJ/kg。不同猪种间玉米、豆粕、木薯、甘薯、椰子粕和椰蓉的有效能无显著差异，但杜长大猪对棕榈粕、木薯渣、果渣和米糠的代谢能均显著低于定安猪和定安黑猪（P<0.05）。进一步研究表明：定安猪和定安黑猪对原料中有机物、中性洗涤纤维和酸性洗涤纤维的消化率显著高于杜长大猪（P<0.05），且与三种猪的有效能值呈极显著正相关（P<0.01）。基于杜长大猪有效能推导定安猪代谢能的最佳预测方程为：$ME_{(定安猪)} = 0.871 \times DE_{(杜长大)} - 1.39 \times Ash + 1.828$（$R^2 = 0.989$，$P$<0.01），定安

基金项目：海南省重点研发计划项目（ZDYF2021XDNY177）；2022 年三亚崖州湾科技城配套资助科研项目（SKJC-2022-PTXM-009）；2021 年引导资金项目（SYND-2021-25）

作者简介：邹有为（1999-），男，湖南新化人，硕士，研究方向为：猪营养与饲料科学研究，手机：17801115275。E-mail: 1983674807@qq.com

*通信作者：王军军，教授，博士生导师，E-mail: wangjj@cau.edu.cn

黑猪代谢能最佳预测方程为：$ME_{(定安黑猪)} = 0.945 \times ME_{(杜长大)} + 0.11 \times NDF + 0.279$（$R^2 = 0.997$，$P<0.01$）。综上所述，本研究基于不同猪种间饲料养分利用规律，初步建立了基于杜长大三元猪饲料有效能预测地方猪饲料有效能的模型，促进了定安猪和定安黑猪有效能值数据库的完善，为实现定安猪和定安黑猪的精准营养与高效养殖奠定了基础。

关键词：饲料原料；有效能；杜长大三元猪；定安猪；定安黑猪；预测模型

6586 红曲渣对生长育肥猪生长性能、血液生化及肠道微生物的影响

朱龙博 1,2，刘正群 1，李宁 1，郑梓 1，梁世岳 1，闫峻 1,*，张春华 1，穆淑琴 1

（1. 天津市畜禽分子育种与生物技术重点实验室, 天津市畜禽健康养殖工程技术中心,天津市农业科学院畜牧兽医研究所,天津 300381；2. 西北农林科技大学，动物科技学院，陕西 杨凌 712100）[6]

摘要：本试验旨在通过研究日粮中添加不同比例的红曲渣对生长育肥猪的生长性能、日粮养分消化率、血液常规、血清生化、血清免疫和抗氧化指标及肠道微生物组成的影响，为红曲渣作为新饲料在养猪生产中应用提供试验依据。试验选用胎次、日龄和体重相近的健康“杜×长×大”三元杂交猪 144 头（公母各半，初始体重 22.8±1.8 kg），随机将试验猪分为 4 个处理组，每个处理 6 个重复，每个重复 6 头猪。对照组饲喂基础日粮，3 个试验组在基础日粮中分别添加 50、100 和 200 kg/t 的红曲渣，动物饲养试验共 81 天，包括预试验 5 天和正式试验 76 天。试验结果表明：生长育肥猪日粮中添加 0-200 kg/t 的红曲渣均未造成生长育肥猪的腹泻和死亡。红曲渣添加量为 100 kg/t 时，与对照组相比，试验组日粮中总能、干物质和粗纤维的表观消化率分别提高了 2.18%、2.32%和 6.82%（P<0.05）；试验猪料重比显著降低（P<0.05）;同时，降低了血液中甘油三酯的含量（P<0.05）。与对照组相比，红曲渣添加量为 100 kg/t 时，产粪甾醇真杆菌 g_Eubacterium]_coprostanoligenes_group_unclassified 微生物的丰度显著降低（P<0.05）；而在红曲渣添加量为 200kg/t 时，相对丰度前 10 种属水平微生物之间，仅瘤胃球菌属 Ruminococcus 微生物的丰度显著性降低（P<0.05），其他各试验组之间均无显著性差异。与对照组相比，红曲渣添加量为 50-200 kg/t 时，育肥猪生长性能和微生物多样性均无显著变化。总之，在本试验条件下，生长育肥猪日粮中添加 50-200 kg/t 红曲渣对生长育肥猪无显著影响，但添加 100 kg/t 红曲渣可显著提高日粮中干物质、总能和粗纤维的消化率，同时可降低血液中胆固醇和甘油三酯含量。综上，红曲渣可作为有效饲料原料应用于生长育肥猪，其在生长育肥猪日粮中适宜的添加量为 100-130 kg/t。

关键词：红曲渣；生长育肥猪；生长性能；养分消化率；血液指标；微生物

基金项目：天津市生猪产业技术体系创新团队母仔猪营养岗（ITTPRS2021007）；天津市中央引导地方科技发展专项（22ZYCGSN00130）。

作者简介：朱龙博（1998-），女，河南周口人，硕士研究生，研究方向：非常规饲料资源的开发利用。手机：13223959775，E-mail: 2190979142@qq.com

*通讯作者：闫峻（1984—），江苏徐州人，副研究员，博士，主要从事饲料资源开发与评价、畜禽营养调控与优质猪肉生产等研究。手机：18002171684， E-mail: yjjsxz@163.com

6593 不同提取方法对麦麸阿拉伯木聚糖体外发酵特性的影响

黄靖懿，孙志强，赵金标*

（中国农业大学动物科技学院，北京 100193）

摘要：阿拉伯木聚糖（Arabinoxylan, AX）作为玉米、小麦等谷物中含量最多的半纤维素，是猪饲粮中非淀粉多糖的主要组分之一。目前，提取 AX 的方法有主要有碱提法和酶解法，不同的提取方法显著影响 AX 的得率、分子量和化学结构，但是其对 AX 被肠道微生物代谢规律的作用尚不清楚。本研究旨在探究酶解法、碱提法和酶-碱复合提取法 3 种提取方法对麦麸 AX 得率、分子量及其体外微生物发酵特性的影响。本试验采集广东佛山的小麦麸，利用 50 U/mg 中性蛋白酶和 17 400 U/mL 热稳定α-淀粉酶进行超声辅助预处理，分别采用 0.16 mol/L NaOH + 1.5% H_2O_2 溶液和 6 000 U/mg 木聚糖酶 + 400 U/mg 纤维素酶进行碱提、酶提和酶-碱复合提取，测定 AX 得率；采用凝胶渗透色谱法测定 AX 纯品和 3 种提取方法得到 AX 样品的分子量；选择 6 头体重为 20 kg 仔猪粪便作为发酵接种液，对不同提取方法得到的 AX 进行体外发酵，检测发酵过程中微生物产气曲线、发酵终点 pH 值和短链脂肪酸（Short-chain fatty acids, SCFA）产量。结果表明：1）麦麸预处理后得率为 56.44%，碱提法（9.88%）和酶-碱复合提取法（10.42%）的 AX 得率显著高于酶解法（1.91%）的 AX 得率（P<0.05）。2）3 种不同提取方法得到的 AX 分子量顺序为：碱提法>酶-碱复合提取法>酶解法。3）以不同提取方法得到的 AX 为底物，体外发酵 72 h 后均显著降低了发酵液 pH 值（P<0.05），这与其被微生物代谢产生的乳酸和 SCFA 有关。3）酶解法提取的 AX 体外发酵产气速率显著高于碱提法和酶-碱复合提取法提取的 AX（P<0.05），但是酶解法提取的 AX 总产气量和总 SCFA 浓度均显著低于其他两种提取方法（P<0.05）。4）通过产气曲线对 AX 产气量模型{$GPt = A/[1+(C/t)^B]$}进行数据拟合分析，其中 GPt(mL/g)是总产气量；t(h)是发酵时间；A(mL/g)是每克样品理论最大产气量；B 是产气曲线的锋度；C(h)是实际产气到理论最大产气量一半所需的时间。碱提、酶解和酶-碱复合提得到的 AX 和纯品 AX 拟合模型分别是 $GPt\ (mL/g) = 227.9/[1+(32.0/t)^{4.7}]$、$GPt\ (mL/g) = 176.8/[1+(6.3/t)^{4.4}]$、$GPt\ (mL/g) = 217.4/[1+(29.8/t)^{11.5}]$和 $GPt\ (mL/g) = 249.7/[1+(14.5/t)^{7.6}]$。综上所述，碱提法和酶-碱复合提取法提取的 AX 得率高且分子量大，具有发酵速率慢、产气量多和产酸能力强等特征。酶解法提取的 AX 得率低且分子量小，具有快速发酵、产气量少和产酸能力弱等发酵特性。本研究为进一步通过非淀粉多糖营养手段靶向调控猪肠道微生物代谢与健康提供基础理论。

关键词：阿拉伯木聚糖；体外发酵；产气曲线；碱提法；酶解法；酶-碱复合提取法

基金项目：“十四五”国家重点研发计划 (2022YFD1301300)

作者简介：黄靖懿（2001—），女，吉林省榆树市，硕士研究生，动物营养与饲料科学专业，手机：13370102152，E-mail: jingyihuangCAU@163.com

*通信作者：赵金标，中国农业大学青年研究员，E-mail: jinbiaozhao@cau.edu.cn

6606 小麦麸生长猪消化能和代谢能的测定及预测模型的建立

蒋线吉 1,2，李瑞 2*，冯淦熠 2，田明洲 1,2，向强 1,2，杨刚 1,2，刘小杰 1,2，欧阳晴 1，唐辉 1,2，龙次民 2，黄瑞林 2，印遇龙 1,2

（1.湖南农业大学动物科学技术学院，湖南畜禽安全生产协同创新中心，长沙 410128；2. 中国科学院亚热带农业生态过程重点试验室，畜禽养殖污染控制与资源化技术国家工程试验室，动物营养生理与代谢过程湖南省重点试验室，中国科学院亚热带农业生态研究所，长沙 410125）[7]

摘要：本试验测定了小麦麸原料的化学成分，生长猪消化能（DE）和代谢能（ME），并建立了基于小麦麸有效化学养分含量的 DE 和 ME 预测模型。试验选取 22 头健康的“杜×长×大”三元杂交阉公猪（35±3kg）进行消化代谢试验，按照 2 个 11×3 的不完全拉丁方设计，即 2 个平行试验，11 种饲粮（1 个基础饲粮+10 个小麦麸饲粮），3 个周期，每个周期 12 天（7d 适应期，5d 粪尿收集期）。结果显示：风干基础，10 种小麦麸的总能（GE）、干物质（DM）、粗蛋白质（CP）、粗灰分（Ash）、粗脂肪（EE）、钙（Ca）、总磷（TP）、粗纤维（CF）、中性洗涤纤维（NDF）、酸性洗涤纤维（ADF）和总淀粉（TS）含量分别为 16.59%（16.22-16.79%），87.46 %（86.07-87.82%），15.88 %（14.56- 16.83%），5.48 %（5.03-6.02%），4.37 %（3.30-5.69%），0.11 %（0.08-0.14 %），1.04 %（0.94-1.15 %），10.72 %（8.70-12.79 %），44.24 %（38.15-49.73%），10.76%（8.05-12.27%）和 19.19%（16.14-22.73%）。其中 EE、Ca、CF、ADF 的变异系数（CV）均大于 10%，GE、DM、CP、Ash、TP、NDF、TS 的 CV 均小于 10%。10 种小麦麸对生长猪的 DE 和 ME 含量分别为 10.61MJ/kg（10.18-10.97MJ/kg）和 9.99MJ/kg（9.47-10.48MJ/kg）；小麦麸对生长猪 DE 和 ME 最佳预测方程分别为 DE=9.569+0.237×EE（RSD=0.19, R^2=0.498, P<0.05）和 ME=8.779+0.278×EE（RSD=0.15, R^2=0.719, P<0.01）。由此可见，10 个小麦麸间的化学组分整体上变异度较小， 但 EE 含量可作为 DE 和 ME 的关键预测因子。

关键词：小麦麸；生长猪；消化能；代谢能；预测方程

---

* 通信作者：李瑞，助理研究员， Email：lirui181000@163.com

[7] 基金项目：国家重点研发计划（2021YFD1300201；2021YFD1301004）；云南省重大科技专项计划（202202AE090032）；湖南省自然科学基金（2022JJ40532）

作者简介：蒋线吉（1996-），男，湖南永州人，硕士研究生，畜牧学。E-mail：jxj8888888888@163.com

6606 Determination of digestible energy and metabolizable energy and establishment of prediction model for wheat bran growing and finishing pigs

Jiang Xianji 1,2, Li Rui 2, Feng Ganyi 2, Tian Mingzhou 1,2, Xiang Qiang 1,2, Yang Gang 1,2, Liu Xiaojie 1,2, Ouyang Qing 1, Tang Hui 1,2, Long cimin 2, Huang ruilin 2,Yin Yulong 1,2

（College of Animal Science and Technology, Hunan Agricultural University, Hunan Co-Innovation Center of Animal Production Safety, Changsha 410128, China；2. Key Laboratory of Agro-Ecological Processes in Subtropical Region, National Engineering Laboratory for Poultry Breeding Pollution Control and Resource Technology, Key Laboratory of Animal Nutritional Physiology and Metabolic Process, Institute of Subtropical Agriculture, Chinese Academy of Sciences, Changsha 410125, China）

Abstract: The experiment was performed to detected the chemical composition, digestible energy (DE) and metabolizable energy (ME) in wheat bran fed to growing-finishing pigs, and the prediction model of DE and ME for growing-finishing pigs was established based on the contents of effective chemical nutrientsin wheat bran. A total of 22 healthy "Duroc×(Landrance×Yorkshire)" crossbred boars with average initial body weight of 35±3kg, were selected for digestive and metabolic experiments according to a replicated 11×3 incomplete Latin square designs, including two parallel trials, 11 diets (1 basal diet, 10 wheat bran dietand 3 cycles., Each cycle had 12 days consisting of 7 d adaptation and 5d fecal urine collection.The results showed that On the air-drybasis, the average contents of gross energy (GE), dry matter (DM), crude protein (CP), Ash (Ash), crude fat (EE), calcium (Ca), total phosphorus (TP), crude fiber (CF), neutral detergent fiber (NDF), acid detergent fiber (ADF) and total starch (TS) in 10 wheat brans were16.59% (16.22% 16.79%), 87.46% (86.07% 87.82%), 15.88% (14.56% 16.83%), 5.48% (5.03% 6.02%), 4.37% (3.30% 5.69%), 0.11% (0.08% 0.14%), 1.04% (0.94% 1.15%), 10.72% (8.70% 12.79%), 44.24% (38.15% 49.73%), 10.76% (8.05% 12.27%) and 19.19% (16.14%-22.73%), respectively. The coefficient of variation (CV) of EE, Ca, CF and ADF is greater than 10%, while the CV in GE, DM, CP, Ash, TP, NDF and Ts is less than 10%. The DE and ME contents of 10 wheat brans for growing-finishing pigs were 10.61MJ/kg (10.18-10.97MJ/kg) and 9.99MJ/kg (9.47-10.48MJ/kg), respectively. The optimal prediction equations of wheat bran for DE and ME in growing and finishing pigs were DE=9.569+0.237×EE

(RSD=0.19, R^2= 0.498, P<0.05) and ME=8.779+0.278×EE (RSD=0.15, R^2=0.719, P<0.01), respectively. In conclusion, the variation degree of chemical components of wheat bran is small, and EE and Ash can be used as key predictors of DE and ME.

Key words: wheat bran; growing-finishing pigs; digestive energy; metabolizable energy; prediction equation

6611 饲用酵母培养物营养价值测定及其在低蛋白饲粮上的应用研究

胡宝成，刘泰然，张云常，刘明*

（北京农学院，动物科学技术学院，北京 102206）[8]

摘要：本研究旨在评定酵母培养物（Yeast culture, YC）的消化能、代谢能和标准回肠末端氨基酸消化率等营养价值；在此基础上探究 YC 对饲喂低蛋白饲粮的断奶仔猪生长性能、血清生化指标和粪便微生物的影响。试验一：选取 12 头初始体重为 29.0±6.5 kg 三元去势公猪，随机分为 CON 组和 YC 组。CON 组饲喂玉米-豆粕型基础饲粮，YC 组在基础饲粮中添加 24.3%的 YC，替代 25%的玉米和豆粕，收集粪便和尿液，采用套算法计算酵母培养物的消化能和代谢能。试验二：选取 6 头装有 T 型瘘管、初始体重为 31.2±2.1 kg 三元去势公猪，采用 2×2 拉丁方试验设计，饲喂无氮饲粮和 YC 饲粮，测定标准回肠氨基酸消化率。试验期分为前 14 d 为术后恢复期、5 d 预饲期和 2 d 回肠末端食糜收集期。试验三：根据前期测得的 YC 营养价值，选取 96 头初始体重为 7.44±1.18 kg 断奶仔猪，随机分为 4 组，在低蛋白饲粮的基础上添加 0、0.5、1 和 1.5%的 YC。每组 6 个重复，每个重复 4 头仔猪，为期 28 d。试验一：以干物质为基础，本试验 YC 的表观消化能和表观代谢能为 12.12 与 11.66 MJ/kg。试验二：YC 的粗蛋白质、赖氨酸和蛋氨酸的表观回肠末端消化率分别为 65.19、53.32 和 48.31%，标准回肠末端消化率分别为 65.31、53.43 和 43.93%。试验三：1）添加不同剂量的 YC 对断奶仔猪的平均日采食量和 1-14 d 平均日增重无显著影响，可以在一定程度上提高 15-28 d 的平均日增重（$P = 0.07$）和 1-28 d 的平均日增重（$P = 0.09$）；与对照组相比，添加 0.5% YC 可以显著降低料重比（$P < 0.01$）。2）第 14 d，0.5% YC 组总蛋白含量升高（$P = 0.08$），1%和 1.5% YC 组 MDA 含量显著降低（$P < 0.01$），1.5%YC 组 GSH-Px 活性显著升高（$P < 0.05$）；第 28 d，1%和 1.5% YC 组血清白蛋白和葡萄糖的含量显著升高（$P < 0.05$）；1.5%YC 组 HDL-C 和 LDL-C 含量显著升高，MDA 和 T-AOC 含量显著降低（$P < 0.01$），0.5 和 1%YC 组 GSH-Px 活性显著升高（$P < 0.01$），其余血清生化和抗氧化指标在第 14 和 28 d 均无显著变化（$P > 0.05$）。3）不同剂量的 YC 对粪便微生物α多样性指标无显著影响，添加 0.5% YC 提高 Bacteroidota、Peptostreptococcaceae、*Terrisporobacter* 和 *Parabacteroides* 的相对丰度；添加 1.5% YC 显著降低 *Clostridium_sensu_stricto_1*、*Blautia* 和 *unclassified_f_Lachnospiraceae* 的相对丰度，并且显著 *Terrisporobacter*、*Prevotella*、

基金项目：国家重点研发计划项目（2021YFD1301003）；北京农学院科技创新“火花行动”支持计划（BUA-HHXD2022011）；北京市博士后科研活动经费资助（2023-ZZ-119）

作者简介：胡宝成（1998-），男，河南信阳人，硕士研究生，动物营养与饲料科学专业。手机：17839791379 E-mail：hubaocheng0119@163.com

*通讯作者：刘 明，教授，E-mail：liuming@bua.edu.cn

Prevotellaceace_NK3B31_group、*Turicibacter* 的相对丰度（$P<0.05$）。总之，本试验评定了固液混合发酵所制备的 YC 营养价值；低蛋白饲粮中添加 YC 提高了断奶仔猪的生长性能，改善其抗氧化能力，调节肠道微生物区系结构，维持断奶仔猪肠道健康，为 YC 作为饲料原料在低蛋白饲粮中的应用提供了科研依据。

关键词：酵母培养物；营养价值评定；低蛋白饲粮；断奶仔猪；生长性能

6611 饲用酵母培养物营养价值测定及其在低蛋白饲粮上的应用研究

胡宝成，刘泰然，张云常，刘明

（北京农学院，动物科学技术学院，北京 102206）[9]*

摘要：本研究旨在评定酵母培养物（Yeast culture, YC）的消化能、代谢能和标准回肠末端氨基酸消化率等营养价值；在此基础上探究 YC 对饲喂低蛋白饲粮的断奶仔猪生长性能、血清生化指标和粪便微生物的影响。试验一：选取 12 头初始体重为 29.0±6.5 kg 三元去势公猪，随机分为 CON 组和 YC 组。CON 组饲喂玉米-豆粕型基础饲粮，YC 组在基础饲粮中添加 24.3%的 YC，替代 25%的玉米和豆粕，收集粪便和尿液，采用套算法计算酵母培养物的消化能和代谢能。试验二：选取 6 头装有 T 型瘘管、初始体重为 31.2±2.1 kg 三元去势公猪，采用 2×2 拉丁方试验设计，饲喂无氮饲粮和 YC 饲粮，测定标准回肠氨基酸消化率。试验期分为前 14 d 为术后恢复期、5 d 预饲期和 2 d 回肠末端食糜收集期。试验三：根据前期测得的 YC 营养价值，选取 96 头初始体重为 7.44±1.18 kg 断奶仔猪，随机分为 4 组，在低蛋白饲粮的基础上添加 0、0.5、1 和 1.5%的 YC。每组 6 个重复，每个重复 4 头仔猪，为期 28 d。试验一：以干物质为基础，本试验 YC 的表观消化能和表观代谢能为 12.12 与 11.66 MJ/kg。试验二：YC 的粗蛋白质、赖氨酸和蛋氨酸的表观回肠末端消化率分别为 65.19、53.32 和 48.31%，标准回肠末端消化率分别为 65.31、53.43 和 43.93%。试验三：1）添加不同剂量的 YC 对断奶仔猪的平均日采食量和 1-14 d 平均日增重无显著影响，可以在一定程度上提高 15-28 d 的平均日增重（$P = 0.07$）和 1-28 d 的平均日增重（$P = 0.09$）；与对照组相比，添加 0.5% YC 可以显著降低料重比（$P < 0.01$）。2）第 14 d，0.5% YC 组总蛋白含量升高（$P = 0.08$），1%和 1.5% YC 组 MDA 含量显著降低（$P < 0.01$），1.5%YC 组 GSH-Px 活性显著升高（$P < 0.05$）；第 28 d，1%和 1.5% YC 组血清白蛋白和葡萄糖的含量显著升高（$P < 0.05$）；1.5%YC 组 HDL-C 和 LDL-C 含量显著升高，MDA 和 T-AOC 含量显著降低（$P < 0.01$），0.5 和 1%YC 组 GSH-Px 活性显著升高（$P < 0.01$），其余血清生化和抗氧化指标在第 14 和 28 d 均无显著变化（$P > 0.05$）。3）不同剂量的 YC 对粪便微生物α多样性指标无显著影响，添加 0.5% YC 提高 Bacteroidota、Peptostreptococcaceae、*Terrisporobacter* 和 *Parabacteroides* 的相对丰度；添加 1.5% YC 显著降低 *Clostridium_sensu_stricto_1*、*Blautia* 和

基金项目：国家重点研发计划项目（2021YFD1301003）；北京农学院科技创新“火花行动”支持计划（BUA-HHXD2022011）；北京市博士后科研活动经费资助（2023-ZZ-119）

作者简介：胡宝成（1998-），男，河南信阳人，硕士研究生，动物营养与饲料科学专业。手机：17839791379 E-mail：hubaocheng0119@163.com

*通讯作者：刘 明，教授，E-mail：liuming@bua.edu.cn

unclassified_f_Lachnospiraceae 的相对丰度，并且显著 *Terrisporobacter*、*Prevotella*、*Prevotellaceace_NK3B31_group*、*Turicibacter* 的相对丰度（$P<0.05$）。总之，本试验评定了固液混合发酵所制备的 YC 营养价值；低蛋白饲粮中添加 YC 提高了断奶仔猪的生长性能，改善其抗氧化能力，调节肠道微生物区系结构，维持断奶仔猪肠道健康，为 YC 作为饲料原料在低蛋白饲粮中的应用提供了科研依据。

关键词：酵母培养物；营养价值评定；低蛋白饲粮；断奶仔猪；生长性能

6621 库存稻糙米饲用营养价值评定及在猪饲粮中的应用

何贝贝[1]，刘宽博，施晶晶，王薇薇，李爱科，王永伟

（1. 国家粮食和物资储备局科学研究院 粮食品质营养研究所，北京 100037）[10]

摘要：我国稻谷库存量巨大，但当前有关库存稻谷饲用营养价值和应用效果评价数据较为缺乏，极大的限制了其在畜禽饲粮中的应用。本试验旨在研究库存稻糙米常规营养成分组成、营养价值及在猪饲粮中的实际应用效果。试验采集了黑龙江、安徽和湖南代表性中央储备粮库、储存时间 1-5 年的库存稻谷，脱壳制成糙米后检测其常规营养组成（干物质、粗蛋白质、粗脂肪、粗灰分、中性洗涤纤维、酸性洗涤纤维、钙和总磷）和陈化指标（脂肪酸值、丙二醛、羰基化蛋白），并在此基础上选取代表性稻糙米样品，通过全收粪尿法测定其消化能值和代谢能值，通过回肠末端 T 型瘘管模型和外源指示剂法测定氨基酸消化率，并通过饲养试验评价其在断奶仔猪和生长育肥猪饲粮中的应用效果。结果表明：（1）与当年新收获稻糙米相比，库存稻糙米的常规营养组成变化不大（P>0.05），霉菌毒素（玉米赤霉烯酮、黄曲霉毒素和呕吐毒素）含量较低且未超过《饲料卫生标准》安全限量，但脂肪酸值、丙二醛、羰基化蛋白等陈化相关指标含量有所升高（P<0.05）。（2）与当年新收获稻糙米相比，库存稻糙米猪消化能值和代谢能值无明显变化（P>0.05），赖氨酸和酪氨酸猪表观回肠消化率和标准回肠消化率降低（P<0.05），其他各氨基酸表观和标准回肠消化率无显著差异（P>0.05）。（3）库存稻糙米对断奶仔猪的生长性能、组织器官指数、血清生化指标、血清免疫和抗氧化指标、营养物质全肠道表观消化率均无显著影响（P>0.05），但降低了断奶仔猪十二指肠和回肠粘膜乳糖酶活性（P<0.05）。（4）库存稻糙米对生长育肥猪的生长性能、胴体性状（屠宰率、眼肌面积、平均背膘厚、腿臀比、胴体长）、肉品质（滴水损失、剪切力、pH、肉色、大理石纹）、猪肉品尝感官评分（色泽、嫩度、气味、滋味、弹性）及背最长肌脂肪酸组成均无显著影响（P>0.05）。综上所述，国家粮库储存良好的库存稻糙米常规营养成分变化较小，有效能值和氨基酸消化率较为稳定，对猪的生长和生产性能无显著影响，可作为安全优质的能量饲料原料应用于猪饲粮。

关键词：库存稻糙米；有效能值；氨基酸消化率；生长性能；小肠消化酶活；肉品质；猪

基金项目：中央级公益性科研院所基本科研业务费专项“库存稻谷饲用营养价值评定及在畜禽上的应用”（ZX1925）

作者简介：何贝贝（1990—），女，甘肃静宁人，助理研究员，从事粮油饲料资源品质提升及营养价值评价研究。手机：13011235811 E-mail: hbb@ags.ac.cn

*通信作者：王永伟，副研究员，E-mail: wyw@ags.ac.cn

6629 产朊假丝酵母饲料对黑猪生长性能、粪便菌群及代谢产物的影响

王传奇，齐慧宇，王汝琦，王瑞，张晶*

（吉林大学动物科学学院，吉林省东北寒区畜禽饲料与饲养重点实验室，吉林 130062）

摘要：本研究利用 16S rDNA 测序和代谢组学联合分析产朊假丝酵母饲料对东辽黑猪生长性能、粪便微生物群和血浆代谢水平的影响。试验选用 120 头 28 日龄初始体重为 7.22±1.40 kg 的健康断奶仔猪，随机分为 2 组（每组 3 个重复，每个重复 20 头猪）。对照组：饲喂含 2.5%酿酒酵母的基础饲粮；试验组：饲喂含 2.5%的产朊假丝酵母饲料替代基础饲粮中酿酒酵母的饲粮。预饲期 5 d 后，试验期 14 d。结果表明：1）与对照组相比，试验组断奶仔猪的平均日增重（ADG）、平均日采食量（ADFI）、料重比（F/G）无显著差异（$P > 0.05$）。2）与对照组相比，试验组断奶仔猪的血清生化指标无显著差异（$P > 0.05$），但谷丙转氨酶（ALT）、谷草转氨酶（AST）、总胆固醇（TC）、甘油三酯（TG）和极低密度脂蛋白（LDL）有下降的趋势。3）在粪便菌群方面，饲粮中添加 2.5%的产朊假丝酵母饲料对猪粪便中厚壁菌门（*Firmicutes*）、拟杆菌门（*Bacteroidota*）的相对丰度影响不显著，变形菌门（*Proteobacteria*）的相对丰度有下降的趋势。在属水平上，试验组的梭状芽胞杆菌（*Clostridium_sensu_stricto_1*）、乳酸杆菌（*Lactobacillus*）和未分类乳杆菌（*Muribaculaceae_unclassified*）的相对丰度显著增加（$P < 0.05$）。4）在血浆代谢水平方面，筛选出 12 种差异代谢物，与对照组相比，环丙甘氨酸、咪唑乙酸、替比夫定、犬尿酸、牛胆酸、可可碱和去甲基丰塞卡素的表达量显著增加（$P < 0.05$），且主要富集在组氨酸、色氨酸、初级胆汁酸和咖啡因代谢途径。5）16S rDNA 测序和代谢组学联合分析发现，筛选出的差异代谢物与差异菌群存在不同程度的相关性，环丙甘氨酸、咪唑乙酸、替比夫定、可可碱和 6-羟基香豆素与属水平的有益菌呈显著的相关性（$P < 0.05$）。综上所述，饲粮中添加 2.5%的产朊假丝酵母蛋白饲料有改善血清血脂的趋势，可能通过调节体内氨基酸代谢水平来维持菌群平衡。

关键词：产朊假丝酵母；生长性能；粪便菌群；代谢水平

6636高、低单宁高粱籽粒在猪胃肠道中消化和发酵特性的比较

冯少轩，朱伟云，潘龙*

（动物消化道营养国际联合研究中心，江苏省消化道营养与动物健康重点实验室，南京农业大学动物科技学院，南京 210095）

摘要：高粱饲用资源的开发与应用具有迫切的现实意义，课题组前期研究发现高单宁高粱营养素的猪全肠道表观消化率显著低于低单宁高粱，那么高、低单宁高粱营养素在猪前肠道的消化是否存在差异目前还不明确。本试验基于体外仿生消化技术模拟猪小肠的化学消化和大肠的微生物发酵，随后基于瘘管猪探究高、低单宁高粱的营养素在猪肠道不同部位的消化差异。试验 1，高、低单宁高粱经猪胃蛋白酶和胰液素消化模拟小肠消化，以未消化的残渣为底物，以新鲜猪盲肠食糜为接种物，模拟猪大肠发酵。试验 2，将 12 头回肠末端装有瘘管的生长猪（体重 25.5 ± 2.5 kg）随机分为两组（n=6），处理饲粮分别以 96.6%的高单宁高粱和低单宁高粱与 3.4%维生物矿物质组成，高粱是饲粮中能量和氮的唯一来源。试验期为 10 d，连续 3 d 收集粪便，连续 2 d 收集回肠食糜。结果表明：1）不论是胃蛋白酶还是胃蛋白酶-胰液素水解，高单宁高粱的营养物质（风干物质、总能和粗蛋白质）体外消失率均显著低于低单宁高粱（P<0.05）。2）高单宁高粱的酶解残渣作为发酵底物虽然有更多的养分（P<0.05），但微生物产气量（除前 3 h 外）和发酵液中短链脂肪酸（乙酸、丙酸和丁酸）浓度均显著低于低单宁高粱（P<0.05）。3）在试验 2 中，高单宁高粱营养素的猪回肠表观消化率和全肠道表观消化率均显著低于低单宁高粱（P<0.05），但二者后肠道养分的消化率没有显著差异。在 15 种氨基酸中，高单宁高粱的赖氨酸、苏氨酸、缬氨酸、组氨酸、精氨酸、丝氨酸、谷氨酸和天冬氨酸等 8 种氨基酸的回肠表观消化率显著低于低单宁高粱（P<0.05）。总之，高单宁高粱营养素的小肠消化率和大肠发酵参数显著低于低单宁高粱，暗示高粱籽粒中的缩合单宁可能阻碍了猪前肠的营养物质消化，使更多营养素到达后肠道，但营养素在后肠道的利用率并没有提高，反而降低了后肠道微生物的发酵参数，最终致使更多的营养素通过粪便排出而损失。因此，高粱籽粒的消化和发酵特性可能因缩合单宁的不同而不同。

关键词：高粱；消化特征；化学酶解；微生物发酵

基金项目：国家自然科学基金(32102565)；中央高校基本科研业务费专项资金(KYYZ2023003，KYQN2022024)；国家重点研发计划（2021YFD1300201）

作者简介：冯少轩（1999—），男，河北张家口人，硕士研究生，动物营养与饲料科学专业。手机：13357806384 E-mail: shaoxaunfeng@126.com

*通信作者：潘龙，副教授，E-mail: panlong@njau.edu.cn

6651 不同浓度褐藻寡糖对断奶仔猪生长性能和肠道菌群的影响

邓雄 [电话：15080804641；邮箱：645581841@qq.com]

（北京农学院动物科学技术学院，北京 102206）

摘要：目前已有小鼠试验表明褐藻寡糖具有免疫调节、抗氧化、抗炎、菌群调节等多种益生效果，褐藻寡糖应用在猪上的研究较少。但有研究显示其他外源性寡糖（如唾液乳糖、甘露寡糖等）能增强仔猪肠道黏膜屏障功能，缓解病原菌诱导的肠道损伤。其原因可能是外源性寡糖可作为病原菌的受体，阻止其结合在肠道黏膜表面，进而维护肠道健康。本实验旨在以生产性能为标识探究褐藻寡糖在仔猪日粮中添加上的适宜浓度，同时探究褐藻寡糖对断奶仔猪肠道菌群的影响，为进一步探究褐藻寡糖对断奶仔猪肠道屏障的影响及调控机制做好前期准备。试验选取 144 头断奶仔猪，分为 4 个处理（CON 组、L-AOS 组、M-AOS 组、H-AOS 组），每个处理 6 个重复，每个重复 6 只断奶仔猪。CON 组饲喂基础日粮;L-AOS 组饲喂基础日粮+250ppmAOS;M-AOS 组饲喂基础日粮+500ppm;H-AOS 组饲喂基础日粮+1000ppm。自由饮水采食，记录体重和采食量。预饲期 5 天，试验期 28 天。仔猪饲养管理参照养殖场相关规程进行。实验结束后采集结肠食糜，采用 16S rRNA 测序测定各肠段内容物中菌群和代谢物组成。经数据分析发现，相较于 CON 组，M-AOS 组仔猪 1-14d 日增重显著提高；L-AOS 组和 H-AOS 组有提高 1-28 天仔猪日增重的趋势。结果表明褐藻寡糖能够增强断奶仔猪生长性能，并且在本实验中的最适添加量为 500ppm。经过对结肠食糜的 16S rRNA 测序发现，各浓度褐藻寡糖对断奶仔猪结肠微生物的 chao1 指数、shannon 指数、PD-whole-tree、observed-species 均无显著影响（P＞0.05）。通过 PCA 主成分分析发现，CON、L-AOS、M-AOS 和 H-AOS 组形成四个不同的组簇，表明不同处理组的菌群构成存在差异。进一步通过 Anosim 相似性分析发现，R＞0 且 P＞0.05，证明不同处理组的菌群构成存在差异，但差异不显著（P＞0.05）。日粮中添加不同浓度褐藻寡糖对断奶仔猪结肠门水平菌群无显著影响（P＞0.05）。与对照组相比，L-AOS 组显著降低了仔猪结肠微生物 Oscillospiraceae 相对丰度（P＜0.05）。与对照组相比，各处理组仔猪结肠微生物 Muribaculaceae 和 Spirochaetaceae 相对丰度无显著差异（P＞0.05）；但与 L-AOS 组相比，M-AOS 组显著提高了结肠微生物 Muribaculaceae 的相对丰度（P＜0.05）；此外，H-AOS 组结肠微生物 Spirochaetaceae 相对丰度显著高于 L-AOS 组和 M-AOS 组。与 CON 组相比，M-AOS 组具有提高 Firmicutes 菌群相对丰度的趋势，但影响不显著（P＞0.05）。这表明褐藻寡糖对断奶仔猪微生物的结构和丰度有调控作用，可能通过调节肠道菌群来提高生长性能，其调控机制有待进一步研究。

关键词：断奶仔猪；生长性能；肠道菌

6655 不同单宁含量的高粱营养素在猪前肠道和后肠道的消化差异

杨向科，朱伟云，潘龙*

（动物消化道营养国际联合研究中心，江苏省消化道营养与动物健康重点实验室，南京农业大学动物科技学院，南京 210095）

摘要：本试验旨在测定并比较 15 种不同单宁含量的高粱营养素在猪前、后肠道消化的差异。15 种不同单宁含量（儿茶素当量）高粱可分为 5 个低单宁品种（LTS，单宁含量≤3.9 mg/g）、5 个中单宁品种（MTS，8.7 mg/g≤单宁含量≤14.7 mg/g）、5 个高单宁品种（HTS，18.1 mg/g≤单宁含量≤56.4 mg/g）。分别用高粱（96.9%）和维生素及矿物质（3.1%）配成 15 种处理饲粮。本试验分为 3 期，每期选取 30 头（平均初始体重：33±2.5 kg）健康的回肠末端装有 T 型瘘管的去势公猪，分别饲喂 15 种饲粮，每种饲粮饲喂 2 头猪。每个试验期，试验猪在代谢笼中适应 7 天，采集随后 5 天全部粪尿，再接连采集 2 天回肠食糜。结果表明：LTS、MTS 和 HTS 样品的平均单宁（Tannin）含量分别为 2.34 mg/g、11.42 mg/g、33.56 mg/g。LTS、MTS 和 HTS 处理的猪干物质摄入量无显著性差异，而 MTS 处理的猪粪干物质排出量显著高于 LTS 而显著低于 HTS（$P<0.05$）；MTS 的干物质全肠道消化率和前肠道消化率显著低于 LTS 而显著高于 HTS（$P<0.05$）。LTS、MTS 和 HTS 的总能摄入量无显著性差异，而 MTS 处理的猪粪能尿能排出量显著高于 LTS 而显著低于 HTS（$P<0.05$）；MTS 的总能全肠道消化率、前肠道消化率和利用率显著低于 LTS 而显著高于 HTS（$P<0.05$）。LTS 处理的猪氮素摄入量显著高于 MTS 与 HTS（$P<0.05$），LTS 和 MTS 处理的猪粪氮和尿氮的总排放量显著低于 HTS（$P<0.05$）；LTS 的氮素全肠道消化率和前肠道消化率显著高于 MTS 与 HTS（$P<0.05$）。通过相关分析发现，粪尿中能量和氮素排出量与高粱单宁含量呈显著正相关，且相关系数均＞0.75（$P<0.05$）；相反，高粱营养素（干物质、总能、氮素）在猪全肠道消化率与前肠道消化率均与高粱单宁含量呈现显著负相关，且相关系数均＜-0.75（$P<0.05$）。综上所述，高粱单宁通过影响高粱营养素在猪前肠道的表观消化率，进而影响营养素的全肠道表观消化率。因此，通过对单宁的控制或者改善高粱营养素在动物前肠道的消化与释放是高粱高效利用的潜在举措之一。

关键词：猪；高粱；单宁；消化率；能量；氮素

基金项目：国家自然科学基金（32102565）；中央高校基本科研业务费专项资金（KYYZ2023003，KYQN2022024）

作者简介：杨向科（1999—），男，河北石家庄人，硕士研究生，动物营养与饲料科学专业。手机：18332286802 E-mail: yangxiangke@stu.njau.edu.cn

*通信作者：潘龙，副教授，E-mail: panlong@njau.edu.cn

6658 高粱和玉米营养素在猪肠道内消化的差异

张梦瑶，朱伟云，潘龙*

（动物消化道营养国际联合研究中心，江苏省消化道营养与动物健康重点实验室，南京农业大学动物科技学院，南京 210095）

摘要:高粱替代玉米的饲用研究备受关注,目前高粱和玉米在猪肠道内不同位点的消化差异并不明确，因此本文旨在比较玉米、低单宁高粱和高单宁高粱的营养素在猪小肠和大肠中消化的差异。本试验采用单因素随机试验设计，将 15 头遗传背景相同（平均初始体重：36.8 ± 3.5 kg）回肠末端装有 T 型瘘管的杜×长×大三元杂交健康去势公猪分为 3 个处理组，每个处理组 5 个重复，分别饲喂玉米、低单宁高粱或高单宁高粱饲粮，且玉米或者高粱是饲粮中能量和粗蛋白质的唯一来源。试验期持续 14 天，其中预饲期 7 天，粪尿收集期 5 天，随后采集回肠食糜 2 天。试验结果表明不同处理间的猪对饲粮养分（干物质和总能）摄入量无显著差异，但是高单宁高粱处理的猪粪便中养分（干物质、总能和氮素）排出量显著高于玉米和低单宁高粱（P<0.05），从而导致高单宁高粱养分的猪全肠道表观消化率显著低于玉米和低单宁高粱（P<0.05）。玉米和低单宁高粱干物质和总能的回肠末端表观消化率无显著差异，但是均显著高于高单宁高粱（P<0.05）。低单宁高粱处理的猪尿能排出量显著高于玉米和高单宁高粱处理（P<0.05），但是低单宁高粱的能量利用率与玉米无显著差异，而显著高于高单宁高粱（P<0.05）。低单宁高粱处理的猪粪氮排放量显著高于玉米处理（P<0.05），而显著低于高单宁高粱处理（P<0.05）。低单宁高粱的氮素回肠末端表观消化率和氮素沉积率显著低于玉米（P<0.05），而显著高于高单宁高粱（P<0.05）。综上所述，尽管低单宁高粱能量的消化率和利用率近似于玉米，但是其氮素的回肠末端消化率和沉积效率却低于玉米，因此，基于营养素的肠内消化特点，虽然低单宁高粱的能量和养分消化率（回肠末端和全肠道）以及氮素沉积率高于高单宁高粱，对玉米具有潜在的替代作用，但是需要通过综合措施解决低单宁高粱的氮素利用效率较低的产业难题。

关键词：猪；高粱；营养素；缩合单宁；粪尿排放

基金项目：国家自然科学基金(32102565)；中央高校基本科研业务费专项资金(KYYZ2023003，KYQN2022024)

作者简介：张梦瑶（2000—），女，山东德州人，硕士研究生，从事动物营养与饲料研究。手机：15621491668 E-mail: zhangmengyao0223@163.com

*通信作者：潘龙，副教授，E-mail: panlong@njau.edu.cn

6671 不同来源膨化全脂大豆在空怀、妊娠和哺乳母猪上的标准回肠氨基酸消化率评定

王亚，王珂，邹向阳，卓勇，江雪梅，车炼强，吴德*

（四川农业大学动物营养研究所，动物抗病营养教育部重点实验室，动物抗病营养农业农村部重点实验室，动物抗病营养四川省重点实验室，成都 611130）

摘要：本试验旨在评定不同来源的 6 种膨化全脂大豆（EFSB）在空怀期、妊娠中期、妊娠后期和哺乳期母猪的标准回肠氨基酸消化率。6 种膨化全脂大豆加工工艺均为湿法膨化，大豆分别来源于美国、巴西和中国。14 头安装 T-型瘘管的空怀母猪（LY；3-5 胎次），采用有重复的 7×3 不完全拉丁方设计，7 种试验饲粮，包括 6 种 EFSB 原料（EFSB 1-6）作为唯一粗蛋白和氨基酸来源配制 6 种试验饲粮，1 种无氮日粮用来测定基础回肠内源粗蛋白和氨基酸损失。共 3 期，每期试验共 7d，每期试验分为 5d 预饲期和 2d 食糜收集期，预饲期和食糜收集期日采食量按照 3kg/d 进行饲喂。妊娠中期（LY；3-5 胎次；妊娠 d48-68）、妊娠后期（LY；3-5 胎次；妊娠 d90-110）和哺乳期（LY；3-5 胎次；哺乳 d5-25）3 个阶段的瘘管母猪各 8 头，均采用有重复的 4×3 不完全拉丁方设计，4 种试验饲粮，包括 3 种 EFSB 饲粮（EFSB 4、EFSB 5 和 EFSB 6）和 1 种无氮日粮，共 3 期，每期试验共 7d，每期试验分为 5d 预饲期和 2d 食糜收集期，预饲期和食糜收集期日采食量按照妊娠期 3kg/d 进行饲喂，泌乳期自由采食。每种日粮 6 个重复，每个重复 1 头母猪。结果表明：1）对于空怀母猪，EFSB 1-3 的表观和标准回肠粗蛋白和氨基酸消化率高于 EFSB 4-6，其中 EFSB 5 的值最低（$P < 0.05$）；对于妊娠中期母猪，EFSB 5 相比 EFSB 4 和 EFSB 6 具有较低的表观蛋氨酸消化率（$P < 0.01$）；对于妊娠后期母猪，EFSB 4 的标准回肠蛋氨酸消化率高于 EFSB 5（$P < 0.05$），而 EFSB 5 相比 EFSB 4 和 EFSB 6 具有更高的标准回肠色氨酸消化率（$P < 0.05$）；对于哺乳母猪，EFSB 4-6 的标准回肠粗蛋白和氨基酸消化率没有差异（$P > 0.05$）。2）和空怀期相比，哺乳母猪具有更高的标准回肠组氨酸和缬氨酸消化率（$P = 0.04$ 和 $P = 0.02$）。标准回肠异亮氨酸消化率哺乳期高于空怀期和妊娠期（$P < 0.01$）。空怀期相比妊娠期和哺乳期具有更低的标准回肠蛋氨酸消化率（$P < 0.01$）。相比于母猪其他时期，妊娠中期具有最低的标准回肠蛋氨酸消化率（$P = 0.04$）和最高的标准回肠脯氨酸消化率（$P < 0.01$）。总之，不同来源膨化全脂大豆标准回肠氨基酸消化率存在一定差异，但标准回肠粗蛋白和绝大部分氨基酸消化率不受母猪生理阶段的影响。

关键词：膨化全脂大豆；氨基酸；标准回肠消化率；母猪

基金项目：农业农村部母猪常用蛋白饲料营养价值评定与参数建立项目（125D0203-16190295）；国家重点研发计划项目（No.2021YFD1300202）；四川省重大科技专项（No.2021ZDZX0009）

作者简介：王 亚（1992—），男，安徽亳州人，博士研究生，从事母猪饲料原料营养价值评定研究。手机：18383576671 E-mail: wangya920708@163.com

*通信作者：吴 德，教授，博士生导师，E-mail: wude@sicau.edu.cn

6672 不同来源膨化全脂大豆饲喂空怀、妊娠和哺乳母猪的有效能值评定

王亚，卓勇，江雪梅，林燕，徐盛玉，冯斌，花伦，李健，方正锋，车炼强，吴德*

（四川农业大学动物营养研究所，动物抗病营养教育部重点实验室，动物抗病营养农业农村部重点实验室，动物抗病营养四川省重点实验室，成都 611130）

摘要：本试验旨在评定不同来源的 6 种膨化全脂大豆在空怀期、妊娠期和哺乳期母猪的消化能和代谢能值。选取 42 头空怀母猪（LY；3-5 胎次），42 头妊娠母猪（LY；3-5 胎次；妊娠第 90d）和 42 头哺乳母猪（LY；3-5 胎次；哺乳期第 6d），均采用完全随机区组设计，7 种试验饲粮，包括 1 种以玉米为唯一能量来源的基础饲粮和 6 种含有不同来源的膨化全脂大豆替代 30.24%玉米的试验饲粮。6 种膨化全脂大豆加工工艺均为湿法膨化，大豆分别来源于美国、巴西和中国。空怀期和妊娠期采用全收粪尿法评定不同来源膨化全脂大豆的消化能和代谢能，试验分为 5d 预饲期，于试验周期的第 6 和 11d 上午，在饲粮中拌入颜色指示剂（三氧化二铁），粪便出现红色后开始或结束收粪。尿液收集从试验第 6d 上午 9 点开始至第 11d 上午 9 点结束。哺乳期采用指示剂法（0.3%三氧化二铬）评定不同来源膨化全脂大豆的消化能，试验分为 6d 预饲期，于试验周期的第 7-9d 每天收集无污染新鲜粪便 200g 左右。每个处理 6 个重复，每个重复 1 头母猪。结果表明：1）不同来源的 6 个膨化全脂大豆样品的化学成分差异主要体现在粗脂肪、粗灰分、粗纤维、中性洗涤纤维、酸性洗涤纤维、总膳食纤维、不溶性膳食纤维、可溶性膳食纤维、维生素和微量矿物质含量，变异系数≥8.37%。6 个膨化全脂大豆样品的氢氧化钾溶解度从 66.60%到 85.55%不等。2）不同来源膨化全脂大豆样品之间除中性洗涤纤维的表观全肠道消化率没有差异外（$P > 0.05$），消化能和代谢能以及干物质、能量、有机物、粗脂肪和粗蛋白的表观全肠道消化率均存在差异（$P < 0.05$）。3）空怀和妊娠母猪对膨化全脂大豆的消化能、代谢能和代谢能/消化能比值没有差异（$P > 0.05$），但妊娠母猪消化能高于哺乳母猪（$P < 0.01$）。不同生理阶段母猪对粗脂肪和粗蛋白的表观全肠道消化率没有差异（$P > 0.05$），但空怀母猪和妊娠母猪的干物质、能量、有机物和中性洗涤纤维的表观全肠道消化率均高于哺乳母猪（$P < 0.01$）。总之，膨化全脂大豆可以作为一种饲喂母猪的优质能量原料，具有较高的消化能和代谢能。空怀、妊娠和哺乳母猪对膨化全脂大豆的消化能值分别为 20.50、20.70 和 20.02MJ/kg DM，而空怀和妊娠母猪的代谢能值均为 19.76MJ/kg DM。

关键词：膨化全脂大豆；有效能值；母猪

基金项目：农业农村部母猪常用蛋白饲料营养价值评定与参数建立项目（125D0203-16190295）；国家重点研发计划项目（No.2021YFD1300202）；四川省重大科技专项（No.2021ZDZX0009）

作者简介：王 亚（1992—），男，安徽亳州人，博士研究生，从事母猪饲料原料营养价值评定研究。手机：18383576671 E-mail: wangya920708@163.com

*通信作者：吴 德，教授，博士生导师，E-mail: wude@sicau.edu.cn

6680 程控仿生模拟生长猪胃肠道消化吸收快速评定饲料有效能的准确性研究

曹宁 1，赵峰 1，高理想 1,2，赵江涛 1,2，萨仁娜 1，解竞静 1，王钰明 2*

（1.中国农业科学院北京畜牧兽医研究所，畜禽营养与饲养全国重点实验室，北京 100193；2.温氏食品集团股份有限公司，云浮 527400）

摘要：本试验旨在探讨基于仿生消化法测定的饲料原料酶水解物能值（EHGE）估测生长猪消化能（DE）和代谢能（ME）的准确性，为国家“玉米、豆粕减量替代”计划提供参考。选取我国生长猪常用的 6 种谷实类原料和 14 种蛋白类原料，并以这 20 种原料配制 10 种可加性验证饲粮，分别采用生物学法和仿生消化法测定上述原料和饲粮的有效能。在生物学法测定 DE 和 ME 中，选择 30 头初始体重 30.3 ± 3.4 kg 的生长猪，采用 30 × 6 不完全拉丁方设计，进行 6 期代谢试验，每期包括 5 天预饲期和 5 天全收粪尿期，每个处理 6 个重复，每个重复 1 头猪。仿生消化法设 5 个重复，每个重复 1 根消化管。结果表明：1）6 种谷实类原料的 EHGE 与 DE 或 ME 的比值在 0.99～1.04 间，14 种蛋白类原料的 EHGE 与 DE 或 ME 的比值在 0.86～1.17 间，20 种原料的 EHGE 平均值与 DE 和 ME 平均值的比值分别为 0.95 和 0.99；2）20 种原料 DE 对 EHGE 的回归模型为：DE = 1.0014 × EHGE + 180（R^2 = 0.8481，RSD = 310 kcal/kg DM，P < 0.01），ME 对 EHGE 的回归模型为：ME = 1.0154 × EHGE - 29（R^2 = 0.8949，RSD = 254 kcal/kg DM，P < 0.01），20 种原料 DE 和 ME 的估测值均在 95% 置信区间内；3）基于 20 种原料 DE 和 ME 的估测值及其在验证饲粮配方中的占比计算得到 10 种验证饲粮 DE 和 ME 的计算值，回归分析表明 10 种验证饲粮 DE 和 ME 的计算值与实测值之间的回归模型的截距与 0、斜率与 1 无显著差异（P > 0.05）；配对 T 检验进一步表明这 10 种验证饲粮 DE 和 ME 的计算值与实测值之间均无显著差异（P > 0.05），其中 8 种验证饲粮 DE 的计算值与实测值的绝对差值在 100 kcal/kg DM 以内，9 种验证饲粮 ME 的计算值与实测值的绝对差值在 100 kcal/kg DM 以内。上述结果表明，仿生消化法测定的猪饲料原料的 EHGE 与生物学法测值具有强相关性及可加性，用 EHGE 可以准确估测生长猪饲料的有效能。

关键词：饲料；酶水解物能值；有效能；准确性；生长猪

作者简介：曹宁（1999.12.13），男，河北张家口人，硕士，从事猪饲料营养价值评定的应用研究。E-mail: 1633041261@qq.com；电话：15832397461

*通信作者：王钰明，助理研究员，E-mail: wangyuming@caas.cn

6094 规模化猪场饲料分类之饲料如何选择

迁 斌*，李 慧**，张玲玲

（浙江惠嘉生物科技股份有限公司，浙江 安吉 313300）[12]

1、按营养价值分类

全价配合饲料。能满足畜禽所需要的全部营养，是由能量饲料、蛋白质饲料、矿物质饲料、维生素、氨基酸及微量元素添加剂等，按规定的饲养标准配合而成的，是一种质量较好，营养全面、平衡的饲料。这类饲料可以直接喂畜禽。

浓缩饲料。它是由蛋白质饲料、矿物质饲料、添加剂预混料按一定比例混合而成的。用于猪、鸡的浓缩饲料一般含粗蛋白质 25%∽40%，矿物质和维生素的含量也高于猪、鸡营养需要的 2 倍以上，因此这类饲料不能直接饲喂，而要按说明加入玉米或其它能量饲料后方可饲喂。这类饲料可以减少能量饲料运输，使用方便，可解决一般养殖户蛋白质饲料短缺的问题。

添加剂预混料。它是指一种或多种微量的添加剂原料和载体及稀释剂一起拌合均匀的混合物。微量成分经预混合后，有利于其在大量饲料中均匀分布。添加剂预混料是配合饲料的半成品，可供中小型饲料厂生产全价配合饲料或浓缩饲料，可以单独在市场上出售，但不能直接用来喂畜禽。添加剂预混料生产工艺一般比配合饲料生产要求更加精细和严格，产品的配比更准确，混合更均匀，多由专门厂家生产。

精料混合料。用于牛羊等反刍家畜的一种补充精料，主要由能量饲料、蛋白质饲料和矿物质饲料组成，用于补充草料中不足的营养成分。

2、按形状分类

粉状饲料，是配合饲料的基本型，浓缩饲料、添加剂预混料、精料预混料一般都是粉状料。颗粒饲料，是将配合好的粉状饲料在颗粒机中加蒸气或用水高压压制而成的颗粒状饲料。它粉尘小、营养全、消化率高，是幼小动物的好饲料。膨化饲料，由挤压机生产，加工时物料经由高温、高压、高剪切处理，使物料的结构发生变化，饲料质地疏松，能较长时间地漂浮于水面。碎粒料，颗粒饲料经破碎机破碎成直径 2∽4 mm 大小的碎粒料，适合于幼小动物采食。块状饲料，为牛羊放牧时补充微量元素及其它矿物质的块状饲料，俗称盐砖。

3、种类选择

---

[12] 作者简介：迁斌，(1982-)黑龙江龙江人,动物科学本科毕业，惠嘉大动保全国技术服务总监,研究方向为母猪健康管理、疫病监测与检测。E-mail：13936628769@163.com

通讯作者:李慧，(1989-)，河南省潢川人，动物营养硕士毕业，惠嘉大动保技术经理，研究方向为动物肠道健康调控.E-mail：neva1717@163.com

如果养殖场的精力主要用于育种、孵化，可选择可靠的饲料厂家，购买其全价饲料。如果当地有丰富的能量饲料资源，而缺乏蛋白质饲料，资金也不十分宽余，不能购置太多原料及设备，此时可选择浓缩饲料。

关键词：猪，饲料，养殖

6249 Weaning performance in lactating sow prediction using machine-learning, for precision livestock farming

Jiayi Su 1,2, Bie Tan 1,2*, Yulong Yin 1,2,3*, Jing Wang 1,2*

(1. College of Animal Science and Technology, Hunan Agricultural University, Hunan, 410128, China; 2. Yuelushan Laboratory, Hunan, 410128, China; 3. Laboratory of Animal Nutritional Physiology and Metabolic Process, Key Laboratory of Agro-Ecological Processes in Subtropical Region, National Engineering Laboratory for Pollution Control and Waste Utilization in Livestock and Poultry Production, Institute of Subtropical Agriculture, Chinese Academy of Sciences, Changsha, China)

Author telephone: 18570372546, E-mail address: sjy19920406@126.com

Abstract： Milk production results in variable nutrient needs among lactating sows. Weaning performance proxies nutrient output in milk more affordably. Our main goal was to find a reliable machine learning algorithm for predictions of weaned litter weight, laying the foundation for precision nutrition of lactating sow. We collected 10089 observations encompassing sow information, environmental parameters, backfat thickness and nutritional composition of feed. Then we integrated RFECV, GBRT algorithm, Bland-Altman validation, and SHAP analysis to construct and interpret a predictive model. Post RFECV, 34 pivotal features were identified. GBRT model performed well on training and test sets. Bland-Altman analysis showed reliable agreement between predicted and actual values. The SHAP analysis explained model predictions. Key features like litter size, lactation duration, parity had high SHAP values, shaping predictions. These findings affirm model effectiveness, elevating predictive accuracy and precision nutrition comprehension for lactating sows, bolstering swine production's sustainability and precision nutrition strategies.

Keywords: weaning performance, lactating sow, precision nutrition, RFECV, GBRT, SHAP

6376 饲粮蛋白质限制对育肥猪血清生化指标和结肠微生物群的影响

杨润华，刘尚航，曹嘉棋，龚佳妮，范志勇*

（湖南农业大学动物科学技术学院，长沙，410128）[13]

摘要：蛋白质为动物机体三大供能物质之一，能够为机体营养代谢提供原料。有研究表明，饲粮中蛋白质水平的高低以及饲粮中氨基酸的比例会对机体和肠道健康有一定的影响。因此，从猪自身营养生理特性出发，精准评估其蛋白质营养需求，以低蛋白营养模式为基础并补充工业氨基酸，探索规模化养殖条件下育肥猪后期的适宜蛋白水平及氨基酸模式是目前亟待解决的问题。本试验旨在研究 4 种氨基酸平衡的低蛋白饲粮对育肥猪血清生化指标和结肠菌群的影响。试验选用 54 头平均体重为 70.12 ± 4.03 kg 的健康外三元(杜×长×大)去势公猪，随机分为 3 个处理组，每个处理组 3 个重复，每个重复 6 头猪。对照组饲喂基础饲粮（CON），试验组分别饲喂低蛋白质饲粮(LP)和极低蛋白质饲粮(VLP)，3 种饲粮分别平衡 4 种必需氨基酸(赖氨酸、蛋氨酸、苏氨酸和色氨酸)，粗蛋白质含量分为 13.50%(CON)、10.76%(LP)和 8.02%(VLP)。试验期 37d。结果表明：1）与 CON 饲粮相比，降低饲粮蛋白质对育肥猪血清生化指标 TBA、GLU、TC、TG、HDL-C、LDL-C 无影响 ($P > 0.05$)。2）与 CON 饲粮相比，VLP 饲粮显著提高了结肠戊酸的含量 ($P<0.05$)。3）与 CON 相比，LP 和 VLP 组对育肥猪大肠菌群的α无影响($P<0.05$)。4）与 CON 相比，LP 饲粮中 Terrisporobacter(13.37%)、Clostridium_sensu_stricto_1(23.37%)和 Turicibacter(2.57%)的丰度分别提高至 21.04、33.42 和 13.68%，VLP 饲粮中分别提高至 16.72、43.71 和 14.61%。5）相关性结果分析表明，结肠中戊酸含量与细菌 Turicibacter 和 Clostridium_sensu_stricto_6 呈极显著负相关($P<0.01$)，与细菌 Peptococcus 和 Clostridia_UCG-014 呈极显著正相关($P<0.01$)。综上所述，降低育肥猪饲粮蛋白水平对血清生化指标无影响，可改善结肠微生物群组成，特别是降低与氮代谢相关的细菌丰度。此外，VLP 饲粮组与 LP 饲粮组相比，育肥猪的肠道菌群更加丰富。

关键词：低蛋白饲粮；氨基酸平衡；血清生化；肠道菌群；

基金项目：湖南农业大学动物科技学院畜禽安全生产湖南省协同创新中心的技术支持。湖南省自然科学基金(20121jj30318)资助。

作者简介：杨润华（2000-），男，甘肃省酒泉人，硕士研究生，从事动物营养与饲料研究。手机：17393785377，E-mail:1441314125@qq.com

*通信作者：范志勇，教授，硕士生导师，E-mail：fzyong04@163.com

6482 基于间接测热法和心率监测法的妊娠母猪维持净能需要量研究

李 哲 1,2，高文君 1,2，师煌伟 1,2，徐 松 1,2，曾正程 1,2，王腾浩 3，刘世杰 4，王凤来 1,2，赖长华 1,2*，张 帅 1,2*

（1. 中国农业大学动物科技学院，北京 100193；2. 国家生猪技术创新中心（华北），北京 100193；3. 浙江青莲食品股份有限公司，浙江，314399；4. 重庆国猪高科技集团有限公司，重庆 402460）

摘要：本试验旨在 1）利用间接测热法评估母猪妊娠后期的维持净能需要量，2）基于母猪心率搭建能量需要预测模型，以探究心率监测法应用于母猪能量代谢研究的可行性。试验一选用 6 头初始体重为 229.5 ± 14.9 kg 的长 × 大二元杂交经产母猪，妊娠时间为第 56 天。采用 6 × 6 拉丁方试验设计，每头母猪在 6 期试验期间随机分别分配到 6 种不同的能量饲喂水平，试验饲粮为玉米豆粕型基础饲粮，6 种饲粮能量饲喂水平参考 NRC（2012）推荐设计为 1.2、1.4、1.6、1.8、2.0 和 2.2 倍维持代谢能需要（100 kcal ME/kg $BW^{0.75}$ $\cdot d^{-1}$）。试验方法为开放式循环呼吸测热法，待母猪适应专用代谢笼后转入测热小室中进行 6 期呼吸测热试验，每期 9 d，包括 5 d 适应期、3 d 饲喂测热期和 1d 绝食测热期。试验母猪呼吸的气体成分及含量变化由空气分析仪检测并记录，根据气体交换数据计算母猪的能量消耗（热能），最终通过线性回归方程拟合母猪妊娠中后期的代谢产热变化并分析母猪妊娠后期的平均维持净能需要。试验二选用 6 只怀孕 64 天的长 × 大二元杂交经产母猪妊娠母猪，母猪平均体重为 232.5 ± 12.5 kg，试验饲粮为玉米豆粕型基础饲粮，心率带是以心电信号法为工作原理的便携式心电监测设备。采用完全随机设计测定 6 头母猪的能量消耗，佩戴心率带后，母猪在室内代谢笼中适应日粮 5 d，于妊娠第 69 天转入呼吸测热小室进行为期 4 d 的呼吸测热试验。动物的产热数据每 5 分钟记录一次，心率数据每 1 分钟记录一次。数据校正后分别通过线性回归方程和非线性混合效应模型构建基于心率的妊娠母猪维持净能需要预测模型，其中线性回归模型的系数由普通最小二乘法计算得出，R^2 和均方根误差（Root mean square error, RMSE）用来描述模型的准确性；利用随机渐进最大期望法计算非线性混合效应模型的系数，并通过参数逆向估计优化最终的拟合效果。试验结果表明妊娠母猪的维持净能需要会随妊娠时间增加而显著提高（$P < 0.05$），线性回归模型测得母猪在妊娠后期（70~110 d）的平均维持净能需要为 410 kJ/$BW^{0.75}$ $\cdot$ d^{-1}。另外母猪的平均心率为 84 bpm，基于心率的维持净能需要预测模型分别为线性回归方程：EE(Energy expenditure, kJ/$BW^{0.75}$ h^{-1}) = 7.053 HR(Heart rate, bpm) - 117.88(R^2 = 0.5537，RMSE = 105.5, $P < 0.01$)，以及非线性混合效应方程：$NE_m(kcal/h) = \frac{1990}{1+\exp\left[\frac{136-HR(bpm)}{43}\right]}$。综上所述，母猪妊娠后期的平均维持净能需要为 410 kJ/$BW^{0.75}$ $\cdot$ d^{-1}，从预测效果上来讲，随机渐进最大期望算法在不同基于心率的维持净能需要预测模型中表现更佳，为心率监测法在母猪能量代谢研究中的应用提供参考。

关键词：妊娠母猪，间接测热法，维持净能需要量，心率，能量消耗，产热

6490 日粮能量水平对宁乡猪生长性能、屠宰性能和肉品质的影响

肖银涛，王芳，夏铭隆，郑塞珍，谭碧娥，印遇龙，陈家顺*

(1. 湖南农业大学动物科学技术学院，动物营养基因组与种质创新研究中心，湖南 长沙 410128；2. 湖南省畜禽安全生产协同创新中心，湖南 长沙 410128；3. 饲料安全与高效利用教育部工程研究中心，湖南 长沙 410128)[14]

摘要：本试验旨在探究日粮能量水平对宁乡猪生长性能、屠宰性能和肉品质的影响。试验选取 270 头(26±1) kg 左右、日龄相近、公母数量相同的宁乡猪, 随机分成 3 个组, 每组 5 个重复, 每个重复 18 头猪。在 26-50kg 阶段，各组日粮消化能水平分别为 11.58 MJ/kg (低能组)、12.54 MJ/kg (中能组)和 13.59 MJ/kg(高能组)。在 50-80kg 阶段，各组日粮消化能水平分别为 11.34 MJ/kg (低能组)、12.31 MJ/kg (中能组)和 13.31 MJ/kg(高能组)，粗蛋白质水平相近。试验预试期 3 d，正式试验期 180 d。结果表明，随着日粮能量水平的升高：1）20-50kg 阶段，宁乡猪高能组的末重和平均日增重(ADG)显著高于中能组和低能组(P<0.05)。50-80kg 阶段，宁乡猪高能组的末重显著高于中能组和低能组(P<0.05)，平均日增重(ADG)呈线性上升。两个阶段的料重比均呈线性下降(P<0.05)。2）低能组的背膘厚显著低于高能组和中能组(P<0.05)，中能组的滴水损失显著低于高能组和低能组(P<0.05)，此外，瘦肉率无显著差异。3）饱和脂肪酸(SFA)呈线性降低(P<0.05)，其中高能组的 C14:0 显著低于低能组，低能组的 C16:0 显著高于高能组和中能组(P<0.05)。低能组的总不饱和脂肪酸显著低于高能组和中能组(P<0.05)，高能组的单不饱和脂肪酸(MUFA) 显著高于中能组和低能组(P<0.05)。高能组的多不饱和脂肪酸(PUFA)显著低于中能组和低能组(P<0.05)，其中，高能组的 C18:3n3 显著低于低能组(P<0.05)。综上所述，在本试验日粮能量水平(11.34-13.31 MJ/kg)范围内，饲喂高能量水平(13.31 MJ/kg)日粮能显著提高的提高宁乡猪的末重和平均日增重，同时降低宁乡猪的料重比。其中，高能组的滴水损失虽然显著高于中能组，但其瘦肉率无显著差异，且饲喂高能量水平(13.31 MJ/kg)日粮的宁乡猪背最长肌中的中长链脂肪酸的组成比例更好，肉品质更佳。由此可见，宁乡猪体重在 50-80kg 阶段时，适宜的日粮能量水平为 13.31 MJ/kg。

关键词：能量;宁乡猪；生长性能；中长链脂肪酸；

---

[14] 基金项目： “十四五”国家重点研发计划项目（2021YFD1300403）；湖南省自然科学基金青年基金项目(2022JJ40165)；国家重点研发计划项目（2021YFD1300402）；湖南省教育厅优秀青年基金项目(22B0206) ；湖南省重点研究开发项目 （2023NK2018）；国家自然科学基金青年基金项目（32302761）

作者简介：肖银涛（2000—），男，湖南邵阳人，硕士，主要从事动物营养与饲料开发。

*通信作者：陈家顺，讲师，硕士生导师，E-mail: jschen@hunau.edu.cn。

6496 饲粮不同能量源对生长猪净能沉积和能量利用效率的影响

高文君 1,2，师煌伟 1,2，李 哲 1,2，曾正程 1,2，王腾浩 3，赖长华 1,2*，张 帅 1,2*

（1. 中国农业大学动物科技学院，北京 100193；2. 国家生猪技术创新中心（华北），北京 100193；3. 浙江青莲食品股份有限公司，浙江）

摘要：本试验从单一能量源的层面出发，基于间接测热法和多元加权-嵌套模型，旨在测定淀粉、大豆油和酪蛋白的净能值并探究其对生长猪净能沉积和能量利用效率的影响。试验采用完全随机设计，36 头初始体重为 28.1 ± 0.8 kg 的杜 × 长 × 大三元杂交健康去势公猪随机分为 6 个饲粮处理，每个处理 6 个重复，每个重复 1 头猪。对照组为玉米豆粕型基础饲粮，5 个试验组分别在基础饲粮中添加 27%玉米淀粉、27%木薯淀粉、27%豌豆淀粉、5%大豆油和 11.8%酪蛋白，试验期间饲喂水平为 1.92 MJ ME/kg $BW^{0.6}$/d。试验分 6 期进行，每期 14d，其中 7d 为预饲期，1d 为小室适应期，5d 为饲喂测热期，最后 1d 为绝食测热期。通过计算得到饲粮有效能值和生长猪净能需要量数据，再利用多元加权-嵌套模型进行分析，最终获得 26 个能量利用效率相关参数，如代谢能用于沉积蛋白质的效率（Efficiency of using metabolizable energy for protein, K_p）和代谢能用于沉积脂肪的效率（Efficiency of using metabolizable energy for fat, K_f）等。试验结果表明，玉米淀粉、木薯淀粉和豌豆淀粉在净能沉积和能量利用效率方面没有显著差异。另外，与大豆油和酪蛋白相比，淀粉的添加会显著提高总能表观全肠道消化率（$P< 0.01$）。不同能量源因其来源和代谢途径不同，其净能沉积和能量利用效率具有很大差异。在净能沉积方面，淀粉和大豆油的添加提高了饲粮有效能值与粗蛋白质的比值，进而显著降低了生长猪蛋白沉积净能（$P< 0.01$），但显著提高了生长猪脂肪沉积净能（$P< 0.01$）；与之相反，酪蛋白组提供的粗蛋白质含量超过了生长猪机体蛋白沉积量的阈值，从而显著提高了生长猪蛋白沉积净能（$P< 0.01$），超出阈值的蛋白质以粪氮或尿氮的形式排出动物体外，导致酪蛋白组净蛋白利用率显著降低（$P< 0.01$）。在能量利用效率方面，因为动物机体在沉积蛋白质时需要消耗更多的能量，所以不同能量源的 K_p（0.61-0.66）均低于 K_f（0.68-0.75）。大豆油代谢能用于 ATP 合成的效率为 89%，高于淀粉和酪蛋白合成 ATP 的效率；而大豆油提供的能量用于蛋白质沉积的效率仅为-0.04%，显著低于淀粉和酪蛋白用于蛋白质沉积的效率。最后基于套算法和间接测热法测得玉米淀粉、豌豆淀粉、木薯淀粉、大豆油和酪蛋白的净能值分别为 14.48、12.70、11.61、37.46 和 14.96 MJ/kg DM。综上所述，不同类型的能量源影响生长猪净能沉积和能量利用效率。在本试验条件下，不同来源的淀粉在生长猪净能沉积和能量利用效率方面没有显著差异；大豆油作为高能化合物在 ATP 合成供能和沉积脂肪方面显著优于淀粉和酪蛋白；酪蛋白的添加需要满足饲粮能氮协同性才能最大程度提高生长猪蛋白质沉积，反之会降低净蛋白利用率。

关键词：淀粉，大豆油，酪蛋白，蛋白沉积，脂肪沉积，能量利用效率

65364-萜品醇对免疫应激仔猪结肠形态结构、抗氧化功能和免疫功能的调节作用

邱广志，刘军，宋致昊，赵建伟，喻礼怀，王洪荣，董丽

（扬州大学动物科学与技术学院，扬州，225009）[15]

摘要：4-萜品醇(TER)是一种化学式为 $C_{10}H_{18}O$ 的化学物质，是茶树油提取物中主要的活性成分，并且在医疗行业能够显著增强多种化疗和生物制剂的疗效。在课题组前期的研究发现，日粮中加入茶树油（其中 4-萜品醇含量为 60%左右）对断奶仔猪的生长发育有很好的促进作用，降低炎症反应并提高抗氧化能力。然而，4-萜品醇对仔猪结肠功能的调节作用尚不清楚。本文旨在研究 4-萜品醇对免疫应激仔猪结肠肠道形态结构、抗氧化功能和免疫功能的调节作用。试验选取 40 头 21 日龄断奶的 28 日龄（15～18 kg）健康三元杂交仔猪，随机分为 5 个处理组：对照组（CON 组，饲喂基础日粮）、脂多糖刺激组（LPS 组，饲喂基础日粮）、低、中、高剂量 4-萜品醇组（LT+P 组、MT+P 组、HT+P 组，分别饲喂基础日粮加 30 mg/kg 、60 mg/kg 、90 mg/kg TER）。每组 8 头仔猪，单栏饲养，预试期 3 天，正试期 21 天，在第 21 天（取样前 6 h）LPS 组、LT+P 组、MT+P 组和 HT+P 组仔猪腹腔注射 100 ug/kg 体重的 LPS，CON 组腹腔注射相应剂量 0.9%的无菌生理盐水。屠宰取结肠样品，用于测定结肠形态结构、抗氧化功能和免疫功能。结果表明，（1）与对照组相比，LPS 组仔猪结肠隐窝深度显著升高（P<0.05）。与 LPS 组相比，4-萜品醇组仔猪结肠隐窝更加完整，损伤更少，隐窝深度相比也有显著降低（P<0.05）。（2）与对照组相比，LPS 组仔猪结肠抗氧化酶丙二醛（MDA）的含量显著升高（P<0.05），谷胱甘肽过氧化物酶（GSH-Px）、超氧化物歧化酶（SOD）、过氧化氢酶（CAT）的活力显著降低（P<0.05）。与 LPS 组相比，4-萜品醇组仔猪结肠 MDA 含量显著降低（P< 0.05），GSH-Px、CAT、SOD 的活力显著升高（P<0.05）。（3）与对照组相比，LPS 组的结肠炎症因子白介素-1β（IL-1β）和肿瘤坏死因子-α（TNF-α）的含量显著升高（P<0.05），LPS 组结肠中抗炎因子白介素-10（IL-10）的含量 LPS 组与 CON 组相比呈现下降趋势（0.01<P<0.05）。与 LPS 组相比，PLT、PMT 组 IL-10 显著提升（P<0.05）, IL-1β和 TNF-α的含量显著下降（P<0.05）。综上所述， LPS 刺激会对仔猪结肠的形态结构造成一定的损伤，降低仔猪结肠抗氧化能力并提高结肠促炎细胞因子的分泌，而 4-萜品醇可以有效缓解 LPS 诱导的仔猪结肠形态结构损伤，提高结肠抗氧化能力并缓解仔猪结肠炎症。结合本试验结果，建议添加 60mg/kg 4-萜品醇。

关键词：脂多糖；4-萜品醇；免疫应激；断奶仔猪；结肠；肠道形态

---

[15] 第一作者简介：邱广志，男，硕士，E-mail： xiaonanhaiqiu@163.com

通讯作者：董丽，副教授，硕士生导师，E-mail: donglijiayou@126.com

6541 日粮能量源对生长猪组织碳周转速率的比较研究

丁婧 1,2，冯泽猛 1，黄瑞林 1

（1. 中国科学院亚热带农业生态研究所，亚热带农业生态过程重点实验室，湖南省畜禽健康养殖工程技术研究中心，长沙 410125；2. 湖南新五丰股份有限公司，长沙 410005）

摘要：动物机体不同组织更新速率及其营养素的分配与代谢速率存在差异，但是营养学研究缺乏量化不同组织器官代谢与更新速率的指标。营养物质在组织器官中的吸收代谢也是碳氮等元素更新周转的过程，机体组织器官中的碳周转速率可衡量组织器官捕获、整合、储存和更新碳元素的周期，进而反映不同组织器官的代谢与更新速率。稳定同位素$\delta^{13}C$ 技术是研究碳周转速率较好的工具，目前已有学者运用稳定同位素技术来研究营养物质对机体碳周转速率的影响。能量饲料是猪日粮中的重要组分，目前不同能量来源饲粮对生长猪不同组织器官代谢更新速率影响的研究较少。因此，本研究选用 174 头体重为 13 kg 左右断奶仔猪，饲喂碎米豆粕型日粮至 30 kg 左右后，饲喂玉米豆粕型日粮，随机分成玉米淀粉组、棕榈油组、椰子油组和大豆油组，比较研究生长猪不同能量来源饲粮对生长猪各组织器官（肠道、肝脏、肌肉与脂肪）碳周转速率的影响。结果表明：1）构建稳定同位素 ^{13}C 富集与时间的关系曲线：饲粮改变后，由于摄入玉米（C_4 植物）豆粕型日粮$\delta^{13}C$ 值高于原碎米（C_3 植物）豆粕型日粮，组织中稳定同位素 ^{13}C 发生富集，直到达到新稳态，因此通过测定饲喂第 0、3、6、9、14、21、35 和 53 天机体生长猪各组织器官的$\delta^{13}C$ 值，可构建稳定同位素 ^{13}C 的富集与时间的关系曲线，达到新稳态所花费的时间即为碳周转速率；2）与玉米淀粉相比，在饲粮中添加油脂加快了生长猪结肠和背部皮下脂肪中碳周转速率，减慢了肝脏、小肠和背最长肌中碳周转速率。其中大豆油组各组织的碳周转速率均较快，特别是背部皮下脂肪组织碳周转速率最快。机体的不同部位碳周转速率不一致，其中，肝脏>十二指肠>回肠>空肠>结肠>背最长肌>背部皮下脂肪组织。另外，不同能量源的供能对背部皮下脂肪组织和背最长肌碳周转速率的影响最大，对肝脏和肠道的影响较小；3）不同能量源饲粮对背最长肌和皮下脂肪组织的多不饱和脂肪酸含量影响最大，多不饱和脂肪酸总量以及 n-6、n-3 多不饱和脂肪酸总量：大豆油组>椰子油组>棕榈油组>玉米淀粉组。由此可见，动物机体组织对不同来源能量的吸收代谢造成了碳周转速率的变化，表明碳周转速率可用于反映能量吸收和代谢的差异。后续有待进一步研究不同能量源对机体整体及不同组织更新和代谢变化与碳周转速率之间的关联机制，利用碳周转速率指标构建机体组织能量吸收代谢变化的评判体系。

关键词：淀粉，油脂，稳定同位素 ^{13}C，碳周转速率，脂肪酸组成

6544 Multi-omics analyses reveal the correlation between dynamic alteration of inulin utilizability and longitudinal development of gut microbiota in Jinhua native pigs

Nana Chen, Yizhen Wang, Mingliang Jin

(Key Laboratory of Animal Nutrition and Feed Science in Eastern China, Ministry of Agriculture; Institute of Feed Science, College of Animal Sciences, Zhejiang University, Hangzhou 310058, PR China)

Email: nanachen1207@zju.edu.cn; Tel: +86 13588274862

ABSTRACT

Backgrounds: Accumulating evidence has demonstrated that precise and rational utilization of dietary fiber may contribute to improving animal gut health and alleviating conventional feed resource shortage in swine industry. Inulin, a typical kind of dietary fiber, has emerged as a promising nutritional supplement due to its various beneficial effects. Nonetheless, how to achieve the scientific and precise application of inulin in swine industry remains largely obscure. It is well documented that dietary fiber cannot be digested by endogenous enzymes in the small intestine but can be fermented into short-chain fatty acids (SCFAs), a group of bio-active molecules with multiple physiological effects by commensal microbes residing in the large intestine of monogastric animals. It is worth noting that gut microbiota is a dynamic and complex ecological system and would vary according to varieties of influencing factors, particularly longitudinal development. Based on the current knowledge regarding inulin utilization and gut microbiota, we proposed the hypotheses that dynamic changes of inulin utilizability may occur and correlate with longitudinal development of swine gut microbial community. Jinhua native pig models were therein adopted after the consideration of their genetic trait of crude feed tolerance, disease resistance, the geographical advantages of conducting nearby studies as well as original intention of exploiting indigenous breed resources. Hence, the present study aimed to preliminarily unveil the dynamic change pattern of inulin utilizability as a fermentation substrate and clarify its potential association with microbial community alterations during the early development of gut microbiota by the means of longitudinal analyses.

Methods: Animal experiments were performed at the Cooperative Experimental Research Base of Zhejiang University. As for the longitudinal study, fresh feces were sampled from Jinhua pigs (n=20) with similar body weight at one week pre- and post-weaning as well as 3rd month

post-weaning, respectively. These sampling time points were selected on account of the fact that the period from the peri-weaning phase to the phase when gut microbiota reaches basic maturity is a desirable window period for improving swine health via nutritional intervention strategies. *In vitro* simulated gastrointestinal digestion and anaerobic fermentation were applied to mimic the metabolism of inulin across the swine gastrointestinal tract and evaluate the dynamic change pattern of its utilizability as a fermentation substrate during the early development of gut microbiota. Chicory-derived inulin (product number: Orafti®HP; purity of 99.9%) was a linear-chain polymer of fructose residues combined together via β-(2→1) glycosidic bonds with a terminal glucose residue bound via an α-(2→1) glycosidic bond, which was manufactured in a single batch by BENEO-Orafti (Tienen, Belgium). Specifically, anaerobic fermentation was conducted in the anaerobic cabinet (Electrotek, Blackburn, UK) via blending the equal volumes of swine fecal slurry (2%, w/v) and inulin substrate solution (4%, w/v) and incubating for 14 hours at 37 ℃. Non-fermentable microcrystalline cellulose acted as a negative control to exclude the background interference of basal fermentation medium. Subsequently, targeted metabolomics was used to characterize microbial fermentation-derived SCFAs profiles. Meanwhile, longitudinal alterations of swine gut microbiota were assessed through 16S rRNA sequencing of fresh feces, which was widely acknowledged as an invasive and feasible approach for reflecting gut microbial community structure and function. Functional prediction of swine gut microbial community was performed based on KEGG database. Furthermore, Spearman's correlation analysis was performed to determine the potential association between microbial fermentation-derived SCFAs production and relative abundances of differential bacterial genera or differential carbohydrate metabolism pathways as well as the association between relative abundances of differential bacterial genera and differential carbohydrate metabolism pathways.

Results: Targeted metabolomics analysis displayed escalating concentrations of SCFAs in the fermentation broth, indicating a remarkable elevation of inulin utilizability as a fermentation substrate during the longitudinal development of swine gut microbiota. Moreover, longitudinal observations exhibited a conspicuous rise in the proportion of linear SCFAs and butyrate production as well as a significant decline in the proportion of branched SCFAs production in the fermentation broth, which may be attributed to the fact that different SCFAs components are generated from the shared intermediate metabolites of inulin fermentation in a competitive manner. As evidenced by microbiomics analysis, significant alterations were found in the composition of

swine gut microbial community during the longitudinal development. Furthermore, there was a marked longitudinal increase in alpha diversity of gut microbial community. Intriguingly, functional prediction of microbial community unveiled the ascending abundances of carbohydrate metabolism pathways, including pentose phosphate pathway, butanoate metabolism pathway as well as fructose and mannose metabolism pathway. Notably, Spearman's correlation analysis revealed significantly positive links between relative abundances of bacterial genera *Bifidobacterium*, *Roseburia*, *Faecalibacterium* and *Enterococcus* and the production of microbial fermentation-derived SCFAs production. In addition, relative abundances of these bacterial genera were also noticed to positively correlate with relative abundances of the carbohydrate metabolism pathways mentioned above. The close associations between multiple kinds of bacterial genera and SCFAs production may be partly ascribed to the fact that microbial fermentation of inulin into SCFAs is cooperatively orchestrated by different participating bacteria in a cross-feeding synergistic way, such as primary degrading bacteria, secondary metabolizing bacteria and ultimate SCFAs-producing bacteria.

Conclusions: In summary, this study preliminarily reveals the dynamic change pattern of inulin utilizability and its correlation with longitudinal alterations of gut microbial community structure and carbohydrate metabolism function in Jinhua pig models. These findings may shed new lights on understanding the dynamic change pattern of inulin from the perspective of gut microbiota development and lay the foundation for its precise and rational use of inulin via the synergistic combination with its metabolizing microbes in future swine nutritional interventions. However, it must be acknowledged that there are still some limitations existing in this study. Longer sampling time span, larger-scales of sampling subjects and denser sampling time points as well as dynamic shifts of microbial community during the fermentation process would be also taken into consideration in the future studies. Thus, more in-depth researches are warranted to facilitate the accomplishment of precise use of inulin in swine industry.

Keywords: Jinhua pigs; inulin utilizability; longitudinal development; gut microbiota; multi-omics analyses

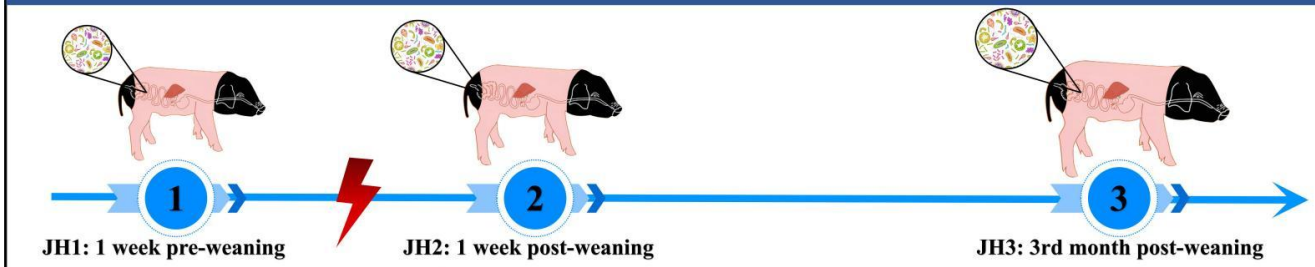
Multi-omics analyses reveal the correlation between dynamic alteration of inulin utilizability and longitudinal development of gut microbiota in Jinhua native pigs

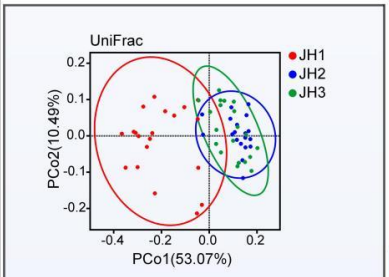
Nana Chen, Yizhen Wang & Mingliang Jin

Key Laboratory of Animal Nutrition and Feed Science in Eastern China, Ministry of Agriculture, Institute of Feed Science, College of Animal Sciences, Zhejiang University, Hangzhou 310058, PR China (Email: nanachen1207@zju.edu.cn)

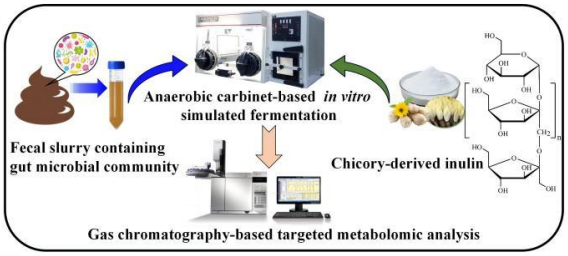
Abstract: Inulin is a typical kind of fermentable polysaccharide and has emerged as a promising dietary supplement due to its multiple health-promoting effects. This study aimed to unveil the dynamic change pattern of inulin utilizability as a fermentation substrate during gut microbiota development and illuminate its potential association with gut microbiota in Chinese Jinhua native pig models via longitudinal analyses. Herein, fresh feces were collected at one week pre- and post-weaning as well as 3rd month post-weaning, respectively. Targeted metabolomics and *in vitro* simulated fermentation revealed increasing concentrations of fecal short-chain fatty acids (SCFAs) and elevating utilizability of inulin as a fermentation substrate. Microbiomic analyses demonstrated conspicuous longitudinal alterations in gut microbial composition and a significant rise in microbial community diversity during gut microbiota development. Furthermore, gut microbial functional analyses exhibited a remarkable increase in the relative abundances of carbohydrate metabolism pathways, including pentose phosphate pathway, galactose metabolism pathway, butanoate metabolism pathway as well as fructose and mannose metabolism pathway. Notably, Spearman's correlation analyses uncovered that significantly positively correlations existed between relative abundances of bacterial genera *Bifidobacterium*, *Roseburia*, *Faecalibacterium* and the production of microbial fermentation-derived SCFAs. Collectively, these findings offer novel insights into understanding inulin utilizability variations from the perspective of gut microbiota development and lay the foundations for rational use of inulin via the synergistic combination with its metabolizing bacteria in future nutritional interventions.

A longitudinal study in Jinhua native pig models

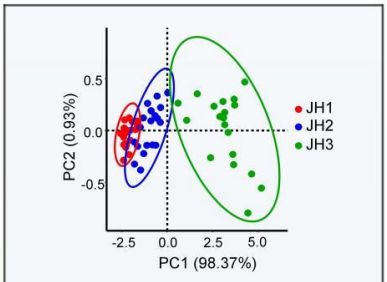




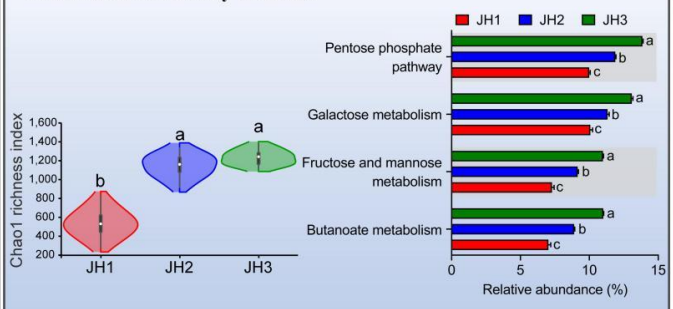
Significant alterations in microbial community structure

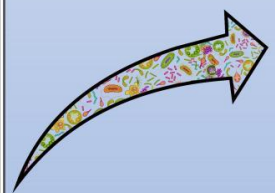


Longitudinal development of gut microbiota correlates with **Dynamic changes of inulin utilizability**



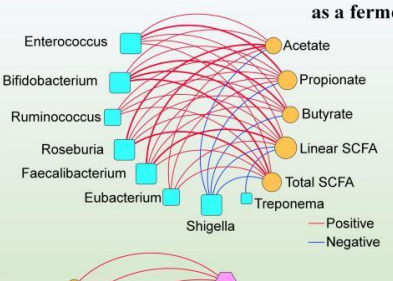
Dynamic changes of inulin utilizability as a fermentation substrate

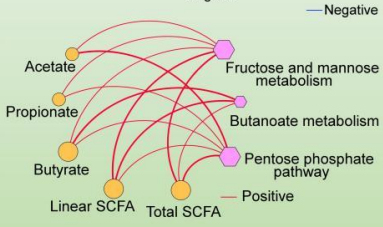




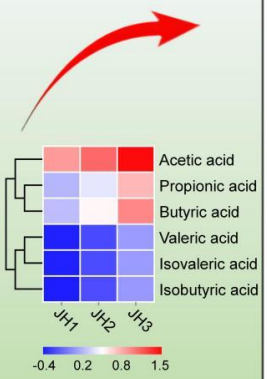
A remarkable increase in gut microbial alpha diversity

A notable rise in gut microbial carbohydrate metabolism functions





Strong correlations between SCFA production and differential bacteial genera as well as carbohydrate metabolism functions



A noticeable elevation in inulin utilizability as evidenced by microbial fermentation-derived SCFA production

Conclusion

In summary, our data preliminarily confirm the hypothesis that the dynamic changes of inulin utilizability occurrs and correlates with longitudinal alterations of microbial community structure and function during gut microbiota development in Chinese Jinhua native pig models. Notably, this study may shed new lights on the dynamic change pattern of inulin utilizability from the perspective of gut microbiota development and lay the foundations for rational use of inulin via the synergistic combination with its metabolizing bacteria in future nutritional interventions.

6579 育肥期宁乡猪低蛋白日粮适宜粗蛋白水平的研究

杨凯，王永超，王晶晶，陈国武，邢艺苑，马晓康*

（湖南农业大学动物科学技术学院，长沙 410128）

摘要：在人畜争粮、蛋白饲料匮乏的大环境下，中国地方本土猪的发展迫切需要一套完整的蛋白配方体系。本研究通过两个试验探讨了冷应激条件下，30-80 kg 宁乡猪日粮蛋白适宜比例的研究。试验一评估了五种不同蛋白梯度的日粮条件下 30-50 kg 宁乡猪适宜的日粮蛋白水平。试验选用 250 头平均体重为 30.16 ± 0.25 的健康的去势宁乡公猪，随机分为 5 个处理，每个处理 5 个重复，每个重复 10 头猪。日粮净能均为 9.94 MJ/kg，日粮蛋白梯度分别为 12.10%、13.10%、14.10%、15.10%和 16.10%。结果表明：（1）在冷应激条件下，随着日粮蛋白梯度的增加，平均日增重（Average daily gain，ADG）均显著降低（二次，P<0.05）。（2）以 ADG 和 F:G 为效应指标时，单斜率折线模型评估的 30-50 kg 宁乡猪适宜的蛋白水平均为 13.38%；二次曲线模型评估的 30-50 kg 宁乡猪适宜的蛋白水平分别为 13.98%和 13.94%。试验二评估了五种不同蛋白梯度的日粮条件下 50-80 kg 宁乡猪适宜的日粮蛋白水平。试验选用 53.19 ± 2.12 kg 健康的去势宁乡公猪，试验分组方法同试验一，日粮净能均为 9.86 MJ/kg，日粮蛋白梯度分别为 11.09%、12.09%、13.09%、14.09%和 15.09%。结果表明，（3）随着日粮蛋白梯度的增加，ADG 显著降低（二次，P<0.05），血清尿素氮的浓度显著增加（线性，P<0.05）。（4）以 ADG 和 F:G 为效应指标时，单斜率折线模型评估的 50-80 kg 宁乡猪适宜的蛋白水平分别为 12.35%和 12.37%；二次曲线模型评估的 50-80 kg 宁乡猪适宜的蛋白水平均为 12.94%。综上所述，冷应激条件下，单斜率折线模型评估的 30-50 kg 和 50-80 kg 宁乡猪日粮适宜蛋白水平分别为 13.38%和 13.35%，二次曲线模型评估的 30-50 kg 和 50-80 kg 宁乡猪日粮适宜蛋白水平分别为 13.98%和 13.38%，该结果均高于中国猪营养需要（2020）30-50 kg 和 50-80 kg 脂肪型生长肥育猪的推荐值。

关键词：育肥期宁乡公猪；不同梯度蛋白；生长性能；血清尿素氮 [16]

[16] 作者简介：杨凯，男，硕士研究生，研究方向为动物营养与饲料科学，电话:15799936939，E-mail：3422817672@qq.com

*通讯作者：马晓康，男，博士，主要从事猪的营养研究工作，电话：15652806883，E-mail: maxiaokang@hunau.edu.cn

6580 Wheat bran fermented by Lactobacillus regulated the bacteria–fungi and reduced fecal heavy metals concentrations in growing pigs

Zhang Dongyan, Liu Hui, Wang Sixin, Ji Haifeng*

（Institute of Animal Science and Veterinary Medicine, Beijing Academy of Agriculture and Forestry Sciences, Beijing 100097）[17]

Abstract: *Lactobacillus* fermentation can increase the value of wheat bran, but the benefits of fermented wheat bran for pig production are poorly understood. We evaluated the phenolic acid content of wheat bran fermented with *Lactobacillus* spp. The bacterial and fungal compositions, short-chain fatty acids, and heavy metals concentrations in the feces of growing pigs were also determined, and the correlations between the bacterial and fungal compositions and short-chain fatty acid and heavy metals concentrations were assessed. The concentrations of phenolic acids (caffeic acid, catechinic acid, and gallic acid) were higher in fermented bran than in control wheat bran. The diversity of feces bacterial species was significantly higher, whereas the diversity of fungi was lower in fermented wheat bran treatment than those in the control group, and pigs consuming fermented and control wheat bran with different bacterial and fungal compositions had different growth rates. The abundance of genera in fungi that were less abundant in the fermented group samples than in the control samples (including *Wallemia*, *Trichosporon*, *Candida*, *Aspergillus*, and unclassified_f__*Microascaceae*) was positively correlated with heavy metals concentrations in pig feces, and the abundances of these fungi were negatively correlated with caffeic acid, catechinic acid, and gallic acid concentrations. Metagenomic function predictions indicated that larger amounts of secondary metabolites were synthesized in the fermented group than in the control group. The results provide new insights into the roles of bacterial-fungal interactions in the growth and decreasing environmental pollution of pigs consuming fermented wheat bran.

Keywords: Wheat bran fermentation, *Lactobacillus* strain, growing Pigs, Bacteria-fungi interaction, Heavy metals, Metagenomic function

---

Science of the Total Environment, 2022. http://dx.doi.org/10.1016/j.scitotenv.2022.159828. IF:10.753

[17] Zhang Dongyan, E-mail address:zhdy203@126.com

Corresponding author. E-mail address: jhf207@126.com (H.F. Ji)

6597 低蛋白日粮平衡必需氨基酸模式对育肥猪生长性能、肉品质及肠道健康的影响

刘尚航，杨凯，王永超，王晶晶，陈国武，邢艺苑，范志勇*，马晓康*

(湖南农业大学动物科学技术学院，湖南长沙 410128)

摘要：蛋白原料的供应不足，特别是豆粕、鱼粉等优质蛋白饲料资源的短缺，限制了我国生猪养殖行业的发展。本研究从猪自身营养生理特性出发，精准评估其蛋白质营养需求，以低蛋白营养模式为基础，结合合成氨基酸的使用，研究平衡必需氨基酸的低蛋白日粮对育肥猪生长性能、肉品质和肠道健康的影响。试验选用 54 头平均体重为 70.12±4.03 kg 的健康的杜 × 长 × 大三元杂交去势公猪，按体重随机分为三个处理：正常蛋白质水平日粮处理（Normal protein，NP，CP:13.5%）、低蛋白质水平日粮处理（Low protein，LP，CP:10.76%）和极低蛋白质水平日粮处理（Very low protein，VLP，CP:8.02%），每个处理 6 个重复，每个重复 3 头猪。结果表明：（1）LP 日粮组和 VLP 日粮组的平均日增重（Average daily gain，ADG）、平均日采食量（Average daily feed intake，ADFI）和料重比无显差异。（2）与 NP 日粮组相比，LP 日粮组和 VLP 日粮组的猪背最长肌的失水率、剪切力和缬氨酸含量显著降低（$P < 0.05$），肌内脂肪（Intramuscular fat，IMF）含量和赖氨酸含量显著增加（$P < 0.05$）；VLP 日粮组中背最长肌饱和脂肪酸、必需氨基酸含量和总氨基酸含量显著降低（$P < 0.05$），多不饱和脂肪酸含量显著增加（$P < 0.01$）。（3）与 NP 日粮组相比，VLP 日粮组中盲肠食糜中组胺、亚精胺、精胺和酪胺的含量显著降低（$P < 0.05$），结肠食糜中的戊酸含量显著增加（$P < 0.05$）。（4）育肥猪盲肠菌群的 16S rRNA 测序结果表明，与 NP 日粮组相比，LP 日粮组和 VLP 日粮组盲肠内容物中 *Clostridium _sensu_stricto_1* 菌属的相对丰度均显著增加（$P < 0.05$）；VLP 日粮组盲肠内容物中 *Lactobacillus* 菌属和 *Streptococcus* 菌属的相对丰度显著降低（$P < 0.05$）。（5）盲肠菌群与盲肠生物胺的相关性分析表明，酪胺、亚精胺和组胺含量与 *Terrisporobacter* 菌属呈显著负相关（$P < 0.05$）。综上所述，保持日粮净能、赖氨酸、蛋氨酸+半胱氨酸、色氨酸和苏氨酸的含量一致，且其他必需氨基酸含量满足营养需要推荐值，合成氨基酸完全替代豆粕对 70-100 kg 育肥猪的生长性能无显著影响。平衡必需氨基酸的低蛋白日粮可显著增加育肥猪背最长肌 IMF 含量，并改善背最长肌脂肪酸和氨基酸组成，且肉品质的改善与后肠菌群的变化有关。

关键词：低蛋白日粮；育肥猪；肉品质；肠道菌群；生长性能

作者简介：刘尚航，男，博士研究生，研究方向为动物营养与饲料科学，E-mail：372812405@qq.com

*通讯作者：马晓康，男，博士，主要从事猪的营养研究工作，E-mail: maxiaokang@hunau.edu.cn

范志勇，男，教授，主要研究方向:动物营养生理调控和饲料资源的开发与利用，E-mail:fzyong04@163.com

6626 妊娠早期日粮色氨酸水平影响母猪繁殖性能

朱哲坤，曾祥芳*

（中国农业大学农业农村部饲料工业中心动物营养学国家重点实验室，北京 100193）

摘要：母猪早期胚胎死亡率高是一个畜牧业生产中的难题，在哺乳动物中，30-50%的妊娠损失发生在妊娠早期，而平衡和精准的营养供应模式能有效的改善母胎的生理环境，提高胚胎早期的存活率。色氨酸（tryptophan，Trp）作为血清素、褪黑素和犬尿氨酸的前体，同时色氨酸在肠道微生物的分解下可以生产吲哚乙酸等物质，不仅色氨酸在妊娠期是不可或缺的，色氨酸的代谢物在妊娠期的重要性也尤为突出。我们之前的研究表明，高低产母猪血清代谢组差异分析发现，低产母猪色氨酸代谢出现异常，然而，色氨酸是如何影响母猪繁殖性能的尚不清楚，对妊娠早期母猪肠道微生物组成的影响也鲜有报道。本研究旨在探究在发情期和妊娠早期饲喂不同色氨酸含量的日粮能否改善母猪繁殖性能。本研究选用体重和背膘厚相近的大白×长白杂交母猪 128 头。断奶后，母猪按胎龄和胎次随机分为四组。 母猪在 2.2m×0.65m 的妊娠期栏内单独饲喂，对照组饲喂基础饲粮（发情期色氨酸含量为 0.18%，妊娠早期色氨酸含量为 0.1%），试验组分为低、中、高色氨酸添加量组，日粮中色氨酸含量分别为对照组的 1.5、2 和 2.5 倍，妊娠第 28 天之后统一饲喂普通日粮。在妊娠第 0 天、14 和 28 天测定背膘。 妊娠第 0、14、28 天，用无菌棉签采集母猪直肠微生物，立即液氮冷冻。妊娠第 28 天，经过通宵饥饿后，各组随机选择 7~8 头母猪采血在 3000×g 温度下 4℃离心 10min，取血清标本。 仔母猪分娩当天记录产仔数、活仔数、窝重、木乃伊仔猪数、死产仔猪数和初生重。结果表明：1）发情期和妊娠早期日粮中添加高剂量色氨酸，能显著提高窝重（P<0.05），母猪窝产仔数有增加趋势（P=0.06），同时窝产活仔数也有一定增加，窝产仔数提高了 1.81 头（15.38 vs. 13.57），窝产活仔数提高了 1.44 头（13.73 vs. 1 2.29）。2）根据色氨酸靶向代谢组学结果发现，高色氨酸添加量组与对照组相比（图 4C），代谢物中的犬尿氨酸和 5-羟基色醇含量显著增加。3）细胞试验中，与对照组相比，补充一 50μM 色氨酸显著提高了猪子宫内膜上皮细胞中整合素亚基β($\alpha V\beta$)、巨噬细胞集落刺激因子 *CSF*1、同源盒 A10*(HOXA*10)和黏蛋白 1(*MUC*1)的相对 mRNA 表达水平，同时能够提高滋养层细胞和子宫内膜细胞的黏附率。4）直肠微生物组学结果表明，与对照组相比，高色氨酸组肠道微生物的α和β多样性无显著影响(P >0.05)。

关键词：色氨酸；色氨酸代谢；子宫内膜上皮细胞；生殖；母猪

6638 铁营养在生命早期通过肠道健康和免疫代谢调控新生仔猪生长发育

刘瑶，阎辉*，陈代文*

（四川农业大学动物营养研究所，动物抗病营养教育部重点实验室，成都 611130）[19]

摘要：本研究旨在通过给予新生仔猪不同水平铁处理，探讨铁在生命早期对宿主肠道发育的影响及其在宿主氨基酸代谢与免疫中的作用。选用 64 头健康的大白×兰氏×杜洛克新生仔猪（(1.45±0.02)kg），随机分为 4 组：不补铁组（0Fe）、第 3 天肌肉注射 200 mg FeDex 组（200Fe）、800 mg FeDex 组（800Fe）和 1600 mg FeDex 组（1600Fe）。4 头雌性和 4 头雄性仔猪来自同一窝，以排除窝的影响，一共 8 窝，每个处理 16 个重复，每个重复 1 头仔猪，公母各半，试验期为 18 天，试验期间自由采食母乳。分别于试验第 3 天、第 10 天和第 18 天进行称重和仔猪颈静脉采血，并于第 18 天进行样品采集。结果表明：1）0Fe、800Fe 和 1600Fe 处理的新生仔猪生长缓慢（P<0.05）。2）0Fe、800Fe 和 1600Fe 处理的新生仔猪空肠绒毛高度较 200Fe 更短，肠道屏障和抗氧化能力标记基因显著下调（P<0.05）。3）0Fe 处理的新生仔猪血液中红细胞（RBC）计数、血红蛋白（HGB）、红细胞压积（HCT）、平均血球容积（MCV）和平均血球血红蛋白（MCH）显著下降。4）仔猪肝脏、脾脏、十二指肠、空肠、盲肠和结肠中铁的浓度呈剂量依赖性增加（P<0.05）。5）血清中大多数游离氨基酸，如 Phe、Val、Ala、Leu、His、Arg、Met、Trp、Tau、Lys、Try 和 Gly 随铁水平增加而降低（P<0.05）。6）与 0Fe 和 200Fe 仔猪相比，800Fe 和 1600Fe 仔猪的空肠粘膜中游离氨基酸水平都显著增加（P<0.05）。7）加权主坐标分析（PCoA）显示，不同铁水平处理的仔猪空肠粘膜中游离氨基酸水平存在显著差异。8）第 3 天，血液中各类免疫细胞之间没有明显差异；第 10 天，0Fe 仔猪血液中的中性粒细胞数量（Neu#）明显减少；第 18 天，与 200Fe 仔猪相比，0Fe 仔猪血液中的白细胞（WBC）、Neu#、淋巴细胞（Lym#）、嗜酸性粒细胞（Eos#）和嗜碱性粒细胞（Bas#）数量显著减少，而 800Fe 和 1600Fe 仔猪血液中的 Bas#显著增加（P<0.05）。9）0Fe 和 200Fe 血清中的免疫球蛋白 A（IgA）和免疫球蛋白 M（IgM）没有明显变化，但 800Fe 和 1600Fe 血清中的 IgA 和 IgM 有显著下降（P<0.05）。10）与 200Fe 相比，0Fe、800Fe 和 1600Fe 组血清中 TNF-α、IFN-γ、IL-6 和 IL-1β的水平均显著下降（P<0.05）。综上所述，生

[19] 基金项目：国家自然科学基金联合基金（U22A20513）

作者简介：刘瑶（1997—），女，四川遂宁人，博士研究生，从事猪的营养研究。手机：18008256783 E-mail: liuyaohjr@163.com

*通信作者：阎辉，副教授，硕士生导师，E-mail: yan.hui@sicau.edu.cn；陈代文，教授，博士生导师，E-mail: dwchen@sicau.edu.cn

命早期缺铁和铁过载均不利于肠道发育，降低机体抗氧化能力并破坏宿主氨基酸代谢和免疫平衡，最终导致宿主生长缓慢。

关键词：铁；新生仔猪；肠道屏障；氨基酸代谢；免疫平衡

6657 低蛋白下精氨酸比例对母猪泌乳性能及仔猪肠道健康的影响

李帅 1,2，温晓鹿 1，杨雪芬 1，高开国 1，王丽 1，蒋宗勇 1，肖昊 1*

（1.广东省农业科学院动物科学研究所，农业部华南动物营养与饲料重点实验室，畜禽育种国家重点实验室，岭南现代农业科学与技术广东省实验室茂名分中心，广东省畜禽育种与营养研究重点实验室，广州 510640；2.广西大学动物科学技术学院，亚热带农业生物资源保护与利用国家重点实验室，南宁 530004）

摘要：本试验以泌乳母猪（三胎）为研究对象，参照 NRC（2012），以母猪背膘厚、泌乳量、乳质量、仔猪窝增重等为关键评价指标，确定最低 SID N 为标准构建低蛋白模型，借助多组学技术初步探讨限制性氨基酸对母猪血液、乳汁、乳腺组织的调节机制，最终确定泌乳母猪低蛋白日粮精氨酸/赖氨酸的最适比例。然后基于低蛋白日粮，通过跟踪分析母体体况、母源饲料及乳汁营养成分，建立提高仔猪活力的母仔营养传递关联模型，揭示精氨酸等对母猪乳腺发育及仔代肠道健康影响，并联合多组学方法，揭示母仔营养传递影响仔猪活力的作用和机制。选取体况、体重及配种时间相近的胎次一致的泌乳母猪 36 头，随机分成 4 个组，每组 9 头。基于 NRC 标准计算泌乳期 Arg/lys 的需要量设计分组如下：（1）对照组 CP=17%, SID N=2.27, Arg/lys=1.21；（2）CP=13.39%, SID N=1.8, Arg/lys=0.83；（3）CP=13.57%, SID N=1.82, Arg/lys=0.93；（4）CP=13.74%, SID N=1.85, Arg/lys=1.03。带仔数 12 头，试验期 21 d。结果表明：1）饲粮精氨酸比例 1.03 显著促进了母猪乳腺发育，增加泌乳量（P<0.05）；相比对照组，低蛋白各组血清中尿素的含量显著降低（P<0.05）。2）精氨酸比例 0.83 组 T-SOD 含量显著降低 (P<0.05), 精氨酸比例 1.03 组血清中 T-SOD、GSH-Px、CAT 含量均显著升高 (P<0.05); 精氨酸比例 1.03 组 MDA 含量显著降低（P<0.05）；精氨酸比例 1.03 组血清中 SIgA 含量显著升高 (P<0.05)。3）精氨酸比例 1.03 组血清中胰岛素(INS)含量显著升高（P<0.05）。4）精氨酸比例 0.83 组仔猪断奶重、平均日增重显著降低（P<0.05）。5）精氨酸比例 0.93 组 D-乳酸显著升高 (P<0.05);精氨酸比例 1.03 组 DAO 显著降低 (P<0.05)。6）精氨酸比例 1.03 组空肠绒毛高度、绒隐比显著增加 (P<0.05)；精氨酸比例 0.83 组回肠绒毛高度显著降低 (P<0.05);精氨酸比例 1.03 组回肠绒毛高度显著增加 (P<0.05)。由此可见，饲粮添加精氨酸/赖氨酸为 1.03 时，能促进母猪乳腺发育，增加母猪泌乳量，效果优于对照组及其他低蛋白组；添加精氨酸/赖氨酸为 1.03 时能提高母猪的抗氧化能力及免疫功能；精氨酸比例 1.03 组能增强断奶仔猪的肠道屏障功能。

关键词：低蛋白；精氨酸；母猪；仔猪；泌乳性能；肠道健康

6661 饲粮 SID 赖氨酸水平对断奶仔猪生长性能和体成分沉积的影响

吴善森，侯静，田敏，徐晓明，邱月琴，王丽，杨雪芬*，蒋宗勇*

（广东省农业科学院动物科学研究所，畜禽种业全国重点实验室，农业农村部华南动物营养与饲料重点实验室，岭南现代农业科学与技术广东省实验室茂名分中心，广州 510640）

摘要：本试验旨在探索饲粮标准回肠可消化（Standardized ileal digestible, SID）赖氨酸水平对断奶仔猪生长性能、养分消化率和体成分沉积的影响，为确定断奶仔猪 SID 赖氨酸需要量和建立仔猪蛋白质沉积模型提供科学依据。采用单因素随机区组设计，选取平均体重为（7.52±0.04）kg 的 21 日龄断奶杜×长×大仔猪 192 头（公母各半），按体重、性别分为 6 个处理组，每组 8 个重复（公母各半），每重复 4 头猪。试验分为 4 个阶段（每个阶段设 6 个饲粮 SID 赖氨酸水平）：7.5-11 kg（0.94%、1.02%、1.10%、1.18%、1.25%和 1.33%）、11-15 kg（0.92%、1.01%、1.10%、1.19%、1.28%和 1.37%）、15-20 kg（0.82%、0.91%、1.00%、1.09%、1.17%和 1.26%）和 20-25 kg（0.79%、0.89%、1.00%、1.10%、1.21%和 1.31%）。试验在仔猪体重达到 25 kg 时结束。结果表明：1）生长性能和血液指标：提高饲粮 SID 赖氨酸水平，试验全期阉公猪和小母猪的平均日增重和饲料效率均呈线性增加，另外 20~25 kg 阶段及试验全期阉公猪和小母猪的腹泻率均呈线性增加；25 kg 体重时，公猪和母猪的血清总蛋白含量、血清游离赖氨酸浓度，以及母猪的血清白蛋白含量和尿素氮含量均呈线性增加。2）养分表观消化率：提高饲粮 SID 赖氨酸水平，20~25 kg 母猪干物质表观消化率呈线性降低；7.5~11 kg 公猪、11~15 kg 母猪、15~20 kg 公猪和母猪的粗蛋白质表观消化率均呈线性增加；7.5~11 kg、15~20 kg、20~25 kg 公猪和母猪的粗脂肪表观消化率均呈线性增加；20~25 kg 母猪总能的表观消化率呈线性增加。3）体成分沉积：提高饲粮 SID 赖氨酸水平，25 kg 体重时，阉公猪和小母猪的体水分、体蛋白质含量均呈线性增加，体脂肪含量、体脂肪:体蛋白比值、总能实测值、总能计算值和脂肪沉积能量均呈线性降低，阉公猪蛋白质沉积能量呈线性增加；阉公猪和小母猪的体水分和体蛋白沉积速率呈线性增加，体脂肪沉积速率线性降低；提高了阉公猪和小母猪体蛋白赖氨酸、蛋氨酸、亮氨酸、精氨酸和总氮沉积速率。4）SID 赖氨酸沉积效率：提高饲粮 SID 赖氨酸水平，阉公猪和小母猪的 SID 精氨酸和总氮沉

基金项目：国家重点研发计划项目（2021YFD1300402），广州市科技计划项目（202206010193），广东省农业科学院中青年学科带头人培养项目（R2020PY-JX007），财政部和农业农村部国家现代农业产业技术体系

作者简介：吴善森（1997—），男，广西南宁人，硕士研究生，从事猪营养与饲料科学研究。手机：15007148050；E-mail :1005584650@qq.com

*通信作者：杨雪芬，研究员，E-mail: yangxuefen@gdaas.cn; 蒋宗勇，研究员，E-mail: jiangz28@qq.com

积效率线性增加。5）以平均日增重为评价指标时，试验全期阉公猪和小母猪适宜的每日 SID 赖氨酸需要量分别为 8.21 g/d 和 8.19 g/d；以体蛋白质沉积为评价指标时，试验全期阉公猪和小母猪适宜的每日 SID 赖氨酸需要量为 7.82 g/d 和为 7.37 g/d。由此可知，仔猪的最佳 SID 赖氨酸推荐量因不同生产目的而存在较大的差异，饲粮 SID 赖氨酸水平与体成分沉积密切相关。

关键词：断奶仔猪；SID 赖氨酸；生长性能；体成分沉积

6665 不同净能水平饲粮对泌乳母猪乳成分、血浆免疫指标、抗氧化水平和肠道微生物的影响

顾 方 1,2，高开国 1，温晓鹿 1，杨雪芬 1，王 丽 1，肖 昊 1*，蒋宗勇 1

（1. 广东省农业科学院动物科学研究所，畜禽育种国家重点实验室，农业农村部华南动物营养与饲料重点实验室，广东省畜禽育种与营养研究重点实验室，岭南现代农业科学与技术广东省实验室茂名分中心，广州 510640；2. 仲恺农业工程学院动物科技学院，广州 510225）

摘要：本试验旨在研究不同净能水平饲粮对初产泌乳母猪体况、乳成分、血浆免疫指标、抗氧化水平和肠道微生物的影响。本试验选择遗传背景一致，日龄、体况相近的二元母猪 30 头（长白×大白，初产），随机分为 5 组，每组 6 个重复，每个重复 1 头。试验采用玉米-豆粕型饲粮，对试验组饲粮净能值进行处理。分组根据饲粮不同净能水平进行：A:2346kcal/kg; B:2470kcal/kg; C:2594kcal/kg; D:2717kcal/kg; E:2840kcal/kg。仔猪出生后及时进行组内交叉调窝寄养，调整后每头母猪带仔基本一致，试验周期为 21 天。结果表明：1）提高饲粮净能水平对初产泌乳母猪的日采食量无显著影响（$P>0.05$），背膘损失也无显著差异（$P>0.05$）。2）提高饲粮净能水平对仔猪的生长性能无显著影响（$P>0.05$）。3）不同净能水平饲粮对五组母猪血浆 IgA、IgG、IgM 含量无影响（$P>0.05$）。随着饲粮净能水平的提高，母猪常乳中 IgA、IgG 含量显著增加（$P<0.05$）；此外，提高饲粮净能水平至 2840kcal/kg，极显著提高了母猪常乳中 IgA 和 sIgA 的含量（$P<0.01$）。4）提高饲粮净能水平对初产泌乳母猪常乳乳蛋白、乳糖和非脂乳固体含量无明显影响（$P>0.05$）。但将饲粮净能从 2470kcal 提高至 2594kcal 及以上水平极显著提高了母猪常乳乳脂肪的含量（$P<0.01$）。5）提高饲粮净能水平对五组泌乳母猪血浆 GLU、E2 和 PROG 含量无影响（$P>0.05$）。提高饲粮净能水平极显著提高了泌乳母猪血浆胰岛素的含量（$P<0.01$），显著降低了泌乳母猪血浆 BUN 的含量（$P<0.05$）。6）提高饲粮净能水平显著提高了泌乳母猪血浆 T-SOD 活性（$P<0.05$），显著降低了泌乳母猪血浆 MDA 水平（$P<0.05$），对泌乳母猪血浆 T-AOC 水平无明显影响（$P>0.05$）。7）在目水平上，提高饲粮净能水平显著降低了肠道微生物 *Bacteroidales* 的相对丰度。由此可见，提高饲粮净能水平，对初产母猪泌乳期生产性能无显著影响，但提高了母猪常乳 IgG、IgA 和乳脂含量，对仔猪健康具有潜在的改善作用。

关键词：泌乳母猪；净能；乳成分；免疫指标；肠道微生物

6093 集约化猪场怎样提高分娩舍母猪采食量

迂斌*，李慧**

（浙江惠嘉生物科技股份有限公司，浙江 安吉 313300）

引言

始终如一的关注母猪，管理良好的母猪场的特征是各个阶段的母猪都保持完美的体况，分娩舍母猪表现得尤其突出，因为：母猪好， 仔猪才能好！产房母猪的饲喂影响仔猪、母猪的生产成绩，以及断奶后的发情间隔和受胎率，因此我们必须重视产房母猪的饲喂，使母猪在分娩后尽快的达到最大采食量，这样可以使母猪泌乳量及仔猪生长最大化， 并且可以使母猪失重最小化。采食量最大化的好处：增加产仔率;缩短断奶至发情间隔;增加仔猪断奶重;减少妊娠期的营养成本;延长母猪的使用年限;影响母猪采食量的因素有很多，例如温度、湿度、通风、光线、饮水质量、怀孕期采食量、产程过程、母猪所带仔猪数量、母猪的健康状况、饲料的适口性、饲喂制度及饲喂方案。[20]

材料和方法

根据生产情况，从饲养管理提出几点建议：饮水:母猪一天最基本的饮水量(30L),而母猪的采食量和饮水量是呈正相关的,母猪需要饮 5∽8 升水才能吃 1 公斤饲料,饮水不足的话,母猪的采食量是不会达到理想的状态的;而母猪的采食量(采食 1 公斤饲料=分泌 1.8 公斤奶水)直接关系到泌乳量的最大化;泌乳量(4 克奶水=1 克的仔猪增重)的最大化又直接关系到仔猪生长速度的最大化。所以这个问题是十分严重的,请密切关注,并要及时采取措施。下面是相应机理的阐述:饮水量=采食量=泌乳量=仔猪增重量=母猪断奶时体况=断奶 7 天内发情率;饮水量达不到最大化-采食量就不能达到最大化-泌乳量就不会达到最大化-仔猪的生长速度就不能达到最大化-直接导致母猪断奶时体况损失过大(特别是对于初产母猪,由于其正处于性成熟、体没有成熟的时期,在哺乳期间的体况损失过大,必然会导致其断奶后不发情或 7 天内发情率偏低的现象出现。这是我们一直关注的二胎综合症)-断奶后 7 天内发情率偏低-过早淘汰。

结果与讨论

根据母猪体况将母猪分为 5 个级别：1∽5 分，更准确的方法是使用背膘仪测量。上床母猪的膘情在 3∽3.25 分较为合适。防止母猪太胖或者太瘦远较采取补救措施要好得多。肥

---

[20] 作者简介：迂斌，(1982-)黑龙江龙江人,兽医师，惠嘉大动保全国技术服务总监,研究方向为母猪健康管理、疫病监测与检测。E-mail：13936628769@163.com

通讯作者:李慧，(1989-)，河南省潢川人，动物营养硕士毕业，惠嘉大动保技术经理，研究方向为动物肠道健康调控.E-mail：neva1717@163.com

胖母猪产程长，死胎多，当然她们的食欲也相对很差，因为他们在消耗储存的脂肪，泌乳量低 20%左右。控制好妊娠母猪的膘情能够从根本上提高分娩舍母猪饲喂量。根据母猪体况将母猪分为 5 个级别：1∽5 分，更准确的方法是使用背膘仪测量。不同胎次，不同品种的母猪在产前与产后所需要的营养不一样。制定和严格执行合理的母猪饲喂制度，不但可以最大化母猪生产性能，还可以从饲料消耗上降低饲养成本。母猪合理的体况为上床膘情 3∽3.25 分，其他生产及非生产时间要求膘情控制在 3 分。分娩舍母猪产前、产后饲喂对仔猪断奶成活率及断奶重有非常显著的影响。

6207 宁乡与约克夏母猪初乳免疫球蛋白水平及微生物区系组成的比较

吴梓辰 1,2，张龙林 1,2，李俊瑶 1，李宏坤 1,2，谭碧娥 1,2*，王婧 1,2*

（1.湖南农业大学动物科学技术学院动物营养基因组与种质创新中心，湖南长沙 410128；2.岳麓山实验室，湖南长沙 410128）[21]

摘要：本研究旨在比较宁乡母猪和约克夏母猪初乳中乳成分、免疫球蛋白和微生物群落的差异。选择体况良好，3~4 胎次的妊娠母猪 23 头（宁乡猪 14 头，约克夏猪 9 头），在产仔后 24 h 内采集初乳后检测初乳成分、免疫球蛋白水平和 16S rDNA 测序进行分析。结果表明，宁乡母猪初乳体细胞数和 sIgA 含量显著高于约克夏母猪（$P<0.05$），IgM、乳糖和尿素氮（Milk Urea Nitrogen，MUN）含量低于约克夏母猪（$P<0.05$）。此外，宁乡母猪初乳微生物的 Simpson 指数和 Shannon 指数显著升高，初乳微生物主要由放线菌门（*Actinobacteria*）、厚壁菌门（*Firmicutes*）、变形菌门（*Proteobacteria*）和拟杆菌门（*Bacteroidetes*）组成。sIgA 含量与 *Clostridium_sensu_stricto_1* 和 *Streptococcus* 的相对丰度呈正相关，IgM 含量与 *Caulobacter* 相对丰度呈显著负相关，与 *Paenarthrobacter* 相对丰度呈显著正相关。综上所述，宁乡母猪和约克夏母猪初乳的乳成分组成和微生物区系存在明显差异，宁乡母猪初乳中含有更高水平的 sIgA，微生物区系更多样化。

关键词：初乳；乳成分；免疫球蛋白；微生物；猪品种

基金项目：国家重点研发计划(2021YFD1300401、2022YFD1300403、2021YFD1301004、2021YFD1301005)、国家自然科学基金(U20A2054、U22A20510、32072745、32102571、32130099)、湖南省优秀青年基金(2022JJ20027)、中国农业科研系统专项基金(CARS-35)

作者简介：吴梓辰（1997-），女，重庆垫江人，硕士研究生，动物营养与饲料科学专业。E-mail:Zichen123@stu.hunau.edu.cn；手机：18225293388

*通讯作者：王婧（1990-），女，内蒙古赤峰人，博士，教授，主要从事仔猪肠道营养与健康，母仔营养传递方面研究。E-mail：jingwang023@hunau.edu.cn；谭碧娥（1979-），女，湖南宁乡人，教授，主要从事猪肠道发育和营养调控研究。E-mail：bietan@hunau.edu.cn

6208 Maternal Bacteroides Enhances the Gut Development and Barrier Function of offpsring in Early Life

Long-Lin Zhang1,2, Hai-Bo Shen1,2, Zi-Chen Wu1,2, Mu-Qing Duan1,2, Hao Li1,2, Xue-Ling Gu1,2, Jing Wang1,2* & Bi-E Tan1,2*

(1. College of Animal Science and Technology, Hunan Agricultural University, Hunan, 410128, China; 2. Yuelushan Laboratory, Hunan, 410128, China) [22]

ABSTRACT: (Background) The colonization of gut microbes early in life influences host development and gut health. Maternal microbes are the main factors intervening in the establishment of gut bacteria homeostasis in offspring, but the mechanisms and patterns of microbial vertical transmission between mother and offspring remain unclear. **(Objective)** Here, the present study investigated the role of early-life sows-offspring gut microbiota transmission in shaping the gut microbiota structure of piglets using Ningxiang and Yorkshire pig models. **(Methods)** Fresh fecal samples of healthy Yorkshire sows (Zhangjiakou, Hebei) and healthy Ningxiang sows (Ningxiang, Hunan) were collected on day 7 of lactation. And the fresh feces samples of their offspring piglets were also collected on day 7, day 14, day 21 of age. This study investigated the diversity, composition, and transmission patterns of gut microbiota between the two generations and breeds by various analysis method. And the “benefit” of the key transmission patterns bacteria was confirmed in an antibiotic-treated mouse model. **(Results) (1) Distinct Microbial Profiles:** The analysis of microbial abundance between sows and piglets revealed significant differences in gut microbiota communities. Sows exhibited higher richness and alpha diversity regardless of breed, while piglets showed similar alpha diversity. Clear distinctions in community structure were observed between sows and piglets, forming separate clusters based on breed. **(2) Shared Microbial Taxa:** The researchers identified shared gut microbiota members between piglets and their corresponding sows, noting that undifferentiated breed piglets paired with related sows had higher similarity. The shared phyla were primarily composed of p_Firmicutes and p_Bacteroidetes. Specific genera like g_*Clostridium*, g_*Streptococcus*, and

基金项目：国家自然科学基金项目（U20A2054, U22A20510, 32072745, 32102571, 32130099）

作者简介：张龙林（1997—），女，湖南株洲人，博士研究生，动物营养与饲料科学专业。手机：18673349698 E-mail: 834510050@qq.com

*通信作者：王婧，教授，E-mail：jingwang023@hunau.edu.cn；谭碧娥，教授，E-mail：bietan@hunau.edu.cn

g_*Ruminococcaceae_unclassified* were abundantly present across all samples. **(3) Vertical Transmission:** To provide evidence of vertical transmission of maternal microbes to offspring, the study employed Random Forest regression models and co-occurrence networks. The results indicated a strong correlation between gut microbes in sows and piglets, with g_*Bacteroides* being a crucial bacterial group for maternal transmission. g_*Bacteroides* played a significant role in sows-offspring transmission in different breeds. **(4) Functional Differences:** The study explored functional differences in the gut microbiota of the two pig breeds during early life. g_*Bacteroides* emerged as a key microorganism in maternal-offspring transmission and a biomarker for breed differentiation. The functional potential of the gut microbiota varied between the breeds, potentially linked to their physiological and metabolic characteristics. **(5) Association with Intestinal Health:** This study examined the association between key biomarker taxa and intestinal functional development. They found higher concentrations of sIgA, acetate, propionate, and total SCFAs in Ningxiang piglets' feces. g_*Bacteroides* showed a positive correlation with sIgA and propionate, suggesting it's roles in intestinal immunity and barrier function. **(6) Persistence of Transmission:** The study investigated whether shared bacteria, particularly g_*Bacteroides*, persistently colonized the intestine of offspring. Results indicated that g_*Bacteroides* colonization persisted throughout the lactation period, with differences in species diversity among piglets of different breeds. **(7) Effect on Intestinal Development:** *Bacteroides thetaiotaomicron*, a specific species within g_*Bacteroides*, was identified as a taxonomic biomarker with a high LDA score and prevalence in Ningxiang piglets before 21d. Administering *Bacteroides thetaiotaomicron* to antibiotic-treated mice resulted in improved intestinal barrier function, increased villus length and crypt depth, and enhanced expression of markers associated with intestinal development and barrier functions. **(Conclusion)** Overall, this research highlights the distinct gut microbial profiles between sows and offspring in different pig breeds, emphasizes the role of *Bacteroides* in maternal-offspring transmission, and explores the potential impacts of these microbes on intestinal health and development of offspring. The findings contribute to a better understanding of the interactions between gut microbiota, host physiology, and breed-specific characteristics.

Keywords: Gut microbiota, Vertical transmission, Sow, Offspring, Intestinal development.

6209 Ningxiang pig-derived Enterococcus hirae HNAU0516 promotes intestinal health and improves gut microbiota in piglets

Longlin Zhang 1,2, Zichen Wu 1,2, Junyao Li 1,2, Hongkun Li 1,2, Pengyi Tian 1,2, Haibo Shen 1,2, Luya Feng 1,2, Yuankun Deng 1,2, Xueling Gu 1,2, Zhimou Liu 3, Bie Tan 1,2*, Jing Wang 1,2*

(1. College of Animal Science and Technology, Hunan Agricultural University, Key Laboratory for Quality Regulation of Livestock and Poultry Products of Hunan Province, Changsha 410128, China; 2. Yuelushan Laboratory, Changsha 410128, China; 3. Hunan Nuoze Biological Technology Co., Ltd., Yiyang 413001, China)[23]

ABSTRACT: (Background) Weaning stress often leads to issues such as intestinal barrier dysfunction, diarrhea, and impaired growth. The use of antibiotics to mitigate these effects is facing limitations due to antibiotic-resistant pathogens and food safety concerns. As a result, there is growing interest in exploring probiotics as a safe and effective alternative. *Enterococcus hirae*, a promising probiotic, has shown uncertain effects and mechanisms on intestinal health. In this study, Enterococcus hirae HNAU0516 was isolated from Ningxiang pigs, known for their high-stress resistance. This strain displayed excellent acid and bile salt resistance, along with probiotic properties. **(Objective)** In this study, we investigated the effects and underlying mechanisms of Ningxiang pig-derived *Enterococcus hirae* HNAU0516 supplementation on the growth and intestinal functions of weaned piglets. **(Methods)** Fourteen healthy Duroc × Landrace × Yorkshire (DLY) piglets, aged 21 days, were randomly divided into two groups with similar body weights (BWs): the control group (Con, n=7), and Enterococcus hirae HNAU0516 administration group (Eh, n=7). After 3 days of stabilization, piglets in the Eh group were orally administered 10^9 CFU/mL Enterococcus hirae HNAU0516 per day, and 10 mL of solution was given by using a 20 mL syringe without the needle. The piglets in the Con group were orally administered with the same volume of physiological saline. The oral administration lasted 17 days from the age of 25 to 42 days piglets. Early in the morning of d 18, piglets were sacrificed by exsanguination after electrical stunning, and serum, intestine, and fecal samples were collected for

基金项目：国家自然科学基金项目（U20A2054, U22A20510, 32072745, 32102571, 32130099）

作者简介：张龙林（1997—），女，湖南株洲人，博士研究生，动物营养与饲料科学专业。手机：18673349698 E-mail: 834510050@qq.com

*通信作者：王婧，教授，E-mail：jingwang023@hunau.edu.cn；谭碧娥，教授，E-mail：bietan@hunau.edu.cn

further analysis. **(Results)**The results showed that the Eh group had a significant difference in body weight compared to the Con group, and the average daily weight gain of the Eh group showed an increasing trend. The diarrhea rate showed a decreasing trend in the Eh group. In the jejunum, the Eh group exhibited higher villi height and lower crypt depth compared to the Con group. Gene expression analysis in the jejunum revealed significantly higher levels of insulin-like growth factor 1 (IGF-1), proliferating cell nuclear antigen (PCNA), and chromogranin A (ChgA) in the Eh group compared to the Con group. The levels of secretory immunoglobulin A (sIgA), diamine oxidase (DAO), and D-lactate (D-LA) in serum were analyzed to assess the impact of *Enterococcus hirae* HNAU0516 on the intestinal barrier function of piglets. Additionally, AB-PAS staining and MUC2-immunofluorescence staining demonstrated that *Enterococcus hirae* HNAU0516 administration significantly enhanced mucus secretion and the differentiation of mucus-producing goblet cells in the colon. The Eh group exhibited a significantly lower relative abundance of p_Firmicutes and a higher relative abundance of p_Bacteroidetes compared to the Con group. Moreover, the ratio of p_Firmicutes / p_Bacteroidetes (F/B) was significantly higher in the Eh group. The results showed a significantly higher content of acetate in the colonic chyme of the Eh group. Correlation analysis revealed a positive correlation between increased acetate content and the abundance of g_*Rikenellaceae_RC9_gut_group* and g_*Prevotellaceae_NK3B31_group*. Furthermore, butyrate content showed a negative correlation with the abundance of g_*Lachnospiraceae_NC2004_group*, while valerate content showed a positive correlation with the abundance of g_*Catenibacterium*. **(Conclusion)** In conclusion, our study highlights the beneficial effects of Ningxiang pig-derived *Enterococcus hirae* HNAU0516 supplementation on weaned piglets. *Enterococcus hirae* HNAU0516 improves piglet growth performance, likely by promoting intestinal development, enhancing the intestinal barrier function, reducing intestinal permeability, alleviating inflammation, modulating the gut microbiota, and increasing SCFA production. These findings provide valuable insights into the potential use of *Enterococcus hirae* HNAU0516 as a probiotic in piglet nutrition and health management.

Keywords: *Enterococcus hirae*, weaned piglets, intestinal health, gut microbiota.

6212 不同品种仔猪抵抗早期断奶应激诱导肠道干细胞损伤的比较研究

咎庚秀 1，秦颖超 1，周加义 1，王晓帆 1，高春起 1，严会超 1，孔祥峰 2，王修启 1*

（1. 华南农业大学动物科学学院，广州 510642；2. 中国科学院亚热带农业生态研究所，长沙 410125）

摘要：地方品种仔猪肠道对早期断奶应激表现出更强的耐受能力，肠道干细胞驱动肠上皮更新，是肠道组织抵御应激刺激的动力之源，Nrf2 信号是对抗氧化应激的关键信号。然而，地方品种仔猪是否通过维持肠道干细胞内 Nrf2 信号的稳定传导来抵抗早期断奶应激损伤尚不清楚。本研究分别在 21 日龄（断奶当天）和 24 日龄（断奶后 3d）各收集 10 头桃源黑猪和杜洛克仔猪的小肠组织，评价其结构和功能完整性，并通过猪肠道类器官（IOs）培养，比较其肠道干细胞活性，最后收集空肠组织和肠道类器官样品，检测 Keap1/Nrf2 信号变化。结果显示，在断奶当天桃源黑猪和杜洛克仔猪的肠道组织结构和肠道干细胞活性没有显著差异。然而，断奶后 3d，差异指标如下所示：1）与桃源黑猪相比，杜洛克仔猪的空肠结构显著被破坏（P<0.05）；2）与桃源黑猪相比，杜洛克仔猪空肠屏障功能显著被抑制（P<0.05）；3）与桃源黑猪相比，杜洛克仔猪空肠上皮中肠道干细胞标志物 SOX9、增殖细胞标志物 PCNA、终分化细胞标志物 KRT20、吸收细胞标志物 Villin、杯状细胞标志物 MUC2 和潘氏细胞标志物 Lysozyme 的表达量显著被抑制，而凋亡标志蛋白质 Cleaved Caspase3 的表达量显著增加（P＜0.05）；5）与桃源黑猪相比，杜洛克仔猪空肠组织中超氧化物歧化酶、丙二醛水平显著上调，谷胱甘肽过氧化物酶含量则显著降低（P＜0.05）；6）与桃源黑猪相比，杜洛克仔猪空肠组织中 Nrf2 信号的活性显著下调（P＜0.05）；7）通过培养猪 IOs 发现，与桃源黑猪相比，杜洛克仔猪 IOs 表现出明显的生长劣势；8）与桃源黑猪相比，杜洛克仔猪 IOs 中调控抗氧化酶表达的转录因子 p-Nrf2 表达量显著降低，而 p-Nrf2 的负调控因子 Keap1 表达量显著增加（P＜0.05）；9）使用 Nrf2 激活剂特异性增加杜洛克仔猪 IOs 中 p-Nrf2 的表达，可以显著恢复其生长优势（P＜0.05）。以上结果说明，早期断奶应激通过抑制杜洛克仔猪肠道干细胞中 Nrf2 的表达，诱导肠道干细胞发生氧化损伤，相比之下，桃源黑猪肠道干细胞内 Nrf2 信号稳定激活，对早期断奶氧化应激具有更强的抵抗能力。

关键词：仔猪；早期断奶；Nrf2 信号；肠道干细胞；氧化应激

基金项目：国家自然科学基金资助（U20A200323；32072777）

作者简介：咎庚秀（1998—），男，河南南阳人，硕士研究生，从事肠道干细胞命运决定机制及营养调控研究。手机：15238199605
E-mail: 1223675250@qq.com

*通信作者：王修启，研究员，博士生导师，E-mail: xqwang@scau.edu.cn

6215 呕吐毒素通过下调 Frizzled7/β-catenin 信号轴抑制肠道干细胞扩增

闫少康，周加义，王晓帆，高春起，严会超，王修启*

（华南农业大学动物科学学院/广东省动物营养调控重点实验室/猪禽种业全国重点实验室/国家生猪种业工程技术研究中心，广州 510642）

摘要：脱氧雪腐镰刀菌烯醇（DON）又称呕吐毒素，是食品和饲料中最常见的真菌毒素。干细胞是维持肠上皮更新的动力之源，作为机体与外界进行物质和信息交换的场所，是 DON 攻击的首要靶标。然而，DON 暴露下肠道干细胞（ISC）的应答机制尚不清楚。试验以 7 日龄仔猪为模型，连续 7 天（d）灌胃 0.3 mg/kg BW DON，采用 H&E 染色和扫描电镜观察空肠隐窝绒毛轴变化；利用免疫组织化学染色分析空肠增殖和分化细胞比例；分离空肠隐窝进行体外培养，评价类器官生长优势；运用蛋白质组学挖掘 ISC 应答 DON 刺激的关键信号通路；借助 Biacore 检测 DON 与关键受体的结合情况；接着，克隆表达重组猪 R-spondin1，在 C57BL/6 小鼠和小鼠肠道类器官模型上验证其对 DON 暴露下 ISC 修复作用。结果显示：1）与对照组相比，DON 攻毒显著降低仔猪生长性能（P<0.05）；2）DON 组仔猪空肠结构和功能显著被破坏（P＜0.05）；3）与对照组相比，DON 组 ISC 增殖分化能力显著降低（P＜0.05），4）与对照组相比，DON 组 ISC 体外扩增效率下降（P＜0.05）；5）KEGG 分析隐窝中调控干细胞多能性的信号网络，Wnt/β-catenin 的关键效应因子β-catenin 在 DON 攻毒后显著下调（P＜0.05），Western blotting 和免疫组化确认 DON 抑制 Frizzled7/β-catenin 信号；6）分子对接分析预测 DON 与 Wnt 膜受体 Frizzled7 存在 4 个结合位点，Biacore 进一步确认二者存在较强结合；7）连续 10 d 灌服 5 mg/kg BW rpRSPO1 显著改善 DON（0.3 mg/kg BW）暴露下小鼠生长性能、小鼠空肠上皮结构和屏障功能完整性（P＜0.05）；8）与 DON 相比，DON+ rpRSPO1 组 ISC 增殖分化能力显著增加（P＜0.05）；9）与 DON 相比，DON+ rpRSPO1 组激活 Wnt/β-catenin 信号通路（P＜0.05）；10）与 DON 相比，DON+ rpRSPO1 组促进小鼠空肠隐窝细胞体外扩增（P＜0.05）。上述结果表明，DON 通过结合 Frizzled7 抑制β-catenin 信号通路，阻碍 ISC 驱动的肠上皮有序更新，而 rpRSPO1 能通过重新激活 Wnt/β-catenin 信号，逆转 DON 诱导的空肠上皮损伤。

关键词：呕吐毒素；肠道干细胞；Frizzled7/β-catenin 信号轴；重组猪 RSPO1

基金项目：国家自然科学基金项目（31872389；32072777）；

作者简介：闫少康（1998—），男，河南濮阳人，硕士，从事肠道干细胞命运决定机制及营养调控研究，E-mail: 1755469415@qq.com

*通信作者：王修启，研究员，博士生导师，E-mail: xqwang@scau.edu.cn

6216 EGFR/TSC2/mTORC1 轴介导呕吐毒素抑制猪肠道干细胞扩增的机制研究

窦彩霞，周加义，王晓帆，高春起，严会超，王修启*

（华南农业大学动物科学学院，广州 510642）

摘要：呕吐毒素（DON）是污染粮谷类食品和饲料最常见的霉菌毒素之一，猪是对 DON 最敏感的动物，肠道是其作用的主要靶点。本研究解析了 DON 损伤猪肠道干细胞的机制，旨在为养猪生产中减轻 DON 损害提供干预靶点。选取 7 日龄二元杂（长白公×大约克母）哺乳仔猪，急性攻毒组单次灌服 3.0 mg/kg BW 的 DON，6 h 后处死仔猪；慢性攻毒组连续 7 d 灌服 0.3 mg/kg BW 的 DON，第 8 d 处死仔猪。采集样品，评价猪肠道结构和功能完整性，并分离猪空肠隐窝进行三维培养，收集空肠组织和肠道类器官样品，检测 EGFR/TSC2/mTORC1 信号变化。结果显示：1）与对照组相比，急慢性 DON 造成仔猪空肠干细胞细胞质流失，甚至干细胞排列紊乱；2）与对照组相比，急慢性 DON 降低猪肠道干细胞标志 Olfm4，增殖细胞标志 Ki67，吸收细胞标志 Villin 和肠内分泌细胞标志 ChgA 的表达量（P<0.05）。3）与对照组相比，急慢性 DON 处理后，上调仔猪空肠和隐窝 TSC2 蛋白质表达，下调 p-mTORC1、mTORC1 及其下游 p-S6K1、S6K1、p-S6 和 S6 蛋白质表达，并抑制 EGFR-MEK-ERK 信号相关蛋白质表达。4)与对照组相比，2 μmol/L MHY1485（mTORC1 激动剂）组类器官增殖能力显著提高（P<0.05），与 DON 处理组相比，MHY1485 组能缓解 DON 造成的增殖能力下降，mTORC1 及其下游蛋白质表达量均显著降低（P<0.05）；500 ng/mL DON 急性处理猪空肠类器官 2 h 后，DON 组类器官芽状结构明显萎缩，MHY1485 + DON 组类器官无显著变化；100 ng/mL DON 慢性处理猪空肠类器官 96 h 后，类器官的出芽效率、表面积和分枝系数与 DON 浓度成反比，与 MHY1485 处理浓度成正相关，加入 MHY1485 具有缓解作用。5）与对照组相比，EGFR 过表达组（EGFR OE）猪空肠类器官 EGFR-MEK-ERK 及 mTORC1 信号通路相关蛋白质表达上升（P<0.05），DON 组上述蛋白质表达下降（P<0.05），EGFR OE + DON 组上述蛋白质表达无显著变化（P >0.05）；与 EGFR OE 组相比，EGFR OE + DON 组上述蛋白质表达降低（P<0.05）。上述结果表明，DON 通过 EGFR/TSC2/mTORC1 信号通路抑制 ISC 的增殖分化，进而肠道损伤。

关键词：呕吐毒素；肠道干细胞；EGFR/TSC2/mTORC1 信号

基金项目：国家自然科学基金面上项目-TSC2/mTORC1 轴介导呕吐毒素损伤仔猪小肠干细胞扩增的机制及营养调控（3207200334）

作者简介：窦彩霞（1995—），女，山西大同人，博士研究生，从事肠道干细胞命运决定机制及营养调控研究。手机：19303034566
E-mail: caixiadoudd@163.com

*通信作者：王修启，研究员，博士生导师，E-mail: xqwang@scau.edu.cn

6220 Lactiplantibacillus plantarum L47 and inulin alleviate enterotoxigenic Escherichia coli induced ileal inflammation in piglets by upregulating the levels of α-linolenic acid and 12,13-epoxyoctadecenoic acid

Leihong Cui, Hui Zeng, Meixin Hou, Zhongxin Li, Chunlong Mu, Weiyun Zhu, Suqin Hang*

(National Center for International Research on Animal Gut Nutrition, Jiangsu Key Laboratory of Gastrointestinal Nutrition and Animal Health, Laboratory of , Gastrointestinal Microbiology, Nanjing Agricultural University, Nanjing 210095, China.)

Abstract: Alternatives to antibiotics for preventing bacteria-induced inflammation in early-weaned farm animals are sorely needed. Our previous study showed that *Lactiplantibacillus plantarum* L47 and inulin could alleviate dextran sulfate (DSS)-induced colitis in mice. To explore the protective effects of *L. plantarum* L47 and inulin on the ileal inflammatory response in weaned piglets challenged with enterotoxigenic *Escherichia coli* (ETEC), 28 weaned piglets were assigned into four groups, namely, CON group—orally given 10 mL/d phosphate buffer saline (PBS), LI47 group—orally given a mixture of 10 mL/d *L. plantarum* L47 and inulin, ECON group—orally given 10 mL/d PBS and challenged by ETEC, and ELI47 group—orally given 10 mL/d *L. plantarum* L47 and inulin mixture and challenged by ETEC. The results demonstrated that the combination of *L. plantarum* L47 and inulin reduced inflammatory responses and relieved the inflammatory damage caused by ETEC, including ileal morphological damage, reduced protein expression of ileal tight junction, decreased antioxidant capacity, and decreased anti-inflammatory factors. Transcriptome analysis revealed that *L. plantarum* L47 and inulin up-regulated the gene expression of phospholipase A2 group IIA (PLA2G2A) ($P < 0.05$) as well as affected alpha-linolenic acid (ALA) metabolism and linoleic acid metabolism. Moreover, *L. plantarum* L47 and inulin increased the levels of ALA ($P < 0.05$), lipoteichoic acid (LTA) ($P < 0.05$), and 12,13-Epoxyoctadecenoic acid (12,13-EpOME) ($P < 0.05$) and the protein expression of Toll-like receptor 2 (TLR2) ($P = 0.05$) in the ileal mucosa. In conclusion, *L. plantarum* L47 and inulin together alleviated ETEC-induced ileal inflammation in piglets by up-regulating the levels of ALA and 12,13-EpOME via the LTA/TLR2/PLA2G2A pathway.

Keywords: *Lactiplantibacillus plantarum* L47; Inulin; *Enterotoxigenic Escherichia coli*; Ileal inflammation; Piglet; Phospholipase A2 group IIA

6225乳酸锌通过调节断奶仔猪CAR信号通路与肠道菌群之间的串扰来缓解氧化应激

项轩 1,4，汤文杰 2,5,6，王后福 1，周文涛 1,3，李铁军 1,4,*，印遇龙 1,2,3,4,*，何流琴 1,3,*

（1. 中国科学院亚热带农业生态研究所，长沙 410125；2. 湖南农业大学动物科学技术学院，湖南 410128；3. 湖南师范大学生命科学学院，长沙 4100814；4. 中国科学院大学现代农业科学学院，北京 100049；5. 四川省畜牧科学研究院，成都 610066；6. 四川省畜科集团有限公司，成都 610000）

摘要：本研究旨在探讨饲粮中补充乳酸锌（Zinc lactate, ZL）对百草枯（Paraquat, PQ）诱导仔猪肠道氧化应激损伤的调控机制。选取 28 日龄断奶仔猪（9.51±0.23 kg）28 只，随机分为 2 组，对照（CON）和 ZL 组（n=14/组）常规饲养 4 周，随后每组再分为 PQ 和 ZL+PQ 组（n=7/组）。在第 28、30 和 32 天对 PQ 和 ZL+PQ 组仔猪腹腔注射 8 mg/kg 体重的 PQ，CON 和 ZL 组注射等量生理盐水。CON 和 PQ 组饲喂含 80 mg/kg 的 $ZnSO_4$ 的饲粮，ZL 和 ZL+PQ 组饲喂含 80 mg/kg 的 ZL 的饲粮。结果表明：1）在正常生理条件下，ZL 添加对生长性能影响不大；但在氧化应激条件下，ZL 显著提高了平均日增重（P<0.05），减少腹泻率。2）ZL 显著提高正常仔猪空肠绒毛高度（P<0.05），并显著提高氧化应激仔猪回肠绒毛高度（P<0.05）。3）ZL 显著提高氧化应激仔猪空肠紧密连接蛋白 ZO-1 的表达（P<0.05），改善肠道超微结构，降低通透性。4）ZL 显著上调氧化应激仔猪空肠 *Zip4*、*ZnT-1*、*CRIP1* 和 *CRIP2* 的 mRNA 表达水平（P<0.05），增加肠道对锌的转运和吸收。5）ZL 显著增加氧化应激仔猪血清 SOD、空肠 GSH、血清和空肠 GSH/GSSG 水平（P<0.05），显著降低血清 MDA 和 GSSG 水平（P<0.05）。6）ZL 显著上调氧化应激仔猪抗炎因子基因（IL-10）的 mRNA 表达，显著降低炎症因子（IFN-γ和 IL-1β）的表达和分泌（P<0.05）。4）ZL 处理显著下调组成型雄甾烷受体（Constitutive androstane receptors, CAR）和视黄醇 X 受体α（Retinol X receptor α, RXRα）核蛋白的表达（P<0.05），抑制 CAR 信号通路。7）此外，ZL 显著增加肠道有益菌群的丰度，包括 *UCG_002*、*Ruminococcus*、*Rikenellaceae_RC9_gut_group*、*Christensenellaceae_R_7_group*、*Treponema*、*unclassified_Christensenellaceae* 和 *unclassified_Erysipelotrichaceae*（P<0.05），改善肠道微生物区系的稳态。由此可见，饲粮添

基金项目：国家自然科学基金项目（32172755,32130099）；湖湘青年英才计划（2020RC3052）；湖南省重点研发计划（2022NK2023）；广西重点研发计划项目（2022JJA130333）

作者简介：项轩（1998—），男，河南信阳人，硕士研究生，动物营养与饲料科学专业。手机：15580094925 E-mail: dwyyxx2020@163.com

*通信作者：李铁军，研究员，E-mail: tjli@isa.ac.cn；印遇龙，研究员，Email: yinyulong@isa.ac.cn；何流琴，教授，E-mail: heliuqin@hunnu.edu.cn.

加 ZL 可以通过提高仔猪抗氧化和抗炎能力，以及调节 CAR 信号和肠道微生物之间的交互作用，来改善肠道屏障功能，抑制肠道氧化应激。

关键词：乳酸锌，肠道屏障，氧化应激，炎症，CAR，肠道微生物群

文稿联系人姓名：周辉 手机号：18508485192， 邮箱：2415646426@qq.com

6228 丝氨酸对宫内发育迟缓仔猪生长性能、肠道形态结构和免疫相关指标的影响

周辉 1,2，关鹏 1，李铁军 2，印遇龙 2，何流琴 1, 2*

（1. 湖南师范大学生命科学学院，动物肠道功能与调控湖南省重点实验室，长沙 410081；2. 中国科学院亚热带农业生态研究所，畜禽养殖污染控制与资源化技术国家工程实验室，动物营养生理与代谢过程湖南省重点实验室，长沙 410125）

摘要：宫内发育迟缓（IUGR）可影响新生哺乳仔猪正常的生长发育，且其免疫系统发育极不完善，死亡率高，严重制约我国生猪养殖业健康可持续发展。丝氨酸（Ser）是机体必不可少的功能性氨基酸，对维持免疫系统的正常功能至关重要，但目前 Ser 是否可以改善 IUGR 仔猪生长性能和免疫功能尚未可知。本研究探讨外源添加 Ser 对 IUGR 哺乳仔猪生长性能、肠道形态结构和免疫相关指标的改善作用，以期为 IUGR 仔猪的防治提供新的思路。选取 16 头新生来自不同二元母猪的平均体重为 1.27±0.01 kg 健康正常哺乳猪作为对照组（CON），选取 16 头新生来自不同二元母猪的平均体重为 0.98±0.01 kg IUGR 仔猪作为处理组，选取其中 8 头 IUGR 仔猪隔天灌服 0.8% 3mL 丝氨酸，而同样选取 8 头对照组仔猪则灌服同等体积的生理盐水，试验期为 28 天，其他剩余新生仔猪当天屠宰取样。结果表明：1）新生仔猪发生 IUGR 后体重会显著降低（$P<0.001$），但灌服 Ser 后体重明显追赶上正常猪，在 28 日龄断奶时达到无显著状态（$P>0.05$）；2）新生第 1 天时，IUGR 仔猪肠道绒毛短小松散且表面不规则呈絮状，有明显炎症，灌服 Ser 后至第 28 天断奶后，IUGR 仔猪肠道绒毛排列紧密且表面光滑，炎症反应消失，与对照无显著差异；3）第 1 天时，IUGR 仔猪血清中白蛋白和免疫球蛋白含量较对照组明显降低（$P<0.05$），灌服 Ser 后至第 28 天断奶后，IUGR 仔猪血清中白蛋白含量与对照组无差异（$P>0.05$），但 Ser 不能使 IUGR 仔猪血清中 IgG 和 IgM 含量到达正常哺乳仔猪水平；4）灌服 Ser 后至第 28 天断奶后，Ser 可增加了血清中 $CD4^+$T 细胞数量和降低了 $CD8^+$T 细胞数量，从而显著增加了 $CD4^+$与 $CD8^+$的比例；5）第 1 天时，IUGR 仔猪空肠中 IL-10 蛋白表达显著低于 CON 组（$P<0.01$），灌服 Ser 后至第 28 天断奶后，IUGR 仔猪空肠中 IL-10 蛋白表达显著高于 CON 组（$P<0.05$）。由此可知，外源添加 Ser 可促进 IUGR 新生仔猪的生长发育，改善了肠道形态结构，改善了肠道免疫系统发育，使 IUGR 仔猪体重可达正常哺乳仔猪水平。

关键词：丝氨酸，宫内发育迟缓，肠道，T 细胞，IL-10

6229 羟基酪醇对氧化应激仔猪生长性能、抗氧化能力和肠道微生物及其代谢产物的影响

文晓宾[1]，钟儒清，陈亮，张宏福

（畜禽营养与饲养全国重点实验室, 中国农业科学院北京畜牧兽医研究所，北京 100193）

摘要：氧化应激会使得生猪处于亚健康状态，生产性能下降，死亡率和发病率增高，动物福利受到损害，给养猪业带来巨大经济损失。羟基酪醇（Hydroxytyrosol，HT）是一种天然多酚类植物提取物，分布在橄榄的叶和果实中，具有抗菌抗氧化等生物学活性，是一种潜在的天然绿色添加剂。但目前关于日粮添加 HT 在断奶仔猪上应用的研究较少。因此，本研究采用敌草快（Diquat，DQ）诱导仔猪氧化应激，考察 HT 对氧化应激仔猪生长性能和肠道微生物及代谢产物的影响。试验选用 24 头 DLY 断奶仔猪，按体重一致原则随机分为 4 个处理：对照组（生理盐水）、DQ 处理组（DQ 腹腔注射）、HT 组（500 mg/kg HT）和 HT+DQ 组（500 mg/kg HT+DQ 腹腔注射）。试验期为 28 d，试验第 21 d 所有仔猪分别腹腔注射 DQ (8 mg/kg 体重)或等体积的生理盐水，试验第 28 d，所有仔猪进行屠宰采样。结果显示：（1）试验第 1~21 d，日粮添加 HT 组显著增加第 21 d 仔猪体重（12.51%）和平均日增重（20.70%）。试验第 21~28 d，氧化应激降低了仔猪 28 d 体重（2.32%）和平均日增重（7.41%），日粮添加 HT 对仔猪生长性能具有改善作用，但统计上未见显著性差异。（2）氧化应激显著降低仔猪血清抗氧化酶（SOD、GSH-Px 和 CAT）活性和总抗氧化能力，增加仔猪血清 MDA 和 H_2O_2 含量，而日粮添加 HT 可显著增加血清抗氧化酶活性和总抗氧化能力，降低血清 MDA 和 H_2O_2 含量。（3）各组仔猪回肠微生物多样性没有显著差异。氧化应激显著增加 *Clostridium_sensu_stricto_1* 相对丰度，降低 *Lactobacillus* 和 *Streptococcus* 相对丰度，而日粮添加 HT 可一定程度恢复菌群结构。（4）各组仔猪回肠食糜短链脂肪酸含量没有显著差异。氧化应激降低了回肠中总胆汁酸、初级胆汁酸和牛磺型胆汁酸含量，并且导致 14 种胆汁酸不同程度下降，如猪胆酸、猪去氧胆酸、鹅去氧胆酸、牛磺鹅去氧胆酸和牛磺熊去氧胆酸，而日粮添加 HT 可以增加上述胆汁酸含量。综上所述，日粮中添加 HT 可以改善氧化应激导致的仔猪生长性能和抗氧化能力下降，以及肠道微生物及其代谢产物失调。同时该研究为进一步开发植物提取物干预仔猪健康养殖提供了理论依据。

关键字：羟基酪醇；仔猪；氧化应激；肠道微生物；胆汁酸

[1]作者简介：文晓宾，博士研究生，研究方向为猪营养与饲料科学，E-mail：13693686549@163.com

6230 不同添加水平酶解玉米蛋白粉对断奶仔猪生长性能、血液生理生化指标及血清抗氧化和免疫指标的影响

白国松，马腾，钟儒清，陈 亮，张宏福*

（中国农业科学院北京畜牧兽医研究所动物营养学国家重点实验室，北京 100193）

摘要：本试验旨在研究饲粮中添加不同水平酶解玉米蛋白粉对断奶仔猪生长性能、血液生理生化指标及血清抗氧化和免疫指标的影响。试验选取 240 头 21 日龄体重[(5.71±0.79)kg]相近的健康杜×长×大断奶仔猪，随机分为 5 组，每组 4 个重复，每个重复 12 头猪。对照组（CGM 组）饲喂含有 5%玉米蛋白粉的饲粮，鱼粉组（FM 组）饲喂含有 5%鱼粉的饲粮，酶解玉米蛋白粉组（MCGM1 组、MCGM2 组、MCGM3 组）设置 3 个添加水平，分别为 5%、10%、15%。饲养期 14 d。结果表明：1）FM 组和 MCGM1 组的料重比显著低于 CGM 组（P<0.05），FM 组和 MCGM1 组的平均日增重和平均日采食量均高于 CGM 组，但差异不显著（P>0.05）;MCGM2 组和 MCGM3 组的平均日采食量低于 CGM 组，平均日增重高于 CGM 组，但均未达显著差异水平（P>0.05）。2）MCGM1 组的红细胞数量和血红蛋白含量显著低于 CGM 组（P<0.05），其他组别与 CGM 组间无显著差异（P>0.05）；MCGM1 的平均血小板体积显著高于 CGM 组（P<0.05），其他组别与 CGM 组无显著差异（P>0.05）。3）FM、MCGM1、MCGM2 和 MCGM3 组的血清尿素含量均显著低于 CGM 组（P<0.05）。4）FM 组、MCGM1 组、MCGM2 组和 MCGM3 组的免疫球蛋白 M 的水平均显著高于 CGM 组（P<0.05），FM 组、MCGM2 组和 MCGM3 组免疫球蛋白 A 的水平均显著高于 CGM 组（P<0.05），MCGM1 组也高于 CGM 组，但未达显著差异水平（P>0.05）。5）CGM 组的丙二醛水平最高，并显著高于除 MCGM1 之外的其他 3 个组别（P<0.05）；CGM 组超氧化物歧化酶的水平最低，并显著低于除 MCGM1 组之外的其他 3 个组别（P<0.05）。综上所述，与 CGM 组相比，MCGM1 组显著提高了平均血小板体积，显著提高了日增重和日采食量，显著降低料重比，显著提高免疫球蛋白 M 的水平，一定程度提高免疫球蛋白 A、超氧化物歧化酶的水平和降低丙二醛的水平，均达到了和 FM 组相当的效果，说明酶解玉米蛋白粉和鱼粉均有改善断奶仔猪的生长性能、抗病力和免疫力的效果，酶解玉米蛋白粉在断奶仔猪饲粮中的适宜添加水平为 5%。

关键词：酶解玉米蛋白粉；断奶仔猪；生长性能；血液生理生化指标；抗氧化指标；免疫

文稿联系人姓名：姚婷，手机号：17621692464

基金项目：中国农业科学院科技创新工程（ASTIP-IAS07）

第一作者：白国松，山东德州人，硕士研究生，主要从事动物营养与饲料研究，E-mail：bgsyx2@163.com

*通讯作者：张宏福，研究员，E-mail: zhanghongfu@caas.cn

6238 日粮添加噬菌体对断奶仔猪生长性能、腹泻和肠道屏障功能的影响

姚婷 1，周文涛 1,2，何流琴 1, 2，李铁军 1*

（1. 中国科学院亚热带农业生态研究所，畜禽养殖污染控制与资源化技术国家工程实验室，动物营养生理与代谢过程湖南省重点实验室，长沙 410125；2. 湖南师范大学生命科学学院，动物肠道功能与调控湖南省重点实验室，长沙 410081）

摘要：仔猪断奶后由于饲料转换不适应、免疫力下降、病原体感染等因素会引起肠道功能紊乱，并引发腹泻。仔猪腹泻导致存活率和生长率降低，是养猪业的重大威胁之一，造成经济损失。为了在无抗生素养殖时代继续实现高度经济的养殖生产，亟待寻求新的饲料添加剂以作为合适的抗生素替代品以改善断奶仔猪健康。目前关于噬菌体（BP）是否能够改善仔猪断奶后腹泻的探究尚不充分。本试验探究日粮中添加噬菌体对断奶仔猪生长发育的影响和产肠毒素大肠杆菌（*E. coli*）感染条件下对断奶仔猪肠道功能的影响，以期为预防和改善仔猪断奶后腹泻提供新的思路。选择 30 头体重相近的健康断奶仔猪（杜洛克×长白×大白，21 日龄），随机分为 5 组（n=6）：con 组、CON 组和 CON+E. coli 组饲喂以玉米豆粕为基础的日粮，BP 组和 BP+E. coli 组饲喂在基础日粮中添加 0.075%噬菌体（浓度根据群体试验得到）的日粮。日粮和营养水平符合 NRC（2012）标准且不包含其他抗腹泻成分。预饲期 3 天，正式试验饲养至第 28 天对 con 组和 BP 组的仔猪进行屠宰采样，给 CON+E. coli 组和 BP+E. coli 组的仔猪灌胃 20mL 浓度为 1×10^{12} CFU/mL 的 *E. coli*，给 CON 组灌胃等量 LB 培养基。观察并记录灌胃后仔猪的腹泻和采食情况，第 31 天屠宰所有剩余仔猪并取样。结果表明：1）正常生长条件下，与对照组相比，添加噬菌体使第一、二和四周的 ADG 分别提高 41.67%，8.70%和 1.89%，腹泻指数分别降低 80.77%, 16.13%和 70.73%，粗蛋白消化率提高 14.28%，*E.coli* 感染条件下添加噬菌体使腹泻指数降低 84.26%；2）添加噬菌体能够缓解 *E. coli* 感染所引起的仔猪空肠和回肠绒毛断裂、形态不完整，改善空肠隐窝深度、回肠绒毛高度以及空肠和回肠绒毛高度与隐窝深度的比值；3）添加噬菌体能够降低仔猪血清和结肠中 TNF-α、IL-1β和 IL-6 等促炎因子含量，抑制 *E. coli* 感染引起的结肠、回肠促炎因子和回肠 TLR4 的 mRNA 表达上调，从而抑制炎症的发生；4）*E. coli* 感染条件下，添加噬菌体能够显著降低回肠离子通道 CFTR 的 mRNA 表达上调，从而抑制氯离子向肠腔内的过度分泌，调节离子平衡，而无论是否添加噬菌体，*E. coli* 感染仔猪的回肠水通道蛋白 AQP3 和 AQP8 的 mRNA 表达均显著下调；5）正常生长条件下，添加噬菌体使结肠中 *Streptococcus* 属和 *Escherichia_Shigella* 属的相对丰度分别降低了 80.98%和 39.70%；添加噬菌体能够恢复 *E. coli*

感染所引起的 Firmicutes 门、*Fournierella* 属、*Lactobacillus* 属、*Phascolarctobacterium* 属、*Subdoligranulum* 属丰度的减少和 Proteobacteria 门、Spirochaetota 门、*Streptococcus* 属、*Escherichia_Shigella* 属的增加，从而调节肠道微生物平衡，还能有效抑制 *E. coli* 感染所引起的短链脂肪酸含量的减少。综上可知，日粮中添加噬菌体对生长性能具有一定促进作用，能够提高仔猪免疫功能，改善肠道形态和屏障功能，调节肠道微生物区系，从而改善仔猪腹泻。
关键词：噬菌体；肠道形态；微生物；断奶仔猪；腹泻

6239 促进猪内源抗菌免疫肽表达的营养素筛选体系的构建及其应用

龚焘，程远之，汪以真*

（绿色饲料与健康养殖国家工程研究中心，教育部动物分子营养学重点实验室，农业农村部（华东）动物营养与饲料重点实验室，浙江大学动物科学学院，杭州 310058）

摘要：我国是畜牧业大国，生猪养殖占畜牧业主要地位。仔猪是生猪养殖的重要阶段，断奶期由于饮食变化和肠道发育不健全，仔猪易产生断奶应激，导致肠道免疫功能下降，腹泻甚至死亡。因此，保障仔猪正常生长的关键是改善肠道免疫功能。本团队长期关注仔猪肠道分泌的一类重要先天免疫因子——抗菌免疫肽，其主要包括29种β防御素及10余种Cathelicidin家族抗菌免疫肽，旨在通过营养手段调控其表达，从而提高仔猪免疫功能，保障生猪健康养殖。本研究基于IPEC-J2和IPEC-1两种猪肠道上皮细胞，自主构建了猪β防御素和Cathelicidin荧光报告细胞系共16株，系统评估了短链脂肪酸、氨基酸、维生素和矿物元素等50余种饲料添加剂对β防御素和Cathelicidin表达的影响，通过实时定量PCR对其表达影响进一步验证，为绿色健康养殖提供新的理论基础。实验结果如下：1）设计了针对猪*pBD1*、*pBD3*、*pBD112*、*pBD121*、*pBD129*等5个β防御素抗菌免疫肽基因和*pG1*、*PMAP23*、*PR39*等3个Cathelicidin家族抗菌免疫肽基因的荧光报告线性化质粒，分别转染IPEC-J2和IPEC-1猪肠上皮细胞并构建了16个稳转细胞系；2）利用荧光素酶检测和实时定量PCR实验，进一步验证了稳转系细胞系的成功构建，通过比较转染效率，发现IPEC-J2/*pBD1*和IPEC-J2/*pG1*分别是β防御素和Cathelicidin中转染效果最优的两个细胞系；3）利用上述两个最优细胞系开展高通量评估试验，发现正丁酸、硫酸铜和硫酸锌等物质能显著提高*pBD1*的表达，乙酸、丙酸、丁酸、戊酸、氯化钙、硫酸亚铁、硫酸铜和氯化锰等物质能显著提高*pG1*的表达；4）进一步对上述各营养物质做了剂量梯度试验，摸索了其在使用上的最优剂量，值得注意的是，低剂量的硫酸锌可以提高*pBD1*的表达，但高剂量的硫酸锌会显著降低其的表达；5）通过营养素对*pBD1*和*pG1*表达影响的比较，提示营养对β防御素和Cathelicidin表达受不同的作用途径调控。综上所述，本试验成功构建了针对猪β防御素和Cathelicidin荧光报告细胞系16株，建立了促进猪内源抗菌免疫肽表达的营养物质筛选体系，并系统评估了50余种常见饲料添加剂对猪β防御素和Cathelicidin表达的影响，为后续通过营养调控手段提高猪肠道免疫功能提供了实验基础和理论依据。

关键词：抗菌免疫肽；猪；营养调控；荧光报告细胞系

文稿联系人姓名：何羿文，手机号：18373825571

基金项目：国家现代农业产业技术体系岗位科学家项目（CARS-35）；中国博士后科学基金面上项目（2022M712793）

作者简介：龚焘（1997—），男，湖南娄底人，博士研究生，研究方向猪肠道免疫及营养调控。手机：13798081304 E-mail: 12317010@zju.edu.cn

*通信作者：汪以真，教授，博士生导师，E-mail: yzwang321@zju.edu.cn

6244 D 型天冬氨酸对肌纤维发育和肌内脂肪沉积的影响机制

何羿文 1,2，黄乐 2，王晨昱 1,2，李铁军 2，何流琴 1*

（1. 湖南师范大学生命科学学院, 动物肠道功能调控湖南省重点实验室, 湖南省动物肠道生态与健康国际联合实验室, 长沙 410081; 2. 中国科学院亚热带农业生态研究所, 亚热带农业生态过程重点实验室, 动物营养生理与代谢过程湖南省重点实验室, 长沙 410125）

摘要：D 型天冬氨酸（D-Asp）是一种天然的内源性氨基酸，在生殖系统和神经系统中起着至关重要的作用，然而 D-Asp 的营养性功能尚不清楚。本研究结合体内外实验探究了 D-Asp 对猪肌纤维发育及肌内脂肪沉积的影响机制。体外以小鼠的 C2C12 细胞为研究对象，分为 CON（正常培养基）和 D-ASP（正常培养基+0.3mM D-Asp）两组，分化七天；体内以育肥猪为研究对象，将 24 头断奶仔猪（杜 X 长 X 大）随机分为四组，分别是饲喂正常日粮的 CONT 组、添加 0.005% D-Asp 的 L-asp 组、添加 0.05% D-Asp 的 M-asp 组和添加 0.5% D-Asp 的 H-asp 组，共进行 84 天。结果表明：1）添加浓度为 0.3mM 的 D-Asp 显著提高了 C2C12 的细胞活力，且可通过调节细胞周期促进 C2C12 细胞增殖。2）添加 0.3mM 的 D-Asp 显著促进了 C2C12 细胞的分化，肌生成相关基因，如 MyHC、MYF5 和 MyoD 的表达在不同时间上均有显著提高。3）将分化 7 天的细胞样本进行转录组测序和非靶向脂质组学分析，发现两组样本间的主成分分析(PCA)结果存在显著性差异，共发现 99 个差异基因，其中上调的差异基因富集到的 KEGG 通路主要与脂质代谢和能量代谢相关，且 D-Asp 的添加显著提高了甘油三酯的含量。此外，油红 O 染色结果也同样显示 D-Asp 的添加显著增加了中性脂肪的积累。D-Asp 的添加还显著增加了 FASN、ELOVL1、Cpt1b、DGAT2 和 Acot1 等基因的表达。4）D-Asp 的添加显著增加了细胞内糖原的积累，肌糖原合成酶（PYGM）的活性在不同时间点均被显著提高。5）D-Asp 的添加显著提高了线粒体完整性，且 TCA 循环中的谷草转氨酶、柠檬酸合酶、α-酮戊二酸脱氢酶复合体、苹果酸脱氢酶、丙酮酸和三磷酸腺苷等的活力或含量在添加 D-Asp 后也被显著提高，说明 D-Asp 可以通过提高线粒体活性和加快 TCA 循环来增强 C2C12 细胞的能量代谢。6）育肥猪实验结果表明，不同浓度的 D-Asp 会对肌纤维明暗带长度造成显著影响，且其通过影响 MyHC Ⅰ、MyHC Ⅱa、MyHC Ⅱb、MyHC Ⅱx 的基因表达，以及 MYH1 和 MYH7 的蛋白表达来促进育肥猪肌纤维的发育。综上所述，D-Asp 能够通过促进肌细胞的增殖分化、加强肌细胞的能量代谢和线粒体功能，从而促进肌纤维发育和脂肪沉积。

关键词：D 型天冬氨酸；肌纤维；脂肪沉积；能量代谢

6246 Phosphatidylethanolamine improves growth performance of postnatal growth retardation piglets involving mucus secretion of goblet cells

Nan Wang 1,2, Ming Qi 1,2, Yulong Yin 1,2*

(1. College of Animal Science and Technology, Hunan Agricultural University, Hunan, 410128, China; 2. Yuelushan Laboratory, Hunan, 410128, China)

Background: Phosphatidylethanolamine (PE) is a multifunctional phospholipid required for mammalian development, yet little is known about the regulatory effect of PE on postnatal growth retardation (PGR) and its underlying mechanisms. This study aimed to explore the regulations of PE on the growth performance of PGR piglets based on intestinal barrier function.

Methods: A total of 32 Duroc × Landrace × Large Yorkshire crossbred pigs with the same paternal origin were divided into 4 groups according to their body weight at 7-d of age, healthy-control, healthy-PE, PGR-control, PGR-PE. Piglets were orally administrated with saline or PE (suckling: 0.78 g/day; post-weaning: 2.11g PE g/day) from d 7 to d 49 of age. All piglets were weaned at 28-d of age and sacrificed at 49-d of age.

Results: The body weight, abdominal circumference, crown-rump length, and femur bone length, mineral density and tensile rigidity of PGR piglets were significantly lower than healthy-control piglets, while PE improved the growth performance of PGR piglets ($P < 0.05$). Compared with healthy piglets, PGR piglets showed damaged intestinal barrier morphology that was exhibited by the decreased ratio of villus height to crypt depth and goblet cell number in the jejunum and ileum ($P < 0.05$). PE supplementation recovered the jejunal and ileal barrier injury by increasing the ratio of villus height to crypt depth and goblet cell number ($P < 0.05$). Indeed, the decreased muc2 mRNA and protein expressions were observed in the small intestine of PGR piglets, and PE treatment remarkably enhanced the expressions of muc2 ($P < 0.05$). Meanwhile, PE treatment increased the goblet cell differentiation promoter gene *spdef* mRNA levels, as well as reduced the mRNA expression of endoplasmic reticulum (ER) stress-related genes *chop, ATF6, PERK, IRE1α,*

基金项目：国家自然科学基金项目（U20A2054, U22A20510, 32072745, 32102571, 32130099）

作者简介：王楠（1997—），女，内蒙古赤峰人，硕士研究生，动物生产与畜牧工程专业。手机：15651782870 E-mail: 1354157867@qq.com

*通信作者：印遇龙，教授，E-mail：yinyulong@isa.ac.cn

and *GRP78* in jejunum and ileum of PGR piglets ($P < 0.05$). Additionally, the PGR piglets were accompanied by colonic microbial dysregulation, while PE administration alleviated the microbial disturbance by increasing the abundance of SCFAs-producing bacteria, such as g_*Faecalibacterium*, *g_Blautia*, *g_Gemmiger*, *g_Ocillibacter*, and *g_Coprococcus*.

Conclusion: In conclusion, PE could improve the growth performance and repair intestinal mucosal barrier damage in PGR piglets by regulating goblet cell differentiation and mucus secretion. And the potential underlying mechanism might be associated with the inhibition of PE on ER stress and unfolded protein response. These findings can provide nutritional intervention strategies for the prevention and treatment of growth retardation of piglets, and promote the application of PE in livestock and poultry production.

Keywords: Phosphatidylethanolamine, Postnatal growth retardation, Endoplasmic reticulum stress, Intestinal barrier, Piglets

6251 多种培养方法还原猪肠道微生物的研究

王晓帆，Samantha Howe，魏晓媛，邓飞龙，Tsungcheng Tsai，柴建民，肖英平，杨华，Charles V. Maxwell，李英，赵江潮

（华南农业大学，广东省，广州市，510642；阿肯色大学，美国，阿肯色州，72701-1222；佛山科学技术学院，广东省，佛山市，528000；浙江农科院，浙江省，杭州市，310022）

摘要：尽管人类的肠道菌群培养组学已经取得了实质性进展，但对猪肠道菌群的可培养性知之甚少，因此猪源肠道菌群培养组学亟待开展。在本研究中，我们首次使用 53 种细菌培养方法和不同的培养基与供养条件组合，对四个不同生长阶段的猪肠道菌群进行了广泛培养。并对依赖培养（CD：每种方法的菌落混合物）和非依赖培养得到（CI：原始粪便悬浮液）的微生物样品都进行了 16S rRNA 扩增子测序。从四个生长阶段分离并鉴定了 1000 多株细菌。结果表明：随着猪日龄增长，CI 和 CD 样品中都观察到了微生物多样性的增加。在 CI 样品中分别观察到 378、482、565 和 555 个细菌扩增子序列变体（ASV），而使用 CD 方法在哺乳期、保育期、生长期和肥育期检测到更高的微生物多样性（观察到的 ASV 分别为 415、675、808 和 823 个）。我们构建了培养方法参考图谱，揭示特定菌群的首选培养条件，并研究了氧气、培养基、供体猪龄、抗生素和血液培养预培养等培养因素对猪肠道菌群培养的影响。我们重点研究了多种益生菌株，根据参考图选择了 1,299 个菌落，并对其 16S rRNA 基因进行了 Sanger 测序。这些分离菌群共分为 148 个不同的细菌类群，涵盖 28 个属。16S rRNA 基因相似度低于 95% 的 4 个分离细菌 ASV 是猪肠道中潜在的新型菌株。并且，我们在 CD 和 CI 样本中的四个生长阶段分别观察到 11、19、33 和 25 对呈共现关系的 ASV。总之，本研究提供的证据表明，基于依赖培养的方法揭示了更高的猪肠道菌群的多样性。我们的研究成果为猪体内兴趣菌的分离提供了初步指导，这将有益于未来探究肠道与菌群的互作关系。

6253 β-hydroxybutyrate improves postnatal growth retardation and intestinal development in piglets

Xingtong Lin, Ming Qi, Bie Tan*

(College of Animal Science and Technology, Hunan Agricultural University, Changsha 410000, Hunan, China)

Abstract: The impaired intestinal development serves as the major trigger of neonates' postnatal growth retardation (PGR). β-hydroxybutyrate (BHB) is a ketone body and acts as a signaling molecular that regulates intestinal epithelial homeostasis. This study aimed to investigate the effects of BHB on the growth performance of PGR piglets and further explore the underlying molecular mechanisms based on intestinal development. A total of 24 piglets were divided into 3 treatments according to their body weight at 7 d of age: Control, PGR, and PGR + 25 mg/kg BHB. Piglets were treated with saline or BHB from 7 d until endpoint and sacrificed at 49 d of age. The results showed that PGR piglets had lower body weight, body length, bust circumference, and thighbone length ($P < 0.05$) than the control piglets, while BHB treatment increased the body weight and thighbone length ($P < 0.05$). Compared with control piglets, BHB treatment improved the intestinal barrier morphology by increasing the ratio of villus height to crypt depth and secretory cell number in the ileum of PGR piglets ($P < 0.05$). Furthermore, BHB treatment decreased the expression of leucine-rich repeat-containing G protein-coupled receptor 5 positive (Lgr5) but increased the chromogranin A (ChgA) mRNA and protein expressions and mucin 2(Muc2) mRNA levels ($P < 0.05$), which was associated with the regulation of BHB on Notch signaling pathway in the ileum of PGR piglets. In agreement, BHB treatment increased the budding efficiency and surface area of intestinal organoids in vitro, as well as enhanced the mRNA expressions of ChgA and inhibited the Lgr5 and hes family bHLH transcription factor 1(hes1) mRNA expressions. In sum, BHB could promote intestinal development and one of the potential mechanisms is by regulation of enterocyte differentiation fate, thereby improving the growth performance of PGR piglets.

Keywords: β-hydroxybutyrate; Intestinal development; Cell differentiation; Postnatal growth retardation; Piglet

6365 饲粮中添加低聚半乳糖和胆汁酸对母猪初乳成分、抗氧化和胆汁酸代谢的影响

曹畅，王洁，余建，郑妍，陈梦婷，谭碧娥，范志勇*

（湖南农业大学动物科学技术学院，长沙，410128）[27]

摘要：本试验旨在研究饲料中添加低聚半乳糖（GOS）和猪胆酸（HCA）对母猪初乳成分、抗氧化和胆汁酸代谢的影响。选取胎次、体况相近，与配公猪一致的 85 日龄长大妊娠母猪 60 头，随机分入 4 个处理，每个处理 15 个重复，每个重复 1 头母猪。基础日粮按照 NRC(2012)猪营养需要设计，试验日粮在基础日粮水平上，根据低聚半乳糖和胆汁酸添加方式设计 3 个处理，分别是试验Ⅰ组（GOS：600mg/kg）、试验Ⅱ组（GOS+低 HCA 组：600mg/kg +100mg/kg）、试验Ⅲ组（GOS+高 HCA 组：600mg/kg +200mg/kg）。试验从妊娠 85d 开始至分娩后 21d 断奶结束。结果表明： 1）与对照组相比，GOS+低 HCA 组及 GOS+高 HCA 组母猪初乳中 TG 的浓度显著上升（$P < 0.05$），GOS 组母猪初乳乳清中 IgA 含量最高，不仅优于对照组，且明显超过 GOS+HCA 组（$P < 0.05$）。2）血清抗氧化力方面，GOS 组、GOS+低 HCA 组及 GOS+高 HCA 组母猪分娩时血清抗氧化指标均有不同程度改善。与对照组相比，GOS 组及 GOS+HCA 组均可显著提高分娩时母猪血清中总抗氧化力（T-AOC）($P < 0.05$)，但各处理组之间未见显著差异；GOS+高 HCA 组明显提高了过氧化氢酶（CAT）、总谷胱甘肽（T-GSH）及超氧化物歧化酶（SOD）($P < 0.05$)；GOS 组过氧化氢酶（CAT）含量明显升高($P < 0.05$)；GOS+低 HCA 组则显著降低 MDA 水平($P < 0.05$)。3）在胆汁酸代谢测定中，GOS+高 HCA 组母猪分娩前 7 天粪中甘氨石胆酸（GLCA）水平和分娩时粪中 23-脱甲脱氧胆酸（NorDCA）水平显著升高（$P < 0.05$）；GOS 组母猪分娩时粪中牛磺猪去氧胆酸+牛磺熊去氧胆酸（THDCA+TUDCA）和牛磺鹅去氧胆酸（TCDCA）水平和分娩后 7 天粪中的 NorDCA 和 3 β-胆酸（beta-CA）水平明显下降（$P < 0.05$）。总之，胆汁酸和低聚半乳糖的添加可改善母猪初乳中的免疫球蛋白水平，减轻机体氧化应激，改善胆汁酸组成，效果无论单独还是联合使用均优于对照组，但与剂量存在一定相关性。

关键词：低聚半乳糖；猪胆酸；母猪；抗氧化力

基金项目：国家自然科学基金区域创新发展联合基金重点支持项目（U20A2054）；湖南省自科基金（2021JJ30318）

作者简介：曹畅（2000-），女，黑龙江哈尔滨人，硕士研究生，从事动物营养与饲料研究。手机：17883686309，E-mail:1225391157@qq.com

*通信作者：范志勇，教授，硕士生导师，E-mail：fzyong04@163.com

6398 饲粮添加低聚半乳糖和胆汁酸对母猪繁殖性能和肠道微生物的影响

余建，王洁，曹畅，谭碧娥，龚佳妮，曹嘉棋，范志勇*

（湖南农业大学动物科学技术学院，长沙，410128）[28]

摘要：本试验旨在研究添加低聚半乳糖（Galactooligo-saccharides，GOS）和猪胆汁酸（Hyocholic acids，HCA）对母猪繁殖性能和肠道微生物的影响。试验选取与配公猪一致，胎次、体况相似的妊娠 85 d 长×大母猪 60 头，随机分为 4 组（对照组：基础日粮； GOS 组：600 mg/kg；GOS+低 HCA 组：600 mg/kg+100 mg/kg；GOS+高 HCA 组：600 mg/kg+200 mg/kg），每组 15 个重复，每个重复 1 头母猪。试验从妊娠 85 d 至 21 d 断奶结束，共计 50 d。结果表明：1）繁殖性能方面，与对照组相比，GOS+高 HCA 组仔猪健仔数、初生重和窝均匀度显著提高（*P*<0.05）。2）泌乳性能方面，与对照组相比，GOS+高 HCA 组仔猪平均断奶窝重、平均断奶个体重和平均窝增重均有提高趋势（0.05<*P*<0.1）。3）通过 16 rRNA 测序技术测定围产期母猪粪便菌群多样性及组成成分。结果显示：与对照组相比，GOS+高 HCA 组显著提高了母猪分娩前 7 d 的粪便菌群α多样性 observed、shannon、simpson 和 Chao Ⅰ的水平（*P*>0.05）及分娩后 7 d shanoon 和 simpson 水平（*P*>0.05）。肠道菌群组成方面，分娩前 7 d 和分娩后 7 d 各试验组与对照组母猪肠道菌群组成存在显著差异。其中，分娩前 7 d，在门水平上，GOS+高 HCA 组相较于对照组，母猪肠道拟杆菌门（*Bacteroidota*）和脱硫杆菌门（*Desulfobacterota*）丰度显著提高（*P*<0.05）；在属水平上，GOS+高 HCA 组相较于对照组，母猪肠道瘤胃菌 *g_UCG005* 属（*g_UCG005*）、瘤胃菌 *g_UCG002* 属（g_*UCG002*）、拟杆菌属（*g_Muribaculaceae_unclassified*）、瘤胃球菌 *NK4A214* 属（*g_NK4A214group*）和瘤胃球菌属（*Ruminococcus*）丰度显著提高（*P*<0.05）及毛螺菌科 *_XPB1014* 属（*LachnospiraceaeXPB1014_group*）丰度极显著提高（*P*<0.01），而链球菌属（*Streptococcus*）丰度显著降低（*P*<0.05）。分娩后 7 d，在门水平上，GOS+高 HCA 组相较于对照组，母猪浮霉状菌门（*Planctomycetota*）丰度显著提高（*P*<0.05）。在属水平上，GOS+HCA 组相较于对照组，母猪肠道梭状芽孢杆菌 *UCG-014* 未分类属（*Clostridia_UCG-014_unclassified*）丰度显著降低（*P*<0.05）。总之，饲粮中联合添加低聚半乳糖和猪胆汁酸有利于提高母猪繁殖性能，并调控围产期母猪肠道菌群组成和丰度，从而可能减缓围产期母猪胰岛素抵抗。

关键词：低聚半乳糖；胆汁酸；母猪；繁殖性能；肠道菌群

基金项目：国家自然科学基金区域创新发展联合基金重点支持项目（U20A2054）；湖南省自科基金（2021JJ30318）

作者简介：余建（1998-），男，贵州赤水人，硕士研究生，从事动物营养与饲料研究。手机：13201345077，E-mail:yuzun1224@163.com

*通信作者：范志勇，教授，硕士生导师，E-mail：fzyong04@163.com

6468 脆壁克鲁维酵母水解物替代抗生素和氧化锌对断奶仔猪生长性能、腹泻率和肠道健康的影响

殷成港[29]，李习龙，蒋显仁 *

（中国农业科学院饲料研究所，农业农村部饲料生物技术重点实验室，北京 100081）

摘要：本研究旨在探究饲粮中添加脆壁克鲁维酵母水解物（Hydrolyzed of *Kluyveromyces fragilis,* HK）对断奶仔猪生长性能、腹泻率和肠道健康的影响，多维度解析 HK 替代抗生素和高剂量氧化锌的效果。试验选取 240 头 28 日龄“杜×（长×大）”断奶仔猪（8.87±0.22 kg），根据体重随机分为 6 个处理：采用 2×3 多因素设计，在有无氧化锌（+、-）条件下比较基础饲粮（NC）、NC+抗生素（PC）和 NC+10 g/kg HK（HK）对断奶仔猪生长性能、腹泻率、血浆抗氧化能力、肠道形态和免疫功能的作用机制。试验周期为 42 d。结果表明： HK 与 PC 组在仔猪生长性能、腹泻率和肠道健康方面无显著性差异（$P > 0.05$）。与 NC 组相比，HK 组显著提高断奶仔猪 42 d 体重（BW）、28~42 d 和 0~42 d 平均日增重（ADG）（$P < 0.05$），降低 0~14 d 腹泻率（$P < 0.05$），提高断奶仔猪血浆过氧化氢酶（CAT）和超氧化物歧化酶（SOD）活性、免疫球蛋白 A（IgA）和免疫球蛋白 G（IgG）浓度、空肠黏膜 *CAT* 和核因子 E2 相关因子（*Nrf-2*）mRNA 表达、分泌性免疫球蛋白 A（sIgA）含量（$P < 0.05$），降低血浆丙二醛（MDA）浓度和空肠黏膜白细胞介素 6（*IL-6*）mRNA 表达（$P < 0.05$），降低仔猪肠道隐窝深度并提高绒隐比（V/C）（$P < 0.05$）。与无氧化锌饲粮相比，氧化锌显著提高断奶仔猪 14 d BW、0~14 d 和 28~42 d ADG 和 0~14 d 增重耗料比（G:F）（$P < 0.05$），降低断奶仔猪 0~14 d 腹泻率（$P < 0.05$），提高断奶仔猪血浆 CAT 活性和 IgA 浓度（$P < 0.05$），降低空肠黏膜白细胞介素-1β（*IL-1β*）mRNA 表达（$P < 0.05$），提高断奶仔猪肠道有益菌并降低有害菌相对丰度（$P < 0.05$），无氧化锌饲粮添加 HK（HK-）与氧化锌对照组（NC+）相比，在生长性能、血浆抗氧化和免疫功能、肠道形态和微生物菌群均无显著性差异（$P > 0.05$）。此外，断奶仔猪空肠黏膜 *IL-6* mRNA 表达具有显著性互作效应（$P < 0.05$）。综上所述，饲粮中添加 HK 可提高断奶仔猪的抗氧化和免疫功能，降低肠道炎症反应，改善肠道组织形态和肠道屏障功能，进而提高断奶仔猪生长性能和降低腹泻率。研究结果提示，HK 在断奶仔猪生产中具有替代抗生素和高剂量氧化锌的潜力。

关键词：脆壁克鲁维酵母；酵母水解物；断奶仔猪；生长性能；肠道健康

基金项目：中央级公益性科研院所基本科研业务费专项（1610382021012）；国家重点研发计划“政府间国际科技创新合作”重点专项（2018YFE0111800）

作者简介：殷成港（1997-），男，吉林白城人，硕士研究生，从事猪饲料与营养调控研究。手机：18943332010 E-mai：ycg.ycg@foxmail.com

* 通讯作者：蒋显仁，副研究员，硕士生导师，E-mail：jiangxianren@caas.cn.

6470 宿主-微生物组相互作用有助于外源性谷胱甘肽缓解断奶仔猪肝应激损伤

项轩 1,4，王后福 1，周文涛 1,2，许岗 3，赵强 3，李铁军 1,4,*，印遇龙 1,2,4,*，何流琴 1,2,*

（1.中国科学院亚热带农业生态研究所，长沙 410125；2. 湖南师范大学生命科学学院，长沙 4100814；3. 湖南福来格生物技术有限公司，长沙 410100；4.中国科学院大学现代农业科学学院，北京 100049）

摘要：本研究通过建立百草枯（paraquat, PQ）诱导的仔猪肝损伤模型，探讨还原型谷胱甘肽（glutathione, GSH）对肝损伤的调控机制。选取 28 日龄断奶仔猪（9.52 ± 0.20 kg）35 只，随机分为 5 组，先常规饲养 4 周，对照组（CON）和 PQ 组饲喂基础日粮，GSH 处理组分别饲喂在基础饲粮中添加 0.01% GSH（LGSH）、0.03% GSH（MGSH）和 0.06% GSH（HGSH）的试验日粮。在第 28、30 和 32 天对 PQ 和 GSH 处理组仔猪腹腔注射 8 mg/kg 体重的 PQ，CON 组注射等量生理盐水。结果表明：1）PQ 攻毒后，仔猪血清 ALT、AST、LDH 和 NH_3 水平显著升高（*P*<0.05），肝脏组织结构和线粒体形态发生明显病变，显著降低了肝脏线粒体数量和 ATP 含量（*P*<0.05），补充 GSH 能够缓解 PQ 导致的肝脏损伤。2）补充 GSH 显著提高了血清和肝脏 GSH、GSH/GSSG 水平，显著降低了 GSSG 水平（*P*<0.05），并显著上调了 *GPX1*、*GPX4* 和 *MnSOD* 的 mRNA 表达水平（*P*<0.05），提高了抗氧化能力。3）补充 GSH 改善了血液 T 细胞 $CD4^+$ 和 $CD8^+$ 的组成比例，显著提高免疫球蛋白 A 和抗炎因子（IL-10）水平（*P*<0.05），显著降低炎症因子（IL-1β、IL-12 和 IFN-γ）的分泌与基因表达（*P*<0.05），提高了仔猪免疫力。4）补充 GSH 下调了肝脏组成型雄甾烷受体（constitutive androstane receptor, CAR）信号相关基因表达，但上调肝脏 CAR 和视黄醇 X 受体α（retinol X receptor α, RXRα）核蛋白的表达（P<0.05）以及单磷酸腺苷活化的蛋白激酶α（AMP-activated protein kinase, AMPKα）磷酸化，调节下游靶基因的表达，从而发挥抗氧化和抗炎作用。5）此外，GSH 减轻了 PQ 诱导的微生物群多样性和组成的变化，显著增加肠道益生菌 *UCG_002*、*Christensenellaceae_R_7_group*、*Prevotellaceae_NK3B31_group*、*Prevotella*、*Oscillospira* 和 *unclassified_UCG_010* 的丰度（*P*<0.05）。由此可见，在肝损伤猪模型中，外源性 GSH 通过调节宿主微生物稳态，调控体内 GSH 生物合成，激活肝脏 CAR/AMPK 通路，提高抗氧化和抗炎能力，来维持肠道-微生物-肝脏轴的稳态，从而改善肝脏炎症和机体健康。

关键词：GSH，肠道-微生物群-肝脏轴，氧化应激，炎症，CAR，肝损伤

基金项目：国家自然科学基金项目（32172755,32130099）；湖湘青年英才计划（2020RC3052）；湖南省重点研发计划（2022NK2023）；广西重点研发计划项目（2022JJA130333）

作者简介：项轩（1998—），男，河南信阳人，硕士研究生，动物营养与饲料科学专业。手机：15580094925 E-mail: dwyyxx2020@163.com

*通信作者：李铁军，研究员，E-mail: tjli@isa.ac.cn；印遇龙，研究员，Email: yinyulong@isa.ac.cn；何流琴，教授，E-mail: heliuqin@hunnu.edu.cn.

6475 Fecal microbiota transplantation: Lactobacillus potentially is a key genus for treating colitis

Chengzeng Luo 1,2, Ying Chen 1, Zhaohan Zhan 1, Ruqing Zhong 1, Zirong Wang 2, Liang Chen 1*, Hongfu Zhang 1

(1 State Key Laboratory of Animal Nutrition, Institute of Animal Science, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Beijing 100193; 2 College of Animal Science, Xinjiang Agricultural University, Urumqi 830011)[30]

Abstract: The crucial technology of the piglet's early weaning has always been a research hotspot. Controlling early intestinal inflammation is a major challenge in managing post-weaning gut disorders in piglets. We compared the stool microbiomes and diarrhea of Mashen piglets (MS) and Duroc × Landrace × Yorkshire piglets (DLY) under the same feeding and environmental conditions. The result showed that the diarrhea incidence and diarrhea index of MS were significantly lower than DLY ($P < 0.05$). Sequencing of the 16S rRNA gene revealed that the relative abundance of *Lactobacillus* was significantly higher in fecal of MS than that in DLY ($P < 0.05$). Therefore, we transplanted the fecal microbiota of two breeds healthy piglets into the DSS-induced colitis mice receptor and found the core transferable microbiota can treat colitis. After the fecal microbiota transplantation (FMT) tests, as expected, compared with the DSS group, FMT administration alleviated DSS-induced colitis, as evidenced by the markedly reduced disease activity index score ($P < 0.05$), decreased body weight loss ($P < 0.05$), and relieved colon shortening ($P < 0.05$), especially in Mashen piglet group. Histological analysis further showed obvious attenuation of inflammatory cell infiltration and mucosal damage and overall histology score in the colon in response to gavage with filtrate of Mashen piglets ($P < 0.05$). The colonic levels of ZO-1 and Occludin were significantly elevated by oral filtrate of Mashen piglets ($P < 0.05$). 16S rRNA analysis showed that microbial composition in fecal of mice markedly shifted toward that observed in piglets. Transferring fecal microbiota from MS piglets into the mice recipients significantly enriched the relative abundance of *Lactobacillus* in fecal of mice ($P < 0.05$). These results provide evidence of the transferability of a core set of bacterial strains that potential correlation with clinical efficacy of FMT for colitis.

Key words: piglets; colonic inflammation; fecal microbiota transplantation; *Lactobacillus*

---

[30] 基金项目：This work was supported by National Natural Science Foundation of China (U22A20515) and Agricultural Science and Technology Innovation Program (CAAS-ZDRW202006-02, ASTIPIAS07).

作者简介：骆城增（1994—），男，四川绵阳人，博士研究生，从事猪营养与饲料研究。手机：18646335820 E-mail: chengzengluo@163.com

*通信作者：陈亮，研究员，E-mail: chenliang01@caas.cn

6476 自噬对断奶仔猪肠道微生物及其代谢物的影响

谷雪玲 1,2，王婧 1,2，谭碧娥 1,2*

（1.湖南农业大学动物科学技术学院，湖南 410128; 2.岳麓山实验室，湖南 410128）

摘要：本试验旨在研究自噬激活或抑制对断奶仔猪肠道微生物及其代谢物的影响，进而从微生物角度解析自噬对断奶仔猪生长性能的调控作用。选取断奶后 21 日龄长 ×大二元杂交（阉公猪）仔猪 18 头，随机分为 3 组（每组 6 个重复，每个重复 1 头）：对照组灌服 7 mL 生理盐水、自噬激活组灌服 7 mL 1 mg/mL RAPA（雷帕霉素），自噬抑制组灌服 7 mL 10 mg/mL CQ（氯喹），试验期间每天灌服一次，试验期为 14 d。结果表明：1）自噬激活组显著降低了断奶仔猪平均日增重、平均日采食量和饲料转化率（*P*<0.05）；而自噬抑制组显著提高了断奶仔猪平均日采食量和饲料转化率（*P*<0.05）。2）16S rRNA 测序结果表明，自噬激活或抑制对回肠微生物α多样性无显著影响，但自噬激活和抑制均显著降低了结肠微生物α多样性（*P*<0.05）；β多样性分析结果表明自噬激活组回肠微生物组成与其他两组之间存在显著差异（*P*<0.05），在结肠微生物组成上，各试验组之间均存在显著差异（*P*<0.05）。3）差异微生物结果分析表明， 在属水平上，与对照组相比，自噬激活组显著提高了回肠微生物中 *Actinomyces* 和 *Oceanobacillus* 的丰度和结肠微生物中 *Psedoalteromonas* 的丰度（*P*<0.05），显著降低了回肠微生物中 *Unidentified_Clostridiales* 的丰度和结肠微生物中 *Unidentified_Prevotellacea*、*Terrisporobacter*、*Butyicicoccus*、*Parabacteroides*、*Oscillibacter*、*Papillibater* 的丰度（*P*<0.05）；自噬抑制组显著提高了回肠微生物中 *Dialister* 和 *Oceanobacillus* 的丰度和结肠微生物中 *Roseburia* 的丰度（*P*<0.05），显著降低了结肠微生物中 *Porphyromonas*、*Unidentified_Lachnospiraceae*、*Akkermansia*、*Butyicicoccus*、*Parabacteroides*、*Oscillibacter*、*Papillibater* 的丰度（*P*<0.05）。4）代谢组学差异代谢物分析结果表明，与对照组相比，自噬激活组显著下调了有机酸及其衍生物、含氧和含氮有机化合物的丰度，显著上调了脂质和类脂分子的丰度（*P*<0.05）；自噬抑制组显著下调了有机酸及其衍生物、有机杂环化合物和核苷的含量，显著上调了脂质和类脂分子、含氧和含氮有机化合物的含量（*P*<0.05）。5）KEGG 功能富集分析结果表明，自噬激活组功能富集主要在癌症的中心碳代谢、半乳糖代谢、嘌呤代谢、ABC 转运和氨基酸的生物合成上，自噬抑制组主要富集在癌症中的胆碱代谢、甘油磷脂代谢、嘌呤代谢和氨基酸的生物合成上。6）差异微生物与差异

基金项目：国家自然科学基金项目（32072745）

作者简介：谷雪玲（1996—），女，湖南郴州人，博士研究生，从事断奶仔猪肠道健康及其营养调控研究。手机：15673138404 E-mail: 869142491@qq.com

*通信作者：谭碧娥，教授，E-mail:bietan@hunau.edu.cn

代谢物相关性分析结果表明，回肠和结肠差异微生物与多种氨基酸代谢产物和脂质代谢产物呈显著相关性。由此可见，CQ 抑制自噬在一定程度上可提高断奶仔猪生长性能，其机制可能是通过调控断奶仔猪肠道微生物及其代谢产物进而影响机体代谢来影响仔猪生长。

关键词：自噬；断奶仔猪；肠道微生物；代谢组学

6480 吲哚乙酸钠对断奶仔猪生长性能及肠道发育的影响

陈嘉欣，尹蓝梅，王兆斌，王启业，杨焕胜*

（湖南师范大学 生命科学学院 动物营养与人体健康实验室，湖南 410081）

摘要：本试验旨在研究吲哚乙酸钠对断奶仔猪生长性能及肠道发育的影响。试验选取 21 日龄杜×长×大断奶仔猪 24 头（6.58±0.15 kg），随机分为 3 组（每组 8 个重复，每个重复 1 只）：对照组饲喂基础饲粮，试验组饲喂分别添加 120 和 240 mg/kg 吲哚乙酸钠的试验饲粮，试验期 28 d，并通过体外肠类器官模型来验证吲哚乙酸钠对肠上皮细胞的影响。结果表明：1）饲粮添加 120 mg/kg 吲哚乙酸钠可提高全期平均日增重和饲料转化率（*P*<0.05）。2）饲粮添加 240 mg/kg 吲哚乙酸钠显著提高了结肠消化道食糜 pH 值（*P*<0.05）。3）饲粮添加 120 mg/kg 和 240 mg/kg 吲哚乙酸钠均显著提高了断奶仔猪的肝指数、脾指数和肾指数（*P*<0.05）；添加 120 mg/kg 吲哚乙酸钠显著增加了小肠的相对重量（*P*<0.05）。4）饲粮添加 240 mg/kg 的吲哚乙酸钠显著提高了干物质（*P*<0.001）、粗蛋白质（*P*=0.005）、粗灰分（*P*<0.001）和总能量（*P*<0.001）的表观消化率。5）所有添加水平的吲哚乙酸钠对肠绒毛高度/隐窝深度均无显著影响，但饲粮添加 120 和 240 mg/kg 的吲哚乙酸钠均能显著增加十二指肠的隐窝深度（*P*<0.05）；添加 240 mg/kg 吲哚乙酸钠显著增加了空肠的绒毛宽度（*P*<0.05）。6）饲粮添加 240 mg/kg 吲哚乙酸钠显著降低了仔猪空肠绒毛内分泌细胞（*P*=0.002）和隐窝杯状细胞（*P*<0.05）的数量；添加 120 和 240 mg/kg 吲哚乙酸钠均能显著增加仔猪空肠中 Ki67 阳性细胞数量（*P*<0.001）。7）饲粮添加 120 和 240 mg/kg 吲哚乙酸钠均显著降低仔猪空肠蔗糖酶的活性（*P*<0.05）。8）基于体外肠道类器官模型研究发现，0.5 和 2 μM 吲哚乙酸钠显著提高了第 3 天的类器官出芽率（*P*<0.001），2 μM 吲哚乙酸钠处理显著增加了第 4 天类器官平均出芽数（*P*<0.05）。由此可见，饲粮添加 120 和 240 mg/kg 吲哚乙酸钠可改善断奶仔猪的生长性能，并能够影响断奶仔猪肠道形态结构和肠上皮细胞分化。

关键词：吲哚乙酸钠；类器官；断奶仔猪；生长性能；肠道发育

基金项目：国家自然科学基金项目（32130099）

作者简介：陈嘉欣（1999—），女，江西抚州人，硕士研究生，从事动物营养与健康养殖研究。手机：15123320481 E-mail: 3165875815@qq.com

*通信作者：杨焕胜，教授，E-mail: yhs@hunnu.edu.cn

6483 基于干细胞模型的发酵饲料保护仔猪肠道健康机制研究

屈浩展，周加义，何慧，王晓帆，高春起，严会超，王修启*

（华南农业大学动物科学学院，广东省广州市，510642）

摘要：饲喂发酵饲料可以改变机体消化道的理化性质，提高肠上皮的生物学功能，肠道干细胞可以增殖分化为所有类型的功能性肠细胞，是肠上皮结构形成的基石，因此本研究旨在探讨饲喂发酵饲料是否可以增强肠道干细胞的活性并解析其机制。本试验选取 28 日龄三元杂仔猪 24 头，随机分为对照组和发酵饲料组进行 28 天的饲养试验，期间对照组饲喂基础日粮，同时使用发酵饲料替代 6%的基础日粮作为发酵饲料组仔猪的日粮。试验结束后，评价两组仔猪小肠组织结构和功能完整性，同时分离空肠隐窝进行三维培养，检测空肠组织和肠道类器官样品中 Wnt/β-catenin 信号变化。结果显示：1）与对照组相比，饲喂发酵饲料显著增强仔猪对饲料中养分的消化能力，提高仔猪生长速率，降低耗料增重比（P<0.05）；2）与对照组相比，饲喂发酵饲料显著增加仔猪空肠绒毛高度，促进小肠发育（P<0.05）；3）与对照组相比，饲喂发酵饲料显著上调仔猪空肠跨膜电阻值及紧密连接蛋白质（ZO-1、Occludin 和 Cludin1）的表达（P<0.05）；4）与对照组相比，饲喂发酵饲料可以增加仔猪空肠中肠道干细胞标志 Lgr5 和 Olfm4、增殖细胞标志 PCNA、分化细胞标志 KRT20、吸收细胞标志 Villin、潘氏细胞标志 LYZ、杯状细胞标志 MUC2 和肠内分泌细胞标志 CGA 的表达量，抑制凋亡标志 Cleaved Caspase3 的表达（P<0.05）；5）与对照组相比，发酵饲料组仔猪空肠组织中 Wnt/β-catenin 信号关键蛋白质（FZD7、Active β-catenin、β-catenin、TCF4 和 c-Myc）的表达水平显著提高（P<0.05）；6）与对照组相比，发酵饲料组肠道类器官表现出更强的扩增能力，且类器官中 Lgr5、PCNA、KRT20 和β-catenin 蛋白质表达量更高（P<0.05）。上述结果表明，发酵饲料通过促进仔猪空肠组织中 Wnt/β-catenin 信号传导，促进干细胞增殖分化，保护仔猪肠道健康，提高仔猪生长性能。

关键词：发酵饲料；仔猪；肠道健康；肠道干细胞；Wnt/β-catenin 信号

基金项目：横向项目-基于干细胞模型的贪吃好（发酵饲料）保护仔猪肠道健康机制研究（h20220981）

作者简介：屈浩展（2000—），男，河南郑州人，硕士研究生，从事肠道干细胞命运决定机制及营养调控研究。手机：15716489936 E-mail: 182418951@qq.com

*通信作者：王修启，研究员，博士生导师，E-mail: xqwang@scau.edu.cn

6492 比较日粮添加吡咯喹啉醌和氧化锌对仔猪生长性能、断奶应激和代谢功能的影响

石辰玉 1，余子柔 1，王子婕 1，宁 然 1，黄彩云 2，高有军 3，王凤来 1*

（1. 中国农业大学动物科技学院，动物营养国家重点实验室，北京，100193；2. 福建农林大学动物科学学院，福州，350028；3. 常茂生物化学工程股份有限公司，常州，213000）

摘要：仔猪断奶期间，由于心理和环境应激，常常出现腹泻和生长受阻的情况。吡咯喹啉醌，简称 PQQ，最初作为甲醇脱氢酶的辅酶被发现。PQQ 是一种天然的抗氧化剂，可以调节断奶仔猪肠道氧化还原因子，缓解肠道炎症，具有神经保护功能。氧化锌（ZnO）是仔猪饲料中常用的抗氧化剂，能够改善仔猪肠道形态结构，缓解腹泻。本研究旨在比较添加吡咯喹啉醌（PQQ）和氧化锌（ZnO）日粮对断奶仔猪生长性能、腹泻指数、营养物质表观消化率、抗氧化能力、神经递质和代谢的影响。将 28 天断奶仔猪（n = 108）分为三个处理组：饲喂基础日粮的猪（CTRL 组）、饲喂基础日粮添加 3.0 mg/ kg PQQ 的猪（PQQ 组），和饲喂基础日粮含 1,600 mg/ kg ZnO 的猪。试验期间记录仔猪体重和采食量，监测仔猪腹泻情况。试验期 14d 和 28d 采血，收集粪便。在前 14 天，断奶仔猪饲喂添加 PQQ 和 ZnO 的日粮均可降低料重比和腹泻（$P < 0.05$）。与 CTRL 组相比，PQQ 组断奶仔猪 15~28 日平均日增重增加（$P < 0.05$）。与 CTRL 组相比，饲喂添加 PQQ 和 ZnO 的日粮，提高了仔猪饲料中干物质、有机物、粗脂肪、总能、粗纤维、酸性洗涤纤维和中性洗涤纤维的表观消化率（$P < 0.05$）。与 CTRL 组相比，PQQ 和 ZNO 组猪血浆中丙二醛浓度降低（$P < 0.05$）。根据学业中神经递质检测结果，PQQ 组血浆中血管活性肠肽和降钙素基因相关肽浓度较 CTRL 组降低（$P < 0.05$），ZNO 组 CGRP 浓度较 CTRL 组降低（$P < 0.05$）。根据神经代谢组结果，与对照组相比，PQQ 增加了 3-甲氧基-4-氢扁桃酸（$P < 0.05$）。根据代谢组学分析，芥酸酰胺、芒柄花素和 3-甲基-L-组氨酸在 PQQ 组中表达上调（$P < 0.05$）。与 CTRL 组相比，PQQ 组的芦荟素和己二酸二丁酯含量下调（$P < 0.05$）。除此之外 PQQ 组和 ZNO 组在生长性能、营养物质表观消化率、抗氧化能力和神经递质水平方面无明显差异。总之， PQQ 可以提高断奶猪的生长性能、营养物质表观消化率、抗氧化能力和神经功能，其对断奶仔猪的促生长作用与 ZnO 类似。这项研究为 PQQ 作为饲料添加剂应用于断奶仔猪饲料提供了新的理论基础。

关键词：断奶仔猪，吡咯喹啉醌，氧化锌，生长性能，代谢组学

基金项目：国家自然科学基金项目（32072772 和 31672459）

作者简介石辰玉（1998-），女，山西人，博士研究生，研究方向为动物营养与饲料科学研究。E-mail: scyshichenyu@163.com 手机：156 0099 0536

*通讯作者：王凤来，教授， E-mail: wangfl@cau.edu.cn

6497 β-hydroxybutyrate administration improves liver injury and metabolic abnormality in PGR piglets

Chengming Wang, Nan Wang, Yuankun Deng, Andong Zha, Junyao Li, Bie Tan, Ming Qi*, Yulong Yin*

(1. College of Animal Science and Technology, Hunan Agricultural University, Hunan, 410128, China; 2. Yuelushan Laboratory, Hunan, 410128, China) [32]

Abstract: Abnormal hepatic energy metabolism limits the growth and development of piglets. We hypothesized that β-hydroxybutyrate (BHB) might improve the growth performance of piglets by maintaining hepatic caloric homeostasis. A total of 30 litters of newborn piglets were tracked, and 30 postnatal (PGR) piglets and 40 healthy piglets were selected to treat with normal saline with or without BHB (25mg/kg/ days) at 7-d-old. At the age of 42 days, 8 piglets in each group were sacrificed, and serum and liver were collected. Compared with the healthy-control group piglets, PGR piglets showed lower body weight (BW) and liver weight ($P < 0.05$), and exhibited liver injury and higher inflammatory response. The contents of serum and hepatic BHB were lower ($P < 0.05$), and gene expression related to hepatic ketone body production were down-regulated in PGR piglets ($P < 0.05$). While BHB treatment increased BW and serum BHB levels, but decreased hepatic BHB levels in PGR piglets ($P < 0.05$). BHB alleviated the liver injury by inhibiting the apoptosis and inflammation in liver of PGR piglets ($P < 0.05$). Compared with the control group, liver glycogen content and serum triglyceride level of PGR piglets were increased ($P < 0.05$), liver gluconeogenesis gene and lipogenesis gene expression were increased ($P < 0.05$), and liver NAD^+ level was decreased ($P < 0.05$). BHB supplementation increased the ATP levels in serum and liver ($P < 0.05$), whereas decreased the serum glucose, cholesterol, triglyceride and high-density lipoprotein cholesterol levels and glucose and lipid metabolism in liver of PGR piglets ($P < 0.05$). Therefore, BHB treatment might alleviate the liver injury and inflammation, and improve hepatic energy metabolism by regulating glucose and lipid metabolism, thereby improving the growth performance of PGR piglets.

Keywords: β-hydroxybutyrate, Liver injury, Lipid, Postnatal growth retardation, Piglets

---

基金项目：国家自然科学基金项目（U20A2054, U22A20510, 32072745, 32102571, 32130099）

作者简介：王城名（1997—），男，云南大理人，硕士研究生，畜牧专业。手机：18206959121 E-mail: 412438716@qq.com

*通信作者：王婧，教授，E-mail：jingwang023@hunau.edu.cn；谭碧娥，教授，E-mail：bietan@hunau.edu.cn

6525 不同品种断奶仔猪胰岛素样生长因子系统比较研究

豆梦莹 1,2，程雅婷 1,2，丁素娟 1，刘洋 1，宋博 1,2，孔祥峰 1,2*

（1. 中国科学院亚热带农业生态研究所，动物营养生理与代谢过程湖南省重点实验室，湖南 长沙 410125；

2. 中国科学院大学，现代农业科学学院，北京 100039）[33]

摘要：仔猪的生长发育不仅与日粮类型和营养水平有关，还与品种、激素分泌、断奶应激等因素密切相关。胰岛素样生长因子（IGFs）是调控动物生长发育的关键激素，其作用的发挥受到胰岛素样生长因子系统的调控。胰岛素样生长系统由 IGFs、IGF 受体（IGF-Rs）和 IGF 结合蛋白（IGFBPs）组成。本研究旨在比较断奶前后三个品种猪 IGFs、IGF-Rs 和 IGFBPs 浓度和表达的差异。试验选用胎次、窝产仔数接近的健康桃源黑猪、湘村黑猪和杜洛克猪各 10 窝，1~21 日龄仔猪只饲喂母乳，21 日龄断奶后饲喂相同日粮。分别于 21 和 24 日龄（断奶后 3 天）从每窝中选取 1 头接近平均体重的仔猪，每个品种各 10 头，前腔静脉采血，检测血浆 IGFs 和 IGFBPs 的浓度；采集胃、十二指肠、空肠、回肠、脾脏、肝脏、肾脏和背最长肌样品，计算器官指数，检测组织中 IGFs、IGF-Rs 和 IGFBPs 的基因表达水平。结果表明：1）21 日龄桃源黑猪血浆 IGFBP-3 水平显著高于湘村黑猪和杜洛克猪（P<0.05），桃源黑猪和湘村黑猪脾脏中 *IGF-1* 和肝脏中 *IGF-1R* 的表达水平显著高于、肾脏中 *IGF-1* 的表达水平显著低于杜洛克猪（P<0.05）；2）在 24 日龄，桃源黑猪肾脏 *IGF-1* 的表达水平显著高于湘村黑猪和杜洛克猪（P<0.05），桃源黑猪和湘村黑猪肝脏中 *IGF-1R* 的表达水平显著高于、胃中 *IGFBP*-3 以及肝脏中 *IGFBP-4* 的表达水平显著低于杜洛克猪（P<0.05）；3）断奶应激显著下调了三个品种仔猪肝脏、脾脏和空肠中 *IGF-1* 的表达水平（P<0.05），显著上调了杜洛克猪胃中 *IGFBP-3*、肝脏中 *IGFBP-4*、回肠中 *IGFBP-5* 以及空肠中 *IGFBP-6* 的表达水平（P<0.05）；4）相关性分析发现，血浆中 *IGFBP-2* 和 *IGFBP-5* 的水平与仔猪的器官指数呈负相关。综上所述，不同品种猪 IGF 系统的组织表达谱存在显著差异，桃源黑猪和湘村黑猪 *IGFBPs* 的表达下调，IGFBPs 对器官的发育具有抑制作用；不同品种仔猪 IGF 系统的表达对断奶应激的响应存在显著差异，断奶应激通过下调 *IGF-1* 的表达减缓了仔猪的生长发育。这为缓解断奶应激对仔猪生长的不利影响提供了参考。

关键词：地方品种猪；胰岛素样生长因子；受体；结合蛋白；断奶应激

资助项目：国家自然科学基金委区域创新发展联合基金重点项目（U20A2056）

[33]通讯作者：孔祥峰（1974-），研究员，博士研究生导师，主要从事单胃动物营养研究，电话：13875897169；E-mail：nnkxf@isa.ac.cn。

作者简介：豆梦莹（1995-），女，河南新乡人，博士研究生，从事动物营养与饲料科学研究，电话：18437958239；E-mail：18437958239@163.com。

6532 不同品种猪胆汁酸代谢特征发育模式的比较研究

王沛 1,2，祝倩 1，丁素娟 1，程雅婷 1,2，李凤兰 2，孔祥峰 1,2*

（1. 中国科学院亚热带农业生态研究所，动物营养生理与代谢过程湖南省重点实验室，湖南 长沙 410125；

2. 东北农业大学，生命科学学院，黑龙江 哈尔滨 150036）[34],

摘要：胆汁酸（BAs）作为全身性调节分子，其代谢水平对于猪特别是断奶仔猪的生长发育和机体健康有着较大的影响，然而目前尚不清楚不同品种猪胆汁酸代谢的差异。本研究旨在比较不同品种猪胆汁酸的代谢差异。以杜洛克猪（DR 猪）、桃源黑猪（TB 猪）和湘村黑猪（XB 猪）为试验动物，分别于 21（断奶当天）、24 和 185 日龄时屠宰采样，每个品种 8 头，利用 LC-MS 技术分析血浆和结肠内容物中胆汁酸的浓度，利用 qPCR 技术测定肝脏、回肠和结肠中胆汁酸代谢相关基因的表达水平。结果表明：1）各日龄三个品种猪血浆总胆汁酸浓度未见显著差异；21 日龄时，DR 猪血浆 12-ketoLCA 浓度显著低于其他品种猪（P<0.05）；24 日龄时，TB 猪血浆 HDCA 浓度显著低于 XB 猪（P<0.05），且仅在 XB 猪血浆中检测到 ACA；185 日龄时，XB 猪血浆结合胆汁酸浓度显著低于、CA 浓度显著高于 TB 猪（P<0.05）。2）21 日龄时，XB 猪结肠内容物中 UDCA 浓度显著高于其他品种猪（P<0.05），TB 猪结肠内容物中 THCA 浓度显著高于 DR 猪（P<0.05）；24 日龄时，DR 猪结肠内容物中 alloLCA、LCA、isoLCA、12-ketoLCA、β-MCA 和 GLCA 浓度显著低于其他品种猪（P<0.05），XB 猪结肠内容物中 bate-CA 浓度显著高于 DR 猪（P<0.05）；185 日龄时，DR 猪结肠内容物中 7-ketoLCA、CDCA、GHDCA、GCDCA 和 GCA 浓度显著低于、alpha-MCA 浓度显著高于其他品种猪（P<0.05）。3）21 日龄时，DB 猪肝脏中 *CYP7A1* 和 XB 猪肝脏中 *CYP8B1* 的表达水平显著高于、TB 猪肝脏中 *CYP27A1* 表达水平显著低于其他品种猪（P<0.05），TB 和 XB 猪回肠中 *OSTβ*的表达水平显著高于、回肠和结肠中 *TGR5* 的表达水平显著低于 DR 猪（P<0.05）；24 日龄时，DR 猪肝脏中 *MRP2*、*MRP3*、*BESP* 的表达水平显著低于而其回肠中 *MRP2*、*MRP3* 和 *FXR* 的表达水平显著高于其他品种猪（P<0.05），结肠中 *FXR* 的表达水平显著低于 XB 猪（P<0.05）；在 185 日龄时，TB 猪肝脏中 *CYP7A1* 和结肠中 *FXR* 的表达水平显著高于、回肠中 *IBABP* 和 *TGR5* 的表达水平显著低于其他品种猪（P<0.05）。综上所述，不同品种猪胆汁酸代谢存在显著差异，具体表现为胆汁酸合成与重吸收过程的差异，且

资助项目：国家自然科学基金委区域创新发展联合基金重点项目（U20A2056）

作者简介：王沛（1998-），男，陕西安康人，硕士研究生，从事猪肠道微生态调控研究，电话：18291510717；E-mail：1584112180@qq.com。

[34]通讯作者：孔祥峰（1974-），研究员，博士研究生导师，主要从事单胃动物营养研究，电话：13875897169；E-mail：nnkxf@isa.ac.cn。

对不同种类胆汁酸的重吸收可能具有选择性。与 DR 猪相比，哺乳期 XB 和 TB 猪的胆汁酸合成能力较低，而重吸收能力较高；断奶后 XB 和 TB 猪的胆汁酸合成能力则较高，而重吸收能力较低。

关键词：不同品种猪；胆汁酸；基因表达

6533 三个品种猪内源抗菌肽表达规律的比较研究

辛烨 1,2，祝倩 1，丁素娟 1，程雅婷 1,3，谭碧娥 2，孔祥峰 1*

（1. 中国科学院亚热带农业生态研究所，动物营养生理与代谢过程湖南省重点实验室，湖南 长沙 410125；

2. 湖南农业大学，动物科学技术学院，湖南畜禽安全生产协同创新中心，湖南 长沙 410128）

摘要：本试验旨在探究不同日龄三个品种猪各组织中内源抗菌肽表达水平的差异及其变化规律，为解释我国地方品种猪的抗逆性状提供依据。（材料与方法）分别于 21（断奶当天）、24 和 185 日龄选取杜洛克猪、湘村黑猪和桃源黑猪各 10 头，屠宰后采集胃、十二指肠、空肠、回肠、肝脏、肾脏和脾脏等组织，利用荧光定量 PCR 技术分析各组织中 pBD-2、pBD-3、PR-39、PG-1 和 PAMP-37 等基因的表达水平。结果表明：（1）21 日龄时，湘村黑猪各组织（空肠除外）中 pBD-2 的表达水平显著低于杜洛克猪（P<0.05），空肠、肝脏、肾脏和脾脏中 PR-39 和 PG-1 的表达水平显著低于杜洛克猪和桃源黑猪（P<0.05），而胃、十二指肠和脾脏中 PAMP-37 的表达水平显著高于杜洛克猪（P<0.05）。（2）24 日龄时，湘村黑猪胃和肝脏中 pBD-2 以及胃中 PAMP-37 的表达水平显著低于、肝脏和脾脏中 pBD-3 以及胃和肾脏中 PG-1 的表达水平显著高于杜洛克猪（P<0.05），十二指肠和回肠中 PR-39 的表达水平显著高于杜洛克猪和桃源黑猪（P<0.05）。（3）185 日龄时，湘村黑猪胃、回肠和肝脏中 pBD-2，回肠中 pBD-3，肝脏和回肠中 PR-39，以及十二指肠、回肠和脾脏中 PAMP-37 的表达水平均显著高于杜洛克猪（P<0.05）；胃中 PG-1 的表达水平显著高于杜洛克猪和桃源黑猪（P<0.05）。（4）随日龄的增加，杜洛克猪胃和空肠中 pBD-2 以及十二指肠中 PAMP-37 的表达水平呈下降趋势，胃、空肠和肾脏中 PG-1 以及胃、肝脏和肾脏中 PAMP-37 的表达水平呈上升趋势；湘村黑猪十二指肠、肾脏和脾脏中 pBD-2 的表达水平呈上升趋势，十二指肠和肝脏中 pBD-3 和 PR-39 的表达水平呈先升后降趋势，而十二指肠和回肠中 PG-1 和 PAMP-37 的表达水平呈先降后升趋势；桃源黑猪回肠和肾脏中 pBD-2 以及脾脏中 PG-1 的表达水平呈上升趋势，胃、十二指肠、空肠和脾脏中 pBD-3 以及肾脏和脾脏中 PAMP-37 的表达水平呈先升后降趋势。综上所述，21 日龄湘村黑猪抗菌肽的表达水平低于杜洛克猪和桃源黑猪，24 日龄湘村黑猪与杜洛克猪抗菌肽基因的表达水平接近，185 日龄时三品种猪抗菌肽基因的表达水平相近；随着日龄的增加，湘村黑猪和桃源黑猪抗菌肽的表达水平呈先升后降趋势，而杜洛克猪呈平缓的上升趋势。

关键词：桃源黑猪；湘村黑猪；杜洛克猪；抗菌肽；基因表达；断奶应激

资助项目：国家自然科学基金委区域创新发展联合基金重点项目（U20A2056）

作者简介：辛烨（2000-），男，山东日照人，硕士研究生，从事猪的营养与免疫调控研究，电话：13562397715；E-mail：1519199817@qq.com。

* 通讯作者：孔祥峰（1974-），研究员，博士研究生导师，主要从事单胃动物营养研究，电话：13875897169；E-mail：nnkxf@isa.ac.cn。

6535 Effects of Palygorskite clay adsorbed nano zinc oxide on the composition of the microorganisms in the intestine of the weaning piglets

Changwei Zhang, Junzhou Mao, Hongrong Wang, Li Dong, Lihuai Yu *

(College of Animal Science and Technology, Yangzhou University, Yangzhou, Jiangsu province 215009, People's Republic of China)

Abstract: This study was to investigate the effects of PNZ supplementation on intestinal microbial barrier function of weaned pigs. A total of 210 21-day-old piglets with similar body weight were randomly allocated into 7 groups: control group (CON), antibiotic group (ANT), ZnO group (ZO), nano-ZnO group (NZO) and low, middle and high PNZ groups (LPNZ, MPNZ, HPNZ). The seven groups were fed with control diets supplemented with antibiotics, 3,000 mg/kg ZnO, 800 mg/kg nano-ZnO,700,1 000,1 300 mg/kg PNZ, respectively. The results showed that the number of OTUs in the jejunum, ileum and colon increased in PNZ (P<0.05). In the jejunum and ileum, the α diversity of the flora in the PNZ increased. In the colon, compared with the CON and LPNZ, the α diversity of the colonic flora in the ANT increased (P<0.05). In the jejunum, the Firmicutes of ANT was increased, and Fusobacteria of MPNZ was decreased (P<0.05). In the ileum, Bacteroidetes, Tenericutes and Actinobacteria in the HPNZ were higher than other treatment (P<0.05). In the colon, Fusobacteria and Tenericutes in the PNZ was lower than NZO (P<0.05). In the jejunum, Lactobacillus in the CON and ANT was increased, and Clostridium and Faecalibacterium was decreased (P<0.05). In the ileum, compared with the ZO, the Clostridium in the PNZ was increased, and Escherichia-Shigella was decreased (P<0.05). In conclusion, the addition of PNZ in the diet of weaned piglets could protect the development of intestinal mucosa and the stability of flora, so as to reduce the weaning pressure and reduce the diarrhea of weaned piglets.

KEYWORDS: Palygorskite clay adsorbed nano zinc oxide; intestinal microbial barrier; weaned piglets

6539 Construction of immune stress model of weaned piglets by Salmonella challenging

Changwei Zhang, Haoyang Yuan, Jun Liu, Hongrong Wang, Lihuai, Yu Li Dong,*

(College of Animal Science and Technology, Yangzhou University, Yangzhou, Jiangsu province 215009, People's Republic of China)

Abstract: Establishing animal intestinal inflammation model plays an important role in the study of the mechanisms and its nutritional regulation of intestinal inflammatory diseases. Currently, lipopolysaccharide (LPS) was mostly used to construct acute immune stress models. However, LPS cannot fully simulate the bacteria-induced immune response in pig production. This experiment was to study the immune stress model of piglets simulated by *salmonella enterica* (*SE*) infection. Forty 28-day-old piglets were selected and randomly divided into 5 groups: control group (CTR), lipopolysaccharide group (LPS), low-dose *SE* group (LSE), medium-dose *SE* group (MSE) and high-dose *SE* group (HSE). After 14 days, the CTR group was orally given saline, the LPS group was intraperitoneally given 100μg/kg body weight (BW) LPS, and the *SE* group was given orally 1×10^9 CFU, 2×10^9 CFU and 3×10^9 CFU *SE*, respectively. Rectal temperature was measured and venous blood was collected at 4h, 8h, 12h, 24h and 36h after challenging, 6 pigs from each group were randomly selected and slaughtered. The results showed that the rectal temperature of weaned piglets increased at 8h after LPS or *SE* challenging ($p<0.05$), daily BW gain was decreased in *SE* and LPS groups ($p<0.05$). The colon length of weaned piglets was decreased in *SE* ($p<0.05$). The ratio of villus crypt (V/C) was reduced in jejunum ($p<0.01$) and ileum ($p<0.05$) of HSE. The number of goblet cells in the villi and crypt was reduced in jejunum and ileum of LPS and *SE* ($p<0.05$). The levels of IL-6, IL-8, IL-12 and TNF-α in the serum were increased at 24h after challenging of MSE ($p<0.05$), the level of IL-1β and TNF-α in the intestine were increased ($p<0.05$). The number of $CD3^+CD4^+$ T-lymphocytes were decreased in the of HSE ($p<0.05$), and the ratio of $CD4^+/CD8^+$ T-lymphocyte was significantly decreased at 24h after challenging in the blood of MSE group. In conclusion, *SE* challenge decreased daily BW gain and disrupted intestinal villus development in weaned piglets. The levels of pro-inflammatory cytokines were increased and the levels of $CD4^+/CD8^+$ T lymphocytes were decreased in intestinal and serum of weaned piglets. Oral 2×10^9 CFU *SE* for 24h were recommended to construct immune model of weaned piglets.

Keywords: *salmonella*; immune stress model; weaned piglets; lipopolysaccharide; intestine; cytokines

6540 肠道类器官模型的构建和应用研究进展

邱广志，喻礼怀，张昌卫，董丽

(扬州大学动物科学与技术学院，扬州 225009) [35]

摘要：肠道类器官是体外研究肠道干细胞和肠上皮细胞较好的工具，应用前景广泛，建立并优化肠道类器官模型，对于肠道干细胞和肠上皮细胞的基础研究和临床疾病的调控具有重要意义。肠道类器官（IOs）模型的构建是一项技术突破，活体分离的隐窝干细胞在体外培养形成立体的隐窝-绒毛结构，该过程区别于常见的肠上皮细胞体外培养，可更好地用于研究肠道干细胞的功能和肠上皮细胞稳态。最常见的是二维（2D）和三维（3D）肠道类器官模型，2D 单层细胞培养一直是药物研发的主要手段，但对于某些应用而言，它们并非理想选择，在疾病建模中的作用较小。因此，研究人员多年来一直致力于开发 3D 培养系统，以更好地体现体内细胞反应，包括预测药物反应。肠道类器官模型可以应用于疾病建模、疾病治疗药物的开发、疾病发生机制的研究和营养物质对肠道健康的干预机制研究。总的来说，肠道类器官在基因水平和形态特点上能够很好地模拟患者体内相应的组织，也适用于高通量的药物筛选，同时为疾病的个性化治疗提供了研究模型。本文主要从肠道类器官的定义和发展历程出发，综述了肠道类器官在疾病建模等领域的应用，重点总结了人、鼠和猪肠道类器官的构建方法。肠道类器官是体外研究肠道干细胞和肠上皮细胞较好的工具，应用前景广泛，建立并优化肠道类器官对于肠道干细胞和肠上皮细胞的基础研究和临床疾病的调控具有重要意义。总体而言，类器官在模拟发育和疾病、作为药物测试工具和治疗方法方面具有巨大潜力。

关键词：肠道类器官；模型构建；人；鼠；猪

---

[35] 基金项目:2022 年江苏省研究生科研与实践创新计划项目（SJCX22-1799）；苏北科技专项——富民强村科技帮促项目（SZ-HAX202205）

作者简介：邱广志，男，硕士，E-mail： xiaonanhaiqiu@163.com

通信作者：董丽，副教授，硕士生导师，E-mail: donglijiayou@126.com

6545母体甲基供体添加对新生IUGR猪肠道功能及基因组DNA甲基化的影响

林燕#，吴江楠#，冯斌，方正锋，徐盛玉，卓勇，李健，花伦，吴德，车炼强*

（四川农业大学，成都，611130）

摘要：高产母猪选育使其产仔数不断增加，同时伴随着仔猪出生重下降以及宫内发育迟缓（IUGR）发生率的上升，导致其断奶前死亡率高。试验旨在探究 IUGR 肠道基因组 DNA 甲基化模式及妊娠母猪补充甲基供体能否通过一碳代谢修正新生 IUGR 仔猪肠道基因组 DNA 异常甲基化，从而改善 IUGR 仔猪肠道生长发育和健康。试验选用 40 头背膘、胎次相近且健康的 LY 妊娠母猪，随机分配到对照组（CON）和试验组（MET，甲基供体组）。母猪从妊娠第一天开始供给相应试验日粮，直至分娩，分娩后所有母猪自由采食同一饲粮，仔猪 25 日龄断奶。每组仔猪吃到初乳前各选择 8 对 IUGR 和 NBW 仔猪进行屠宰取样。试验结果如下：（1）妊娠期饲粮添加甲基供体显著增加母猪泌乳期采食量和仔猪断奶窝重（P<0.05），有增加仔猪平均断奶重和降低弱仔发生率的趋势（P<0.10）。（2）出生时 IUGR 仔猪血浆苏氨酸和丝氨酸浓度显著高于 NBW 仔猪，半胱氨酸浓度显著低于 NBW 仔猪；而甲基供体组显著降低母猪分娩时血浆总氨基酸、尿素、缬氨酸、异亮氨酸等浓度（$P<0.05$），显著增加新生仔猪血浆组氨酸浓度（P=0.01）。（3）出生时 IUGR 仔猪回肠蛋氨酸合酶活性显著高于 NBW 仔猪，而添加甲基供体显著增加新生仔猪空肠乳糖酶、蔗糖酶活性（P＜0.05）；显著降低新生仔猪回肠蛋氨酸合酶活性，增加甜菜碱高半胱氨酸 S 甲基转移酶活性（P＜0.05）。（4）甲基化分析发现，新生 IUGR 仔猪回肠组织 DNA CG 位点平均甲基化水平低于 NBW 仔猪（P=0.03）；CON 和 MET 组后代 IUGR 仔猪回肠组织 DNA 甲基化也存在明显差异；GO 富集分析发现涉及的生物过程包括组蛋白乙酰化、配子 DNA 甲基化建立、凋亡过程、叶酸结合、叶酸受体、内皮细胞增殖等；对 dDNA 启动子甲基化差异区域（DMRs）修饰的基因进行 GO 富集分析发现，涉及的生物过程包括趋化因子受体结合、质膜组成、Wnt 信号通路、凋亡途径等；进一步两两比较启动子 DMRs 修饰的基因（DMRGs），找到了启动子甲基化水平升高或降低的关键 DMRGs。综上所述，母猪妊娠期饲粮添加甲基供体能够改善繁殖性能，并可能通过影响后代蛋白质周转、提高肠道消化酶活性从而促进 IUGR 仔猪生长发育。IUGR 猪生理缺陷与其 DNA 甲基化模式异常有关，母猪妊娠期饲粮添加甲基供体能够改变新生仔猪肠道一碳代谢关键酶活性，影响其 DNA 甲基化模式和生物过程进而改变后代 IUGR 仔猪的生长发育。

6547 Effects of dietary fiber on growth performance, nutrient digestibility and intestinal health in different pig breeds

Jiahao Liu 1,2, Xiangfeng Kong 3,* , Jun He 1,2,*

(1. Institute of Animal Nutrition, Sichuan Agricultural University, Chengdu, Sichuan 611130, P. R. China; 2. Key Laboratory of Animal Disease-resistant Nutrition, Chengdu, Sichuan 611130, P. R. China; 3. Institute of Subtropical Agriculture, Chinese Academy of Sciences, Changsha, Hunan 410125, P. R. China) [36],

Abstract: To explored the effect of dietary fiber on growth performance and intestinal health in different pig breeds, forty Taoyuan and Duroc pigs (pure breeds) with 60 days of age were randomly divided to a 2 (diet) × 2 (breed) factorial experiment (n=10), and fed with a basal diet (BD) or high-fiber diet (HFD). The trial lasted for 28 d, and result showed that the Taoyuan pig had a higher average daily feed intake (ADFI) than the Duroc pig ($p < 0.05$). The average daily gain (ADG) and digestibilities of gross energy (GE) and crude protein (CP) were higher in Taoyuan pig than in the Duroc pig under HFD feeding ($p < 0.05$). HFD increased the superoxide dismutase (SOD) and catalase (CAT) activity in Taoyuan pig ($p < 0.05$). Interestingly, Taoyuan pig had a higher jejunal villus height and the ratio of villus height to crypt depth (V/C) than the Duroc pig. HFD significantly improved the villus height and V/C ratio in duodenum and jejunum ($p < 0.05$). HFD also increased the jejunal maltase and ileal sucrase activities in Duroc and Taoyuan pig, respectively ($p < 0.05$). Taoyuan pig had a higher expression level of duodenal fatty acid transport proteins-1 (*FATP-1*) than the Duroc pig ($p < 0.05$). Furthermore, HFD acutely improved the expression levels of ileal *SGLT-1* and *GLUT-2*, and the expression levels of jejunal *occludin* and *claudin-1* in Taoyuan pig ($p < 0.05$). Importantly, Taoyuan pig had a higher colonic *Bifidobacterium* abundance than the Duroc pig ($p < 0.05$). HDF not only elevated the colonic *Lactobacillus* abundance and butyrate acid content in Taoyuan pig, but also increased the acetic and propionic acid contents in both the two pig breeds ($p < 0.05$). These results indicated a difference in dietary fiber (DF) utilization by the two pig breeds, and results may also suggest a beneficial character of DF in regulating the intestinal health.

Keywords: Dietary Fiber; Nutrition; Intestinal Barrier Function; Volatile Fatty Acid; Pigs

---

* 通讯作者，何军，教授，E-mail：hejun8067@163.com；孔祥峰，教授，E-mail：comnnkxf@isa.ac.cn

项目基金: 国家科学自然基金 (no. U20A2056); 四川省重点研发计划项目(2020YFN0147)。

[36] 刘嘉豪，男，四川眉山人，硕士研究生，动物营养与饲料专业，手机: 18200399635, E-mail：1379311072@qq.com；

6554 Influences of wheat bran fiber on growth performance, nutrient digestibility, and intestinal epithelium functions in Xiangcun pigs

Jiahao Liu 1,2, Xiangfeng Kong 3,* , Jun He 1,2,*

(1. Institute of Animal Nutrition, Sichuan Agricultural University, Chengdu, Sichuan 611130, P. R. China; 2. Key Laboratory of Animal Disease-resistant Nutrition, Chengdu, Sichuan 611130, P. R. China; 3. Institute of Subtropical Agriculture, Chinese Academy of Sciences, Changsha, Hunan 410125, P. R. China) [37],

Abstract: Dietary fiber (DF) has long been looked as an essential "nutrients" both for animals and humans as it can promote the intestinal tract development and modulate the intestinal epithelium functions and the gut microbiota. This study was conducted to investigate the influences of wheat bran fiber (WBF) on growth performance and intestinal epithelium functions in Xiangcun pigs. Twenty Xiangcun pigs with 60 days of age were divided to two groups and exposed to a basal diet (BD) or BD containing 4.3% wheat bran fiber (WFD). WFD improved the average daily gain (ADG) and feed-to-gain ratio (F:G) ($p < 0.01$). Moreover, WFD lowered the serum triglyceride (TC), D-lactate, and malonicdialdehyde (MDA) concentrations, but significantly improved the glutathione (GSH) activity and total antioxidant capacity (T-AOC) ($p < 0.05$). Interestingly, WFD observably improved the villus height (VH) and the villus height to crypt depth ratio (V/C) in the small intestine ($p < 0.05$). The jejunal sucrase and ileal maltase activities were higher in the WFD group ($p < 0.05$). WFD markedly elevated the tight junction protein ZO-1 and claudin-1 expression levels in the jejunum and ileum ($p < 0.05$). The sodium/glucose co-transporter 1 (*SGLT1*), glucose transporter 2 (*GLUT2*), and fatty acid transport proteins 4 (*FATP-4*) expression levels in jejunum and ileum were also elevated under WFD ($p < 0.05$). WFD decreased the IL-6 impression level in the duodenum and ileum, but significantly increased the IL-10 expression levels in jejunum and ileum ($p < 0.05$). Moreover, WFD reduced the abundance of *E. coli*, but elevated the abundances of beneficial microorganisms (e.g. *Lactobacillus* and *Bacillus*) and the production microbial metabolites (e.g. propionic acid and butyrate acid) in the cecum ($p < 0.05$).

Keywords: Dietary Fiber; Nutrition; Intestinal health; Bacteria; Pigs

---

* 通讯作者，何军，教授，E-mail：hejun8067@163.com；孔祥峰，教授，E-mail：comnnkxf@isa.ac.cn

项目基金: 国家科学自然基金 (no. U20A2056); 四川省重点研发计划项目(2020YFN0147)。

[37] 刘嘉豪，男，四川眉山人，硕士研究生，动物营养与饲料专业，手机: 18200399635, E-mail：1379311072@qq.com；

6567 潘氏细胞对呕吐毒素诱导的肠道炎症的影响

崔琛彬[1]，王心茹[1]，郑瑶[1]，李林灯[1]，王方珂[1]，魏宏逵[1]，彭健[1,2*]

（1. 华中农业大学动物科技学院、动物医学院，湖北 430070；2. 生猪健康养殖协同创新中心，湖北 430070）

摘要：呕吐毒素是谷物和饲料中常见的霉菌毒素，能够引发严重的小肠损伤和炎症，危害人类和畜禽的健康。潘氏细胞在维持肠道稳态中发挥了重要作用，呕吐毒素攻毒导致肠道潘氏细胞减少，然而潘氏细胞在呕吐毒素诱导的肠道炎症中的作用目前尚不清楚。本试验旨在研究潘氏细胞在保护呕吐毒素诱导的肠道炎症中的作用。本研究使用重金属螯合剂双硫腙（40 mg/kg）腹腔注射小鼠，每 3 天处理一次，从而将潘氏细胞数量保持在较低水平；采用灌胃呕吐毒素（2 mg/kg）连续 6 天攻毒小鼠；给小鼠灌胃溶菌酶（200 U/天）来挽救小鼠表型。利用组织化学染色和免疫染色来研究小鼠肠道损伤情况。利用 16S rRNA 测序来研究小鼠空肠微生物变化。利用肠道类器官研究溶菌酶改善呕吐毒素毒性的作用。结果表明：双硫腙处理降低了空肠中潘氏细胞标志物溶菌酶的水平。双硫腙介导的潘氏细胞长期破坏加重了呕吐毒素攻毒小鼠的肠道炎症，肠道损伤程度和炎性因子表达显著上升。双硫腙处理加剧了呕吐毒素诱导的肠道干细胞损失，干细胞标志物 Lgr5 和 Ascl2 的表达显著降低，小鼠隐窝底部凋亡细胞数量显著增加。相较于呕吐毒素处理，双硫腙联合呕吐毒素处理对空肠杯状细胞和肠内分泌细胞数量无显著影响，但能够增加隐窝中增殖细胞的数量。16S rRNA 测序发现，双硫腙处理导致小鼠肠道微生物发生显著变化，厚壁菌门丰度增加，拟杆菌门丰度降低，厚壁菌门/拟杆菌门的比例降低，并且有益菌如 Lactobacillus 和 Muribaculaceae 的丰度显著降低。在双硫腙联合呕吐毒素处理的同时，补充溶菌酶能够显著改善小鼠空肠炎症，降低肠道损伤评分和炎性因子的表达。溶菌酶处理还增加了肠道干细胞的数量，减少了隐窝凋亡细胞的数量，改善了机体对肠道菌群的控制。此外，体外试验还发现溶菌酶处理能够改善呕吐毒素攻毒条件下肠道类器官的生长和干细胞活性，降低了炎性因子的表达，提高了 Wnt/β-catenin 通路的活性。本研究发现了在呕吐毒素诱导的肠道炎症中，潘氏细胞能够控制肠道微生物的紊乱、减少肠道干细胞的损失，从而改善肠道炎症。我们的研究提出了一个新的靶点，即潘氏细胞，用于改善呕吐毒素诱导的肠道炎症。

关键词：潘氏细胞；呕吐毒素；肠道微生物；肠道干细胞；溶菌酶；Wnt/β-catenin 通路

基金项目：国家自然科学基金（U22A20511、31972578）、现代农业产业技术体系（CARS-36）

作者简介：崔琛彬（1996—），男，山东烟台人，博士研究生，动物营养与饲料科学专业。

手机：15071184906 E-mail: cuichenbin@webmail.hzau.edu.cn

*通信作者：彭健，教授，E-mail: pengjian@mail.hzau.edu.cn

6568 生物活性三肽对鼠伤寒沙门氏菌诱导的肠道炎症的影响

崔琛彬[1]，刘琪[1]，段兵兵[1]，刘相辰[1]，魏宏逵[1]，彭健[1,2*]

（1. 华中农业大学动物科技学院、动物医学院，湖北 430070；2. 生猪健康养殖协同创新中心，湖北 430070）

摘要：几十年来，鼠伤寒沙门氏菌一直是导致肠道疾病的重要病原体，并给世界各地的畜牧业带来巨大的经济冲击。鼠伤寒沙门氏菌入侵机体后，会被巨噬细胞识别并吞噬，鼠伤寒沙门氏菌的特定蛋白如鞭毛蛋白 fljB 和 fliC 能够引起巨噬细胞内炎性小体的过度激活，从而导致肠道炎症。本实验室前期创制了具有多种功能的生物活性三肽 BTP，并证明 BTP 具有抗炎和抗氧化等功能。因此，本研究旨在探讨 BTP 对鼠伤寒沙门氏菌诱导的肠道感染的保护作用及其潜在机制。本研究利用了体内模型（鼠伤寒沙门氏菌感染的 C57BL/6 小鼠）和体外模型（鼠伤寒沙门氏菌感染的 THP-1 细胞）来研究 BTP 的抗炎功能。利用组织化学染色和免疫染色观察肠道损伤。利用 qPCR 和 western blot 来检测肠道炎症水平。利用 PI 染色观察细胞死亡水平等。结果表明：在小鼠中，我们发现 BTP 显著改善了鼠伤寒沙门氏菌诱导的肠道损伤，降低了肝脏和脾脏的脏器指数和载菌量。进一步分析发现，在鼠伤寒沙门氏菌感染后，BTP 处理显著提高了紧密连接蛋白 ZO-1 的水平，降低了炎性因子的表达。在 THP-1 细胞中，BTP 处理可改善鼠伤寒沙门氏菌攻毒引起的细胞死亡，降低了炎性因子的水平和 IL-1β的活化。鼠伤寒沙门氏菌攻毒后，BTP 处理可显著抑制 THP-1 细胞中炎性小体的激活，降低了上清中成熟的 caspase-1 和 GSDMD 的水平，减少了 ASC 蛋白的寡聚化。值得注意的是，虽然 BTP 对鼠伤寒沙门氏菌的生长速率没有影响，但 BTP 能够降低鼠伤寒沙门氏菌的运动性，并且抑制了鼠伤寒沙门氏菌对 THP-1 细胞的粘附和侵袭。进一步研究发现，BTP 处理抑制了鼠伤寒沙门氏菌 fljB 和 fliC 的基因表达，这可能缓解了炎性小体的激活和抑制了鼠伤寒沙门氏菌的运动性。本研究发现了一种新的营养物质 BTP 可以在体内外减轻鼠伤寒杆菌诱导的感染。BTP 从肠道炎症、肠道屏障、器官肿大和细菌易位等方面提高宿主抵抗鼠伤寒杆菌感染的能力。此外，BTP 抑制鼠伤寒沙门氏菌鞭毛蛋白 fljB 和 fliC 的基因表达，导致细菌粘附和侵袭和炎症小体激活受到抑制。因此，我们的研究结果表明，具有抗炎和抗菌能力的 BTP 可被用于预防或治疗鼠伤寒沙门氏菌诱导的肠道炎症。

关键词：生物活性肽；鼠伤寒沙门氏菌；肠道炎症；炎性小体

基金项目：国家自然科学基金（U22A20511、31972578）、现代农业产业技术体系（CARS-36）

作者简介：崔琛彬（1996—），男，山东烟台人，博士研究生，动物营养与饲料科学专业。

手机：15071184906 E-mail: cuichenbin@webmail.hzau.edu.cn

*通信作者：彭健，教授，E-mail: pengjian@mail.hzau.edu.cn

6569 Nur77 调控潘氏细胞稳态的作用及机制

崔琛彬[1]，王心茹[1]，郑瑶[1]，吴林[1]，李林灯[1]，魏宏逵[1]，彭健[1,2*]

（1.华中农业大学动物科技学院、动物医学院，湖北 430070；2.生猪健康养殖协同创新中心，湖北 430070）

摘要：作为肠道先天免疫的一部分，潘氏细胞通过其多种功能在维持肠道稳态中发挥着重要作用。潘氏细胞能够分泌抗菌肽来调控肠道微生物，还能够支持肠道干细胞的功能。然而，目前的研究表明潘氏细胞的分化发育受到复杂而多样的调控。本实验室前期发现了维持肠道健康的关键蛋白 Nur77，而 Nur77 能否影响潘氏细胞稳态目前尚不清楚。本试验旨在研究核受体 Nur77 在肠道潘氏细胞稳态中的作用，为维持肠道健康提供新的见解。本试验利用 Nur77 敲除小鼠和 Nur77 激动剂 Csn-B 处理来研究在体内 Nur77 的失活或激活对潘氏细胞数量和功能的影响，利用组织化学染色和免疫染色观察肠道形态和各种肠上皮细胞，利用 16S rRNA 测序研究了 Nur77 敲除小鼠回肠微生物的变化。随后利用鼠伤寒沙门氏菌和肺炎克雷伯菌感染小鼠观察 Nur77 缺失对小鼠易感性的影响，最后利用肠道类器官、HEK293T 细胞和双荧光报告等材料和技术研究 Nur77 调控潘氏细胞稳态的机制。结果表明：Nur77 缺失导致小鼠回肠隐窝中潘氏细胞的数量减少和结构异常，Csn-B 处理提高了小鼠回肠中潘氏细胞的数量。Nur77 缺失的肠道组织或类器官表现出肠道干细胞生态位受损和潘氏细胞抗菌肽表达降低。Nur77 敲除小鼠的潘氏细胞稳态破坏导致小鼠小肠黏膜载菌量升高、微生物群紊乱，有益菌如 *Lactobacillus* 丰度减少，有害菌如 *Escherichia-Shigella* 丰度增加。Nur77 缺失加剧了鼠伤寒沙门氏菌诱导的肠道炎症和肺炎克雷伯菌诱导的坏死性小肠结肠炎。随后，我们发现 Nur77 缺失导致小鼠潘氏细胞分化和迁移受损，而 Csn-B 激活 Nur77 则能够促进潘氏细胞的分化。Nur77 缺失的肠道隐窝中的 Wnt/β-catenin 信号活性降低，利用 Wnt/β-catenin 信号通路的激动剂 CHIR99021 处理肠道类器官能够挽救潘氏细胞缺陷的表型。从机制上讲，Nur77 缺失促进了 Wnt/β-catenin 信号通路拮抗蛋白 Dact1 的表达，从而抑制了 Wnt/β-catenin 信号的活性。进一步研究发现，Nur77 能够直接转录抑制 Dact1 的表达以激活 Wnt/β-catenin 信号的活性，从而促进潘氏细胞的分化和功能。本研究阐明了 Nur77 在潘氏细胞分化和功能中的调节作用，以及 Nur77 直接抑制 Dact1 的表达以激活 Wnt/β-catenin 信号通路的潜在机制。这些发现为 Nur77 在坏死性小肠结肠炎和肠道健康中的角色提供了的新理解，提出了靶向 Nur77 的潜在治疗策略。

关键词：Nur77；潘氏细胞分化；肠道干细胞；肠道微生物；坏死性小肠结肠炎

基金项目：国家自然科学基金（U22A20511、31972578）、现代农业产业技术体系（CARS-36）

作者简介：崔琛彬（1996—），男，山东烟台人，博士研究生，动物营养与饲料科学专业。

手机：15071184906 E-mail: cuichenbin@webmail.hzau.edu.cn

*通信作者：彭健，教授，E-mail: pengjian@mail.hzau.edu.cn

6570 一株强纤维降解的发酵乳杆菌介导乙酸缓解肠道炎症性损伤研究

罗旭康 1,2，佟垚毅 1,2，米金秋 1,2，王庆凤 1,2，王悦 1,2，王艳维 1,2，马秋刚 1,2，黄世猛 1,2

（1. 中国农业大学动物科学技术学院，畜禽营养与饲养全国重点实验室，北京 100193；2. 北京京瓦农业科技创新中心，北京 100160）[38]

摘要：由于肠道炎症是困扰人类健康和畜禽健康养殖的重大问题，而目前高效治疗肠道炎症性损伤的方法并不完全有效，导致不同畜种出现持续和反复出现慢性炎症损伤。依据课题组前期研究，筛选到一株纤维降解能力强的发酵乳杆菌（CAUHSM13），其具有的强抗炎作用可有助于预防或治疗肠道炎症性损伤，但其缓解炎症性肠病的潜在机制作用仍不清楚。本试验探究了该株发酵乳杆菌对小鼠结肠炎症损伤和肠道菌群的影响。通过分析小鼠肠道菌群组成、肠道粘膜屏障功能、炎症细胞因子、粪便短链脂肪酸（SCFAs）含量、结肠中炎症和氧化损伤相关基因表达谱。结果表明，与对照组（DSS 组）相比，发酵乳杆菌可显著缓解小鼠体重减轻、腹泻、结肠缩短，降低小鼠疾病活动指数（DAI），降低结肠组织炎症损伤评分；显著降低血清中促炎细胞因子 IL-1β、IL-6、TNF-α和 DAO 的含量，降低结肠组织中炎症细胞因子 IL-1β、IL-6、TNF-α的含量，进而缓解结肠和全身性炎症；灌胃该株发酵乳杆菌，可通过增加结肠组织粘液层，上调紧密连接蛋白 Claudin-2、Occludin 和 ZO-1 的表达，进而增强小鼠肠道屏障功能；基于结肠组织炎症相关基因表达谱分析，发酵乳杆菌下调了结肠组织中促炎因子 TNF-α，IFN-γ，IL-1β，IL-6，COX-2 和 iNOS 的表达，并上调 IL-10 的表达。此外，发酵乳杆菌可显著改变肠道微生物的α多样性；与健康组（CON）相比，*Bifidobacterium*、*Desulfovibrio*、*Akkermansia*、*Romboutsia* 和 *Bacillus* 等微生物显著富集于发酵乳杆菌添加组；对结肠炎组（DSS）相比，*Faecalibaculum*、*Turicibacter* 和 *Romboutsia* 等微生物显著富集于发酵乳杆菌+结肠炎模型组。通过增加肠道中 SCFAs 产生菌，显著增加粪便中乙酸和总 SCFAs 的产生。此外，这些肠道微生物的代谢产物可以改变肠道微生物代谢功能，进而显著缓解肠道炎症性损伤。综上，发酵乳杆菌或代谢物改善肠道菌群组成，激活结肠抗炎基因相关的转录表达谱，促进肠道 SCFAs 和乙酸的分泌，显著缓解小鼠炎症损伤，发酵乳杆菌 CAUHSM13 在炎症性肠病治疗中具有较大的潜力。

关键词：发酵乳杆菌；炎症性肠病；肠道菌群；肠道屏障；短链脂肪酸；乙酸

---

[38] 基金项目：国家自然科学基金项目（32102568）

作者简介：**罗旭康**（2003—），男，江西上饶人，本科生，从事动物营养与饲料科学研究。手机：15107033033，E-mail: 941687734@qq.com

通信作者：**黄世猛**，副教授，E-mail：shimengh@cau.edu.cn

6571 液态发酵饲料对仔猪生产性能和肠道健康的影响

官小凤 1,2,3，钟晓霞 1,2,3，简悦 3，姚焰础 1,2,3，黄健 1,2,3，刘志云 1,2,3

（1 重庆市畜牧科学院 动物营养与饲料研究所，重庆 荣昌 402460；2 农业农村部 养猪科学重点实验室，重庆 荣昌 402460；3 国家生猪技术创新中心，重庆 荣昌 402460）[39]

摘要：【目的】探究液态发酵饲料对仔猪生产性能、养分消化率、血液指标、粪便微生物和粪臭物质的影响，为液态发酵饲料在仔猪生产中的应用提供理论依据。【方法】选取 60 头 28 日龄、体质量为（8.0±0.3）kg/头的健康长白×荣昌二元断奶仔猪，随机分为 3 组（每组 5 个重复，每个重复 4 头）：MF 组（饲喂干粉料）、LF 组（饲喂液态饲料）和 FLF 组（饲喂液态发酵饲料），试验期共 49 d，分为饲养试验和代谢试验。饲养试验 42 d，结束后测定各组仔猪生产性能、血液指标、粪便菌群及粪臭物质含量。饲养试验结束后，从每组选取 5 头体质量约 22 kg/头的猪，采用全收粪法进行代谢试验，预饲期 3d，正试期 4d，分别评价干粉料、液态饲料和液态发酵饲料的养分表观消化率。【结果】1）与 MF 组和 LF 组相比，FLF 组仔猪日采食量分别提高 19.52%和 12.14%（P＜0.01），日增体质量分别提高 21.11%和 23.64%（P＜0.01），料重比有下降趋势，但差异不显著（P＞0.05）；2）与 MF 组和 LF 组相比，FLF 组仔猪血清二胺氧化酶活性和 *D*-乳酸、脂多糖、IL-1β含量较 MF 组和 LF 组下降，IL-10 含量上升，但均差异不显著（P＞0.05）；3）与 MF 组和 LF 组相比，FLF 组 Shannon 指数显著降低（P＜0.05），Simpson 指数显著增大（P＜0.05）；FLF 组仔猪粪便中链球菌属相对丰度较 LF 组显著降低（P＜0.05），罕见小球菌属相对丰度较 MF 组显著降低（P＜0.05）；4）各组仔猪粪便中对甲酚、吲哚、粪臭素、挥发性脂肪酸含量无显著差异（P＞0.05）；5）各组饲料养分表观消化率无显著差异（P＞0.05）。【结论】液态发酵饲料可提高仔猪生产性能，降低粪便菌群多样性和潜在致病菌数量，对仔猪血液指标、粪便臭味物质含量和养分消化率无显著影响。

关键词：液态发酵饲料；仔猪；生产性能；粪便微生物

[39] [作者简介]官小凤（1992—），女，四川南充人，助理研究员，硕士，主要从事生物饲料研究。Tel:13627609867，E-mail:GGGUANXF@163.com,

6573 植物乳杆菌及其代谢产物介导 IL-22/AHR/MUC2 信号通路缓解肠道炎症性损伤

李诗诺 1,2，王毓甜 1,2，罗旭康 1,2，佟垚毅 1,2，王悦 1,2，王艳维 1,2，马秋刚 1,2，黄世猛 1,2

（1. 中国农业大学动物科学技术学院，畜禽营养与饲养全国重点实验室，北京 100193；2. 北京京瓦农业科技创新中心，北京 100160）[40]

摘要：本试验探究了实验室保存的一株植物乳酸杆菌对小鼠结肠炎症损伤的缓解效果与作用机理。通过构建不同预处理的结肠炎小鼠模型，借助生理生化、肠道组织病理学、16S 微生物多样性测序、非靶标代谢组、实时荧光定量 PCR 分析等方法分析小鼠炎症细胞因子、肠道黏膜屏障功能、肠道菌群、粪便代谢物谱，并结合细胞培养试验验证和解析其作用机制。结果表明，与对照组（DSS 组）相比，植物乳酸杆菌（*L. plantarum*）可显著缓解小鼠结肠炎症情况和结肠缩短，降低小鼠疾病活动指数（DAI），提高小鼠生存率；灌胃 *L. plantarum* 可显著降低血清中促炎细胞因子 IL-1β、IL-6、TNF-α和 MPO 的含量，显著降低结肠组织中炎症细胞因子 IL-6、TNF-α和 MPO 的含量，进而缓解全身性和结肠炎症损伤；灌胃 *L. plantarum* 可通过降低结肠组织炎性评分，增加结肠组织粘液层厚度，上调结肠组织中 Ki67、E-cad 和 MUC2 的表达，进而增强结肠上皮细胞增殖分化能力；降低细胞凋亡，显著改善结肠组织微环境；此外，灌胃 *L. plantarum* 可显著改变肠道微生物的α多样性（Ace 指数、Chao 指数、Shannon 指数和 Sobs 指数）；PCoA 结果表明不同预处理小鼠的肠道菌群发生显著分离；与对照组（DSS 组）相比，*Lactobacillus*（乳酸杆菌属）等有益菌显著富集于 *L. plantarum* 添加组，而植物乳酸杆菌热灭活组没有富集到潜在益生菌；结合 GC-MS 分析，发现灌胃 *L. plantarum* 可通过增加小鼠粪便中 SCFAs 含量，进而发挥较强的抗炎效果。基于非靶标代谢组结果，与对照组（DSS 组）相比，灌胃 *L. plantarum* 可显著上调小鼠粪便中 FAHFA (20:5/18:2)、4-(octyloxy)benzoic acid、Dodecanedioic acid、Eicosapentaenoic acid、FAHFA (18:2/18:0)、Eriodictyol 和 Carbaprostacyclin 等代谢物含量；结合 HT-29 细胞系培养，发现 *L. plantarum* 可显著降低细胞上清中促炎细胞因子 IL-1β、IL-6、TNF-α、IL-8 的含量，显著增加 IL-13 和 IL-22 的含量，显著降低细胞中 *IL-1β*、*IL-6*、*TNF-α*、*IL-8* 的 mRNA 表达量，上调紧密连接蛋白 *OCLN*、*CLDN1* 和 *TJP1* 的 mRNA 表达量；基于真核转录组分析，*L. plantarum* 可显著

---

[40] 基金项目：国家自然科学基金项目（32102568）

作者简介：**李诗诺**（2002—），女，辽宁铁岭人，本科生，从事动物营养与饲料科学研究。手机：15641036127，E-mail: 3419883122@qq.com

通信作者：**黄世猛**，副教授，E-mail：shimengh@cau.edu.cn

上调抗炎、抗凋亡等基因表达谱，例如 *EGR1*、*IFTIM1*、*MX2*、*TFF1*、*SLC10A5*、*IL23R* 和 *CMPK2* 等，以上上调差异基因主要参与 retinoic acid metabolic process 和 organic acid binding 等过程。综上，植物乳酸杆菌及其代谢产物通过改善肠道菌群组成，激活结肠组织中抗炎基因转录表达谱，通过激活 IL-22/AHR/MUC2 信号通路，显著改善肠道黏膜屏障功能，进而缓解小鼠炎症损伤。由此可知，该株植物乳酸杆菌在防治人类和畜禽炎症性肠病中具有较大的潜力。

关键词：植物乳酸杆菌；炎症性损伤；肠道菌群；肠道黏膜屏障；短链脂肪酸；IL-22/AHR/MUC2 通路

6578 母鼠青春期和成年期采食低蛋白饲粮加重其后代高脂饮食诱导的脂质代谢紊乱

黄晓华 1，卓勇 2，方正峰 3，车炼强 4，林燕 5，徐盛玉 6，花伦 7，吴德 8，冯斌 9*

（1.四川农业大学动物营养研究所，成都 611130；2.四川农业大学动物营养研究所，成都 611130；3 四川农业大学动物营养研究所，成都 611130；4.四川农业大学动物营养研究所，成都 611130；5.四川农业大学动物营养研究所，成都 611130；6.四川农业大学动物营养研究所，成都 611130；7.四川农业大学动物营养研究所，成都 611130；8.四川农业大学动物营养研究所，成都 611130；9.四川农业大学动物营养研究所，成都 611130）[41]

摘要：母体妊娠期或泌乳期低蛋白饲粮会引起后代代谢综合征的发生，但母体妊娠前低蛋白饲粮对后代脂代谢的影响还未见报道。本试验旨在探究母体青春期和成年期采食低蛋白饲粮对后代糖脂代谢稳态的影响及其可能机制。选取 5 周龄的 C57BL/6J 雌鼠，随机分为 2 组，分别饲喂低蛋白饲粮（LP，8%酪蛋白）和正常蛋白饲粮（NP，20%酪蛋白）至 16 周龄。然后与饲喂正常日粮的雄性小鼠配种。LP 组和 NP 组的雄性后代在第四周龄分别随机分为两组，饲喂正常饲粮（10%的能量来自脂肪，NP-Chow 组和 LP-Chow 组）或高脂饲粮（60%的能量来自脂肪，NP-HFD 组和 LP-HFD 组）16 周。结果表明：1）与正常蛋白组相比，母体青春期和成年期采食低蛋白饲粮不影响母体的采食量和体重水平（P>0.05）。2）与母体采食正常蛋白饲粮相比，母体青春期和成年期采食低蛋白饲粮并不改变子代在正常饲粮饲喂下的胰岛素敏感性和肝脏脂质稳态（P>0.05）。3）母体青春期和成年期采食低蛋白饲粮增加了子代在高脂饲粮饲喂下的胰岛素抵抗、肝脏甘油三酯（TAG）含量以及血清胆固醇（TC）和低密度脂蛋白胆固醇（LDL-C）含量（P<0.05）。4）子代肝脏转录组的结果表明，与母体采食正常蛋白饲粮相比，母体在青春期和成年期采食低蛋白饲粮其子代在高脂饲粮饲喂下，肝脏组织有 388 个差异基因表达。这些基因参与 *PPAR signaling pathway*, *steroid hormone biosynthesis*, *primary bile acid biosynthesis*, *cholesterol metabolism*, *fatty acid biosynthesis* 和 *insulin resistance* 等代谢途径。有趣的是，这些通路的变化与糖脂代谢相关，从而改变了后代肝脏糖脂代谢相关基因的表达，包括增加脂蛋白脂酶（*Lpl*）和胆固醇 7α羟化酶（*Cyp7a1*）基因表达，以及降低长链酰基辅酶 A 合成酶 1（*Acsl1*）、载脂蛋白 A1（*ApoA1*）、主要尿蛋

---

[41] 基金项目：霍英东教育基金会高等院校青年教师基金（171019）；国家重点研发计划青年科学家项目（2022YFD1301200）

作者简介：黄晓华（1994—），女，广东潮州人，博士研究生，动物营养与饲料科学专业。手机：18599952295 E-mail:546411697@qq.com

[9*] 通讯作者：冯斌，教授，博士生导师，E-mail: fengbin@sicau.edu.cn

白（*Mup19*）和成纤维细胞生长因子 1（*Fgf1*）基因的表达（$P<0.05$）。综上所述，母体在青春期和成年期采食低蛋白饲粮可扰乱后代肝脏中糖脂代谢相关基因的表达，加重高脂日粮喂养的后代胰岛素抵抗和肝脏脂肪样变性。本研究表明，妊娠前营养平衡对后代健康具有重要作用。

关键词：母体日粮；子代；低蛋白饲粮；胰岛素敏感性；肝脏脂肪变性；胆固醇

6583 移植野猪粪菌对肠道脂质吸收的影响

张红 1，朱洛毅 2，靳明亮 3*，宗鑫 4*

（1. 绿色饲料与健康养殖国家工程研究中心，教育部动物分子营养学重点实验室，农业农村部（华东）动物营养与饲料重点实验室，浙江大学动物科学学院，杭州 310058）

摘要： 脂质作为机体最重要的能量物质，其吸收代谢与生猪健康养殖密切相关，挖掘调控肠道脂质吸收功能的营养素对保证“无抗”时代背景下的生猪健康养殖具有重大意义。肠道菌群广泛参与调控宿主多种代谢活动，但其对肠道脂质吸收的调控作用尚未明确。与家猪相比，野猪具有消化能力强，脂肪含量低，瘦肉率高的特点，这被认为与肠道菌群有关。现有研究表明，粪菌移植能够转移宿主表型。因此，本研究拟以野猪粪菌和小肠肠道菌群为突破口，利用粪菌移植技术，微生物组等多组学技术，结合生物信息学分析、组织学分析，qPCR、western-blot 及 dot-blot 等生物学试验探究野猪粪菌对肠道脂质吸收代谢的影响，挖掘调控肠道脂质吸收代谢的关键微生物及其代谢产物，进而解析影响肠道脂质吸收的内在分子机制。结果表明：1）高低浓度的野猪粪菌处理显著降低了 HFD 引起的小鼠体重增加，但对小鼠的采食量和能量摄入无显著影响，同时野猪粪菌显著降低了附睾脂肪和皮下脂肪的重量，且高浓度粪菌的缓解效果要优于低浓度的粪菌；与 HFD 组相比，野猪粪菌处理组的附睾脂肪的单位面积内脂肪细胞数量显著减少，高低浓度粪菌组间细胞数量没有显著差异；2）野猪粪菌显著降低了血清中 TG、TChol、HDL 的含量，但对 HFD 诱导的血清 LDL 的变化没有影响，野猪粪菌显著减轻了由 HFD 引起的胰岛素抵抗，增强了葡萄糖-胰岛素稳态；3）饲喂 HFD 的小鼠空肠上皮细胞中脂滴数量及直径明显增加，野猪粪菌处理组的空肠上皮细胞中脂滴数量和直径明显小于 HFD 组；与 HFD 组相比，灌胃粪菌组小鼠空肠组织中 TG 含量呈现出降低的趋势，在粪便 TG 含量的结果中，高浓度粪菌组小鼠粪便中 TG 含量显著高于 HFD 组；4）在基因水平上，野猪粪菌减轻了 HFD 诱导的肠道脂质吸收关键因子 CD36、FABP2、FATP2 和 FATP4 mRNA 水平的升高。在蛋白水平上，野猪粪菌降低了 HFD 诱导的 FABP2 蛋白表达的升高，同时，高浓度的粪菌也降低了 CD36 蛋白表达。由此可见，野猪粪菌能够缓解由 HFD 引起的肥胖、胰岛素抵抗和糖脂代谢紊乱，并缓解由 HFD 引起的肠道损伤以及抑制由 HFD 引起的空肠脂质吸收增加，促进脂质排泄，表明野猪粪菌可能通过抑制肠道对脂质的吸收来减少机体脂质的沉积；野猪粪菌改变了小鼠空肠微生物群的结构和组成，其在

基金项目：国家自然科学基金项目（32002185 和 31630075）、浙江省自然科学基金项目（LQ21C170002）

作者简介：张红（1997—），女，湖北宜昌人，硕士研究生，研究方向为动物肠道营养与健康。手机：18858120631 E-mail:zhangz_zh@163.com

*通信作者：靳明亮，研究员，E-mail: mljin@zju.edu.cn

一定程度上重塑了小鼠空肠的微生物群，并使其微生物群功能朝着抑制肠道脂质吸收，缓解肥胖的方向发展。综上，本实验通过构建小鼠肥胖模型验证了野猪粪菌具有抑制肠道脂质吸收，调控机体能量代谢的功能，为后续研究调控肠道脂质吸收提供了理论基础和科学依据。
关键词：粪菌移植，脂质吸收，肠道健康，野猪粪菌，微生物区系

6585 复合益生菌和酶制剂对猪生长性能、肉品质、抗氧化性能的影响

冷来福 1，邱小宇 1,2，王敬 1,2，齐仁立 1,2，王琪 1,2*

（1.重庆市畜牧科学院动物营养研究所，重庆荣昌 402460；2.生猪科技创新中心(重庆), 402460）

摘要：本试验旨在研究饲粮中添加复合益生菌和酶制剂对生长育肥猪生长性能、肉品质和抗氧化性能的影响。试验选取日龄和体重相近（45.0±1.0kg）的健康生长猪 40 头（约克夏×荣昌），随机分为对照组和试验组，每个组 4 个重复，每个重复 5 头猪。对照组饲喂基础饲粮，试验组饲喂基础饲粮+复合益生菌和酶制剂。复合益生菌含植物乳杆菌、银杏乳酸菌和酿酒酵母，每种益生菌添加量均为 0.5×10^9 CFU/kg；酶制剂由蛋白酶和淀粉酶组成，蛋白酶活力为 36 000 U/g；淀粉酶由中温α淀粉酶、普鲁兰酶、糖化酶组成，中温α淀粉酶活力为 1 000 U/g，普鲁兰酶活力为 100 U/g，糖化酶活力为 8 000 U/g。试验预饲期 3 d，正式期 63 d。结果表明：1）饲粮添加复合益生菌和酶制剂有提高生长育肥猪末重（P=0.09）、降低平均日采食量（P=0.09）和料肉比（P=0.08）的趋势。2）肉品质是决定猪肉价值的重要因素，本试验发现饲粮添加复合益生菌和酶制剂显著提高生长育肥猪肌肉 pH_{45min}（P<0.05）、并使肌肉滴水损失降低 30.95%（P>0.05）3）血清免疫球蛋白（Ig）和白细胞介素（IL）浓度反映了机体的免疫水平和健康状况，本试验结果表明饲粮添加复合益生菌和酶制剂可显著提高生长育肥猪血清 IgA、IgG 以及细胞因子 IL-2、IL-10 浓度（P<0.05）。4）总抗氧化能力、超氧化物歧化酶、谷胱甘肽过氧化物酶（GSH-Px）和丙二醛（MDA）是机体抗氧化系统的重要指标。本试验中饲粮添加复合益生菌和酶制剂使生长育肥猪肌肉 GSH-Px 活性提高了 31.89%、MDA 含量降低了 19.06%（P>0.05）。由此可见，生长育肥猪饲粮中添加复合益生菌和酶制剂可提高其生长性能和免疫水平，改善肉品质。

关键词：复合益生菌；酶制剂；生长性能；肉品质；抗氧化性能

基金项目： 国家生猪技术创新中心先导科技项目（22604）

作者简介：冷来福(1998-)，男，贵州铜仁人，硕士，动物营养与饲料科学专业。手机：15922901762， E-mail: 1401942352@qq.com

*通信作者：王琪，女，副研究员，E-mail: wangq0418@126.com

6592 半胱氨酸对双酚 A 诱导的仔猪氧化损伤的缓解作用

秦鹏翔，马上原，李长金，李扬，姜淑贞，杨维仁，焦宁*

（山东农业大学动物科技学院，山东 271018）

摘要：本试验旨在探究半胱氨酸（Cys）对双酚 A（BPA）诱导的仔猪氧化损伤的缓解作用。选用体重 14.45±0.43 kg 杜×长×大（阉公猪）三元杂交仔猪 24 头，随机分为 4 个处理，每个处理 6 个重复，每个重复一头猪。处理组一饲喂基础饲粮（0.48% SID 蛋氨酸和 0.21% SID Cys）（CON 组）；处理组二饲喂基础饲粮添加 0.1% BPA（BPA 组）；处理组三饲喂 Cys 饲粮（0.36% SID 蛋氨酸和 0.32% SID Cys）（Cys 组）；处理组四饲喂 Cys 饲粮添加 0.1% BPA（BPA + Cys 组），试验期为 28 d。结果表明：1）与 CON 组相比，BPA 组仔猪末体重、平均日增重和干物质、粗蛋白、粗脂肪的表观消化率显著降低（*P*<0.05）；与 BPA 组相比，饲粮添加 Cys 恢复仔猪生长性能和养分表观消化率。2）与 CON 组相比，BPA 组血清酶 ALT、AST、ALP 和 LDH 活性显著升高，而血清代谢产物 BUN、ALB、TC、HDL 和 LDL 含量显著降低（*P*<0.05）；与 BPA 组相比，BPA + Cys 组血清中血清酶活性显著降低，血清代谢产物含量显著升高（*P*<0.05）。3）与 CON 组相比，BPA 组血清和空肠超氧化物歧化酶（SOD）活性和谷胱甘肽（GSH）含量显著降低，丙二醛（MDA）含量显著升高（*P*<0.05）；与 BPA 组相比，BPA + Cys 组血清和空肠 SOD 活性以及 GSH 和 MDA 含量显著恢复。4）与 CON 组相比，BPA 组的空肠抗氧化基因 *SOD*、*HO-1*、*Keap1*、*SDHA* 和 *NOX1* 的 mRNA 表达量显著降低（*P*<0.05）；与 BPA 组相比，BPA + Cys 组中这些基因的 mRNA 表达量得到恢复。5）饲粮添加 BPA 显著升高血清 D-乳酸含量和二胺氧化酶（DAO）活性（*P*<0.05），显著降低空肠紧密连接蛋白基因 ZO-1、ZO-1 和 CLDN1 的 mRNA 表达量（*P*<0.05），严重损伤肠道上皮形态，降低绒毛长度和绒腺比（*P*<0.05）；饲粮添加 Cys 后，D-乳酸含量和 DAO 活性、肠道形态以及紧密连接蛋白基因的 mRNA 表达量恢复到正常水平。6）与 CON 组相比，BPA 组空肠中麦芽糖酶、蔗糖酶、乳糖酶的活性显著降低；与 BPA 组相比，BPA + Cys 组麦芽糖酶、蔗糖酶、乳糖酶的活性显著升高（*P*<0.05）。综上，半胱氨酸能够通过改善仔猪生长性能以及肠道抗氧化功能、屏障功能和二糖酶的活性，缓解 BPA 诱导的仔猪氧化损伤。

关键词：半胱氨酸；双酚 A；仔猪；生长性能；屏障功能；抗氧化

基金项目：山东省自然科学基金（ZR2021QC048）；山东省生猪产业技术体系（SDAIT-08-04）

作者简介：秦鹏翔（1999-），男，山东临沂人，硕士研究生，从事动物营养与饲料科学专业研究。手机: 17660442017 E-mail: q981412701@163.com

*通讯作者：焦宁，副教授，E-mail: jiaoning@sdau.edu.cn

6594 母源 L-苹果酸对仔猪骨骼肌代谢和发育的影响

张鹏光，闫恩法，何琳娟，郭建新，张鑫*，尹靖东

（中国农业大学动物科学技术学院，北京 100193）[43]

摘要：本试验旨在研究母源 L-苹果酸对子代骨骼肌代谢和发育的影响。试验选取了体况相近的长白×大白二元经产母猪 40 头，随机分为 4 个处理，分别饲喂基础饲粮（对照）和在基础饲粮中添加 0.1%、0.2%和 0.4%的 L-苹果酸，每个处理 10 个重复，每个重复 1 头母猪。母猪从妊娠期第 85 天至哺乳期第 21 天，饲喂的基础饲粮分别为妊娠后期和哺乳期母猪饲粮。每头母猪分娩时耳缘静脉采血，随后收集初乳和常乳。仔猪 21 天断奶，每窝选取最接近平均体重的 1 头仔猪采血。根据生长性能，从对照组和 0.4% L-苹果酸组中分别选择 6 只接近平均体重的仔猪屠宰（n=6），取背最长肌和结肠内容物。结果表明：1）妊娠后期饲粮添加 L-苹果酸显著降低了母猪血清 IL-6、IL-2、IFN-γ的水平（*P*<0.05），提高了血清中 SOD、CAT、GSH-Px 酶活，降低了 MDA 含量，改善了胰岛素敏感性，并显著提高母猪的产仔数和产活仔数（*P*<0.05）。2）同样，母猪摄入 L-苹果酸也提高仔猪的抗氧化能力并降低了炎症反应（*P*<0.05）。3）母猪摄入 L-苹果酸后仔猪骨骼肌中的胰岛素敏感性和葡萄糖代谢都得到了加强，仔猪骨骼肌非靶向代谢组学分析进一步揭示了骨骼肌尿素循环和精脯氨酸代谢的增强促进了三羧酸循环。伴随着骨骼肌葡萄糖代谢增强，Western 和免疫荧光证据表明，肌纤维中快肌纤维比例显著升高（*P*<0.05）。4）母猪饲粮添加 L-苹果酸改变了 21 日龄仔猪的肠道微生物组成，其中 *Colidextribacter*、*Romboutsia* 和 *Family_XIII_AD3011_group* 的相对丰度增加，并与骨骼肌抗氧化能力和葡萄糖代谢强度呈正相关。*Prevotella*、*Blautia*、*Prevotellaceae_NK3B31_group* 和 *Collinsella* 的相对丰度下降，与仔猪肌肉的快肌纤维比例和抗氧化能力呈负相关。5）母乳代谢组学分析揭示了母猪摄入 L-苹果酸显著升高了抗坏血酸、格拉司琼等母乳代谢物的水平（*P*<0.05）。代谢综合征小鼠模型进一步验证了抗坏血酸和格拉司琼对于机体氧化应激、炎症反应和葡萄糖代谢的改善作用。本研究揭示了母源 L-苹果酸可以缓解母仔猪炎症反应、增强抗氧化能力，并增加了母猪窝产活仔数。同时，L-苹果酸还通过影响母乳代谢物的变化和/或子代肠道微生物组成，改善了哺乳仔猪的骨骼肌葡萄糖代谢和肌肉生长。本研究为仔猪健康生长和猪肉高效生产的精准营养提供了新的调节策略。

关键词：L-苹果酸；骨骼肌；炎症反应；抗氧化能力；糖代谢；肠道微生物组成；母猪；仔猪

---

[43] 基金项目：国家重点研发计划项目（2021YFF1000603，2021YFD1300403）；国家自然科学基金项目（32102555）

作者简介：张鹏光（1999—），男，河南长垣人，硕士研究生，从事猪营养与肉品质研究。手机：13276907083 E-mail: zhangpg2021@163.com

*通信作者：张 鑫，副教授，E-mail: zhangx0904@cau.edu.cn；尹靖东，教授，E-mail: yinjd@cau.edu.cn

6600 卫矛醇通过 TLR4/Myd88/NF-κB 通路缓解脂多糖诱导的 IPEC-J2 细胞损伤

王晗 1,2，刘正群 1,*，李宁 1，郑梓 1，闫峻 1,*，穆淑琴 1，孙超 2

（1. 天津市畜禽分子育种与生物技术重点实验室，天津市畜禽健康养殖技术工程中心，天津市农业科学院畜牧兽医研究所，天津 300381；2. 西北农林科技大学动物科技学院，陕西 杨凌 712100）

摘要：卫矛醇（Dulcitol）是从植物卫矛中分离得到的一种天然化合物，在我国被广泛用作草药。本试验通过构建猪肠道上皮细胞（IPEC-J2）经脂多糖（LPS）刺激后损伤模型，观察卫矛醇对 LPS 损伤后 IPEC-J2 细胞的形态、迁移和增殖能力、凋亡、屏障以及 TLR4/Myd88/NF-κB 炎性通路的变化，揭示卫矛醇对 LPS 诱导的 IPEC-J2 细胞损伤的缓解作用及其可能的分子机制。选择 IPEC-J2 细胞作为研究对象，采用 CCK-8 法筛选不同浓度的 LPS（0、50、100、150、200、250μg/ml）以及不同浓度的 DUL(0、100、200、300、400、500 μM) 各处理 24h 后对 IPEC-J2 细胞活力的影响，根据试验结果筛选出 LPS 的最佳造模浓度为 150μg/ml，DUL 的适宜浓度为 200μmol/L，以此浓度做后续试验。试验分为 3 组，分别为 CON 组、LPS 组、DUL+LPS 组，观察不同处理下的细胞生长状况，通过细胞划痕愈合试验检测细胞的迁移和增殖能力；采用脱氧核糖核苷酸末端转移酶介导的缺口末端标记（TUNEL）染色法检测细胞凋亡水平；采用实时荧光定量 PCR 法（qRT-PCR）和蛋白质免疫印迹法（Western blot）检测凋亡、屏障以及炎症通路相关基因的相对表达量。结果显示：1）DUL 对 IPEC-J2 细胞促生长作用的适宜浓度为 200μM，构建 IPEC-J2 细胞损伤模型 LPS 的适宜浓度为 150μg/mL。2）与 CON 组相比，LPS 组 IPEC-J2 细胞出现不同程度的密度降低，细胞空泡增多，细胞边界不清晰的情况；与 LPS 组相比，DUL+LPS 组细胞密度升高，细胞边界清晰，细胞形态完好。3）在划痕试验中，与对照组相比，LPS 组的细胞迁移距离和迁移面积显著降低（*P<0.05*）；与 LPS 组相比，DUL+LPS 组的细胞迁移距离和迁移面积显著升高(*P<0.05*)。4）与对照组相比，LPS 刺激使细胞 TUNEL 凋亡阳性率和 Bax、Beclin1 的 mRNA 和蛋白表达量显著升高（P<0.05），Bcl-2 的 mRNA 和蛋白表达量显著降低(*P<0.05*)；与 LPS 组相比，DUL+LPS 组细胞 TUNEL 凋亡阳性率和 Bax、Beclin1 的 mRNA 和蛋白表达量显著降低，Bcl-2 的 mRNA 和蛋白表达量显著升高（*P<0.05*）。5）与对照组相比，LPS 刺激使细胞屏障相关因子 MUC2、ZO-1、OCLN、CLDN1 的 mRNA 和蛋白表达量显著降低（*P<0.05*）；与 LPS 组相比，DUL+LPS 组 MUC2、ZO-1、OCLN、CLDN1 的 mRNA 和蛋白表达量显著升高（*P<0.05*）。6）与对照组相比，LPS 刺激使通路相关蛋白 TLR4、Myd88、IκB-α、NF-κB、IL-1β的 mRNA 和蛋白表达量显著升高（*P<0.05*）；与 LPS 组相比，DUL+LPS

组 TLR4、Myd88、IκB-α、NF-κB、IL-1β的 mRNA 和蛋白表达量显著降低（*P<0.05*）。结论：DUL 可以通过下调 TLR4/Myd88/NF-κB 信号通路相关蛋白表达，缓解 LPS 引起的 IPEC-J2 细胞凋亡、屏障损伤和炎症反应。

关键词：卫矛醇；IPEC-J2 细胞；TLR4/Myd88/NF-κB 信号通路；细胞凋亡；细胞屏障

6607仔猪肝脏糖代谢和三羧酸循环对早期断奶的响应

于成兵，沈城，罗振，张洪才，张京，徐维娜，徐建雄

（上海交通大学农业与生物学院，上海 200240）

摘要：早期断奶会引起仔猪采食量降低和体重负增长，导致仔猪营养不良和能量供应不足，严重影响养殖效率。肝脏糖代谢和三羧酸循环是机体主要的能量代谢途径，但早期断奶对仔猪肝脏糖代谢和三羧酸循环的影响缺少深入研究。本试验旨在研究早期断奶后仔猪肝脏糖代谢和三羧酸循环的变化规律。按照遗传背景和胎次一致原则，选择 6 窝杜×长×大仔猪，每窝 10 头。仔猪在 21 日龄断奶，在断奶当天及断奶后的第 1，4，7 和 14 天，每窝选取一头仔猪屠宰取样。结果表明：1）仔猪体重在断奶当天至断奶第 4 天出现负增长，断奶第 7 天体重开始增加并显著高于断奶当天（P<0.05）。从断奶第 1 天到断奶第 14 天，仔猪血糖均显著低于断奶当天（P<0.05）；血清胰岛素水平从断奶第 4 天开始显著降低（P<0.05）。2）肝糖原含量从断奶当天至断奶后第 4 天逐渐降低（P<0.05），随后开始逐渐升高；肝脏葡萄糖含量从断奶第 1 天到第 7 天均显著高于断奶当天（P<0.05）；果糖含量在断奶第 1 天达到峰值后开始降低（P<0.05）；糖代谢相关产物 1-磷酸葡萄糖，6-磷酸葡萄糖，1-磷酸果糖和 6-磷酸果糖在断奶后呈上升趋势，且从断奶第 4 天到第 14 天均显著高于断奶当天（P<0.05）。3）葡萄糖-6-磷酸酶酶活在断奶当天至断奶第 4 天逐渐升高到最大值，随后开始降低（P<0.05）；丙酮酸羧化酶酶活在断奶后逐渐增加，从断奶第 4 天开始显著高于断奶当天（P<0.05）；磷酸果糖激酶和己糖激酶的酶活在断奶后的 14 天内差异不显著（P>0.05）。4）肝脏琥珀酸含量呈先降低后升高的变化趋势，在断奶第 4 天降至最低点，随后开始升高（P<0.05）；草酰乙酸含量在断奶后总体呈降低趋势，断奶第 4 天与断奶当天存在显著差异（P<0.05）；柠檬酸和乙酰辅酶 A 含量在断奶后逐渐升高，直至断奶第 14 天才显著高于断奶当天。5）肝脏 ATP 含量与琥珀酸脱氢酶的酶活总体呈先降低后升高的变化趋势，在断奶第 4 天降到最低后开始升高（P<0.05）；α-酮戊二酸脱氢酶在断奶后呈升高趋势，从断奶第 7 天开始显著高于断奶当天（P<0.05）。由此可见，早期断奶导致仔猪血糖降低，肝脏糖原分解和糖异生途

基金项目：天津市中央引导地方科技发展专项（22ZYCGSN00130）；天津市生猪产业技术体系创新团队(ITTPRS2021007)。

作者简介：王晗（1999-），女，河南南阳人，硕士研究生，研究方向：单胃动物营养与饲料科学。手机：15660060380，E-mail：15660060380@163.com。

*通讯作者：刘正群，助理研究员，Email：liuzhengqun@foxmail.com；闫峻，副研究员，硕士生导师， E-mail: yjjsxz@163.com。

基金项目：国家自然科学基金项目（32272903）

作者简介：于成兵（1993—），男，江苏宿迁人，博士研究生，研究方向为氧化应激与动物健康。手机：13675130522 E-mail: yuchengbing@sjtu.edu.cn

通信作者：徐建雄，教授，E-mail: jxxu1962@sjtu.edu.cn

径被加强；早期断奶通过减少仔猪肝脏琥珀酸含量抑制三羧酸循环，由此导致肝脏能量供应不足进而影响仔猪生长表现。研究结果提示，在仔猪的饲粮中添加琥珀酸或许可以改善早期断奶诱导的肝脏三羧酸循环功能紊乱。

关键词：早期断奶；仔猪；肝脏；糖代谢；三羧酸循环；琥珀酸

6610 影响杜洛克公猪骨密度的因素分析

户玲玲 1，卢金鑫 1，郭亮亮 1，吴英慧 1，周远飞 1，魏宏逵 1，彭健 1,2 *

（1. 华中农业大学动物科学技术学院，武汉 430070；2. 生猪健康养殖协同创新中心，武汉 430070）44

摘要：种猪是养猪生产的基础，但由于肢蹄问题被淘汰的母猪占淘汰的 20～45%，公猪因肢蹄问题淘汰的比例约 12%。因此，减少种猪的肢蹄损伤，是延长动物的种用年限，提高养猪生产效率的关键措施之一。骨密度（Bone mineral density, BMD）是评价骨质量的关键指标，低 BMD 与严重的骨痛有关，会使骨骼脆性增加，也是腿部无力的主要原因之一。但目前对猪骨质量的研究主要集中在生长育肥猪和母猪的 BMD、骨的化学成分及机械特性上，缺少关于公猪的 BMD 特征及公猪 BMD 影响因素的直接、大样本研究。因此，本研究以 893 头杜洛克公猪为试验对象，旨在探究杜洛克公猪的骨质特征及分析影响杜洛克公猪 BMD 的潜在因素。本研究通过超声波法测定了杜洛克公猪的 BMD 和背膘厚度。利用电感耦合等离子体质谱分析法测定了血清中矿物元素的含量（Ca、P、Mg、Cu、Fe、Zn、Mn、Se、Pb 和 Cd），并记录了公猪的品系、月龄，测量了公猪的体重。进一步以公猪 BMD 为因变量建立了有序多分类 Logistic 回归模型分析影响公猪 BMD 的风险因素。结果发现：1）杜洛克公猪的 BMD 范围为 3542~4650 m/s，其中骨质强健的公猪约占总群体的 9.74%（n=87），骨质正常的公猪约有 71.33%（n=637），骨质减少的公猪约占 17.47%（n=156），骨质疏松的公猪约占 1.46%（n=13）。2）Logistic 回归模型结果显示，血清 Ca、P 含量、月龄和背膘厚度显著影响公猪 BMD（P<0.05），其中血清 Ca 含量与 BMD 呈正相关（P<0.01），而 BMD 随血清 P 含量的升高而降低（P<0.01）。进一步分析发现血清 Ca/P 比与 BMD 呈二次曲线关系（$y=-26.731x^2+199.49x+3940$，r=0.28，$P$<0.01），当 Ca/P 比为 3.7 时可获得最佳的 BMD。3）发现 BMD 与月龄呈二次曲线关系（$y=-0.189x^2+17.993x+3933.4$，r = 0.40，$P$ <0.01），并在 47 月龄左右 BMD 达到峰值，并观察到公猪背膘厚度与 BMD 呈二次曲线关系（$y=-6.4439x^2+228.54x+2263.6$, r=0.26, P<0.05），在背膘厚度为 17 mm 时可获得最高的 BMD。本研究结果表明，血清钙和磷水平、月龄及背膘厚度是影响骨密度的重要因素，而品系、体重和血清 Mg、Cu、Fe、Zn、Mn、Se、Pb、Cd 含量的变化对 BMD 无显著影响。此外，我们的结果表明公猪 BMD 的最佳血清 Ca/P 比为 3.7，并且公猪在 47 月龄且背膘厚度为 17 mm 时可以获得最佳的 BMD。因此，通过营养手段和管理策略调节血清的 Ca/P 比、背膘厚度及猪群月龄分布是改善公猪骨质量的重要途径。

关键词：公猪，骨密度，肢蹄健康，逻辑回归，影响因素

基金项目：国家自然科学基金（32172698）、现代农业产业技术体系（CARS-36）

作者简介：户玲玲（1996—），女，河南商丘人，博士研究生，从事肥胖与骨骼健康研究。手机：15927099475 Email: linglinghu@webmail.hzau.edu.cn

*通信作者：彭健，教授，E-mail: pengjian@mail.hzau.edu.cn

6614 谷氨酰胺缓解仔猪肠道炎性损伤的作用及机制

刘梓浩，刘敏，王慧茹，李扬，姜淑贞，杨维仁*，焦宁*

（山东农业大学动物科技学院，山东 271018）[45]

摘要：本试验旨在研究谷氨酰胺（Glutamine，Gln）缓解仔猪肠道炎性损伤的作用及机制。试验选用体重 16 ± 0.58 kg 杜×长×大（阉公猪）三元杂交仔猪 32 头，随机分成 4 个处理，每个处理 8 个重复，每个重复 1 头猪。处理组一饲喂基础饲粮；处理组二饲喂基础饲粮添加 0.1%双酚 A（Bisphenol A，BPA）；处理组三饲喂基础饲粮添加 0.1% BPA 和 1% Gln；处理四饲喂基础饲粮添加 1% Gln，试验期 42 天。结果表明：1）BPA 显著降低了仔猪的末重、平均日增重和平均日采食量（P＜0.05）；但是饲粮中添加 Gln 后，仔猪的生长性能恢复到正常水平。2）BPA 使结肠和盲肠形态受损、上皮脱落、杯状细胞数量和 TFF3 表达量显著降低（P＜0.05）；饲粮中添加 Gln 后，仔猪的结肠和盲肠上皮形态改善，杯状细胞数量和 TFF3 表达量恢复至正常水平。3）与对照组相比，BPA 组血清乳酸脱氢酶、总蛋白和尿素氮以及促炎因子 IL-1β、IL-6 和 TNF-α的浓度显著升高（P<0.05），抗炎因子 IL-10 的浓度显著降低（P<0.05）；饲粮中添加 Gln 后，血清生化指标和炎症因子恢复至正常水平。4）与对照组相比，BPA 组结肠促炎因子 *TLR4*、*MyD88*、*NF-κB*、*TNF-α*、*IL-1β*和 *IFN-γ*基因 mRNA 的表达量显著升高（P<0.05），NF-κB 和 p-P38 免疫阳性反应增强，NF-κB、p-P38 和 TLR4 蛋白表达显著升高（P<0.05）；饲粮中添加 Gln 后，与炎症相关的基因 mRNA 和蛋白表达恢复至正常水平。5）与对照组相比，BPA 组盲肠食糜中乙酸和总的挥发性脂肪酸含量显著下降（P<0.05），Proteobacteria（变形菌门）和 Actinobacteriota（阿氏菌门）丰度显著升高（P<0.05），*Prevotellaceae_NK3B31_group*（普氏菌科 NK3B31 属）、*Roseburia*（罗氏菌属）、*Prevotella*（普雷沃菌属）、*Romboutsia*（罗姆布茨菌）和 *Coprococcus*（粪球菌属）丰度显著降低（P<0.05）；与 BPA 组相比，饲粮中添加 Gln 后，乙酸和总的挥发性脂肪酸含量显著性升高（P<0.05），Proteobacteria 丰度显著降低（P<0.05），*Roseburia* 和 *Prevotella* 显著性升高（P<0.05）。6）相关性分析结果表明，*Prevotellaceae_NK3B31_group* 与丁酸、总的挥发性脂肪酸和血清 IL-10 含量呈正相关，而与血清 TNF-α含量呈负相关；此外，*Prevotella* 和 *Romboutsia* 分别与丁酸、总的挥发性脂肪酸和血清 IL-10 含量呈正相关；*Roseburia* 与乙酸、丁酸和总的挥发性脂肪

* 通讯作者：杨维仁，教授，E-mail: wryang@sdau.edu.cn

* 通讯作者：焦宁，副教授，E-mail: jiaoning@sdau.edu.cn

基金项目：山东省自然科学基金（ZR2021QC048）；山东省生猪产业技术体系（SDAIT-08-04）

作者简介：刘梓浩（1998-），男，山东潍坊人，硕士研究生，从事动物营养与饲料科学专业研究。手机：13127163932 E-mail: liuzihao1713@163.com

酸呈正相关。由此可见，Gln 可以通过改善肠道微生物组成，正常化 TLR4-p38/MAPK-NF-κB 通路缓解双酚 A 诱导的肠道炎症。

关键词：谷氨酰胺；双酚 A；仔猪；肠道炎症；微生物

6618 蹄部健康和骨密度对杜洛克公猪跛行的影响

卢金鑫，彭健*

（华中农业大学动物科技学院、动物医学院，武汉，430070）

摘要：本研究旨在探索蹄部损伤类型和骨密度对跛行的影响。同时，利用多元有序 logistic 回归模型，从体重、年龄、栏舍类型以及血清矿物质含量等方面探讨影响骨密度的危险因素。本研究选取年龄介于 10-67 月龄之间的 739 头在群杜洛克公猪进行蹄部损伤和跛行评估以及骨密度检测。采用 ICP-MS 全定量模式测定血清中的钙、磷、锌、镁、铜、铁、锰、硒、铅和镉含量。采用 ELISA 检测血清骨形成标志物骨钙素（OCN）以及骨吸收标志物 I 型胶原 C 端肽（CTX-1）的水平。采用 Logistic 回归分析方法，分析体重、年龄、栏舍类型以及血清矿物质水平（Cu、Ca、P、Zn、Mg、Fe、Mn、Se、Pb、Cd）对骨密度的影响。结果表明：杜洛克公猪蹄部损伤率高达 95.26%。并且蹄部肿大的公猪跛行率显著高于其他蹄部损伤的公猪（$P < 0.001$）。除此之外，我们还发现骨密度越低的公猪发生跛行的概率越高（$P < 0.05$）；与骨密度数据一致，跛行公猪的骨形成标记物 OCN 明显低于正常公猪，而骨吸收标记物 CTX-1 明显高于正常公猪（$P < 0.05$）。为更好地了解影响公猪骨密度的潜在危险因素，Logistic 回归分析结果发现，骨密度显著受栏舍类型、年龄以及血清钙的影响（$P < 0.05$）。具体而言，定位栏公猪的骨密度显著低于大栏公猪（$P < 0.001$）；骨形成标记物 OCN 在定位栏饲养模式和大栏饲养模式之间没有差异，但与大栏饲养模式相比，定位栏饲养模式中的骨吸收标志物 CTX-1 明显增加（$P < 0.05$）。另外，12 月龄以下、13～24 月龄和 25～36 月龄公猪的骨密度均显著低于 37 月龄以上公猪（$P < 0.05$）；骨形成标志物 OCN 随着年龄的增长而增加，而骨吸收标志物 CTX-1 随着年龄的增长而降低（$P < 0.05$）。同时，血清 Ca ≤ 8 mg/dL 的公猪骨密度显著低于血清 Ca ≥ 11 mg/L 的公猪（$P = 0.034$）。由此可见，蹄部损伤类型中的蹄部肿大对跛行的影响远大于其他蹄部损伤类型。杜洛克公猪的骨密度越低，跛行发生率越高。并且，年龄、血清钙水平和猪舍类型是公猪骨密度的潜在影响因素。

关键词：肢蹄损伤；骨密度；跛行

6623 基于代谢组学探究玉米赤霉烯酮诱导猪子宫肥大的分子机制

刘恒，刘兴琳，杨维仁，杨立杰，姜淑贞

（山东农业大学动物科技学院，山东 271018）[46]

摘要：本试验旨在探究玉米赤霉烯酮（ZEA）诱导断奶仔猪子宫肥大的分子机制。选取杜×长×大断奶仔猪 16 头，随机分为 2 组（每组 8 个重复，每个重复 1 头）：对照组饲喂基础饲粮，ZEA3.0 组饲喂添加 3.0 mg/kg ZEA 的试验饲粮，预试期 7 d，正式期 32 d。试验期结束，收集子宫样本，利用 LC/MS-MS 进行代谢组学分析。将猪子宫内膜上皮细胞（PEECs）分为 5 个处理组：对照组，ZEA 组、雌二醇（E2）组、ZEA+PI3K 抑制剂（Wortmannin）组和 E2+ Wortmannin 组。在细胞密度为 70%时，将 PEECs 暴露于溶剂、10 μmol/L ZEA、10 nmol/L E2、10 μmol/L ZEA+ 1 μmol/L Wortmannin 或 10 nmol/L E2+1 μmol/L Wortmannin 24 h。试验结果表明：对照组和 ZEA3.0 组之间共有 20 个差异代谢物，其中上调和下调的差异代谢物分别有 13 和 7 个。与对照组相比，能量代谢相关代谢物单磷酸腺苷（AMP）、腺苷酸琥珀酸（ADS）、单磷酸 3'-腺苷（3'-AMP）和单磷酸 5'-肌苷（IMP）水平在 ZEA3.0 组显著增加（P<0.05）。通过 KEGG 富集分析，处理组间共富集到 21 条显著差异的通路，主要涉及能量代谢（PI3K/Akt、ABC 转运蛋白、AMPK、PPAR）、氨基酸代谢、核苷酸代谢和脂代谢。差异代谢物和 PI3K/Akt 信号通路蛋白的相关性分析表明：PI3K/Akt 信号通路相关蛋白磷脂酰肌醇 3-激酶（PI3K）和蛋白激酶 B（Akt）分别与能量代谢差异代谢物 ADS、AMP 和 3'-AMP 呈显著正相关（P<0.05）。同时，与对照组相比，ZEA3.0 组子宫中 PI3K 和 Akt 的蛋白相对表达量显著上升（P<0.05）。体外试验发现：10 μmol/L ZEA 和 10 nmol/L E2 均能显著促进 PEECs 的增殖（P<0.05）。10 μmol/L ZEA 和 10 nmol/L E2 处理 24 h 后，PEECs 的 PI3K、Akt 和周期素依赖性激酶 7（CDK7）的 mRNA 和蛋白的相对表达量均显著上升（P<0.05），而周期素依赖激酶抑制基因（p27）的 mRNA 和蛋白相对表达量显著降低（P<0.05）。进一步在 ZEA 组和 E2 组添加 1 μmol/L Wortmannin 处理 24 h 后发现，PEECs 的活力和增殖显著降低（P<0.05）。同时，与 ZEA 组相比，添加 Wortmannin 能够显著降低 PEECs 中的 PI3K、Akt 和 CDK7 的 mRNA 和蛋白相对表达量（P<0.05），而升高 p27 的 mRNA 和蛋白相对表达量（P<0.05）。由此可见，ZEA 能够改变断奶仔猪子宫中能量代谢相关代谢物水平，并通过 PI3K/Akt 信号通路调控细胞周期，促进猪子宫内膜上皮细胞的增殖，诱导子宫肥大。

关键词：玉米赤霉烯酮；断奶仔猪；代谢组学；子宫

基金项目：山东省自然科学基金（ZR2021MC048）；山东省科技型中小企业创新能力提升项目（2022TSGC1275）；山东省生猪产业技术体系（SDAIT-08-05）

作者简介：刘恒（2000-），男，山东泰安人，硕士研究生，动物营养与饲料科学专业。手机：17686269815 E-mail：liuhengsdau@163.com

*通信作者：姜淑贞，副教授，E-mail：shuzhen305@163.com

6624 饲粮添加果胶对母猪妊娠后期健康状况及产道和粪便菌群的影响

何家齐，郑杰，卓勇*，黄颖妍，吴德*

（四川农业大学动物营养研究所动物抗病营养教育部重点实验室，四川 611130）

摘要：本试验旨在研究妊娠饲粮补充果胶对母猪妊娠后期健康状况及产道和粪便菌群的影响。试验选 LY 经产母猪（5-6 胎）30 头，配种后按照背膘和胎次一致原则，随机分为 2 个处理组（每处理组 15 个重复，每个重复 1 头母猪），分别饲喂基础饲粮（CON）和在基础饲粮中额外添加 3g/kg 低酯果胶的试验饲粮（PEC），母猪每天喂料 2 次（08：00 和 15：00）。试验期为配种至妊娠 110 天。试验结束当天清晨喂料前经耳缘静脉采集母猪血液样品，喂食 3 小时后以直肠按摩法收集母猪新鲜粪便样品，母猪外阴消毒后使用无菌拭子采集产道黏液样品。结果显示：1）与 CON 组相比，PEC 组母猪妊娠 110 天血浆促炎因子 IL-6、IL-1β 和 TNF-α 浓度均极显著降低（*P*<0.01），雌二醇（E2）显著升高（*P*<0.05）、总短链脂肪酸（SCFAs）、乙酸和丙酸浓度显著升高（*P*<0.01），且丁酸浓度有升高的趋势（*P*=0.085）；2）与 CON 组相比，PEC 组母猪粪便β-葡萄糖醛酸酶（BG；后肠 E2 解耦联关键酶，由微生物产生）活性和 *Ruminococcaceae* 相对丰度显著升高（*P*<0.05），*Ruminococcus_flavefaciens*（*P*=0.089）和 *Ruminococcus_flavefaciens_MA2007*（*P*=0.052）相对丰度有升高的趋势，Bacteroidota 相对丰度有降低的趋势（*P*=0.078）；3）使用 MRS 琼脂培养基对妊娠 110 天母猪产道黏液进行平面菌落培养和计数发现，PEC 组母猪产道内 *Lactobacillus* 含量显著高于 CON 组（*P*<0.05）；对妊娠 110 天母猪产道黏液测序发现，PEC 组母猪产道黏液有益菌 *Lactobacillus*、*Lactobacillus amylovorus* 和 *Lactobacillus reuteri* 相对丰度显著提高（*P*<0.05），致病菌 *Actinobacillus rossii* 和 *Myroides odoratimimus* 显著降低（*P*<0.05）；4）Spearman 相关性分析发现，母猪粪便 BG 活性与血浆 E2 浓度（R=0.523, *P*<0.05）和粪便 *Ruminococcaceae* 相对丰度（R=0.620, *P*<0.01）均呈显著正相关，且粪便 *Ruminococcaceae* 相对丰度与血浆 E2 浓度呈显著正相关（R=0.575, *P*<0.05）；同时，母猪产道 *Lactobacillus* 相对丰度与血浆 E2 浓度呈极显著正相关（R=0.697, *P*<0.01）与粪便 *Ruminococcaceae* 相对丰度呈显著正相关（R=0.575, *P*<0.05）。综上所述，妊娠饲粮中添加果胶可改善母猪妊娠后期健康状况，并通过肠道微生物-微生物酶-雌二醇路径，有效提高产道内乳酸菌相对丰度，或为后续分娩和后代健康提供有利的条件。

关键词：母猪；产道乳酸菌；肠道微生物；β-葡萄糖醛酸酶；雌二醇

6630 混合杂粕替代豆粕对生长猪的生长性能和粪便微生物群的影响

何振涛，展宪亮，刘帅曹，舒婷，蒋宗勇，王丽*

（广东省农业科学院动物科学研究所，农业农村部华南动物营养与饲粮重点实验室，猪禽种业全国重点实验室，岭南现代农业科学与技术广东省实验室茂名分中心，广东省畜禽育种与营养研究重点实验室，广州 510640）

摘要：本研究旨在探讨混合杂粕部分和完全替代豆粕对体重 50-75 kg 生长猪的生长性能、养分表观消化率、血清生化指标、游离血清氨基酸含量和粪便微生物群的影响。选用初始体重（BW）为 50.64 ± 2.09 kg 的 54 头健康的生长猪（杜×长×大）随机分为 3 个处理组，每个处理组设 6 个重复，每个重复 3 头猪。所有三个处理组的饲粮的蛋白质水平均保持在 15%。在 CSM 组的饲粮中添加菜籽粕、棉籽粕和葵花籽粕，以 1:1:1 的比例部分替代 CON 组中 10.99% 的豆粕。 CM 组的饲粮中添加了杂粕混合物（7.69%的菜籽粕、7.69%的棉籽粕和 7.68%的葵花籽粕），以完全替代豆粕，试验为期 24 天。我们的研究结果表明，1）用混合杂粕部分和完全代替豆粕对体重 50-75 公斤的生长猪饲粮中的 ADG（平均日增重）、ADFI（平均日采食量）和 F/G（饲料增重比）（$P > 0.05$），以及粗蛋白、粗脂肪和总能（$P > 0.05$）没有显著影响。2）另一方面，与 CON 组相比，CM 组的血清丙氨酸氨基转移酶（ALT）和甘油三酯（TG）水平显著升高（$P < 0.05$），而尿素水平显著降低（$P < 0.05$）。3）此外，混合杂粕替代豆粕后，对血清中游离氨基酸的含量没有明显影响（$P > 0.05$）。4）在粪便微生物群方面，三个处理组共鉴定出 1278 个常见 OTU。CON 组有 285 个，CSM 组有 261 个，CM 组有 226 个。在门水平中，主要细菌是 *Firmicutes*，三个组的丰度分别为 80%，77% 和 77%。在类水平中，优势细菌是 *Bacilli*，*Clostridia*，和 *Proteobacteria*。此外，混合杂粕替代豆粕对粪便微生物群的α多样性没有显著影响（$P > 0.05$），包括 Observed_species 指数、Shannon 指数、Simpson 指数、Chao1 指数、Ace 指数和 PD_whole_tree 指数。在β多样性方面，三个处理组之间的分布距离并没有明显区分。T 检验分析表明，与 CON 组相比，CM 组饲粮显著降低了 *Euryachaeota* 在门水平上的丰度，增加了 *Desulfobacterota* 在属水平上的丰度。本研究表明，饲粮中以混合杂粕部分和完全替代豆粕对 50-75 kg 生长猪的生长性能、营养表观消化率、血清氨基酸含量和粪便微生物群的多样性没有明显的负面影响。这些结果为混合杂粕（菜籽粕、棉籽粕和葵花籽粕）作为猪饲粮中豆粕的功能性替代原料的进一步开发提供了有益的参考。

关键词：豆粕；混合杂粕；生长猪；生长性能；粪便微生物

基金项目： 广东省乡村振兴战略专项资金项目（2023TS-3）；茂名实验室重点项目（2022ZD003）；国家生猪产业技术体系（CARS-35）。

作者简介：何振涛（1998-），男，广东佛山人，硕士研究生，畜牧专业。手机：13068609722，E-mail：479095361@qq.com

*通信作者：王丽，研究员，E-mail: wangli1@gdaas.cn

6632 混合杂粕替代豆粕对肥育猪的生长性能和肠道微生物群的影响

何振涛，刘帅，展宪亮，曹舒婷，蒋宗勇，王丽*

（广东省农业科学院动物科学研究所，农业农村部华南动物营养与饲粮重点实验室，猪禽种业全国重点实验室，岭南现代农业科学与技术广东省实验室茂名分中心，广东省畜禽育种与营养研究重点实验室，广州 51064）

摘要：本研究旨在探讨混合杂粕部分和完全替代豆粕对肥育猪生长性能、营养表观消化率、血清炎症因子和免疫球蛋白、血清生化指标、肠道通透性、短链脂肪酸含量和肠道微生物群的影响。试验选用 54 头初始体重平均为 97.60 ± 0.30kg 的肥育猪，根据初始体重随机分为 3 个处理组，包括玉米-豆粕组（CON）、玉米-豆粕-杂粕组（CSM）和玉米-杂粕组（CMM）。每组 6 个重复，每个重复 3 头猪。试验周期为 26 天。所有三个处理组的饲粮蛋白质水平均保持在 12.5%。；在 CSM 组的饲粮中添加菜籽粕、棉籽粕和葵花籽粕，以 1:1:1 的比例部分替代 CON 组中 9.06% 的豆粕。CMM 组的饲粮中使用菜籽粕、棉籽粕和葵花籽粕为 1:1:1 比例完全替代豆粕。三种饲粮的粗蛋白水平保持在 12.5%。研究结果表明，1）用混合杂粕部分和完全代替豆粕对肥育猪饲粮中的 ADG（平均日增重）、ADFI（平均日采食量）和 F/G（饲料增重比）（$P > 0.05$）以及粗蛋白、粗脂肪和总能（$P > 0.05$）没有明显影响。2）与 CON 组相比，CMM 组的血清 IL-6 和 IL-10 浓度明显降低（$P < 0.05$）。然而，饲粮中混合豆粕部分和完全替代豆粕对血清 IL-1β、IL-8、TNF-α、IgA、IgG 和 IgM 的浓度无明显影响（$P > 0.05$）。3）此外，与 CON 组相比，CSM 组的血清 LDL-C 水平显著降低（$P < 0.05$），CMM 组的 T. BILI 水平显著降低（$P < 0.05$）。4）且混合杂粕部分和完全替代豆粕对血清中 D-乳酸和 DAO 浓度的影响不明显（$P > 0.05$）。5）下一部分研究结果显示，饲粮中用混合杂粕部分和完全替代豆粕对结肠内容物中的乙酸、丙酸、丁酸、戊酸、异丁酸和异戊酸没有明显影响（$P > 0.05$）。6）此外，在肠道微生物群方面，与 CON 组相比，CMM 组饲粮显著增加了门水平中的 *Actinobacteria*（P = 0.012）、类水平中 *U_Actinobacteria*（*P*=0.012）和类水平中 *U_Bacteria*（*P*=0.007）的丰度。结果还显示，与 CON 组相比，CMM 组明显降低了 *Oscillospirales* 在目水平的丰度（*P*=0.036）和 *Streptococcaceae* 在科水平的丰度（*P*=0.045）。本研究结果表明，以混合杂粕部分和完全替代豆粕饲粮对肥育猪的生长性能、营养表观消化率、血清免疫球蛋白、肠道通透性、短链脂肪酸含量和肠道微生物群的多样性均无显著的负

基金项目： 广东省乡村振兴战略专项资金项目（2023TS-3）；茂名实验室重点项目（2022ZD003）；国家生猪产业技术体系（CARS-35）。

作者简介：何振涛（1998-），男，广东佛山人，硕士研究生，畜牧专业。手机：13068609722，E-mail：479095361@qq.com

*通信作者：王丽，研究员，E-mail: wangli1@gdaas.cn

面影响。这些结果为混合杂粕（菜籽粕、棉籽粕和葵花籽粕）作为猪饲粮中豆粕的功能性替代原料的进一步开发提供了有益的参考。

关键词：豆粕；混合杂粕；肥育猪；生长性能；肠道微生物

6633 乙醇梭菌蛋白替代豆粕对断奶仔猪肠道形态、炎症因子水平及肠道菌群的影响

姚康，曹舒婷，何振涛，展宪亮，蒋宗勇，王丽*

（广东省农业科学院动物科学研究所，农业农村部华南动物营养与饲粮重点实验室，猪禽种业全国重点实验室，岭南现代农业科学与技术广东省实验室茂名分中心，广东省畜禽育种与营养研究重点实验室，广州 510640）[47]

摘要：本试验旨在研究饲粮中添加乙醇梭菌蛋白对断奶仔猪肠道形态、炎症因子及抗氧化功能的影响。选用平均初始体重为 7.01 kg±0.13 的 21 日龄三元杂（杜×长×大）断奶仔猪 180 头，随机分为 5 组（每组 6 个重复，每个重复 6 头）：对照组（CON）饲喂玉米-豆粕型基础饲粮，实验组分别饲喂 1%、2%、3%、4%乙醇梭菌蛋白替代豆粕的基础饲粮，试验为期 28 d。结果表明：1）饲粮中添加 1%、2%、3%和 4%乙醇梭菌蛋白显著提高了断奶仔猪平均日增重（*P*<0.05），且随着乙醇梭菌蛋白水平的提高呈现出显著的线性和二次关系（*P*<0.05）；乙醇梭菌蛋白添加量为 1%和 4%时显著提高平均日采食量（*P*<0.05）；添加 2%、3%和 4%乙醇梭菌蛋白能显著降低料重比（*P*<0.05）；添加 4%乙醇梭菌蛋白显著降低断奶仔猪腹泻率（*P*<0.05）。2）与对照组相比，饲粮中添加 1%、3%和 4%乙醇梭菌蛋白显著提高了仔猪粗蛋白的消化率（*P*<0.05），随着乙醇梭菌蛋白水平的提高呈现显著的线性关系（*P*<0.05）。3）饲粮中的乙醇梭菌蛋白含量为 2%和 4%时，显著提高血清中甘油三酯的含量（*P*<0.05）；乙醇梭菌蛋白添加量为 4%显著提高血清中低密度脂蛋白的含量，并且血清中低密度脂蛋白随乙醇梭菌蛋白添加量的升高呈现显著的线性和二次关系（*P*<0.05）。4）与对照组相比，添加 3%乙醇梭菌蛋白显著提高了血清中 T-AOC 活性（*P*<0.05）。5）添加乙醇梭菌蛋白对断奶仔猪血清中的 IFN-γ、IL-10、IL-1β、IL-8、sIgA、IL-6、TNF-α、IgG 和 IgM 含量均无显著影响（*P*>0.05）。添加 3%和 4%乙醇梭菌蛋白显著降低了空肠中 IFN-γ和 IL-1β含量（*P*＜0.05），且 3%乙醇梭菌蛋白能显著降低空肠中 TNF-α和 IgG 含量（*P*＜0.05）。6）饲粮中添加乙醇梭菌蛋白水平为 2%、3%和 4%时，显著降低空肠隐窝深度（*P*＜0.05）；饲粮中添加乙醇梭菌蛋白水平为 2%时，能够显著提高绒毛高度和绒隐比，随饲粮中乙醇梭菌蛋白添加水平提高呈现显著的先升高后降低的二次变化关系（*P*＜0.05）。随着乙醇梭菌蛋白添

基金项目：广东省乡村振兴战略专项资金项目（2023TS-3）；茂名实验室重点项目（2022ZD003）；国家生猪产业技术体系（CARS-35）。

作者简介：姚康（1999—），男，江苏扬州人，硕士研究生，研究方向为猪营养与饲料，电话：17852327002 E-mail：yaokang886488@163.com

*通讯作者：王丽，研究员，E-mail：wangli1@gdaas.cn

加水平的提高，回肠的隐窝深度呈现显著的先下降后升高的二次关系（$P<0.05$），与对照组相比，当饲粮中乙醇梭菌蛋白添加水平为 1%和 2%时，显著降低隐窝深度（$P<0.05$）。7）饲粮中 1%、2%、3%和 4%乙醇梭菌蛋白替代豆粕显著提高了断奶仔猪结肠内容物的 Chao1 指数、Observed otus 指数、Shannon 指数和 Simpson 指数（$P<0.05$）。在门水平的比较中发现，饲粮中 1%、2%、3%和 4%乙醇梭菌蛋白替代豆粕显著提高了厚壁菌门水平，降低变形菌门水平；饲粮中 1%、3%和 4%乙醇梭菌蛋白替代豆粕显著提高了放线菌门水平（$P<0.05$）。在科水平的比较中发现，与对照组相比，饲粮中 1%、2%、3%和 4%的乙醇梭菌蛋白替代豆粕显著降低了肠杆菌科水平（$P<0.05$）。综上所述，添加乙醇梭菌蛋白可显著提高断奶仔猪生产性能、机体抗氧化能力，提高仔猪免疫力、改善肠道形态及肠道菌群。

关键词：乙醇梭菌蛋白；断奶仔猪；肠道形态；炎症因子；肠道菌群

6634 水溶性蛋白肽替代饲粮中鱼粉和豆粕对断奶仔猪生产性能、营养物质消化率及肠道健康的影响

刘帅，温晓鹿，曹舒婷，蒋宗勇，王丽*

（广东省农业科学院动物科学研究所，农业农村部华南动物营养与饲粮重点实验室，猪禽种业全国重点实验室，岭南现代农业科学与技术广东省实验室茂名分中心，广东省畜禽育种与营养研究重点实验室，广州，510640）

摘要：本试验以水溶性蛋白肽替代断奶仔猪基础日粮中的鱼粉和豆粕，并通过对断奶仔猪的生产性能，肠道健康，营养物质消化率等方面综合评定水溶性蛋白肽应用于仔猪生产中的潜力。试验选取体重为 7.84±0.01kg 的 21 日龄（杜×长×大）断奶仔猪 160 头（阉公猪），随机分为 5 组，每组 8 个重复，每个重复 4 头仔猪。对照组饲喂由含鱼粉、发酵豆粕、豆粕的基础日粮；试验 1 组饲喂水溶性蛋白肽替代基础日粮中 50%鱼粉的日粮；试验 2 组饲喂水溶性蛋白肽替代基础日粮中 100%鱼粉的日粮；试验 3 组饲喂水溶性蛋白肽替代基础日粮中 50%豆粕的日粮，试验 4 组饲喂水溶性蛋白肽替代基础日粮中 100%豆粕的日粮，试验期为 28 天。结果发现，1）水溶性蛋白肽替代 50%鱼粉、100%鱼粉、50%豆粕和 100%豆粕对断奶仔猪的平均日增采食量、平均日增重、料重比和腹泻率无显著影响（P>0.05）。2）与替代 50%鱼粉组比，替代 100%豆粕组肺脏指数显著升高（P<0.05）。3）与对照组相比，替代 50%鱼粉、100%鱼粉、50%豆粕组血清肌酐和甘油三酯含量显著升高（P<0.05），替代 100%大豆粕组，血清中促炎因子 IL-1β，IL-6 的浓度显著提高（P<0.05）、二胺氧化酶有提高趋势（P=0.05）。4）水溶性蛋白肽替代鱼粉和豆粕对消化道（胃，十二指肠，空肠，回肠，盲肠，结肠）pH 值无显著影响（P<0.05），对回肠消化酶（脂肪酶，淀粉酶，胰蛋白酶）活力也无显著影响（P<0.05）。5）水溶性蛋白肽替代鱼粉和豆粕对断奶仔猪十二指肠和回肠形态无显著影响（P>0.05），替代 100%豆粕组空肠隐窝深度显著高于对照组（P<0.05）。6）替代 100%鱼粉组饲料粗蛋白和总能的表观消化率显著高于对照组（P<0.05）。7）与对照组相比，替代 50%豆粕和 100%豆粕组的结肠微生物β多样性存在差异（P<0.05）；通过随机森算法分析目水平和科水平下丰度前 10 的物种发现，目水平下 *Clostridiales*、*CW040*、*Desulfovibrionales* 菌的丰度的随着水溶性蛋白肽的用量增加而逐渐富集；在科水平下，*Lachnospiraceae*、*F16* 和 *Desulfovibrionaceae* 随着水溶性蛋白肽的用量增加而逐渐富集。综上，水溶性蛋白肽替代 50%鱼粉、100%鱼粉和 50%豆粕对断奶仔猪的生产性能，肠道健康和免疫功能无不良影响，且能提高饲粮表观消化率。因此，水溶性蛋白肽替代鱼粉和豆粕应用于仔猪日粮有较大潜力。

关键词：水溶性蛋白肽；蛋白原料；断奶仔猪；表观消化率；肠道健康

6640 有机微量元素替代无机微量元素对育肥猪生长性能、血清生化和微量元素排泄的影响

徐伟伟，阳治康，闫昭明，殷运菊，陈清华*

（湖南农业大学动物科学技术学院，湖南 410128）[48]

摘要：本试验旨在研究多氨螯合有机微量元素（铁、铜、锰、锌和硒）减量替代无机元素对育肥猪生长性能、血清抗氧化能力、血清生化、肝脏抗氧化和微量元素排泄的影响。试验选取 35kg 杜×长×大（阉公猪）健康且体况相近育肥猪 192 头，随机分为 4 组（每组 6 个重复，每个重复 8 只）：无机对照组（ITM 组）在基础饲粮中添加商品料推荐量无机微量元素（铁、铜、锰、锌和硒添加量分别为 80、6、40、100、0.3mg/kg);30%多氨螯合有机微量元素组（30%OTM 组）在基础饲料中添加商业推荐量的 30%多氨螯合有机微量元素；50%多氨螯合有机微量元素组（50%OTM 组）在基础饲料中添加商业推荐量的 50%多氨螯合有机微量元素；70%多氨螯合有机微量元素组（70%OTM 组）在基础饲料中添加商业推荐量的 70%多氨螯合有机微量元素，试验期 56 d。结果表明：1）30%OTM、50%OTM、70%OTM 组对育肥猪生长性能无显著影响（$P>0.05$）；70%OTM 组料肉比（F/G)有降低的趋势（$P=0.07$）。2）30%OTM、50%OTM、70%OTM 组血清总抗氧化能力（T-AOC）均有极显著提高（$P<0.001$），50%OTM 组丙二醛（MDA）显著降低（$P<0.05$）；50%OTM 组显著提高血清中铜-超氧化物歧化酶（Cu-SOD）和锰-超氧化物歧化酶（Mn-SOD）活性（$P<0.05$）。3）30%OTM、50%OTM、70%OTM 组均显著提高了育肥猪血清甘油三酯（TG）含量（$P<0.05$）。4）50%OTM 和 70%OTM 组显著提高了育肥猪肝脏 T-AOC 含量（$P<0.05$）。5）30%OTM、50%OTM、70%OTM 组均显著提高了育肥猪血清中免疫球蛋白 A（IgA）和免疫球蛋白 G（IgG）的含量（$P<0.05$）。6）30%OTM、50%OTM、70%OTM 组均显著降低了育肥猪粪便中 Cu、Fe 和 Mn 的含量（$P<0.05$）。综上所述，在本实验条件下，使用复合多氨有机微量元素减量替代无机微量元素可显著降低育肥猪粪便中金属元素 Cu、Fe 和 Mn 的排放，改善机体抗氧化能力和免疫力且不影响其生长性能。

关键词：有机微量元素；无机微量元素；育肥猪；生产性能；血清生化；微量元素排泄

[48] 作者：徐伟伟，湖南农业大学动物科学技术学院 2022 级动物营养学术型研究生，1998 年生，陕西榆林人，邮箱：weiweixu1998@163.com，电话：18569621336

6642 氧化米糠油对猪肠上皮细胞氧化损伤作用的研究

王传奇，王汝琦，齐慧宇，张晶*

（吉林大学动物科学学院，吉林省东北寒区畜禽饲料与饲养重点实验室，长春 130062）[49]

摘要：米糠油是由稻谷加工过程中得到的副产品米糠，用压榨法或浸出法制取的一种稻米油。米糠油的营养价值主要归功于其中脂肪酸的平衡，其中的多不饱和脂肪酸亚油酸主要参与炎症反应及脂质代谢。然而，米糠油在储存和运输过程中容易氧化和酸败。初级氧化产物通常是氢过氧化物，次级氧化产物会产生如醛、酮、酚等小分子有毒物质，这些物质不仅会影响米糠油的风味和色泽，还会使动物产生氧化应激。本试验旨在研究氧化米糠油对猪小肠上皮细胞（IPEC-J2）的损伤作用，并分析氧化米糠油对核因子 E2 相关因子 2/血红素氧合酶 1（Nrf2/HO-1）信号通路的影响。选取食品级新鲜一级米糠油，在烘箱中持续氧化直至过氧化值达到 55.8803 mmol/kg。采用 CCK-8 法检测不同体积比例氧化米糠油对猪小肠上皮细胞（IPEC-J2）增殖的影响，通过 CCK-8 结果选择 2.5%氧化米糠油作为后续实验浓度，乳酸脱氢酶试剂盒检测乳酸脱氢酶的变化。将猪小肠上皮细胞设为空白对照组，模型对照组（给予 2.5%新鲜米糠油处理），试验组（给予 2.5%氧化米糠油处理）。采用生化试剂盒检测各组细胞中丙二醛（MDA）含量及谷胱甘肽过氧化物酶（GSH）活力；采用流式细胞仪检测检测各组细胞中活性氧（ROS）水平和细胞凋亡率。采用实时荧光定量 PCR 法检测各组细胞中 Nrf2、HO-1、Keap1、醌氧化还原酶 1（NQO1）、热休克蛋白 70（HSP70）及超氧化物歧化酶 2（SOD2）基因表达水平。结果表明，与空白对照组相比，模型对照组中细胞凋亡率水平无显著变化，试验组细胞中细胞凋亡率水平显著升高（$P < 0.05$）。与空白对照组相比，模型对照组细胞中 ROS、MDA 及 GSH 水平无显著变化，实验组细胞中 MDA 及 ROS 水平显著上升，GSH 水平无显著变化。在基因水平上，与空白对照组相比，添加新鲜米糠油后可上调 Nrf2、Keap1、NQO1、HO-1、HSP70 及 SOD2 的基因表达，添加氧化米糠油后可显著下调 Nrf2、Keap1、NQO1、HO-1、HSP70 及 SOD2 的基因表达（$P < 0.05$）。由此可见，2.5%氧化米糠油处理细胞可以通过调控 Nrf2/HO-1 信号通路发生氧化应激对猪小肠上皮细胞（IPEC-J2）产生损伤作用。

关键词：氧化米糠油；猪小肠上皮细胞（IPEC-J2）；氧化应激；Nrf2/HO-1 信号通路

基金项目：国家自然科学基金项目（U21A20251）

作者简介：王传奇（1992—），男，讲师，主要从事动物营养与饲料方面的研究。手机：13804356455。E-mail: wangchuanqi@jlu.edu.cn

6644 槲皮素缓解玉米赤霉烯酮和脂多糖对 IPEC-J2 细胞氧化应激的影响

张晶[50]，付玉蓉[51]，王传奇[1]*，于浩[1]*

（1.吉林大学动物科学学院，吉林省东北寒区畜禽饲料与饲养重点实验室，长春，130062；2.河北省农林科学院粮油作物研究所，石家庄，050035）

摘要：玉米赤霉烯酮（ZEA）是常见的霉菌毒素之一，广泛存在于粮食作物中。脂多糖（LPS）是革兰氏阴性细菌细胞外壁的组成部分。这两种毒素对动物的健康都有影响，在动物饲养过程中，作为外毒素的 ZEA 和作为内毒素的 LPS 有在生物体内同时存在的可能。现阶段的研究关注单一毒素的危害，但对 ZEA 和 LPS 的共存和相互作用的研究很少。槲皮素（QUE）是一种天然类黄酮，具有很强的生物特性，如抗氧化、抗炎和抗肿瘤等。目前尚未发现槲皮素是否能缓解 ZEA 和 LPS 的联合作用。因此，本研究以 IPEC-J2 细胞为研究模型，以明确 QUE 在减轻 ZEA 和 LPS 对细胞氧化应激的联合效应方面的作用。利用 CCK-8 试剂盒检测细胞活力，乳酸脱氢酶试剂盒检测乳酸脱氢酶的变化。检测总抗氧化能力、Nrf2 信号通路和紧密连接相关基因和蛋白的表达。研究结果表明，与对照组相比，细胞活力随 ZEA 浓度的增加而逐渐降低，20 μM ZEA 能显著降低细胞活力。细胞活力随着 LPS 浓度的增加而逐渐降低，当 LPS 浓度为 1 μg/mL 时，细胞活力显著降低。对于 QUE 来说，浓度为 20 μM 时显著提高细胞活力，而 40-200 μM 的 QUE 则会降低细胞活力。因此，在随后的研究中，选择了 20 μM QUE 与 20 μM ZEA 和 1 μg/mL LPS 进行组合。结果显示，在 IPEC-J2 细胞中，与 ZEA+LPS 组相比，加入 QUE 后的组合提高了细胞活力和总抗氧化能力，降低了乳酸脱氢酶的含量（P<0.05）。在基因水平上，与 ZEA+LPS 组相比，QUE 加入后的组合可上调 Nrf2、NQO1 和 SOD2 的基因表达（P<0.05），并增加 Nrf2、HO-1 和 NQO1 的蛋白表达（P<0.05）。对紧密连接相关基因和蛋白的测定显示，与 ZEA+LPS 组相比，添加 QUE 的组合显著上调 Claudin、ZO-1 和 Occludin 相对基因和蛋白的表达（P<0.05）。在基因水平上检测了 Bcl-2 和 Bax 的相对表达，与 ZEA+LPS 组相比，添加 QUE 后的组合可显著降低 Bax 基因的表达（P<0.05），但 Bcl-2 的表达没有显著差异。综上所述，QUE 可以缓解 ZEA 和 LPS 对 IPEC-J2 细胞氧化应激的影响。

关键词：玉米赤霉烯酮；脂多糖；氧化应激；IPEC-J2 细胞

基金项目：国家自然科学基金项目（U21A20251）

作者简介：张晶（1976—），女，黑龙江桦南人，教授，博士生导师，主要从事动物营养与饲料方面的研究。手机：14794367799 E-mail:zhang_jing99@jlu.edn.cn。

*通信作者：王传奇，讲师，E-mail:wangchuanqi@jlu.edn.cn。于浩，教授，E-mail:yu_hao@jlu.edu.cn。

6645 The development of intestinal ILC3s in suckling piglets

Ningning Huang 1, Hao Li 1, Ling Ye 1, Jian Peng 1,2 Hongkui Wei 1,2*

(1. Department of Animal Nutrition and Feed Science, College of Animal Science and Technology, Huazhong Agricultural University, 430070, Wuhan, PR China; 2The Cooperative Innovation Center for Sustainable Pig Production, Wuhan, China)

Abstract: Diarrhea and pre-weaning mortality among piglets are crucial factors that impact the economic sustainability of the swine industry. One of the main causes of diarrhea and mortality is pathogenic infections. Initiation and regulation of defense mechanisms predominantly rely on the non-specific innate immune responses in suckling animals. Innate lymphoid cells (ILCs) are crucial in safeguarding against pathogenic infections, maintaining intestinal health, and acting as innate counterparts to T lymphocytes. However, our knowledge regarding the development and function of ILC3s in sucking piglets is currently limited. In this study, we successfully isolated and characterized the development of jejunal ILC3s and their associated cytokines in suckling piglets using flow cytometry. During the entire observation period, the development of ILC3s demonstrated a gradual progression during the early stages of life, followed by a rapid increase at day 28. Additionally, the development of NKp46^{+} ILC3s and the production of IL-17A by ILC3s displayed consistent patterns with the changes observed in ILC3s. Notably, IFN-g levels showed a significant increase at day 14 of suckling piglet. Moreover, the production of IFN-g by NKp46^{+} ILC3s was higher compared to that of NKp46^{-} ILC3s. Importantly, when piglets were subjected to a 4-hour challenge with Enterotoxigenic *Escherichia coli* (ETEC), both the percentages and absolute numbers of ILC3s significantly increased, accompanied by enhanced IL-22 production. Our research findings demonstrate that the development of ILC3s in suckling piglets follows a gradual progression from day 1 to day 21, with a notable increase observed at day 28. These ILC3s may play a vital role in protecting suckling piglets against ETEC, highlighting their significance for maintaining intestinal health. The outcomes of our study provide valuable insights for future research in related area.

*Corresponding author: Hongkui Wei; weihongkui@mail.hzau.edu.cn

Tel: 13163377356; E-mail: ninghhuang2020@163.com

6646 12R-HETE acts as an endogenous ligand of Nur77 in intestine and regulates ILC3s plasticity

Ningning Huang1, Jian Peng1,2, and Hongkui Wei1,2*

Department of Animal Nutrition and Feed Science, College of Animal Science and Technology, Huazhong Agricultural University, 430070, Wuhan, PR China. The Cooperative Innovation Center for Sustainable Pig Production, Wuhan, China.

Abstract: Group 3 innate lymphoid cells (ILC3s) enrich in intestine and play a critical for protecting against intestinal infections. Intestinal ILC3s exhibit a remarkable degree of plasticity, allowing these cells to adapt to different microenvironments and differentiate into subsets with distinct functional properties. Although the differentiation of DN ILC3s into NKp46^{+}ILC3s is an important process in the development of intestinal immunity, the underlying molecular mechanisms of this process remain poorly understood. Nur77 is orphan receptors, which plays an important role in regulating cell differentiation, survival and apoptosis. Recently, Nur77 has been identified as a potential regulator of intestinal ILC3s expansion. However, the impact of Nur77 on the plasticity of intestinal ILC3s remains unclear. Intestines were collected from the suckling mice, the protein—metabolite interactions, surface plasmon resonance and luciferase reporter assay was used to identify lipids that bind to Nur77. Then, the ligand was taken to mice via oral gavage, investigating the effects on ILC3s development by flow cytometry. We identified that 12R-HETE from mouse intestine is an endogenous ligand of Nur77. Treatment with 12R-HETE promoted the differentiation of NKp46^{-} ILC3s into NKp46^{+} ILC3s by enhancing the T-bet expression, thereby increased IFN-γ production from NKp46^{+} ILC3s, and reduced the susceptibility to infection in Nur77$^{+/+}$ suckling mice. An analysis showed that *Impdh1* was targeted genes of Nur77 in response to 12R-HETE and regulated ILC3s plasticity. We found 12R-HETE, an endogenous ligand of Nur77 promoted ILC3s development and the differentiation of NKp46^{-}ILC3s into NKp46^{+}ILC3s. In addition, the susceptibility to pathogenic infection was reduced by increasing IFN-γ production from NKp46^{+}ILC3s. Targeted genes of Nur77 have an important role in this process. Therefore, our works provide important insights into the critical molecular mechanisms responsible for intestinal innate immunity development.

*Corresponding author: Hongkui Wei, E-mail: weihongkui@mail.hzau.edu.cn; Tel: 13163377356; E-mail: ninghhuang2020@163.com

6663 氧化油脂对仔猪肠道形态结构及上皮细胞分化的影响

肖观萍，曾祥林，王启业，杨焕胜*

（湖南师范大学 生命科学学院 湖南省动物肠道生态与健康国际科技创新合作基地，湖南 410081）

摘要：本试验旨在研究饲粮中添加氧化油脂对断奶仔猪的肠道形态结构及上皮细胞分化的影响。试验选取 21 日龄（杜洛克×长白猪×大白猪）断奶仔猪 20 头，随机分为 2 组（每组 10 个重复，每个重复 1 头）：对照组饲喂基础饲粮，试验组饲粮用氧化油脂替换新鲜大豆油，试验期 28 d。结果表明：1）对断奶仔猪肠道发育和肠道形态结构的影响：相较于基础饲粮组，饲粮中添加氧化油脂显著降低了胃和大肠的重量（*P*<0.05）；提高了小肠的相对重量（*P*<0.05）；极显著提高了空肠绒毛高度和空肠隐窝深度（*P*<0.0001）；显著提高了回肠隐窝深度（*P*<0.01）；显著降低了回肠绒毛高度/隐窝深度（*P*<0.01）。2）对肠道类器官的生长情况的影响：相较于基础饲粮组，饲粮中添加氧化油脂极显著提高了断奶仔猪空肠类器官的面积和直径（*P*<0.0001）。3）对断奶仔猪空肠上皮细胞增殖、分化和凋亡的影响：相较于基础饲粮组，饲粮中添加氧化油脂显著降低了空肠 Ki67 阳性增殖细胞的数量（*P*<0.05）;有降低绒毛上内分泌细胞数量的趋势（*P*=0.0583）；极显著降低了空肠绒毛上的杯状细胞的数量（*P*<0.01）；4）对断奶仔猪空肠中的氧化应激标志物的影响：相较于基础饲粮组，饲粮中添加氧化油脂极显著降低了空肠中的总抗氧化能力（T-AOC）（*P*<0.0001）；显著提高了空肠中的谷胱甘肽过氧化物酶（GSH-Px）的活力（*P*<0.05）;显著降低了空肠中的 4-HNE 含量水平（*P*<0.05）。综上所述，氧化油脂会影响断奶仔猪肠道抗氧化能力、干细胞增殖分化和形态结构，促进肠上皮细胞向分泌型上皮细胞分化，但具体机制仍有待于进一步研究。

关键词：氧化油脂；断奶仔猪；肠道发育；抗氧化能力；上皮细胞分化

基金项目： 国家自然科学基金项目（32130099）

作者简介：肖观萍（2000—），女，江西赣州人，硕士研究生，研究方向为动物营养与肠道健康。手机：17379724689 E-mail: 2041637565@qq.com

*通信作者：杨焕胜，教授，E-mail: yhs@hunnu.edu.cn

6664 猪源嗜淀粉乳杆菌外泌体缓解黄曲霉毒素 B1 诱导的小鼠肠道屏障损伤和炎症

刘云欢，李金燕，刘鲜姣，刘金燕，史梦蝶，王禹博，陈兴祥，黄克和*

（南京农业大学）

摘要：目的：黄曲霉毒素 B1（AFB1）是一种普遍存在于食品和饲料中的污染物，对动物胃肠道造成严重损伤。益生菌在生长过程中产生的外泌体 (EVs) 携带各种生物活性分子，参与细胞间的信号调节，调控机体健康。但益生菌-嗜淀粉乳杆菌来源的外泌体 (LA-EVs) 对于 AFB1 诱导的小鼠肠道损伤的保护作用及机制尚未见报道。**材料和方法：**本研究首先利用密度梯度离心法和电镜制备猪粪便来源的 LA-EVs；然后，使用 0.75 mg/kg AFB1 灌胃 28 d，构建小鼠 AFB1 中毒模型，LA-EVs（25μg/d）灌胃给与 AFB1 中毒小鼠，观察其保护作用；通过 16s rRNA 菌群分析、差异代谢组学，抗生素处理和 AHR 抑制剂，进一步揭示了 LA-EVs 对 AFB1 中毒小鼠的保护作用机制。**结果：**成功分离得到纳米级的嗜淀粉乳杆菌来源的外泌体；与空白对照组相比，AFB1 暴露组小鼠肠道组织结构出现严重破坏，炎性因子表达量显著增加，回肠组织中紧密连接蛋白（ZO-1, Ocludin, Claudin 1）和黏蛋白-2 (MUC-2) 表达显著降低；LA-EVs 处理可以显著改善以上结果。研究结果进一步表明，LA-EVs 通过调节肠道菌群，增加肠道中吲哚三乙酸（IAA）的水平，从而激活小鼠肠道中芳香烃受体 (AHR) 表达并显著增加下游 CYP1A1 的表达，促进 IL-22 的分泌，修复肠黏膜屏障,，最终缓解 AFB1 中毒导致的小鼠肠道屏障损伤和炎症。**结论：**LA-EVs 通过调节肠道菌群，激活肠道 AHR/IL-22 信号通路，缓解 AFB1 诱导的小鼠肠道屏障损伤和炎症。

关键词：黄曲霉毒素 B1；益生菌外泌体；肠道菌群；肠道屏障；芳香烃受体

电话：18119552450；邮箱：2020018@njau.edu.cn

6667 猪源罗伊氏乳杆菌 LR1 对断奶后 42 天仔猪肠黏膜细胞外基质动态变化的影响

韦洋洋[1,2]，刘春艳[1,2]，杨雪芬[1]，黄艳娜[2]，吴绮雯[1]，熊云霞[1]，王丽[1]，蒋宗勇[1]，易宏波[1*]

（1. 广东省农业科学院动物科学研究所，猪禽种业全国重点实验室，农业农村部华南动物营养与饲料重点实验室，广东省畜离育种与营养研究重点实验室，510640；2. 广西大学动物科学技术学院，530004）[52]

摘要：本试验旨在研究饲粮添加猪源罗伊氏乳杆菌对断奶仔猪肠道细胞外基质（ECM）动态变化的影响。选取 21 日龄体重相近的杜长大杂交断奶仔猪 144 头，随机分为三个处理组，分别饲喂基础饲粮（对照组，CON 组）、基础饲粮中添加 75mg/kg 金霉素和 100mg/kg 喹乙醇（抗生素组，AO 组）、基础饲粮中添加 5×10^{10}CFU/kg 猪源罗伊氏乳杆菌 LR1（罗伊氏乳杆菌组，LR1 组），试验期为 42d，试验结束后随机从每栏挑选一头仔猪进行屠宰取样。结果表明：1）Masson 染色观察结果显示，十二指肠、空肠和回肠中胶原纤维都由肠黏膜下层向上层延伸，与 CON 组相比，LR1 组和 AO 组的十二指肠的胶原容积分数均显著降低（P<0.05），LR1 组的回肠胶原容积分数也显著降低（P<0.05）。2）TMT 高通量蛋白质组学结果显示，ECM-受体互作通路是差异蛋白主要富集通路之一，并且其差异蛋白 COL1A2、COL4A2、COL6A1、ITGA1 等 ECM 分子的表达，在 LR1 组显著低于 CON 组（P<0.05）。此外，与 CON 组相比，LR1 组和 AO 组的空肠和回肠 COL1A2、COL3A1、ITGβ2 的基因表达均显著降低（P<0.05），并且 LR1 组还显著降低了空肠 COL4A2、COL5A1、COL6A1、FN1、TNC、ITGα1 以及回肠 ITGα1 的基因表达（P<0.05），但对回肠 COL4A2、COL5A1、COL6A1、FN1、TNC 无显著影响（P>0.05）。3）在回肠中，与 CON 组相比，LR1 组和 AO 组回肠 Collagen Ⅰ、Collagen Ⅱ、Collagen Ⅲ、Collagen Ⅳ、Collagen Ⅴ以及 Collagen Ⅵ的含量显著降低（P<0.05）。4）最后，与 CON 组相比，LR1 组的回肠胞内调控因子 SEC6A1、PDE4D 的基因表达显著降低（P<0.05）；胞外调控因子 MMP2 的基因表达显著降低（P<0.05）；与 AO 组相比，LR1 组的胞内调控因子 SEC6A1、细胞因子 TGF-β的基因表达显著降低（P<0.05）。总之，饲粮中添加猪源罗伊氏乳杆菌 LR1 可通过降低 SEC6A1、PDE4D 等调控因子表达从而调节肠道 ECM 的动态变化。

关键词：罗伊氏乳杆菌 LR1；断奶仔猪；肠黏膜；细胞外基质

---

[52] 基金项目：国家自然科学基金（32272920）；广东省自然科学基金项目（2023A1515012491）；国家生猪产业技术体系（CAR-35）；广州市科技计划项目（202201011372）

作者简介：韦洋洋（2000—）；女，广西河池人，硕士在读，研究方向为动物营养与饲料科学，手机：15878672059；E-mail：1656890179@qq.com

通讯作者：易宏波（1989—），副研究员， E-mail：yihongbo@gdaas.cn

6673 Multi-omics analyses reveal the correlation between dynamic alteration of inulin utilizability and longitudinal development of gut microbiota in Jinhua native pigs

Nana Chen, Yizhen Wang, Mingliang Jin

(Key Laboratory of Animal Nutrition and Feed Science in Eastern China, Ministry of Agriculture; Institute of Feed Science, College of Animal Sciences, Zhejiang University, Hangzhou 310058, PR China)

ABSTRACT

Backgrounds: Accumulating evidence has demonstrated that precise and rational utilization of dietary fiber may contribute to improving animal gut health and alleviating conventional feed resource shortage in swine industry. Inulin, a typical kind of dietary fiber, has emerged as a promising nutritional supplement due to its various beneficial effects. Nonetheless, how to achieve the scientific and precise application of inulin in swine industry remains largely obscure. It is well documented that dietary fiber cannot be digested by endogenous enzymes in the small intestine but can be fermented into short-chain fatty acids (SCFAs), a group of bio-active molecules with multiple physiological effects by commensal microbes residing in the large intestine of monogastric animals. It is worth noting that gut microbiota is a dynamic and complex ecological system and would vary according to varieties of influencing factors, particularly longitudinal development. Based on the current knowledge regarding inulin utilization and gut microbiota, we proposed the hypotheses that dynamic changes of inulin utilizability may occur and correlate with longitudinal development of swine gut microbial community. Jinhua native pig models were therein adopted after the consideration of their genetic trait of crude feed tolerance, disease resistance, the geographical advantages of conducting nearby studies as well as original intention of exploiting indigenous breed resources. Hence, the present study aimed to preliminarily unveil the dynamic change pattern of inulin utilizability as a fermentation substrate and clarify its potential association with microbial community alterations during the early development of gut microbiota by the means of longitudinal analyses.

Methods: Animal experiments were performed at the Cooperative Experimental Research Base of Zhejiang University. As for the longitudinal study, fresh feces were sampled from Jinhua pigs (n=20) with similar body weight at one week pre- and post-weaning as well as 3rd month post-weaning, respectively. These sampling time points were selected on account of the fact that

the period from the peri-weaning phase to the phase when gut microbiota reaches basic maturity is a desirable window period for improving swine health via nutritional intervention strategies. *In vitro* simulated gastrointestinal digestion and anaerobic fermentation were applied to mimic the metabolism of inulin across the swine gastrointestinal tract and evaluate the dynamic change pattern of its utilizability as a fermentation substrate during the early development of gut microbiota. Chicory-derived inulin (product number: Orafti®HP; purity of 99.9%) was a linear-chain polymer of fructose residues combined together via β-(2→1) glycosidic bonds with a terminal glucose residue bound via an α-(2→1) glycosidic bond, which was manufactured in a single batch by BENEO-Orafti (Tienen, Belgium). Specifically, anaerobic fermentation was conducted in the anaerobic cabinet (Electrotek, Blackburn, UK) via blending the equal volumes of swine fecal slurry (2%, w/v) and inulin substrate solution (4%, w/v) and incubating for 14 hours at 37 ℃. Non-fermentable microcrystalline cellulose acted as a negative control to exclude the background interference of basal fermentation medium. Subsequently, targeted metabolomics was used to characterize microbial fermentation-derived SCFAs profiles. Meanwhile, longitudinal alterations of swine gut microbiota were assessed through 16S rRNA sequencing of fresh feces, which was widely acknowledged as an invasive and feasible approach for reflecting gut microbial community structure and function. Functional prediction of swine gut microbial community was performed based on KEGG database. Furthermore, Spearman's correlation analysis was performed to determine the potential association between microbial fermentation-derived SCFAs production and relative abundances of differential bacterial genera or differential carbohydrate metabolism pathways as well as the association between relative abundances of differential bacterial genera and differential carbohydrate metabolism pathways.

Results: Targeted metabolomics analysis displayed escalating concentrations of SCFAs in the fermentation broth, indicating a remarkable elevation of inulin utilizability as a fermentation substrate during the longitudinal development of swine gut microbiota. Moreover, longitudinal observations exhibited a conspicuous rise in the proportion of linear SCFAs and butyrate production as well as a significant decline in the proportion of branched SCFAs production in the fermentation broth, which may be attributed to the fact that different SCFAs components are generated from the shared intermediate metabolites of inulin fermentation in a competitive manner. As evidenced by microbiomics analysis, significant alterations were found in the composition of swine gut microbial community during the longitudinal development. Furthermore, there was a

marked longitudinal increase in alpha diversity of gut microbial community. Intriguingly, functional prediction of microbial community unveiled the ascending abundances of carbohydrate metabolism pathways, including pentose phosphate pathway, butanoate metabolism pathway as well as fructose and mannose metabolism pathway. Notably, Spearman's correlation analysis revealed significantly positive links between relative abundances of bacterial genera *Bifidobacterium*, *Roseburia*, *Faecalibacterium* and *Enterococcus* and the production of microbial fermentation-derived SCFAs production. In addition, relative abundances of these bacterial genera were also noticed to positively correlate with relative abundances of the carbohydrate metabolism pathways mentioned above. The close associations between multiple kinds of bacterial genera and SCFAs production may be partly ascribed to the fact that microbial fermentation of inulin into SCFAs is cooperatively orchestrated by different participating bacteria in a cross-feeding synergistic way, such as primary degrading bacteria, secondary metabolizing bacteria and ultimate SCFAs-producing bacteria.

Conclusions: In summary, this study preliminarily reveals the dynamic change pattern of inulin utilizability and its correlation with longitudinal alterations of gut microbial community structure and carbohydrate metabolism function in Jinhua pig models. These findings may shed new lights on understanding the dynamic change pattern of inulin from the perspective of gut microbiota development and lay the foundation for its precise and rational use of inulin via the synergistic combination with its metabolizing microbes in future swine nutritional interventions. However, it must be acknowledged that there are still some limitations existing in this study. Longer sampling time span, larger-scales of sampling subjects and denser sampling time points as well as dynamic shifts of microbial community during the fermentation process would be also taken into consideration in the future studies. Thus, more in-depth researches are warranted to facilitate the accomplishment of precise use of inulin in swine industry.

Keywords: Jinhua pigs; inulin utilizability; longitudinal development; gut microbiota; multi-omics analyses

Email: nanachen1207@zju.edu.cn; Tel: +86 13588274862

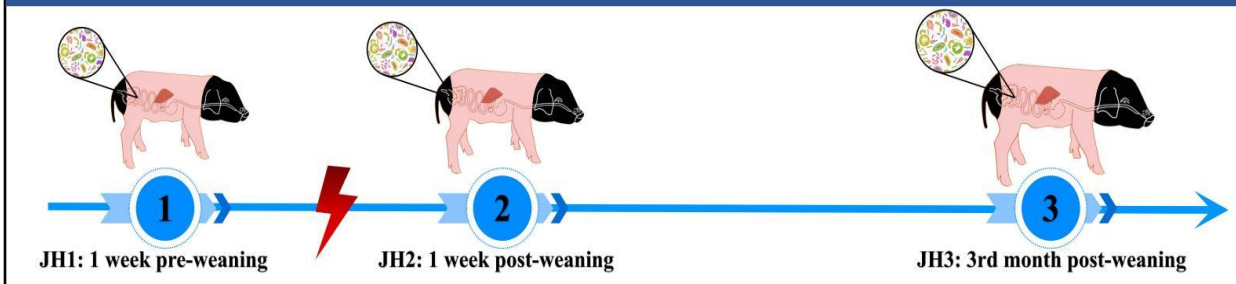
Multi-omics analyses reveal the correlation between dynamic alteration of inulin utilizability and longitudinal development of gut microbiota in Jinhua native pigs

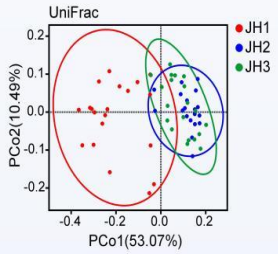
Nana Chen, Yizhen Wang & Mingliang Jin

Key Laboratory of Animal Nutrition and Feed Science in Eastern China, Ministry of Agriculture, Institute of Feed Science, College of Animal Sciences, Zhejiang University, Hangzhou 310058, PR China (Email: nanachen1207@zju.edu.cn)

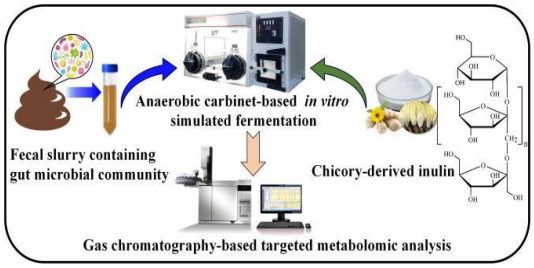
Abstract: Inulin is a typical kind of fermentable polysaccharide and has emerged as a promising dietary supplement due to its multiple health-promoting effects. This study aimed to unveil the dynamic change pattern of inulin utilizability as a fermentation substrate during gut microbiota development and illuminate its potential association with gut microbiota in Chinese Jinhua native pig models via longitudinal analyses. Herein, fresh feces were collected at one week pre- and post-weaning as well as 3rd month post-weaning, respectively. Targeted metabolomics and *in vitro* simulated fermentation revealed increasing concentrations of fecal short-chain fatty acids (SCFAs) and elevating utilizability of inulin as a fermentation substrate. Microbiomic analyses demonstrated conspicuous longitudinal alterations in gut microbial composition and a significant rise in microbial community diversity during gut microbiota development. Furthermore, gut microbial functional analyses exhibited a remarkable increase in the relative abundances of carbohydrate metabolism pathways, including pentose phosphate pathway, galactose metabolism pathway, butanoate metabolism pathway as well as fructose and mannose metabolism pathway. Notably, Spearman's correlation analyses uncovered that significantly positively correlations existed between relative abundances of bacterial genera *Bifidobacterium*, *Roseburia*, *Faecalibacterium* and the production of microbial fermentation-derived SCFAs. Collectively, these findings offer novel insights into understanding inulin utilizability variations from the perspective of gut microbiota development and lay the foundations for rational use of inulin via the synergistic combination with its metabolizing bacteria in future nutritional interventions.

A longitudinal study in Jinhua native pig models

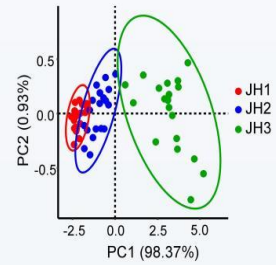




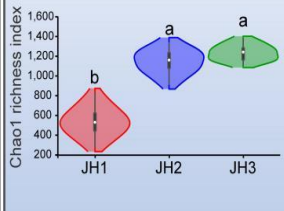
Significant alterations in microbial community structure

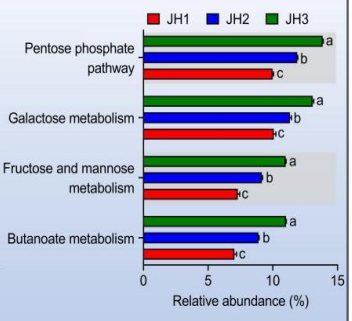


Longitudinal development of gut microbiota **correlates with** Dynamic changes of inulin utilizability



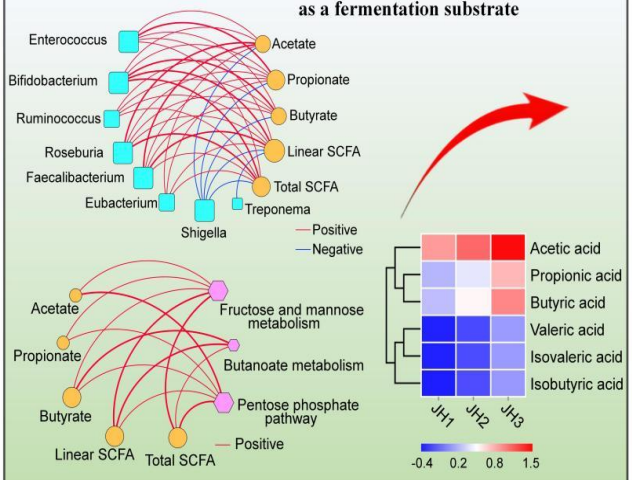
Dynamic changes of inulin utilizability as a fermentation substrate





A remarkable increase in gut microbial alpha diversity

A notable rise in gut microbial carbohydrate metabolism functions



Strong correlations between SCFA production and differential bacteial genera as well as carbohydrate metabolism functions

A noticeable elevation in inulin utilizability as evidenced by microbial fermentation-derived SCFA production

Conclusion

In summary, our data preliminarily confirm the hypothesis that the dynamic changes of inulin utilizability occurrs and correlates with longitudinal alterations of microbial community structure and function during gut microbiota development in Chinese Jinhua native pig models. Notably, this study may shed new lights on the dynamic change pattern of inulin utilizability from the perspective of gut microbiota development and lay the foundations for rational use of inulin via the synergistic combination with its metabolizing bacteria in future nutritional interventions.

6676 植物乳杆菌 LP15-1 通过诱导 M 细胞分化调控猪肠道先天性免疫

王薇薇 1*，郑越 1,2，段涛 1，李爱科 1

（1. 国家粮食和物资储备局粮油生物技术重点实验室，国家粮食和物资储备局科学研究院，北京 100037；

2. 广西师范大学生命科学学院，桂林，5410061）

摘要：改善肠道先天性免疫是提高仔猪抗感染能力的重要手段，M 细胞是存在于肠道黏膜滤泡相关上皮中的独特肠上皮细胞亚群，其介导的抗原转运是启动肠道黏膜免疫应答的重要步骤。本试验旨在以 LPS 攻毒为免疫应激模型，研究植物乳杆菌 LP15-1 通过诱导 M 细胞分化改善仔猪肠道先天性免疫的作用及其机制。28 日龄断奶仔猪 18 头，随机分为 3 个处理组，每组 6 个重复，每个重复 1 头猪。分别饲喂无抗生素基础日粮（阴性对照组，NC 组）、基础日粮＋LPS 感染（阳性对照组，PC 组）、基础日粮＋植物乳杆菌 LP15-1（10^7 CFU/g）＋LPS 感染（LP 组），试验期 21 d。于试验第 22 天，2 个 LPS 攻毒组按照 100 μg/kg 体重的剂量腹腔注射 LPS 溶液，阴性对照组注射同等剂量的生理盐水。于攻毒后 4 h 屠宰。结果表明：1）LP 组与 PC 组相比，腹泻率降低 37.93%；2）PC 组与 NC 组相比，LPS 肠道 PP 结中树突状细胞显著升高（$P < 0.05$），CD8+ T 淋巴细胞的阳性率有升高的趋势（$P = 0.06$）；而用 LP15-1 干预，可以显著抑制免疫细胞的变化（$P < 0.05$）；3）LPS 攻毒可导致肠道黏膜促炎因子（IL-1β、IL-6、TNF-α、TNF-β、IL-17）含量显著升高，肠道屏障（血清二胺氧化酶，D-乳酸含量）受损，LP15-1 的添加显著抑制由 LPS 诱导导致的促炎因子升高以及肠道屏障损伤（$P < 0.05$）；4）PC 组仔猪肠道微生物多样性显著降低，LP 组使菌群多样性明显恢复（$P < 0.05$）。5）LPS 攻毒导致肠道黏膜 M 细胞分化关键因子 GP2 和 Spi-B 的基因和蛋白表达量增加；而与 LPS 攻毒组相比，LP15-1 显著抑制了 M 细胞的分化（$P < 0.05$）；添加 LP15-1 显著下调 LPS 刺激断奶仔猪 NF-κB 信号通路的蛋白表达（$P < 0.05$）。由此可见，植物乳杆菌 LP15-1 能够缓解 LPS 免疫应激对仔猪肠道健康的损伤，并通过 M 细胞分化及 NF-κB 信号通路调控仔猪肠道先天性免疫功能，这为仔猪断奶综合症的防治和先天性免疫功能的改善提供了理论指导。

关键词：植物乳杆菌；M 细胞；断奶仔猪；肠道先天性免疫；微生物区系。

基金项目：国家自然科学基金项目（32002192）

作者简介：王薇薇（1984—），女，内蒙古呼和浩特人，副研究员，从事微生态制剂及抗生素替代技术开发，粮油饲料资源研发与应用研究。手机：13501239986 E-mail: www@ags.ac.cn

*通信作者：王薇薇，副研究员，E-mail: www@ags.ac.cn

6678 The ubiquitination of key proteins in tryptophan metabolism pathway plays an important role in the regulation of antioxidant levels in pig liver by α-lipoic acid

Jie Gao, Yanjun Cui, Weiguang Bao, Yue Hao and Xianhong Gu*

(State Key Laboratory of Animal Nutrition, Institute of Animal Sciences, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Beijing 100193, China)

1. Introduction

Improving the antioxidant capacity of the body is of great significance in the prevention and treatment of human and animal diseases and the improvement of growth performance or production parameters. Ubiquitination plays an important role in cellular processes, and is closely related to protein degradation in cells. At present, the importance of ubiquitination modification in participating in vital movement of animals has been confirmed, while the regulatory mechanism of ubiquitination modification involved in the antioxidant capacity in pig liver has not been deeply explored. In livestock production, α-lipoic acid (LA) can be used as an additive to alleviate stress damage and improve product quality. However, there are few in-depth reports on the key mechanism of LA regulating antioxidant capability by protein PTMs.

2. Materials and methods

Castrated 12 male large white (LW) finishing pigs at the body weight of 70.64 ± 3.61 kg were randomly allocated to 2 groups of 6 pigs per group. These pigs were fed with formulated diet containing 0 (CK, n = 6) and 800 mg/kg LA (LA, n = 6), respectively. All pigs were individually single-caged in 160 cm × 90 cm × 120 cm metabolic cages, given free access to water, and fed with a fattening diet (corn-soybean meal) containing 15.73% crude protein and 13.39 MJ/kg digestible energy, and the whole experiment lasted for 29days. LC-MS/MS analysis was performed on a Q Exactive HF mass spectrometer that was coupled to Easy nLC.

3. Results

3.1. Analysis of protein expression and ubiquitination modification level in pig liver

A total of 7,274 proteins were identified and quantified overall via TMT coupled with LC-MS/MS, of which 5,326 proteins were quantified. We identified 580 Kub proteins, 1380 Kub peptides and 1564 Kub sites through ubiquitylome analysis. Moreover, 64 sites of the 57 proteins of pig liver were ubiquitinated only in LA group, including KMO, MAOB, PSMD1, etc. These

ubiquitination occurred in the corresponding sites of these pig liver proteins from LA group, but were unobserved in the CK group, suggesting that the ubiquitination of the sites in these proteins was positively regulated by LA. Furthermore, the differential ubiquitination sites of several key enzymes in the tryptophan metabolism pathway identified in our research are KMO (K179), MAOB (K359) and CAT (K243), respectively.

3.2. Biological function analysis of differential protein

Several top ranking GO terms of DEPs from BP were associated with regulation of actin and aromatic amino acid metabolism; the top ranking enriched terms that related to MF were associated with amino acid metabolism and oxidase activity, including kynurenine 3-monooxygenase activity, L-tyrosine aminotransferase activity; the top ranking enriched terms that related to CC were associated with membrane structure. Several top ranking GO terms of DUPs from BP were related to expression of protein modification and deubiquitination of protein; the top ranking enriched terms that related to MF were associated with oxidoreductase activity and ubiquitination of proteins; the top ranking enriched terms that related to CC were associated with nuclear chromatin. The terms we focused on are oxidase activity and kynurenine 3-monooxygenase activity.

The KEGG enrichment analysis showed that the number of DEPs involved in the tryptophan metabolism of pig liver in LA group was significantly increased compared with the CK group. Comparing CK and LA groups, tryptophan metabolism, histidine metabolism, glycine, serine and threonine metabolism KEGG metabolic pathways of DUPs were significantly enriched. Up-regulated proteins were mainly enriched in ovarian steroidogenesis, down-regulated proteins were enriched in tryptophan metabolism. Up-regulated Kub proteins were mainly enriched in tryptophan metabolism, down-regulated Kub proteins were enriched in ubiquitin mediated proteolysis. It can be seen that significant changes in tryptophan metabolism at the protein level and ubiquitination modification level are worthy of attention.

3.3. The expression of kynurenine 3-monooxygenase (KMO) and antioxidation in pig liver with the effect of α-lipoic acid (LA)

Compared with the CK group, the activities of SOD and GSH-Px in pig liver upon LA significantly increased, the activities of CAT and TAOC showed an upward trend, the concentrations of NADH, NAD and NADH/NAD ratio were significantly increased, and the level of MDA was significantly decreased, together with the level of 4-HNE shows a downward trend.

From the results of proteome and ubiquitylome analysis, compared with the CK group, the protein expression level of KMO under the action of LA decreased significantly, and ubiquitination modification occurred. In addition, the enzyme activity of MAO, which has the potential role of causing oxidative stress, decreased significantly under the regulation of LA, but the enzyme activity of MAOB, one of the isoenzymes of MAO, did not change significantly.

4. Conclusion

In this study, the DEPs identified from the livers of pigs fed with LA were closely related to the metabolism of various amino acids. In addition to the significant changes in the protein expression and ubiquitination levels of KMO, the ubiquitination levels of MAOB and CAT which are key enzymes in the tryptophan metabolic pathway have also changed significantly. In combination with the significant improvement of antioxidant indicators, we speculate that the ubiquitination of key enzymes in the tryptophan metabolic pathway, especially KMO, plays an important role in the process of LA regulating the liver antioxidant capacity. In addition, we screened the key ubiquitination modification site (K179) of KMO under the action of LA. Overall, our data highlights the involvement of protein ubiquitination in pig liver response to the antioxidant α-lipoic acid which makes a breakthrough. We preliminarily discussed how nutrients regulate the antioxidant capacity of tissues and organs by protein PTMs, providing a new sight for further research on the mechanism of reducing stress injury through nutritional regulation measures.

E-mail address: guxianhong@vip.sina.com (X. Gu), gaojieludou@126.com (J. Gao). Mob: (086)15313806108

6227 种公猪 9-28 月龄精液品质变化规律及饲粮中添加原儿茶酸对精液品质的改善作用

胡睿智 1，杨茜梓 1，伍树松 1,2*，贺建华 1,2

（1. 湖南农业大学动物科学技术学院，长沙 410128；2. 湖南省畜禽安全生产协同创新中心，长沙 410128）

53

摘要：本研究旨在探究种公猪从 9 月龄至 28 月龄精液质量变化规律及添加原儿茶酸对精液品质的改善作用。试验选择 38 头 PIC 种公猪从 9 月龄至 28 月龄记录每次精液质量数据，探究精液品质变化规律，并在 28 月龄选择公猪 18 头随机分为 3 组：对照组饲喂基础饲粮，试验组分别添加 500mg 和 100mg 原儿茶酸的试验饲粮，试验期 12 周。结果表明：1）公猪从 9 月龄公猪精子密度、总精子数、采精量呈现上升趋势分别于 15 月龄、18 月龄、19 月龄达到峰值，而后从 20 月龄开始缓慢降低；精子活率呈现波动上升趋势于 20 月龄达到峰值，而后缓慢降低。2）28 月龄后饲粮中添加原儿茶酸可缓解采精量、精子密度、总精子数降低，显著提高精子活率和活力。3）添加 1000mg/kg 的原儿茶酸可显著提高公猪血清睾酮水平和总抗氧化能力（P<0.05），显著降低血清丙二醛含量（P<0.05）；在 AAPH 诱导睾丸间质细胞氧化损伤模型中，原儿茶酸后可以恢复 TM3 细胞睾酮产量并缓解氧化应激导致的细胞凋亡（P<0.05）；原儿茶酸可促进 HO-1，SOD2,NQO1 抗氧化蛋白的表达（P<0.05），并通过 PI3K/AKT 信号促进 Nrf2 磷酸化，促进下游抗氧化蛋白表达。4）与对照组相比，添加原儿茶酸可显著降低精子的 ROS（P<0.05），且添加 1000mg/kg 原儿茶酸可显著降低精子的脂质氧化损伤标志物 MDA 和 DNA 氧化损伤标志物 8-OHdg 水平（P<0.05）；添加原儿茶酸并不会增加精子线粒体数量；且对精子 ATP 含量无显著影响。但透射电镜结果发现对照组线粒体结构表现出形态异质性，线粒体嵴肿胀，而添加原儿茶酸可恢复线粒体形态缓解线粒体嵴肿胀；添加原儿茶酸后，JC-1 聚集体显著增加（P<0.05），并增加线粒体生物发生调节因子 Pgc1α和 Nrf1 的 mRNA 表达（P<0.05）。5）添加原儿茶酸后可促进精子 AMPK 磷酸化；而离体沉降和分子对接结果表明，原儿茶酸可靶向结合于 AMPK α 亚基的 KD 结构与 C 叶形成的口袋结构，促进 AMPK 的磷酸化。综上，种公猪从 9 月龄至 20 月龄，精液质量呈现上升，从 20 月龄后缓慢降低；饲粮中添加原儿茶酸可缓解精子密度、精子活率和采精量的降

基金项目：国家自然科学基金（31772819）(U22A20515)；湖南省重点研发（2021NK2010）

作者简介：胡睿智（1995-），男，湖南长沙人，博士研究生，主要从事单胃动物营养研究。手机：1573133334，E-mail: rzhi479@163.com

*通信作者：伍树松，教授，博士生导师，E-mail: wush688@126.com

低并提高精子活力。原儿茶酸可通过 PI3K/AKT/Nrf2 通路缓解睾丸间质细胞损伤提高睾酮水平，缓解精子密度降低；原儿茶酸可 AMPK 结合促进 AMPK 激活，改善精子线粒体功能，提高精子活力。

关键词：原儿茶酸；公猪；精液质量；线粒体功能；氧化应激

6247 Effects of Dietary Fiber ISF/SF Ratio in Late Pregnancy on Reproductive Performance, Milk Composition and Inflammatory Responses of Sows

Chengming Wang 1,2, Nan Wang 1,2, Yuankun Deng 1,2, Andong Zha 1,2, Junyao Li 1,2, Bie Tan 1,2, Ming Qi 1,2*, Jing Wang 1,2*, Yulong Yin 1,2

(1. College of Animal Science and Technology, Hunan Agricultural University, Hunan, 410128, China; 2. Yuelushan Laboratory, Hunan, 410128, China)

Abstract: Sows are frequently subjected to various stresses during late gestation and lactation, which trigger inflammatory responses and metabolic disorders. Dietary fiber can regulate gut microbiota and thereby alleviate stress and improve the reproductive performance of sows. The aim of this study was to evaluate the optimal maternal dietary fiber ratio (ISF/SF) based on reproductive performance, serum biochemical indices, inflammatory response, milk composition, and milk immunoglobulin of sows during late pregnancy. Sixty multiparous sows (Yorkshire × Landrace, 2 parity) were randomly divided into 3 treatment groups (HFR, MFR, LFR groups) according to the consistent principle of body weight, backfat, and parity. Sows were fed different ISF/SF ratio diets (HFR: 7.77, MFR: 5.94, LFR: 3.56) from d 85 of gestation to delivery, and were fed the same lactating diet. MFR significantly increased the litter weight of piglets at 21 days of breastfeeding (weaning)($P < 0.05$). The milk fat percentage and lactose percentage in the colostrum of sows in the MFR and LFR groups were significantly higher than those in the HFR group ($P < 0.05$), and the IgG and IgM contents in the colostrum of sows in MFR group were significantly increased ($P < 0.05$). Compared with the HFR group, plasma glucose (GLU) and interleukin-1β (IL-1β) of sows in the MFR and LFR groups were significantly decreased at delivery ($P < 0.05$). Plasma high-density lipoprotein cholesterol (HDL-C), non-esterified fatty acids (FFA), and interleukin-10 (IL-10) were significantly increased, and low-density lipoprotein cholesterol (LDL-C), aspartate aminotransferase (AST) and plasma alanine aminotransferase (ALT) were significantly decreased during delivery in MFR group ($P < 0.05$). For their offspring, Compared with the HFR group, MFR and LFR treatments significantly increased plasma IgG and

基金项目：国家自然科学基金项目（U20A2054, U22A20510, 32072745, 32102571, 32130099）

作者简介：王城名（1997—），男，云南大理人，硕士研究生，畜牧专业。手机：18206959121 E-mail: 412438716@qq.com

*通信作者：王婧，教授，E-mail：jingwang023@hunau.edu.cn；谭碧娥，教授，E-mail：bietan@hunau.edu.cn

IgM contents of piglets at weaning ($P < 0.05$). The plasma IgG content of piglets in the MFR group was significantly higher than that in the LFR group ($P < 0.05$), and the plasma sIgA content of piglets in the MFR group was significantly higher than that in the HFR group ($P < 0.05$). In conclusion, dietary fiber ISF/SF ratio of 5.94 in late gestation could improve the reproductive performance and colostrum immunoglobin contents of sows, and alleviate systemic inflammation in sows and piglets.

Keywords: Dietary fiber, Reproductive performance, Colostrum, Sow, Piglets

6488 调节猪早期胚胎发育的功能性营养素高通量筛选细胞模型的建立与应用

王新宇，黄俊，曾祥芳*

（中国农业大学动科学院，北京 100191）

摘要：胚胎发育对妊娠结局、产后发育和终身健康有着深远的影响。因此，选择合适的功能性营养物质促进胚胎发育进而改善母猪繁殖性能具有重要意义。本试验建立了一种营养物质高通量筛选细胞模型，以筛选促进猪胚胎发育的功能性营养素。通过慢病毒转导，将荧光素酶报告基因和 *PCNA* 基因启动子整合至猪胚胎滋养层细胞（pTr）核中，经 G418 筛选后得到可以稳定传代的 pTr-PCNA promoter-Luciferase 稳定转染细胞株。通过对 225 种营养物质的高通量筛选，利用 Z-scores 模型鉴定出 7 种能够激活 *PCNA* 基因启动子的物质，选取其中的白藜芦醇开展后续验证试验。1）10 μM 的白藜芦醇可以显著促进 pTr 细胞 *PCNA*、*CDK4*、*CCND1*、*Cdx2*、*GATA3*、*CAT* 等增殖、早期胚胎发育和抗氧化相关基因的表达（$P<0.05$）；2）细胞周期试验表明，10 μM 的白藜芦醇可以显著提高 S 期 pTr 细胞比例；3）Edu 试验表明，10 μM 的白藜芦醇可以显著促进 DNA 复制活性（$P<0.05$），暗示白藜芦醇可以通过促进 DNA 复制活性，使处于 S 期的 pTr 细胞比例增加，从而促进 pTr 细胞的增殖。4）选取 pTr 细胞和猪子宫内膜上皮细胞 pEECs 构建体外附植模型，结果显示 10 μM 的白藜芦醇可以显著促进胚胎的体外附植率（$P<0.05$）。5）饲粮添加 500 mg/kg 的白藜芦醇显著提高了胚胎附植数（$P<0.05$）、血清中总抗氧化能力（T-AOC）、超氧化物歧化酶（SOD）、谷胱甘肽过氧化物酶（GSH-PX），显著降低了血清中丙二醛（MDA）的含量。6）囊胚转录组数据表明，饲粮添加 500 mg/kg 的白藜芦醇显著提高了胚胎发育相关基因 *TDGF1* 和 DNA 修复相关 *NEIL2* 的表达水平。综上所述，通过构建的 pTr-PCNA promoter-Luciferase 细胞高通量筛选出的白藜芦醇可以通过调控 pTr 细胞周期，促进 DNA 复制活性，从而促进 pTr 细胞增殖和胚胎体外附植率；饲粮添加 500 mg/kg 的白藜芦醇可以通过提高大鼠的抗氧化能力，从而促进早期胚胎发育和胚胎附植。综上所述，我们建立了猪胚胎发育营养调控的高通量筛选细胞模型，可用于高效筛选调节胚胎发育潜在功能性营养素。经体内和体外试验验证，利用该模型筛选出的白藜芦醇可以通过促进胚胎滋养层细胞增殖、发育和维持氧化还原稳态，进而促进胚胎发育和提高胚胎附植数。

关键词：早期胚胎发育；母猪；高通量筛选；白藜芦醇

基金项目：国家自然科学基金项目（32020080）

作者简介：王新宇（1997—），男，山东青岛人，博士研究生，动物营养与饲料科学专业。手机：18618110058，E-mail: wxysinnow@163.com

*通信作者：曾祥芳，教授，E-mail: ziyangzxf@163.com

6527 叶酸和 VB12 对妊娠后期母猪胎盘功能和胎儿发育的机制研究

周锐，方正锋，卓勇，花伦，徐盛玉，李健，林燕，车炼强，冯斌，吴德

（四川农业大学动物营养研究院所，教育部动物抗病营养重点实验室，成都 611130）[54]

摘要：叶酸和 VB12 作为 B 族维生素，不仅可以促进同型半胱氨酸的再甲基化，还可为胎儿提供甲基基团，这有利于胎儿的发育和存活。因此，本研究旨在探讨妊娠后期添加叶酸和 VB12（FV）对母体的血清 Hcy 水平、氨基酸浓度、胎盘血管密度和抗氧化能力的影响。共选取 20 头初产母猪（杜洛克×长白×大白），随机分配 2 个处理：1）CON，对照组，2）FV，叶酸和 VB12 组（20mg/kg 叶酸，0.125mg/kg VB12）。结果表明，饲粮 FV 添加可以显著降低 IUGR 的发生率(P<0.05)。同时，FV 的添加增加了胎盘基质的血管密度(P<0.05)，减少了每单位面积的胎盘皱褶宽度(P<0.05)。妊娠中至晚期，母体 Hcy 水平显著上升(P<0.05)。但补充 FV 后，脐带血中 Hcy 的水平显著降低(P<0.05)。此外，FV 的补充显著增加了脐带血中赖氨酸、色氨酸、异亮氨酸、亮氨酸、组胺、苯丙氨酸、天冬氨酸、谷氨酰胺、丙氨酸和的脯氨酸水平(P<0.05)。同时, 与 CON 组相比，母体 FV 的添加有提高牛磺酸和甘氨酸水平的趋势(P<0.10)。相关性分析发现, 脐带血的氨基酸水平与胎盘基质的血管密度呈正相关(P<0.05)。进一步的分析表明，母猪饲粮添加 FV 激活了胎盘中氨基酸转运蛋白 SNAT2 和 VEGF-A 的蛋白表达(P<0.05)。并且 FV 的添加激活了胎盘雷帕霉素靶蛋白（mTOR）、S6、4E-BP1、AKT 的表达(P<0.05)。以上结果表明,妊娠后期母体补充 FV 可以通过降低 Hcy 水平、增加胎盘血管密度、增强氨基酸转运和激活 SNAT2 - mTOR 信号通路来提高母猪繁殖性能和胎儿发育。

关键词：叶酸，维生素 B12，宫内发育迟缓，同型半胱氨酸，胎盘血管，妊娠母猪

---

[54] 基金项目：国家自然科学基金项目（31972603）

作者简介：周锐（1997-），男，四川德阳人，博士研究生，研究方向为动物营养与饲料科学。手机：18200393359 E-mail: rui1zhou@163.com

*通信作者：方正锋，教授，博士生导师，E-mail: ZFang@sicau.edu.cn

6528 饲粮添加硫酸钠对妊娠后期母猪繁殖性能和胎盘功能的机制研究

周锐，方正锋，卓勇，花伦，徐盛玉，李健，林燕，车炼强，冯斌，吴德

（四川农业大学动物营养研究所，教育部动物抗病营养重点实验室，成都 611130）[55]

摘要：课题组先前的研究表明妊娠后期母猪的胆汁酸代谢紊乱会导致新鲜死胎数增加。而硫酸钠被作为畜禽新型饲料的营养强化剂，可以弥补畜禽体内硫元素的不足，改善胆汁酸代谢。因此，本研究旨在探讨妊娠后期添加硫酸钠（Na_2SO_4）对母猪的胆汁酸代谢、氨基酸浓度、胎盘血管发育和抗氧化能力的影响。因此，选取 20 头初产母猪（杜洛克×长白×大白），在妊娠 60 天随机分为 2 个处理：1）CON，对照组，2）Na_2SO_4，硫酸钠组（1.40 g/kg）。研究结果表明，饲粮添加 Na_2SO_4 可以降低新鲜死胎的发生率（P=0.05）。进一步分析发现，Na_2SO_4 添加显著降低了妊娠 90 天母猪的总胆固醇、低密度脂蛋白胆固醇和高密度脂蛋白胆固醇的水平（P<0.05），上调了胎盘的磺基转移酶（*Sult2a1*）和有机阴离子转运蛋白（*Slco1a2*）的基因表达（P<0.05），进而降低了脐带血的总胆汁酸水平（P<0.10）。并且，Na_2SO_4 的补充增加了母猪妊娠 90 天和脐带血的过氧化氢酶（CAT）活力（P<0.05），增加了脐带血的总超氧化物歧化酶（T-SOD）（P<0.10）活力，降低了胎盘丙二醛（MDA）的含量（P<0.05），上调了胎盘 SIRT1 的表达（P<0.05）。同时，Na_2SO_4 的添加增加了胎盘血管密度（P<0.05）和皱褶区的毛细血管数（P<0.10）。Na_2SO_4 的补充显著增加了母猪血液中的苏氨酸、组氨酸、苯丙氨酸、甘氨酸、丙氨酸、鸟氨酸、脯氨酸水平（P<0.05），有增加亮氨酸、牛磺酸、谷氨酸、谷氨酰胺、甘氨酸水平、丙氨酸和羟脯氨酸的的趋势（P<0.10）。Na_2SO_4 组显著增加了脐带血中的色氨酸、精氨酸、苯丙氨酸水平（P<0.05）。此外，母猪 Na_2SO_4 的添加显著降低妊娠 114 天母猪血液和脐带血液的尿素浓度（P<0.05）。进一步分析发现,母猪饲粮粮添加 Na_2SO_4 激活了胎盘的雷帕霉素靶蛋白（mTOR）、S6、4E-BP1 的表达（P<0.05）。以上结果表明，妊娠后期母猪补充 Na_2SO_4 可以通过增加胎盘 *Sult2a1* 的表达降低脐带血的 TBA 水平，通过增强母体增加胎盘血管密度和激活 mTOR 信号通路来提高氨基酸转运能力和氨基酸利用率，以及通过上调胎盘 SIRT1 的表达和降低 MDA 水平来增强其抗氧化能力，从而提高母猪的繁殖性能和胎儿存活。

关键词：硫酸钠，新鲜死胎，胎盘血管，抗氧化，mTOR，妊娠母猪

---

[55] 基金项目：国家自然科学基金项目（31972603）

作者简介：周锐（1997-），男，四川德阳人，博士研究生，研究方向为动物营养与饲料科学。手机：18200393359 E-mail: rui1zhou@163.com

*通信作者：方正锋，教授，博士生导师，E-mail: ZFang@sicau.edu.cn

6550 复方中草药添加剂对母猪繁殖性能、免疫和抗氧化功能及其仔猪生长的影响

张清泰 1,2，邓圣庭 1,2，方成堃 1,2，方亚祥 3，宋雅婷 1,2，张沙 1,2，韩金凤 1,2， 方热军 1.2*

（1. 湖南农业大学动物科学技术学院，长沙 410128；2. 智慧牧业工程湖南省工程研究中心，长沙 410128；3. 佳和农牧股份有限公司，长沙 410000）[56]

摘要：本试验旨在研究一种复方中草药添加剂（55.39%王不留行，18.46%通草，7.69%川芎，18.46%漏芦）对母猪繁殖性能、免疫和抗氧化功能及其仔猪生长性能的影响。选取 1-2 胎次杜×长×大三元杂交母猪 40 头，随机分为 2 个处理组，每组 20 个重复，每个重复 1 头母猪。对照组饲喂基础饲粮，试验组在基础饲粮中添加 3.25%的复方中草药，试验期为临产前 1 周至分娩后 3 周，试验期共 28 d。结果表明：1）与对照组相比，复方中草药组母猪的泌乳量、健仔率和初生个体均重显著提高（P<0.05），平均头产程显著降低（P<0.05），两组母猪总产仔数无显著差异(P＞0.05)，复方中草药组初生窝重有提高趋势(0.05≤P＜0.10)；2）与对照组相比，复方中草药组母猪初乳成分中乳蛋白率、乳糖率、非乳脂固体和免疫球蛋白 G（IgG）显著提高（P<0.05），尿素氮含量显著降低（P<0.05）；3）复方中草药组母猪血清中谷胱甘肽过氧化物酶（GSH-Px）和总超氧化物歧化酶（T-SOD）活性显著提高（P<0.05），丙二醛（MDA）含量显著降低（P<0.05），IgG 含量显著提高（P<0.05），而 IgM 和 IgA 含量没有显著差异(P＞0.05)；4）复方中草药组仔猪的断奶窝重和断奶个体均重显著提高（P<0.05），哺乳仔猪的死亡率显著降低（P<0.05），对仔猪腹泻没有显著影响；5）与对照组相比，复方中草药组仔猪断奶日血样中的 IgG 含量显著提高（P<0.05）。本试验发现，由王不留行、通草、川芎、漏芦组成的复方中草药添加剂相对于前人通过单独添加改善畜禽某一方面的生产性能，本复方中草药添加剂合理配伍对哺乳母猪的抗氧化能力、繁殖性能和免疫性能有更全面的改善效果，能显著提高母猪的泌乳量，降低母猪平均头产程，增加初乳中的养分含量和 IgG 含量，提高健仔率的同时提高哺乳仔猪的生长性能和免疫能力，同时没有负面影响。

关键词：复方中草药；妊娠母猪；哺乳仔猪；繁殖性能；免疫功能

---

[56] 基金项目：益阳市专家工作站项目；“十四·五”国家重点研发计划课题（2022YFD1300404）

作者简介：张清泰（2000—），男，湖南长沙人，硕士研究生，研究方向为动物营养与饲料科学专业。手机：18569536700 E-mail: 392672405@qq.com

*通信作者：方热军，教授，博士生导师，E-mail: fangrj63@126.com.cn

6562 饲粮中不同来源和水平的铁对公猪机体铁状态和精液品质的影响

吴英慧 1,2，李亚梅 1,2，苗悦悦 1,2，彭健,2,3*

华中农业大学动物科技学院，武汉 430070；2.动物育种与健康养殖前沿科学中心，武汉 430070；3.生猪健康养殖部省共建协同创新中心，武汉 430070）[57]

摘要：铁是机体中最丰富的必需微量元素，参与调控精子发生和精子成熟过程中 DNA 合成、线粒体能量代谢等关键信号通路。本研究旨在探讨饲粮中添加不同来源和水平的铁对公猪机体铁状态和精液品质的影响，以确定饲粮中适当的铁来源和水平。试验选择 56 头 15~21 月龄托佩克 E 系公猪，随机分成 5 组，每组 10～12 头。在相同基础饲粮中添加不同来源和水平的铁，即第 1 组饲粮中添加 96 mg/kg 硫酸亚铁（ferrous sulfate, $FeSO_4$）和 54 mg/kg 甘氨酸螯合铁（glycine chelate iron, Gly-Fe）作为对照组，第 2 组和第 3 组饲粮中分别添加 80mg/kg 和 115 mg/kg Gly-Fe，第 4 组和第 5 组饲粮中分别添加 80 mg/kg 和 115 mg/kg 的蛋氨酸羟基类似物螯合铁（methionine hydroxyl analogue chelate iron, MHA-Fe），试验期 16 周。结果发现：1）试验第 12 周和第 16 周时，与第 1 组公猪相比，第 4 组和第 5 组公猪精子畸形率（P<0.01）和近端原生质液滴比例（P<0.05）显著降低；第 5 组公猪总精子数和有效精子数显著升高（P<0.05），原地摆动精子比率显著降低（P<0.05）。2）试验第 16 周，第 2、3、4 和 5 组公猪日粮中铁添加量降低时，血清铁含量和血红蛋白含量与第 1 组公猪相比无显著差异（P>0.05）。3）与第 1 组公猪相比，第 2、3、4 和 5 组公猪血清铁调素含量（P<0.01）、铁蛋白含量（P<0.05）和转铁蛋白受体含量（P<0.01）均显著降低，但第 5 组公猪精浆铁含量显著升高（P<0.05）。4）第 4 组和第 5 组公猪血清中促炎细胞因子 IL-6 水平显著低于第 1 组（P<0.05）。相关性分析结果显示，血清 IL-6 水平与铁调素含量呈正相关（P<0.05），而铁调素含量升高会导致精子畸形率增加（P<0.05）。另外，血清 IL-6 水平与精浆铁含量呈显著负相关（P<0.05）。5）与第 1 组公猪相比，第 5 组公猪血清中超氧化物歧化酶水平、血清和精浆中总抗氧化酶水平显著增加（P<0.05），血清和精浆中丙二醛水平显著降低（P<0.05）。此外，第 4 组和第 5 组公猪精子中丙二醛水平显著低于第 1 组公猪。总的来说：饲粮中添加 80 mg/kg 和 115 mg/kg 的 MHA-Fe 可改善公猪精液品质，提高机体铁的利用率，降低公猪促

---

[57] 基金项目：国家自然科学基金（32202699）；现代农业产业技术体系（CARS－36）；湖北省重点研发计划（2022BBA0012）

作者简介：吴英慧（1993—），女，山东菏泽人。博士，动物营养与饲料科学专业。

手机：15207149185E-mail: wuyinghui@mail.hzau.edu.cn

*通信作者：彭健，教授，博士生导师，E-mail: pengjian@mail.hzau.edu.cn

炎细胞因子水平和氧化应激水平。其中，添加 115mg/kg MHA-Fe 对提高公猪有效精子数和降低氧化应激效果更显著。

关键词：公猪；精液品质；蛋氨酸羟基类似物螯合铁；铁状态；炎症因子；氧化应激

6598 饲粮添加酵母后生元对泌乳母猪生产性能、乳品质和免疫功能的影响

常俊磊，贾新林，刘亚磊，潘旭静，吴德，徐盛玉

（四川农业大学动物营养研究所，四川成都 611130）[58]

摘要：妊娠后期母猪合成代谢增加，而在妊娠最后 5-7 天和哺乳 3-5 天分解代谢迅速增加，同时母猪由妊娠舍转到分娩舍和繁殖器官状态的改变对母猪的代谢和健康带来了挑战。酵母后生元（YC）是酵母在特定的工艺条件下通过充分厌氧发酵后制成的饲用产品，主要由酵母细胞代谢产物、发酵转化的培养基和少量酵母细胞本身等组成，富含多肽、有机酸、糖类、肌醇以及未知的生物活性物质。本试验旨在研究在母猪妊娠后期和泌乳期日粮中添加酵母后生元对母猪及其后代生产性能的影响。选取 150 头妊娠 90 天的长白×大白母猪，随机分为 3 组(n=50)。对照组饲喂基础饲粮，试验组饲喂分别添加 1.25、2.00 g/kg 的 YDP 的试验饲粮，试验一直持续到断奶结束。结果表明：1）YDP 组母猪在妊娠后期的背膘厚度显著增加，断奶仔猪平均断奶重有增加的趋势(P<0.01，P=0.05)，且添加 YDP 显著降低仔猪死亡率和仔猪腹泻指数(P<0.05)。2）分娩母猪血清中，YDP 组中谷胱甘肽过氧化物酶（GSH-PX）含量显著低于对照组(P<0.05)，免疫球蛋 A(IgA)含量高于对照组(P<0.05)。母猪胎盘组织中总抗氧化能力(T-AOC)、转化生长因子-β (TGFR-β)含量均高于 CON 组(P<0.05)。3）YDP 组泌乳母猪血清中丙二醛(MDA)含量显著高于对照组(P<0.05)。与对照组相比，泌乳第三天，2.00 g/kg 母乳中乳糖含量有升高趋势(P=0.07)，分泌型免疫球蛋白 A(sIgA)含量有降低趋势(P=0.06)。4）在泌乳第 14 天，2.00 g/kg 组母乳乳糖含量显著高于对照组(P=0.08)，免疫球蛋白 G 含量显著高于对照组(P<0.05)，且添加 YDP 可显著提高母乳中 IgA 含量(P<0.01)。5）仔猪血清中，1.25 g/kg 组免疫球蛋白含量显著高于对照组和 2.00 g/kg 组(P<0.05)。综上所述，本研究表明，母猪妊娠后期至泌乳期饲粮添加酵母后生元提高了母猪妊娠后期的背脂肪沉积，改善了母猪乳成分、提高了母猪和仔猪的免疫水平，降低了仔猪死亡率和仔猪腹泻指数，有提高断奶仔猪重的趋势。

关键词：母猪；酵母后生元；繁殖性能；免疫功能；乳品质

---

[58] *基金项目：本研究受四川省重大科技专项项目(2021ZDZX0009)，十四五育种攻关项目(2021YFYZ0008)资助。

作者简介：常俊磊（1999-），男，河南安阳人，硕士研究生，从事动物营养与饲料科学研究。手机：18483662636 E-mail：junlei@stu.sicau.edu.cn

通讯作者：徐盛玉，副研究员，硕士研究生导师，E-mail: shengyuxu@sicau.edu.cn

6613 酵母后生元在提高妊娠晚期和泌乳母猪繁殖性能中的微生物机制

常俊磊，贾新林，刘亚磊，潘旭静，吴德，徐盛玉*

（四川农业大学动物营养研究所，四川成都 611130）

摘要：动物的肠道中生活着数以万亿计的微生物。微生物和寄主之间的协同关系几乎存在于各种生理活动中，调节寄主的生理活动。本研究旨在探讨在母猪妊娠后期和泌乳期饲粮中添加酵母后生元(YDP)对母猪及其仔猪粪便微生物和短链脂肪酸(SCFA)的影响，以及肠道微生物与 SCFA、血清细胞因子以及母猪繁殖性能的关系。选取 150 头妊娠 90 天的长白×大白母猪，随机分为 3 组(n=50)。对照组饲喂基础饲粮，试验组饲喂分别添加 1.25、2.00 g/kg 的 YDP 的试验饲粮，试验一直持续到断奶结束。结果表明：1) 1.25 g/kg 的 YDP 能提高妊娠母猪粪便中异丁酸的含量，降低断奶仔猪粪便中的丁酸含量(P<0.05)，且 YDP 显著降低了妊娠母猪粪便微生物β多样性，显著增加了仔猪粪便微生物β多样性(P<0.05)。2）YDP 显著提高了妊娠母猪粪便中 Actinobacteria 和 Limosilactobacilli 的丰度(P<0.05)，显著提高了仔猪粪便中 Verrucomicrobiota、Bacteroidota 和 Fusobacteriotai 的丰度(P<0.05)。3）妊娠母猪粪便中类杆菌丰度与丙酸呈正相关(r>0.5，P<0.05)。妊娠期母猪粪便中 Prevotellaceae_NK3B31_group 的丰度与粪便中的乙酸、丙酸、戊酸和总挥发性脂肪酸呈显著正相关(r>0.5，P<0.05)，Bacteroidota and Prevotellaceae_NK3B31_groupNK3B31 与死胎数呈显著负相关(r<-0.5，P<0.05)。4）哺乳母猪粪便戊酸以及血清细胞因子免疫球蛋白 A(IgA)与 Romboutsia 丰度呈显著负相关(r<-0.5，P<0.05)。5）仔猪粪便中 Lactobacillus and Holdemanella 丰度与粪便总挥发性脂肪酸呈正相关，与血清 IgA 呈负相关(r>0.5，P<0.05)。综上所述，在母猪妊娠后期和哺乳期日粮中添加 Y-DP 对母猪和断奶仔猪肠道微生物区系的多样性和粪便中 SCFA 的产生具有调节作用。此外，在母猪日粮中添加 Y-DP 可以改善仔猪粪便中的有益微生物群落，从而改善肠道健康。母猪繁殖性能的提高与粪便微生物区系和免疫功能的改善有关。

关键词：酵母后生元；母猪；断奶仔猪；粪便微生物

---

*基金项目：本研究受四川省重大科技专项项目(2021ZDZX0009)，十四五育种攻关项目(2021YFYZ0008)资助。

作者简介：常俊磊（1999-），男，河南安阳人，硕士研究生，从事动物营养与饲料科学研究。手机：18483662636 E-mail：junlei@stu.sicau.edu.cn

通讯作者：徐盛玉，副研究员，硕士研究生导师，E-mail: shengyuxu@sicau.edu.cn

6617 功能性日粮纤维调控妊娠期胆汁酸稳态提高母猪繁殖性能

吴晓宇 1,2，彭健 1,2*

（1. 华中农业大学动物科技学院；2. 生猪健康养殖省部共建协同创新中心，湖北 430070）[59]

摘要：妊娠期母体血总胆汁酸(TBA)升高会引起胆汁酸稳态失调。妊娠期胆汁酸稳态失调与胎儿窘迫、不明原因死产、自发性早产、新生儿初生低体重和死胎有关。此外，机体胆汁酸代谢与肠道菌群密切相关。本研究旨在探究妊娠饲粮中添加功能性日粮纤维(GCW)对对母猪繁殖性能、肠道菌群组成和胆汁酸稳态的影响。本研究选用 61 头大白母猪，对照组(n = 33)母猪在妊娠期饲喂普通饲粮，GCW 组(n = 28)母猪在普通饲粮的基础上添加 2% GCW。利用全自动生化分析仪测定血浆生化指标。利用 16S rRNA 测序技术确定肠道菌群组成。利用靶向代谢组检测血浆和粪中胆汁酸组成。母猪妊娠期 GCW 饲粮提高了仔猪的初生重，降低了宫内生长受限仔猪的比例。此外，在妊娠第 109 天，母猪饲粮中添加 GCW 降低了肠道微生物多样性，并改变了肠道微生物的α和β多样性。在门水平上，饲粮 GCW 处理显著降低了母猪肠道中拟杆菌门、螺旋体门和变形菌门的丰度，增加了厚壁菌门的丰度。在属水平上，饲粮 GCW 处理显著增加了母猪肠道中未分类的瘤胃球菌科的丰度，降低了乳杆菌属、拟杆菌属、梭菌属等的丰度。其中，乳杆菌属和拟杆菌属携带胆盐水解酶基因(可将结合胆汁酸水解为去结合胆汁酸)，但粪中总的甘氨酸结合和牛磺酸结合胆汁酸水平在两处理间无显著差异。饲粮添加 GCW 增加了瘤胃球菌科(部分种类可通过 7α脱羟基作用参与次级胆汁酸生成)的相对丰度，这与 GCW 组粪中脱氧胆酸(DCA)水平升高有关。与对照组相比，GCW 处理可降低母猪妊娠第 90 天和第 109 天血浆 TBA 和 7α-羟基-4-胆甾醇-3-酮(C4)水平(肝脏胆汁酸合成能力下降)。与对照组相比，GCW 组血浆中甘氨熊去氧胆酸(GUDCA)、牛磺酸熊去氧胆酸(TUDCA)和甘氨猪胆酸(GHCA)水平降低。Spearman 相关性分析显示，GCW 处理对母猪肠道菌群的影响与维持母猪胆汁酸稳态和提高繁殖性能有关。研究结果表明，饲粮 GCW 处理可能通过维持母猪妊娠期胆汁酸稳态来提高繁殖性能。此外， GCW 饲粮可通过调节母猪肠道微生物来增加粪中 DCA 水平。

关键词：功能性日粮纤维；肠道微生物；胆汁酸；繁殖性能；母猪

---

[59] 基金项目：国家自然科学基金项目（31772609）；湖北省技术创新重大专项（2009DFA31570）

作者简介：吴晓宇（1992—），男，浙江嘉兴人，博士研究生，动物营养与饲料科学专业。手机：13586414898，xbmzdxwxy@webmail.hzau.edu.cn

* 通讯作者：彭建，教授，博士生导师，pengjian@mail.hzau.edu.cn

6627 夏季高温下母源添加白藜芦醇通过调节母猪初乳免疫球蛋白和外泌体 miRNA 来促进仔猪肠道健康和增重的机制研究

洪常铭 2, #，黄宇健 1,#，温晓鹿 1，王丽 1，杨雪芬 1，高开国 1，蒋宗勇 1，肖昊 1,*

（1.广东省农业科学院动物科学研究所，广东 510640；2.华南农业大学动物科学学院，广东 510642）[60]

摘要：由于白藜芦醇具有很好的抗氧化、抗炎和调节代谢的特性。近年来，白藜芦醇被认为是一种有益的母猪饲料添加剂。而在南方地区夏季高温会对母猪繁殖性能产生不利的影响。因此，通过营养调控缓解夏季高温条件下母猪的热应激状态来提高母猪繁殖性能，进而提高哺乳仔猪的肠道健康以及生长发育是很有必要的。本试验旨在研究在高温条件下母源添加白藜芦醇对哺乳仔猪肠道健康和增重的影响及其机制。本试验选取 20 头长白×大白三胎母猪，随机分为两组（每组 10 个重复，每个重复 1 只）：对照组饲喂基础饲粮，试验组在妊娠期 d 75 到哺乳期 d 21 在基础日粮的基础上添加 300 mg/kg 的白藜芦醇，试验期 60 d。结果表明：1）母源添加白藜芦醇显著提高了哺乳仔猪的全期日增重和断奶窝重（P<0.05）。2）母源添加白藜芦醇显著增加了仔猪肠道绒毛长度，以及绒毛长度/隐窝深度；显著降低了隐窝深度；且有促进肠上皮增殖的趋势（P=0.0639）。3）饲粮添加白藜芦醇改变了母猪初乳外泌体 miRNA 的表达情况，对照组和试验组之间存在 31 个显著上调的 miRNA 和 59 个显著下调的 miRNA，且这些差异 miRNA 的靶向基因大多数富集在紧密连接（tight junction）通路。4）母源添加白藜芦醇显著增加了仔猪空肠中紧密连接蛋白的 mRNA 水平及蛋白水平（P<0.05）。5）饲粮添加白藜芦醇显著提高了母猪初乳中免疫球蛋白的水平（P<0.05），且母源添加白藜芦醇显著提高了仔猪肠道中的 sIgA 分泌水平以及 sIgA 分泌相关因子的表达水平（P<0.05）。6）母源添加白藜芦醇改变了仔猪结肠微生物的组成；此外，母源添加白藜芦醇显著增加了仔猪结肠中的有益菌（如 *Alloprevotella* 和 *Lactobacillus*）的相对丰度，显著减少了仔猪结肠中有害菌（如 *Escherichia-shigella* 和 *Enterococcaceae*）的相对丰度（P<0.05）。8）母源添加白藜芦醇显著提高了结肠中短链脂肪酸的水平。9）相关性分析结果显示，仔猪肠道 sIgA 分泌水平、结肠有益菌和短链脂肪酸三者之间存在正相关，而且仔猪肠道指标与仔猪日增重呈正相关。以上结果表明，在夏季高温下母猪饲粮添加 300 mg/kg 白藜芦醇可以通过调节初乳外泌体 miRNA 的表达和提高初乳免疫球蛋白的水平来提高哺乳仔猪的肠道健康，进而提高其哺乳期的增重。

关键词：白藜芦醇；初乳；外泌体；免疫球蛋白；肠道健康

---

[60] 基金项目：国家自然科学基金项目（31902172）；科技创新战略专项基金-农业科学院高水平院建设专项基金(R2020PY-JG009, R2022PY-QY007, 202106TD)

作者简介：洪常铭（1998—），男，广东广州人，硕士研究生，主要从事动物营养与免疫研究。手机：13725311278 E-mail: 13725311278@163.com。

*通信作者：肖昊（1988-），副研究员，硕士生导师，主要从事动物营养与饲料科学研究。E-mail: xiaohao@gdaas.cn

6628 母猪日粮添加酵母培养物调节其断奶仔猪在脂多糖应激下的免疫性能

潘旭静，刘亚磊，贾新林，常俊磊，吴德，徐盛玉

（四川农业大学动物营养研究所，四川成都 611130）[61]

摘要：早期断奶的仔猪免疫系统发育不完善，会面临生理、心理以及营养等多方面应激源所带来的压力，从而导致仔猪断奶后生长滞后以及易于腹泻，主要表现为断奶后 24-48 h 内采食量减少、生长速度减慢甚至负增长，以及对病原体的敏感性增加。且胎儿在出生前的生长发育关键时期，宫内状况会对后代产生长期的影响，这便是“胎儿印记”。因此在母猪营养方面进行深入研究，探究母体营养干预对后代的影响具有重要意义。本研究的目的是调查母猪在妊娠后期和哺乳期添加酵母培养物对其断奶后代在脂多糖 (LPS) 应激下免疫性能的影响。选取背膘相近的长白×约克母猪（胎次 3~7）40 头，随机分为 2 个处理组：即对照组（基础日粮）和酵母培养组（基础日粮+2.0 g/kg 酵母培养物）。该试验从妊娠第 90 d 开始到泌乳期第 21 d 结束。试验结束时从每组选择 12 头体重相近的仔猪各自分别腹腔注射生理盐水或 LPS 后 4h 屠宰。结果表明：1）断奶仔猪注射 LPS 后，胸腺中白细胞介素 6（IL-6）和肝脏中肿瘤坏死因子-α（TNF-α）浓度显着升高（$P < 0.05$）。母体补充酵母培养物可显著降低断奶仔猪血浆中 IgG、IgA、IgM、IL-1β、IL-6、IL-10、TNF-α的浓度（$P < 0.05$），显著降低断奶仔猪胸腺 IL-1β、IL-6、IL-10、TNF-α的浓度（$P < 0.05$）；2）注射 LPS 可显著上调断奶仔猪一些组织炎症相关基因的表达，显著下调肠道紧密连接相关基因的表达，并且显著升高了断奶仔猪肝脏 p-NF-κB、p-IκBα、p-JNK、NF-κB、IκBα的蛋白表达（$P < 0.05$）。母体补充酵母培养物可显著下调断奶仔猪胸腺 IL-6 和 IL-10 的基因表达，降低肝脏 JNK 的蛋白表达（$P < 0.05$），有下调肝脏 IL-1β（$P = 0.090$）、脾脏 IL-10（$P = 0.089$）表达量的趋势。综上，注射 LPS 可引发断奶仔猪炎症反应，破坏肠道屏障，母体补充酵母培养物可通过抑制炎症反应提高断奶仔猪的免疫性能。

关键词：酵母培养物，母猪，断奶仔猪，脂多糖，免疫性能

---

[61] 基金项目：本研究受四川省重大科技专项项目(2021ZDZX0009)，十四五育种攻关项目(2021YFYZ0008)资助。

作者简介：潘旭静（1999-），女，河南许昌人，硕士研究生，从事动物营养与饲料科学研究。手机：13569971841 E-mail：2021214062@stu.sicau.edu.cn

通讯作者：徐盛玉，副研究员，硕士研究生导师，E-mail: shengyuxu@sicau.edu.cn

6631 可遗传肠道基石菌与公猪精液品质的因果关联研究

郭亮亮 1，彭健 1,2*

（1.华中农业大学动物科学技术学院、动物医学院，武汉 430070；2.生猪健康养殖协同创新中心，武汉 430070）[62]

摘要：可遗传肠道基石菌与宿主表型关系紧密。然而种公猪群体中的可遗传肠道基石菌尚未鉴定，其与公猪精液品质的关系仍不清楚。本研究以 552 头种公猪（包含杜洛克猪 172 头、长白猪 195 头和大白猪 185 头）为研究对象，利用 16S rRNA 测序和 50K SNP 芯片测序获取了公猪的微生物组和基因组信息，通过生物信息学分析，鉴定出公猪肠道中的可遗传基石菌，开展了可遗传基石菌与公猪精液品质的相关分析，并通过小鼠粪菌移植试验验证了可遗传基石菌与公猪精液品质的因果关联。结果如下：1）置换多元方差分析显示品种（P<0.001）、年龄（P<0.001）、栋舍（P<0.001）、采样月份（P<0.001）和药物治疗（P<0.001）是驱动公猪肠道菌群组成的关键因素，且这些因素对肠道菌群的多样性也具有显著影响。2）微生物全基因组关联分析鉴定到 7 个单核苷酸多态性与 6 个扩增子序列变异（Amplicon sequence variants，ASVs）相关，其中 3 个单核苷酸多态性与公猪的精液品质相关。3）对公猪肠道菌群的遗传力进行估计，发现 112 个 ASVs 具有较高的遗传力（遗传力≥0.15）。随后构建了肠道菌群共现网络并利用拓扑学分析方法鉴定出 112 个高遗传力 ASVs 中的 9 个具有高连接度，被认为是可遗传基石 ASVs。4）Spearman 分析发现 9 个可遗传基石 ASVs 中的 8 个与宿主精液品质参数尤其是精子畸形率存在显著关联（P<0.05）；不同品种公猪的精子畸形率（P<0.001）以及肠道中可遗传基石 ASVs 丰度（P<0.001）均表现出显著差异。5）短链脂肪酸（Short-chain fatty acids，SCFAs）分析显示，不同品种公猪粪便中乙酸（P<0.05）、丙酸（P<0.01）、丁酸（P<0.01）和总 SCFAs（P<0.01）表现出显著差异；此外 SCFAs 与可遗传基石 ASVs 以及精子畸形率均表现出显著关联（P<0.05）；两个归类于 *Sodaliphilus pleomorphus* 的可遗传基石 ASVs 被认为是能够调节肠道 SCFAs 生成从而改善公猪精液品质的有益菌。6）粪菌移植试验显示，灌胃 *Sodaliphilus pleomorphus* 相对丰度较高粪菌的小鼠，粪便中 *Sodaliphilus pleomorphus* 的相对丰度（P<0.05）、SCFAs（P<0.05）以及精子质量（P<0.05）显著高于灌胃了生理盐水的小鼠以及灌胃了含有低 *Sodaliphilus pleomorphus* 丰度粪菌的小鼠。本研究鉴定出了公猪肠道中的可遗传基石菌并建立了可遗传基石菌与精液品质表型的因果关联，表明靶向调控肠道可遗传基石菌是提高公猪精液品质的有效策略。

关键词：公猪；可遗传基石菌；短链脂肪酸；粪菌移植；精液品质

---

[62] 基金项目：国家现代产业技术体系(CARS-36)；湖北省重点研发计划项目（2022BBA0056）

作者简介：郭亮亮（1994—），男，河南南阳人，博士，从事公猪肠道微生物研究。手机：18602738533，E-mail: llguo@mail.hzau.edu,cn

*通信作者：彭健，教授，E-mail: pengjian@mail.hzau.edu,cn

6650 Effect of rearing parameters of replacement gilts on their reproductive performance and retention rate of the first two parities

Jiajian Tan 1,2, Yuanfei Zhou 1*, Jian Peng 1

(1. Department of Animal Nutrition and Feed Science, College of Animal Science and Technology, Huazhong Agricultural University, Wuhan 430070, China; 2. Guangxi YangXiang Joint Stock Company, Guigang 537000, China)

Abstract: The present study evaluated the effect age, body weight (BW), and backfat thickness (BF) at first estrus and at first-mating of replacement gilts on their subsequent reproductive performance and retention of the first two parities as sows. A total of 3025 Danish crossbred Landracex×Yorkshire (L×Y) and Landracex×Landracex×Yorkshire (L×L×Y) gilts were included. Gilts were categorized into farm, cross combination, age, BW and BF at first estrus and first-mating, and the number of estrus at first-mating. This study found that fram, cross combination age, BW, BF at first estrus and first-mating, and the number of estrus at first-mating of replacement gilts were significantly associated with reproductive performance and retention rate of the first two parities. Farm3 had a greater number of born alive (BA) per litter ($P < 0.05$). Farm3 and farm4 had greater number of healthy piglets (HP) per litter ($P < 0.05$). Farm4 had the highest number of piglets weaned (PW) per litter ($P < 0.05$). L×L×Y had greater number of total born per litter (TB), BA, HP, PW and retention rate of two parities ($P < 0.05$). Because of the effects of gilt rearing parameters on different reproductive performance traits were also different. Therefore, we use 100 replacement gilts as a unit, which provided total the number of weaned piglets of the first two parities as a new index. Gilts expressing their first oestrus between 180 and 210 days with 115-124.9 kg BW and 14-15mm BF had a significantly higher reproductive index of the first two parities per 100 gilts. Gilts-mating between 210-230 days with 140-149.9 kg BW and 15-16 mm BF had an optimal reproductive index. Results suggest that there is a new insight into the complex relationship among these reproductive performance traits and supporting successful management of gilts as a pivotal starting point for the future fertility and longevity of the rearing herd.

Keywords: Replacement gilt; Rearing parameters; Reproductive performance; Retention rate

*E-mail addresses: zhouyuanfei@mail.hzau.edu.cn

6652 硫化氢供体对肥胖母体繁殖性能的影响

王苗苗，彭健，周远飞*

（华中农业大学动物科学技术学院动物医学院，湖北武汉 430070）

摘要：母猪保持适宜的体况是提高群体繁殖性能和延长母猪利用年限的重要保证。本实验室前期研究发现，妊娠期背膘过厚会导致胎盘效率降低，死胎及弱仔数增多，从而影响母猪的繁殖性能。硫化氢作为气体信号分子，可参与调控促进血管发育和舒张、抗炎、抗氧化等多种生物学事件。因此，本试验以长大丹系二元杂经产母猪为研究对象，通过添加硫化氢供体二烯丙基三硫醚，探究硫化氢对母猪繁殖性能的影响，为养猪实践中合理控制母猪背膘厚度，提高母体繁殖性能提供理论依据和试验参考。试验选择 155 头胎次相近，且妊娠 60 天背膘厚度大于 16 mm 的经产长大丹系二元母猪，随机分成 4 组，每组 36-42 头，各组每头母猪分别饲喂 0 g/d（对照组）、2 g/d（处理 1）、4 g/d（处理 2）、6 g/d（处理 3）的 H2S 供体二烯丙基三硫醚。记录并度量母猪妊娠期 60 d、90 d 和 109 d 的背膘、采食量和繁殖性能等，研究对母猪妊娠期背膘变化、采食量和繁殖性能的影响。研究显示，对采食量和背膘厚度的影响方面，与对照组相比，不同 DATS 处理对母猪妊娠期采食量及背膘厚无显著影响（P >0.05）。在繁殖性能方面，与对照组和处理 1 组相比，处理 2 组的总产仔数（18.49 头 VS 15.80 头 VS 16.93 头）、产活仔数（17.76 头 VS 15.00 头 VS 16.10 头）和健仔数（16.46 头 VS 13.97 头 VS 15.30 头）均显著升高（P < 0.05）；处理 3 组的总产仔数（18.73 头 VS 15.80 头 VS 16.93 头）显著高于对照组和处理 1 组（P < 0.05），且处理 3 组的产活仔数（17.27 头 VS 15.00 头）和健仔数（15.76 头 VS 13.97 头）显著高于对照组（P < 0.05）。另外，与对照组相比，处理 1 组、处理 2 组和处理 3 组的断奶头数（11.85 头 VS 12.00 头 VS 11.84 头 VS 11.03 头）显著升高（P < 0.05），处理 2 组的 26 天断奶窝重（81.33 kg VS 71.60 kg）显著高于对照组（P < 0.05）。综上所述，在肥胖母猪妊娠日粮中添加硫化氢供体，对母猪的采食量和背膘无明显影响，但显著提高了肥胖母猪的产仔性能和断奶性能。另外，处理 2 组（4 g/d）母猪的产仔性能和断奶性能呈现出最佳的效果。

关键词：妊娠母猪；肥胖；硫化氢供体；繁殖性能

*E-mail addresses: zhouyuanfei@mail.hzau.edu.cn

6653 初胎高产母猪泌乳期赖氨酸和蛋氨酸水平对繁殖性能的影响

刘波，周远飞*，彭健

（华中农业大学动物科学技术学院动物医学院，湖北 武汉 430070）

摘要：为优化现代高产丹系母猪泌乳日粮 Met/Lys 比，对母猪繁殖性能的影响。本研究选取 120 头初产丹系长×大二元母猪，采用 2×2 试验设计，即两个 SID Lys 水平，分别为 1.14%和 1.24%；两个 Met/Lys 水平，分别为 0.31 和 0.41，配制 4 种试验日粮。分别为处理 1（SID Lys 1.14%，Met/Lys 0.31），处理 2（SID Lys 1.14%，Met/Lys 0.41），处理 3（SID Lys 1.24%，Met/Lys 0.31），处理 4（SID Lys 1.24%，Met/Lys 0.41），每组 30 头母猪。母猪分娩后通过寄养方式使每头母猪带仔数一致（12-13 头）。结果显示，泌乳期不同 SID Lys 水平及 Met/Lys 比对初产母猪泌乳期总采食量和日均采食量以及分娩当天、断奶时及分娩-断奶阶段母猪体重与背膘变化均无显著影响（$P>0.05$）。在仔猪性能方面，日粮 Met/Lys 比 0.41 与 Met/Lys 比 0.31 相比，显著提高了泌乳 7 d 和 21 d 仔猪个体重（$P < 0.05$）；而 SID Lys 水平为 1.14%与 SID Lys 水平 1.24%相比，显著提高了 7 d 的仔猪个体重（$P=0.04$）和窝重（$P=0.04$）、14 d 窝重（$P=0.02$），有提高 21 d 窝重的趋势（$P=0.07$）。在断奶再配性能方面，尽管 SID Lys 水平 Met 和/Lys 不影响断奶发情间隔和 7 d 断配率。但是，SID Lys 水平与 Met/Lys 比对断奶发情间隔天数存在显著的交互作用（$P < 0.05$），处理 2 和处理 3 组的断奶发情间隔天数显著低于处理 1 和处理 4 组（$P < 0.05$）。在血浆尿素氮和乳成分方面，在泌乳 21 d，与日粮 Met/Lys 比 0.31 相比，Met/Lys 比 0.41 时，显著提高了血浆尿素氮水平（$P=0.03$）；SID Lys 水平为 1.24%与 SID Lys 水平 1.14%相比，显著提高了血浆尿素氮水平（$P=0.02$）；但是日粮 SID Lys 水平和 Met / Lys 比对初乳和常乳的乳成分均无显著影响（$P>0.05$）。在血浆抗氧化方面：日粮 SID Lys 1.24%与 SID Lys 1.14%相比，显著增加了泌乳 21 d 母猪血浆 T-AOC 活性和 GSH-PX 酶活性（$P<0.05$）；而日粮 Met / Lys 比 0.41 与 Met / Lys 比 0.31 相比，显著降低了母猪 21 d 的 MDA、ROS、GSH-PX 酶活性和 8-OHdG 水平（$P<0.05$）。此外，Met/Lys 0.41 有提高泌乳 21d 母猪血液 GSH 含量的趋势（$P=0.08$）。此外，Met/Lys 为 0.41 时，显著提高了第 1 胎母猪的留存率（$P<0.05$ ）。由此可以，高产第 1 胎丹系长×大二元母猪泌乳期 SID Lys 为 1.14%，Met/Lys 比为 0.41，可以降低母猪机体氧化应激状态以及改善母猪机体抗氧化能力，提高泌乳仔猪生长性能和母猪留存率。

关键词：高产母猪；头胎；泌乳期；赖/蛋比；繁殖性能

*E-mail addresses: zhouyuanfei@mail.hzau.edu.cn

6656 肠道功能菌群及代谢物移植对 SD 雌鼠繁殖性能的后续效应研究

李梦尧 1，赵淑敏 1，胡梦林 1，李佳静 1，麦蕾蕾 1，刘伯帅 1,2,3，崔亚垒 1,2,3，李振田 1,2,3，史莹华 1,2,3，李德锋 1,2,3，王成章 1,2,3，朱晓艳 1,2,3

（1. 河南农业大学动物科技学院，河南 450046；2. 河南省草地资源创新与利用重点实验室，河南 450046；3. 河南省牧草工程技术研究中心，郑州 450046）[63]

摘要：课题组前期研究发现，只在生长发育期饲喂苜蓿草粉有利于雌鼠的性发育，且对其繁殖性能的提高有显著的后续效应，与肠道菌群发生变化有关。本试验将饲喂苜蓿草粉的雌鼠肠道中的菌群及其代谢物分离后重新移植给生长发育期雌鼠，进一步验证是否通过功能菌群及其代谢物提高了性发育，并产生了后续效应。选取 72 只 21 日龄断奶 SPF 级 SD 雌鼠（体重 50-55 g），随机分为 3 组：CKS 组（10 mL/kg/d 生理盐水）、IFT 组（10 mL/kg/d 肠道菌群悬液）和 IMT 组（10 mL/kg/d 肠道代谢物悬液）。每组随机挑选 8 只 SD 雌鼠（体重≥190 g）屠宰取样，剩余的 SD 雌鼠进行配种，配种成功的 SD 雌鼠不再灌服生理盐水、肠道菌群悬液和肠道代谢物悬液，在妊娠第 19 天每组随机挑选 8 只 SD 孕鼠进行屠宰取样，剩余的 SD 雌鼠继续妊娠，直至分娩、哺乳和断奶。结果显示：1）IMT 组 SD 雌鼠平均日增重显著高于 CKS 组（P<0.05）；2）与 CKS 组相比，IFT 和 IMT 组 SD 雌鼠阴门开启日龄分别显著提前了 2.21 d 和 2.54 d（P<0.05），阴门开启时的体重也显著降低（P<0.05）；3）与 CK 组相比，IFT 组 SD 雌鼠血清中 GnRH、FSH、LH、E2 和 AMH 水平均显著升高（P<0.05），IMT 组 GnRH、FSH 和 AMH 水平也显著升高（P<0.05）；4）与 CKS 组相比，IFT 组显著提高了 *FSHβ*、*LHβ*和 *FSHR* 基因表达水平（P<0.05），IMT 组仅显著提高 *FSHR* 基因表达水平（P<0.05）；5）肠道菌群及代谢物移植显著提高 SD 雌鼠发情期卵巢指数（P<0.05），IFT 组成熟卵泡占比较 CKS 组显著提高了 73.45%（P<0.05）；6）与 CKS 组相比，IFT 组和 IMT 组 SD 雌鼠血清中促炎因子（IL-6 和 TNF-α）显著降低（P<0.05），同时还显著提高了血清中抗炎因子（IL-10 和 IFN-γ）和结肠组织的免疫指标（sIgA）水平（P<0.05）；7）IFT 组和 IMT 组 SD 雌鼠小肠绒毛高度和绒隐比显著高于 CKS 组（P<0.05），小肠隐窝深度显著低于 CKS 组（P<0.05）；8）肠道菌群及代谢物移植显著提高了 SD 孕鼠妊娠第 19 天血清中 PROG 和 PLGF 水平（P<0.05），并显著降低了血清

[63] 基金项目：国家现代农业产业技术体系项目（CARS-34）

作者简介：李梦尧（2001—），女，河南周口人，硕士研究生，从事动物营养与饲料科学专业研究。手机：18739799744 E-mail: lmy01280404@163.com *通信作者：朱晓艳，副教授，E-mail: zxy_0512@163.com

中 sFlt-1 与 PLFG 的比值（*P*<0.05）；9）与 CKS 组相比，IFT 组显著提 6157 高了孕鼠胎盘 T-AOC 和 T-SOD 水平（*P*<0.05）；10）IMT 组 SD 雌鼠胚胎着床数较 CKS 组显著提高了 31.45%（*P*<0.05）；妊娠第 19 天吸收胎率则表现为 IFT 组和 IMT 组较 CKS 组分别降低了 100%和 24.11%；11）IFT 组产仔数较 CKS 组显著提高了 16.16%（*P*<0.05）。综上所述，肠道功能菌群及代谢物移植不仅改善了生长发育期 SD 雌鼠的生长性能和性发育，对其繁殖性能也产生了良好的后续效应。

关键词：肠道菌群移植；肠道代谢物移植；生长性能；繁殖性能；肠道发育；后续效应

6660 鼠李糖乳杆菌对玉米赤霉烯酮损害母猪繁殖性能的保护机制研究

原培强，方正锋，卓勇，花伦，徐盛玉，李健，林燕，车炼强，冯斌，吴德

（四川农业大学动物营养研究所，动物抗病营养教育部重点实验室，成都 611130）[64]

摘要：玉米赤霉烯酮（Zearalenone，ZEN），是对母猪繁殖力危害最大的一种真菌毒素，容易引起母猪妊娠期流产和胎猪死亡等严重后果。妊娠后期的胎猪处于快速发育阶段，母体的免疫平衡对胎猪的存活起到至关重要的作用。本试验旨在研究 ZEN 是否损害母猪妊娠后期的免疫功能，降低胎猪存活，以及鼠李糖乳杆菌（LGG）是否可以增强母体的免疫应答，降低 ZEN 对母猪繁殖性能的损害作用。选取 30 头母猪（2-3 胎），按照体重、胎次和背膘一致的原则分为 3 个处理，即对照组（Control, CON），ZEN 组，ZEN+LGG 组，每个处理 10 头母猪。其中 ZEN 的剂量为 2000 μg/kg 饲粮，基础饲粮参照 NRC（2012）配制。妊娠 85 天开始进行 ZEN 处理，LGG 于母猪妊娠 80 天开始饲喂。结果发现，ZEN 显著增加（P<0.05）妊娠 90 天后木乃伊数目，而 ZEN+LGG 组显著降低（P<0.05）妊娠 90 天后木乃伊数目。同时，ZEN 显著降低（P<0.05）母猪胎盘效率，而 LGG 起到显著（P<0.05）的保护作用。进一步测定母猪妊娠 108 天血清中的雌激素、孕酮，以及促炎细胞因子（TNF-α、IL-1β、IL-17）和抗炎细胞因子（IL-10）发现，雌激素和孕酮浓度并没有显著变化，但 ZEN 显著降低（P<0.05）血清中 TNF-α的水平，同时 IL-17 浓度有降低趋势（P<0.10），而 LGG 并没有显著的改善作用。胎盘是母体和胎儿连接的中枢，对胎儿的发育起着决定性的作用。因此，使用 TMT 蛋白质组学对胎盘蛋白质组成进行测序。通过 GO 分析发现，ZEN 处理使主要组织相容性复合体显著富集。进一步分析发现，ZEN 显著降低（P<0.05）抗原呈递蛋白，包括主要组织相容性复合体 I 和 II 类抗原的表达，而 ZEN+LGG 组增加（P<0.05）主要组织相容性复合体 II 类抗原的表达。以上结果表明，妊娠后期摄入 ZEN 危害胎猪存活，与其抑制母体促炎细胞因子和胎盘抗原呈递蛋白表达有关，而 LGG 可通过增加主要组织相容性复合体 II 类抗原的表达，缓解 ZEN 对母猪免疫功能的损害作用，这可能是缓解胎猪死亡的重要途径。

关键词：鼠李糖乳杆菌；玉米赤霉烯酮；母猪；繁殖性能；胎猪存活

---

[64] 基金项目：国家自然科学基金项目（31972603）

作者简介：原培强（1993-），男，河南新乡人，博士研究生，从事母猪营养研究。手机：15983519783，E-mail:Yuanpq2017@foxmail.com

*通讯作者：方正锋，博士，教授，博士生导师，Email: ZFang@sicau.edu.cn

6677 苜蓿草粉对生长发育期 SD 雌鼠性发育和繁殖性能的后续效应研究

李佳静 1，赵淑敏 1，胡梦林 1，李梦尧 1，麦蕾蕾 1，刘伯帅 1,2,3 崔亚垒 1,2,3，王志昌 1,2,3，孙浩 1,2,3，马森 1,2,3，史莹华 1,2,3，朱晓艳 1,2,3*

（1. 河南农业大学动物科技学院，河南 450002；2. 河南省草地资源创新与利用重点实验室，河南 450046；3. 河南省牧草工程技术研究中心，郑州 450046）[65]

摘要：课题组前期研究发现，在生长发育期雌鼠日粮中添加 15%的苜蓿草粉有利于其生长发育和性发育，本试验旨在进一步研究苜蓿草粉对生长发育期 SD 雌鼠性发育和繁殖性能的后续效应影响。选取 48 只 21 日龄断奶 SPF 级 SD 雌鼠（体重 50-55g），随机分为 CK 组（基础日粮）和 AM 组（15%苜蓿草粉日粮），每组 24 个重复，每个重复 1 只 SD 雌鼠。每组随机挑选 8 只 SD 雌鼠（体重≥190g）屠宰取样，剩余的进行配种，配种成功后 CK 和 AM 组均饲喂基础日粮。妊娠第 19 天，每组随机挑选 8 只 SD 孕鼠屠宰取样，剩余的 SD 雌鼠继续妊娠，直至分娩、哺乳和断奶。结果表明：1）生长发育期，AM 组 SD 雌鼠垂体 *LHβ* 基因表达水平较 CK 组显著提高（*P*<0.05）；2）与 CK 组相比，门水平下，AM 组厚壁菌门（*Firmicutes*）相对丰度显著降低（*P*<0.05），拟杆菌门（*Bacteroidota*）相对丰度极显著提高（*P*<0.01）；在属水平下，拟普雷沃氏菌属（*Alloprevotella*）和拟杆菌属（*Bacteroides*）在 AM 组极显著富集（*P*<0.01），而狭义梭菌属 1（*Clostridium_sensu_stricto_1*）在 CK 组中显著富集（*P*<0.05）；3）*norank_f__Muribaculaceae* 与血清 E2、AMH 和 IL-10 水平呈显著正相关（*P*<0.05）；拟普雷沃氏菌属和拟杆菌属相似，与血清生殖激素水平、生殖相关基因的表达、成熟卵泡占比、IL-10、小肠绒毛高度及绒隐比呈显著或极显著正相关（*P*<0.05 或 *P*<0.01），与初级卵泡占比、IL-6 和 TNF-α以及小肠隐窝深度呈显著或极显著负相关（*P*<0.05 或 *P*<0.01）；而狭义梭菌属 1 与拟普雷沃氏菌属和拟杆菌属呈现相反的趋势；4）AM 组 SD 孕鼠血清 PROG 及 PLGF 水平较 CK 组显著提高（*P*<0.05），sFlt-1 与 PLGF 比值（sFlt-1/PLFG）显著降低（*P*<0.05）；5）AM 组 SD 孕鼠胎盘 CAT 水平显著高于 CK 组（*P*<0.05）；6）妊娠第 19 天，AM 组胚胎着床数较 CK 组提高 12.00%（*P*>0.05），且 AM 组 SD 孕鼠宫内未见吸收胎；7）与 CK 组相比，AM 组产仔数显著提高了 19.79%（*P*<0.05），后代仔鼠出生死亡率

---

[65] 基金项目：国家现代农业产业技术体系项目（CARS-34）

作者简介：李佳静（1998—），女，河南新乡人，硕士研究生，从事动物营养与饲料科学专业研究。手机：18737366631 E-mail: jingl5464@163.com

*通信作者：朱晓艳，副教授，E-mail: zxy_0512@163.com

降低了 79.04%；8）与 CK 组相比，AM 组后代仔鼠的小肠隐窝深度显著降低（P<0.05），小肠绒隐比显著升高（P<0.05）。由此可见，生长发育期 SD 雌鼠日粮中添加 15%的苜蓿草粉有利于其生长发育和性发育，提高了繁殖性能以及后代仔鼠的肠道健康，主要通过改变生长发育期雌鼠的肠道菌群组成，对繁殖性能产生了良好的后续效应。

关键词：苜蓿草粉；繁殖性能；肠道菌群；后续效应

6157 饲粮色氨酸水平对断奶仔肌纤维类型转化的影响及其 circRNAs 调控机制

何天乐 1，袁志栋 2，陈青云 1，罗菊 1，唐志如 [1*]，赵轩 [1*]，杨震国 [1*]

（1. 西南大学动物科学技术学院生物饲料与分子营养学实验室，重庆 400715；2. 赣南医科大学基础医学院，赣州 341000）[66]

摘要：肌肉的发育对决定断奶仔猪的生产性能起着至关重要的作用。肌肉纤维是肌肉组织的基本组成部分，对肌肉特性有重要贡献[1]。研究表明，营养因子在调节猪出生后肌纤维的成熟过程中起着重要作用[2]。同时，饮食营养水平已被证明直接影响出生前后肌肉纤维的生长、发育和类型组成[3-4]。一些氨基酸及其代谢物，包括色氨酸（Tryptophan, Trp），被认为是调节肌肉组织中蛋白质合成的重要营养物质，它们有助于肌肉的快速生长、发育和肌肉纤维类型的转化。此外，circRNAs 作为一类具有调节功能的非编码 RNA，是生物发生和生长发育中不可或缺的一部分[5-6]。近期研究表明许多 circRNAs 在骨骼肌细胞增殖和分化过程中发挥了重要调节作用。然而，现有的关于 circRNAs 调控肌肉发育的研究并不包括膳食营养水平对肌肉纤维类型转变的影响。基于此，本研究旨在探讨饲粮色氨酸水平对断奶仔肌纤维类型转化的影响及其 circRNAs 调控机制。这些研究结果将为理解色氨酸在断奶期间调节生长发育中的作用提供理论基础。将 10 头断奶仔猪随机分为低色氨酸组（LT）和高色氨酸组（HT），每组 15 个重复。预试 7 天，正试 28 天，试验期间记录仔猪采食量和健康状况。试验结束后采集样品并检测分析。结果表明：HT 组对断奶仔猪的生长性能有显著提高（$P < 0.01$）。此外，Trp 导致 MyHC I、MyHC IIa 和 MyHC IIb 的表达上调，快速肌纤维比例增加（$P < 0.05$）。高通量测序结果显示，差异表达的 circRNAs 参与了仔猪机体的能量和物质代谢，进而调控仔猪肌肉发育和肌纤维转化进程，同时，差异表达 circRNAs 还通过多种机制发挥其调控作用，包括直接调控 mRNA 的表达，作为 miRNA 海绵，甚至编码蛋白质。本研究显著地推进和完善了我们对与肌肉发育和肌肉纤维类型转化相关的调控网络的理解。此外，这些发现有望为科学营养策略的发展提供信息，并为断奶仔猪的管理提供有价值的指导。

关键词：色氨酸；断奶仔猪；肌纤维；肌肉发育；circRNAs

---

[66] 基金项目：国家自然科学基金项目(31902167)；国家重庆教委科技研究计划项目(KJQN202200218)；重庆创新资助项目(Grant No. cx2019093)；国家博士后科学基金项目(No.2018M640895).

作者简介：何天乐（1994—），男，甘肃庆阳人，硕士研究生，从事母体营养与繁殖生理研究。手机：18894335705，E-mail: 18894335705@163.com

*通信作者：唐志如，教授，博士生导师，E-mail: tangzhiru2326@sina.com；赵轩，讲师，E-mail: zhaoxuann@swu.edu.cn；杨震国，副教授，硕士生导师，E-mail: guoguo00002@163.com

6210 Transcriptional and post-transcriptional control of autophagy and adipogenesis by YBX1

Ruifan Wu, Shengchun Feng, Fan Li, Gang Shu, Lina Wang, Ping Gao, Xiaotong Zhu, Canjun Zhu, Songbo Wang, Qingyan Jiang*

(Guangdong Laboratory of Lingnan Modern Agriculture, Guangdong Province Key Laboratory of Animal Nutritional Regulation and National Engineering Research Center for Breeding Swine Industry, College of Animal Science, South China Agricultural University, Guangzhou 510642, China.)

Abstract: Obesity is strongly associated with metabolic diseases, which have become a global health problem. Exploring the underlying mechanism of adipogenesis is crucial for the treatment of excess white fat. Oncogene YBX1 is a multifunctional DNA- and RNA-binding protein that regulates brown adipogenesis. However, the role of YBX1 in white adipogenesis and adipose tissue expansion remains unknown. Here, we showed that YBX1 deficiency inhibited murine and porcine adipocyte differentiation. YBX1 positively regulated adipogenesis through promoting ULK1- and ULK2-mediated autophagy. Mechanistically, we identified YBX1 serves as a 5-methylcytosine (m5C)-binding protein directly targeting m5C-containing Ulk1 mRNA by using RNA immunoprecipitation. RNA decay assay further proved that YBX1 upregulated ULK1 expression though stabilizing its mRNA. Meanwhile, YBX1 promoted Ulk2 transcription and expression as a transcription factor, thereby enhancing autophagy and adipogenesis. Importantly, YBX1 overexpression in white fat enhanced ULK1/ULK2-mediated autophagy and promoted adipose tissue expansion in mice. Collectively, these findings unveil the post-transcriptional and transcriptional mechanism and functional importance of YBX1 in autophagy and adipogenesis regulation, providing an attractive molecular target for therapies of obesity and metabolic diseases.

Keywords: Macroautophagy, RNA decay, Differentiation, Transcription

6233 发酵红薯渣对肉鸡营养物质消化率、肉品质和肠道微生物的影响

姚婷 1，王晨昱 1,2，何流琴 1, 2，李铁军 1*

（1. 中国科学院亚热带农业生态研究所，畜禽养殖污染控制与资源化技术国家工程实验室，动物营养生理与代谢过程湖南省重点实验室，长沙 410125；2. 湖南师范大学生命科学学院，动物肠道功能与调控湖南省重点实验室，长沙 410081）

摘要：近年来，禁抗令的实施和大豆、玉米价格的持续波动造成了能量源和蛋白源饲料的短缺。为解决这一问题，人们开始重新关注和开发非常规饲料。非常规饲料能够取代日粮中的玉米或豆粕，具有改善肉鸡的肉品质和肠道健康的潜力。红薯渣（SPR）中具有较高的淀粉含量，使其成为动物良好的能量来源，而其较高的粗纤维含量和较低的粗蛋白含量限制了它在饲料中的应用。研究发现用微生物发酵红薯渣可以提高其粗蛋白含量，对反刍动物具有饲用价值。然而，很少有研究调查发酵甘薯渣（FSPR）对鸡生长性能和肉质的影响。本研究旨在通过强饲和生长试验，评估 FSPR 对营养成分和营养物质消化率的影响以及不同比例的 FSPR 替代玉米对黄羽肉鸡屠宰性能、肉品质和肠道微生物的影响。试验 1（强饲试验）测定不同比例 SPR（70、80、90 和 100%）发酵前后的营养成分和消化率。试验 2（生长试验）将 360 只 1 日龄的黄羽肉鸡随机分成四组，分别饲喂以玉米-豆粕为基础，以 0（CON）、5（5%FSPR）、8（8%FSPR） 和 10%（10%FSPR） 的 FSPR 替代玉米的日粮。强饲和生长试验分别进行 7 天和 70 天（分为三个阶段：1-21d，22-42d，43-70d）。结果表明：1）70%SPR（发酵后）的粗蛋白、粗脂肪和粗纤维含量最高，显著提高了粗蛋白和氨基酸的消化率。2）在 42-70 d 内，8% FSPR 组的 ADG 比 CON 组高 8.93%，F/G 低 12.71%。与 CON 组相比，在 42 日龄时，8% FSPR 组的回肠隐窝深度（CD）减少了 31.25%，70 日龄时，10% FSPR 组的空肠绒毛高度（VH）增加了 45.73%，此外，8%和 10% FSPR 组的十二指肠的绒毛高度与隐窝深度的比值（H/D）分别增加了 34.15%和 29.64%，空肠 H/D 分别增加了 28.27%和 51.77%。3）添加不同比例的 FSPR 均能够显著提高屠宰率、半净膛率、全净膛率并改善肉色，减少胸肌和腿肌的蒸煮损失。4）日粮中添加 8%和 10%的 FSPR 可提高肉鸡血清免疫球蛋白 M（IgM）和免疫球蛋白 G（IgG）的水平。5）10%的 FSPR 还能提高 Shannon 指数、*Ruminococcaceae* 和 *Romboutsia* 的丰度，并降低 *Sutterella* 和 *Megamonas* 的丰度。Spearman 相关性分析表明，肉色与 *Ruminococcaceae* 呈正相关，而与 *Megamonas* 呈负相关。综上所述，70% FSPR 的营养价值和营养消化率最高。日粮中添加 FSPR 可以改善肉鸡的屠宰性能、肉品质和肠道微生物区系，且建议的添加比例为 8-10%，表明 FSPR 具有作为玉米-豆粕的替代品改善肉鸡的肉品质和肠道健康的潜力。

关键词：发酵红薯渣；肉品质；肠道微生物；肉鸡

6245 宁乡猪源罗伊氏乳杆菌通过调节支链氨基酸代谢影响猪脂质代谢的研究

杨媚[1]，谢谦 1，谭碧娥 1，印遇龙 1,2

（湖南农业大学动物科学技术学院，动物营养基因组与种质创新研究中心，长沙，410128；2. 中国科学院亚热带农业生态研究所，长沙，410125）[67]

摘要：中国地方猪与商品猪杜长大相比，其具备肌内脂肪含量高、肉质优良等特性，其独特的肠道微生物是改善商品猪肉品质的重要条件。但如何利用优质的地方猪肠道微生物资源调节商品猪脂肪沉积，提高肌内脂肪含量，进而改善猪肉品质尚未可知。本研究共包括三个试验，旨在探究宁乡猪源罗伊氏乳杆菌通过调节支链氨基酸（BCAA）代谢影响猪脂质代谢的机制。试验一采集健康育肥宁乡猪和杜×长×大的背最长肌与结肠食糜。背最长肌和结肠食糜代谢组学表明，BCAAs 代谢通路是两者共有的差异代谢通路之一，且 BCAA 和支链酮酸（BCKA）含量在两品种间具有显著差异。结肠食糜微生物测序结果表明，乳酸菌属是优势差异菌属，且在宁乡猪中丰度更高。试验二采集宁乡育肥猪新鲜粪便，从中分离出宁乡猪源乳酸菌 3 株：黏膜乳杆菌（LM）、唾液乳杆菌（LS）、罗伊氏乳杆菌（LR）。为了确定三种菌株的作用，将 40 只 8 周龄 SD 大鼠分为 4 组：对照组，LS 组，LR 组，LM 组，灌胃 8 周。结果表明：与对照组相比，LR 提高了大鼠生长性能及血清 BCAA 水平；同时 LR 提高了腓肠肌中 FAS 等脂质合成基因的 mRNA 表达，促进了腓肠肌肌内脂肪沉积。试验三选择 20 头杜×长×大生长育肥猪（初始体重为 63kg 左右），随机分为对照组和 LR 组，每组 10 个重复，每个重复 1 头猪。在生长育肥猪日粮中添加宁乡猪源 LR，试验期 50 天。结果表明：1）LR 提高了育肥猪的末重及平均日增重；2）LR 提高了血清 HDL-C、BCAA 及 BCAK 的水平；3）LR 增加了育肥猪背最长肌肌内脂肪含量及脂质合成基因 SREBP-1C 的表达；4）LR 提高了肌肉和回肠食糜 BCKA 含量。综上所述，宁乡猪源 LR 通过影响 BCAA 代谢调控猪脂质代谢，提高肌内脂肪含量，改善猪肉品质。

关键词：宁乡猪，罗伊氏乳杆菌，BCAA 代谢，脂质代谢

---

[67] 基金项目：国家重点研发计划(2021YFD1301004, 2021YFD1301005, 2021YFD1300401, 2022YFD1300403)；国家自然科学基金(U20A2054, U22A20510，32072745，32102571，32130099)；湖南省自然科学基金优秀青年项目（2022JJ20027）；“财政部和农业农村部：国家现代农业产业技术体系资助”。

作者简介：杨媚（1997—），女，湖南省娄底市人，博士研究生，从事单胃动物营养研究。手机：13755125202，E-mail:1598193924@qq.com

* 通信作者：谭碧娥，教授，博士生导师，E-mail: bietan0412@hotmail.com；印遇龙，研究员，博士生导师，E-mail: yinyulong@isa.ac.com

6508 不同品种猪的肉品质差异及其机制解析

宋博 1,2，祝倩 1，丁素娟 1，程雅婷 1,2，孔祥峰 1,2

（1. 中国科学院亚热带农业生态研究所，动物营养生理与代谢过程湖南省重点实验室，湖南 长沙 410125；

2. 中国科学院大学，现代农业科学学院，北京 100039）[68]

摘要：桃源黑猪（TB 猪）具有肉质优良、繁殖性能高、抗逆性强等特点；湘村黑猪（XB 猪）是 TB 猪与杜洛克猪（DR 猪）的杂交品种，遗传了 TB 猪肉质优良等特点。本研究旨在比较 TB 猪、XB 猪和 DR 猪的肉品质、肌纤维组成和肌肉代谢特性的差异，并探究其与结肠微生物和代谢产物的关联。选用 30 日龄的健康仔猪，每个品种各 24 头，相同饲养管理条件下饲喂至 185 日龄。试验分为 30~80、80~125、125~185 日龄三个阶段，每个阶段三种猪均饲喂相同日粮。分别于 80、125、185 日龄时，每个品种屠宰 8 头采集背最长肌和结肠食糜，检测肉品质、肌肉糖酵解潜力、抗氧化能力、肌纤维特性、肌肉代谢物组成以及结肠食糜微生物和代谢产物组成。结果表明：1）185 日龄 TB 猪和 XB 猪的胴体重、眼肌面积和瘦肉率显著低于而脂肪率显著高于 DR 猪（$P < 0.05$），背肌 pH_{45min}、亮度值和剪切力显著低于 DR 猪（$P < 0.05$）；185 日龄 TB 猪背肌系水力和抗氧化能力也显著高于 DR 猪（$P < 0.05$）。2）所有日龄 TB 猪和 185 日龄 XB 猪肌内脂肪含量显著高于同日龄 DR 猪（$P < 0.05$），125、185 日龄 TB 猪和所有日龄 XB 猪背肌慢肌纤维比例显著高于同日龄 DR 猪（$P < 0.05$）。3）靶向代谢组分析发现，80、125 和 185 日龄三种猪肌肉中分别有 89、50、40 种差异代谢物，有 7 种代谢物在三个日龄均有差异，其中 L-苹果酸和脲基琥珀酸含量与慢肌纤维比例呈正相关。4）微生物组成分析发现，*Lactobacillus* 是三个日龄 TB 猪和 XB 猪结肠中的优势菌种，ASV（特征序列）水平随机森林分析发现，ASV_288155 和 ASV_7396 在三个日龄均是重要差异菌种。5）结肠内容物代谢组分析发现，三个日龄 TB 猪和 XB 猪的结肠代谢物整体组成均与 DR 猪有较大差异；80、125 和 185 日龄三种猪结肠内容物中分别有 224、231 和 166 种差异代谢物，每个日龄差异代谢物均显著富集到色氨酸代谢通路。综上所述，TB 猪和 XB 猪的优良肉品质可能与其抗氧化能力强、肌内脂肪含量和慢肌纤维比例高密切相关，肌肉中的 L-苹果酸和脲基琥珀酸可能是影响肉品质的关键代谢物，ASV_288155 和 ASV_7396 可能是决定三个品种猪差异的重要菌种，其可能通过影响宿主的色氨酸代谢通路来调控 TB 猪和 XB 猪肌肉中慢肌纤维比例或肌内脂肪含量。

关键词：地方品种猪；肉品质；肌纤维类型；肠道微生物；代谢产物

资助项目：国家自然科学基金委区域创新发展联合基金重点项目（U20A2056）

[68]通讯作者：孔祥峰（1974-），研究员，博士研究生导师，主要从事单胃动物营养研究，电话：13875897169；E-mail：xxknf@isa.ac.cn。

作者简介：宋博（1995-），男，湖北赤壁人，博士研究生，从事猪肉品质与营养调控研究，电话：15970405937；E-mail：756927597@qq.com。

6556 不同蛋白质水平饲粮中补充异亮氨酸对猪肉品质的影响

闫恩法，王宇波，何琳娟，岳潇雨，张鑫，尹靖东

（中国农业大学动物科学技术学院，北京 100173）[69]

摘要：我们之前研究发现，饲粮中补充异亮氨酸显著改善猪肉品质，特别是显著降低了猪肉滴水损失，本研究进一步探讨了高、低 CP 饲粮中异亮氨酸水平对猪胴体和肉品质的影响。本研究选取 150 头初始体重 102.56±2.12 kg 杜×长×大阉公猪，采用 2（CP:12.5%、15.5%）×3（SID Ile:0.34%、0.46%和 0.56%）析因试验设计。试验猪随机分为 6 个处理，饲养 35 d 后，每个处理选取 8 头接近平均体重的猪屠宰，测定胴体和肉品质指标。结果表明，饲粮蛋白水平和异亮氨酸含量对肥育猪胴体品质没有影响；高蛋白质饲粮显著提高了猪肉剪切力（P<0.05），高异亮氨酸水平显著提高肉 pH_{24h}、并降低了肉滴水损失（P<0.05）。饲粮蛋白质水平和异亮氨酸含量在提高肌肉 $pH_{24\ h}$ 值（P<0.05）和降低滴水损失（P=0.09）上有一定互作，即饲喂 150% SID Ile NRC (2012)低蛋白饲粮或 135% SID Ile NRC 高蛋白饲粮，均获得了高的猪肉 $pH_{24\ h}$ 值和低的滴水损失（P<0.05）。饲粮中补充异亮氨酸极显著降低了肥育猪背最长肌中糖原含量（P<0.01）和糖酵解潜力。挑选低蛋白饲粮组对照组和 150% NRC SID Ile 组肌肉样品（n=6）进行转录组学分析，共鉴定到 273 个差异基因（P<0.05 和 FC>2 或<0.5），其中 88 个基因上调，185 个基因下调。GSEA 分析表明饲粮中补充 Ile 显著下调自噬相关的信号通路。饲粮中补充 Ile 显著提高了背最长肌中自噬底物 p62 和 Nrf2 的蛋白表达水平（P<0.05），并显著提高了血清和背最长肌中过氧化氢酶、总超氧化物歧化酶和总抗氧化能力的活性（P<0.05）。为模拟宰后肌肉的生物学过程，利用成肌细胞 C2C12 分化肌管（简称 C2C12 肌管）的缺氧模型探究了异亮氨酸提高抗氧化能力的分子机制。缺氧条件下培养 6~24 h，肌管内氧自由基 ROS 水平（P<0.01）和培养基中乳酸脱氢酶 LDH 活性（P<0.01）均极显著升高，并且肌管中 Nrf2 的蛋白表达量显著降低（P<0.05）。缺氧条件下，培养基中异亮氨酸浓度从 0.15 提高到 1.2 mM，ROS 含量线性减低（P<0.05），Nrf2 蛋白表达水平线性升高（P<0.05）。缺氧条件下，培养基中 0.8 mM 异亮氨酸显著提高了细胞核 Nrf2 和细胞质 p62 的表达水平（P<0.01）、上调了 JNK/MAPK 信号途径（P<0.05）。分别利用 siRNA 敲减 P62 和 Nrf2 抑制剂 ML385 处理缺氧的 C2C12 肌管，则异亮氨酸升高 Nrf2 和抑制 ROS 积累的作用消失。综上所述，不同水平蛋白质饲粮中额外补充异亮氨酸均可以显著降低猪肉滴水损

[69] 基金项目：国家重点研发计划项目（2021YFF1000603，2021YFD1300403）；国家自然科学基金项目（32102555）

作者简介：闫恩法（1995—），男，宁夏中卫人，博士研究生，从事猪营养与肉品质研究。手机：17816899091 E-mail: yanef@cau.edu.cn

*通信作者：尹靖东，教授，E-mail: yinjd@cau.edu.cn

失，且在低蛋白饲粮中更为明显。异亮氨酸至少部分是通过上调 p62-Nrf2-JNK/MAPK 信号通路，提高了机体抗氧化能力，缓解了自噬，从而减少了鲜肉的的滴水损失。

关键词：蛋白质；异亮氨酸；肥育猪；肉品质；滴水损失；成肌细胞；自噬；抗氧化

6558 基于机器视觉和机器学习的三元杂交猪体成分预测模型构建

陈怡然，冯泽猛

（中国科学院亚热带农业生态研究所）[70]

摘要：猪的体成分对于猪肉品质具有重要影响，并且对于养殖管理和营养调控具有重要的参考价值。传统的体成分测量需要消耗大量的人力、物力，成本高，而基于机器视觉、机器学习相结合的方式实现高效快速的生猪体成分估测。使用深度学习分割算法实现猪轮廓分割，获取猪图像特征信息，利用机器学习相关算法拟合猪图像特征与体成分关系，实现猪体成分估测。目前已有学者利用机器视觉和机器学习方法实现了猪体重估测，但是相对于体成分研究较少，因此，本研究选用 69 头不同阶段体重（6~133 kg）的三元杂交猪（杜×长×大），利用深度相机进行图像信息采集，将采集到的 4085 张图像按照 8：2 的比例划分数据集和测试集，使用深度学习中的 Mask R-CNN 实例分割算法实现对目标与背景的分割，平均准确率（mPA）可以达到 96.95%。对分割后的图像进行滤波处理，选择使用圆形核函数对图像进行形态学开运算操作，将猪的头部与尾部去除。本次实验提取猪图像面积 Area、周长 P、体长 L、体宽 K、离心率 E、偏差 S 共六个特征，选取猪的胴体重为目标值。得到原始特征数据集后对数据进行清洗、归一化等操作，按照 8：2 划分数据集和验证集。选用具有较强鲁棒性、高维数据的适应性、较好模型泛化能力的支持向量回归（Support Vector Regression，简称 SVR）模型进行训练，同时使用网络搜索与交叉验证方式优化模型参数，综合评价分析，得到最终体成分估测模型。SVR 模型中核函数的主要作用是将高维数据映射为低维数据，通过比较不同以下核函数：线性核（Linear Kernel）、径向基核（Radial Basis Function，简称 RBF）、多项式核（Polynomial Kernel）和 Sigmoid 核，得到均方根误差（RMSE）和 R^2 来评估模型的性能。经过模型分析发现 Sigmoid 核函数和 RBF 核函数模型拟合相似，由于 Sigmoid 核函数容易受到数据噪声和冗余特征的影响，对于复杂问题的建模能力有一定限度，因此最后选用 RBF 核函数，应用该核函数在训练集上可以更好的拟合数据，R^2 可以达到 0.98，模型拟合效果较好。

关键词：体成分，机器视觉，机器学习，特征提取，SVR，RBF

---

[70] 基金项目：国家十四五重点研发计划（2021YFD2000800）；国家自然科学基金委国家重大科研仪器研制项目（自由申请）（31527803）；中国博士后科学基金（2022T150075，2022M720541）；现代农业产业技术体系建设专项资金资助（CARS-35）。

作者简介：**陈怡然**（1999—），男，山东淄博人，硕士研究生，研究方向为智能养殖中的体成分预测模型构建。手机：15650456602 E-mail: 15650456602@163.com

*通信作者：**冯泽猛**，副研究员，E-mail: fengzemeng@isa.ac.cn

6584 不同风味添加剂对风味物质在猪肉中沉积的影响

崔馨月 1,2，李宁 1，杨丽景 3，李泽青 4，郑梓 1，闫峻 1,*

（1. 天津市畜禽分子育种与生物技术重点实验室，天津市畜禽健康养殖技术工程中心，天津市农业科学院畜牧兽医研究所，天津 300381；2. 天津农学院动物科学与动物医学，天津 300384；3. 天津市宁河原种猪场有限责任公司, 天津 301504；4. 天津市农业发展服务中心，天津 300061）[71]

摘要：猪肉的风味是猪肉品质的重要感官指标，也是中高端消费者购买猪肉时主要关注的指标。肉的品质和风味是饲料营养在动物体内利用和转化的结果，饲料中添加风味物质可以通过增加饲料香气吸引力和适口性从而影响动物采食量和饲料利用率。为探究不同风味添加剂对风味物质在猪肉中沉积的影响，将 27 头杜长大三元杂交育肥猪随机分为 3 组，每组 3 个重复，每个重复 3 头猪。对照组饲喂基础饲粮（玉米—豆粕型饲粮），试验 1 组在对照组饲粮中添加 5 kg·t-1 风味添加剂，试验 2 组在对照组饲粮中添加 1 kg·t-1 植物提取物。饲喂 45d，分别检测饲料、血清和猪肉进行挥发性物质成分分析。结果显示：1，三组中均为烃类物质占总挥发性物质成分比重大。其中试验组 1 中己醛、甲苯相对气味活度值低于对照组和试验 2 组，对照组中壬醛、苯乙烯高于试验 1、2 组。2，试验 1、2 组醛、烃类物质较对照组多且组成不同。相对气味活度值对照组异戊醛、己醛、苯乙烯、1，4-二氯苯低于两试验组，试验 1 组壬醛、苯乙烯、萘、甲苯、1，4-二氯苯高于对照组和试验 2 组。3，三组均为醛类物质较挥发性物质总体比重较大，其次为烃类。相对气味活度值对照组 1-辛烯-3-醇高于两试验组，三组关键气味化合物均为醇类与醛类，但试验 2 组中柠檬烯为关键气味物质与实验 1 组和对照组形成明显差异。对照组和试验 1 组、试验 2 组饲料主要风味均为柑橘香气混合青草和油脂的气味，其中试验 1 组较另外 2 组柑橘香气更浓郁。 2 试验组中醇类、醛类均对于血清和肌肉风味贡献较大。就挥发性风味物质在饲料—血清—肌肉的传递来讲，试验 2 组饲料效果优于另 2 组。研究表明，饲料中烃类物质含量提升对于物质的传递效果没有明显变化。醛类物质通过饲料添加剂补充到动物体内可能会导致最终动物肌肉中醛类风味物质大幅提升。

关键词：风味添加剂；猪肉风味；挥发性物质

---

[71] 1 基金项目：天津市中央引导地方科技发展专项（22ZYCGSN00130）；天津市生猪产业技术体系创新团队(ITTPRS2021007)；甘肃省民生科技专项-乡村振兴专题 (21CX6NP221)；宁河区人才创新创业联盟“揭榜挂帅”项目。

作者简介：崔馨月（1999—），女，天津人，在读硕士生，研究方向为动物营养与饲料科学，主要从事优质风味猪肉研发及生猪健康养殖研究。手机：17695911513，E-mail:344937986@qq.com

*通讯作者：闫峻（1984—），江苏徐州人，副研究员，博士，主要从事饲料资源开发与评价、畜禽营养调控与优质猪肉生产等研究。手机：18002171684， E-mail: yjjsxz@163.com

6588“雪花猪肉”中脂质沉积的细胞动力学和转录调控机制

王力仪 1，赵雪艳 2，刘事奇 1，王继英 2，汪以真 1，单体中 1*

（1.浙江大学动物科学学院，浙江 310058；2.山东省农业科学院，山东 250100）[72]

摘要：肌内脂肪（IMF）沉积是影响猪肉品质的关键因素，直接影响着猪肉的“色”“香”“味”和营养品质。当 IMF 含量大于 8%，形成状似雪花的“雪花猪肉”，它是高端猪肉的一个代名词。我国优良地方品种猪如莱芜猪等可形成“雪花猪肉”。目前我国养殖的主要品种猪杜长大瘦肉型猪，虽然长得快、瘦肉率高，但 IMF 含量和肉品质一般。因此，阐明 IMF 沉积机制及其干细胞来源对于调控 IMF 沉积进而改善猪肉品质和生产优质“雪花猪肉”具有重要意义。本研究针对莱芜猪进行单核 RNA 测序（snRNA-seq）、Bulk RNA 测序和脂质代谢组来探索猪肉中脂质沉积的细胞动力学和转录机制。本实验基于莱芜猪 IMF 含量选取高低 IMF 含量的莱芜猪各 6 只，分为高（HLW, ~15.2%）或低（LLW, ~3.0%）IMF 含量组。结果表明：1）中国地方猪种的 IMF 含量较高，莱芜猪的 IMF 含量最高(~11.6%)，其可以作为探讨“雪花猪肉”形成机制的研究模型。HLW 组 IMF 含量(P<0.001)及滴水损失(P<0.05)高于 LLW 组，但肌纤维直径较小(P <0.05)。2）脂质组学结果揭示了“雪花猪肉”整体脂类组成的变化，其中甘油脂类及鞘脂类脂质发生显著变化。3) 利用 SnRNA-seq 技术，我们共鉴定出 9 个不同的细胞核簇，包括肌纤维、纤维成脂祖细胞（FAPs）/成纤维细胞、肌肉卫星细胞、内皮细胞、周细胞、髓系来源细胞、免疫细胞、脂肪细胞和侧群细胞。其中，与 LLW 组相比，HLW 组的脂肪细胞核簇比例较高(1.40% *vs.* 0.17%)。4) 在脂肪细胞核簇中，共鉴定出了三种脂肪细胞亚簇，包括 PDE4D$^+$/PDE7B$^+$, DGAT2$^+$/SCD$^+$和 FABP5$^+$/SIAH1$^+$亚簇。与 LLW 组相比，HLW 组的 DGAT2$^+$/SCD$^+$亚簇和 FABP5$^+$/SIAH1$^+$亚簇的比例明显较高。5) 通过拟时序分析并结合小鼠模型我们发现 FAPs 可分化为 IMF 细胞，对 IMF 的形成贡献不到 50%。此外，细胞间通讯分析显示，除了 FAPs 外，内皮细胞、周细胞及髓系来源细胞也是 IMF 细胞的来源。6) RNA-seq 还揭示了参与脂质代谢和脂肪酸延伸的不同基因。由此可见，通过使用具有高/低 IMF 含量的莱芜猪模型，我们绘制了“雪花猪肉”的细胞学图谱和脂质图谱，阐明了“雪花猪肉”高肌内脂肪沉积的细胞异质性、干细胞来源及其分化轨迹。研究结果可以为猪 IMF 沉积调控和优质“雪花猪肉”生产提供了一定的理论依据。

关键词：雪花猪肉；单核 RNA 测序；脂质组学；转录组学；猪

---

[72] 基金项目：国家自然科学基金项目（32272887）；浙江省自然科学基金（LZ22C170003）；浙江省重点研发项目（2021C02008）

作者简介：王力仪（1997—），女，江苏徐州人，博士研究生，从事糖脂代谢与肉品质调控研究。手机：18852162002 E-mail: liyiwang@zju.edu.cn

*通信作者：单体中，教授，E-mail: tzshan@zju.edu.cn

6590 发酵桑叶对育肥猪屠宰性能、肉品质和肌肉中氨基酸、脂肪酸含量的影响

陈玉连 1，刘纯铭 1，杨钒 1 肖定福 1*

（湖南农业大学动物科学技术学院，湖南 410128）[73]

摘要：本试验旨在研究不同添加比例发酵桑叶对育肥猪屠宰性能、肉品质及肌肉中氨基酸、脂肪酸含量的影响。选取体重相近、健康的“杜长大”三元杂交猪 60 头（全公），随机分为 4 组（每组 5 个重复，每个重复 3 头猪）：对照组饲喂基础饲粮，试验组饲喂分别添加 12%、15%和 18%发酵桑叶的饲料。试验期 52 d。结果表明：1）15%、18%发酵桑叶组育肥猪的背膘厚度、花板油率显著低于对照组（P<0.05），眼肌面积显著高于对照组（P<0.05）。2）18%发酵桑叶组育肥猪的 a*值、肉色评分和大理石纹评分均显著高于对照组（P<0.05），15%、18%发酵桑叶组的剪切力和滴水损失显著低于对照组和 12%发酵桑叶组（P<0.05）。3）12%、15%、18%发酵桑叶组的肌内脂肪含量均显著高于对照组（P<0.05）。4）与对照组相比，12%、15%、18%发酵桑叶组育肥猪血清中的胆固醇（TC）、甘油三酯（TG）、低密度脂蛋白胆固醇（LDL-C）及血清游离脂肪酸（NEFA）含量显著降低（P<0.05），而 15%、18%发酵桑叶组育肥猪血清中高密度脂蛋白胆固醇（LDL-C）含量显著升高（P<0.05）。5）与对照组相比，15%、18%发酵桑叶组背最长肌中的油酸、亚油酸、花生四烯酸、单不饱和脂肪酸和多不饱和脂肪酸含量显著高于对照组（P<0.05）。6）15%、18%发酵桑叶组背最长肌中的谷氨酸、丙氨酸、缬氨酸和必需氨基酸总量显著高于对照组和 12%发酵桑叶组(P<0.05)，15%、18%发酵桑叶组的肌肉必需氨基酸评分更接近联合国粮农组织 (FAO) 理想模式。由此可见，在饲粮中添加 15%、18%的发酵桑叶对育肥猪的屠宰性能、肉品质的提升有一定的促进作用，同时还能改善血清脂质水平，提高不饱和脂肪酸含量和必需氨基酸总量。

关键词：发酵桑叶；育肥猪；肉品质；氨基酸；脂肪酸

---

[73] 基金项目： 国家现代农业产业技术体系建设专项（CARS-37）；湖南省自然科学基金项目（2020JJ4364）

作者简介：陈玉连（1991—），女，湖南衡阳人，博士研究生，研究方向为动物营养与品质调控。手机：13787194812 E-mail: 544503896@qq.com

*通信作者：肖定福，教授，博士生导师，E-mail: xiaodingfu2001@163.com

6608 日粮不同硒源和添加水平对育肥猪肉品质、肌肉中硒含量及形态的影响

周晓容 1，肖融 1，胡颖 2，张军民 2，汤超华 2，邱小宇 1，刘志云 1，杨飞云 1*

（重庆市畜牧科学院，重庆 402460；中国农业科学院北京畜牧兽医研究所，北京 100193）[74]

摘要：本试验旨在研究日粮不同硒源和添加水平对约荣商品育肥猪的肉品质及肌肉中硒含量与形态的影响。试验选取同批次 85 kg 左右的健康约荣猪 50 头，随机分到 2 个处理，每个处理 5 个重复，每个重复 5 头猪。A 组，对照组：玉米-豆粕型基础饲粮，硒源为亚硒酸钠，硒水平为 0.25mg/kg，B 组：硒源为酵母硒，硒水平为 0.50mg/kg。各组试验饲粮除硒源和添加水平不同外，其余均相同，试验期 48 天。试验结束时，从每个重复选 1 头接近平均体重的猪进行屠宰，测定胴体性状、肉品质等指标。结果表明：1）酵母硒组猪只生产性能略优于对照组（ADG 931.7g/d VS 874.6g/d，ADFI 3.39kg/d VS 3.34kg/d，F/G 3.64 VS 3.82），但未达到显著差异（P＞0.05）。2）酵母硒组屠宰率极显著高于对照组（屠宰率 75.85% VS 73.96%，P<0.01），胴体直长、斜长、三点平均背膘厚和眼肌面积无显著差异（P＞0.05）。两组背最长肌的 PH、大理石纹评分、肉色、剪切力、滴水损失、蒸煮损失和肌内脂肪指标均无显著差异（P＞0.05）。3）与对照组相比，酵母硒组背最长肌和肝脏中硒含量均极显著提高（背最长肌中硒含量 0.38 mg/kgVS 0.21mg/kg，肝脏中硒含量 1.32mg/kg VS 0.87mg/kg，P<0.01），分别提高 81.0%和 51.7%。4）背最长肌中硒主要以硒代蛋氨酸（SeMet）形式存在，其次是硒代半胱氨酸（$SeCys_2$）。酵母硒组与对照组背最长肌中有机硒（SeMet、$SeCys_2$）占总硒的比例分别为 83.70%、75.74%。由此可见，饲料中使用 0.5mg/kg 硒水平的酵母硒有利于改善约荣育肥猪生产性能，显著提高育肥猪的屠宰率，对常规肉质指标无显著影响；背最长肌中主要以 SeMet 形式存在，其次是 $SeCys_2$，且酵母硒较亚硒酸钠在猪体内具有更高的生物活性；饲料中使用 0.5mg/kg 硒水平的酵母硒显著提高背最长肌硒含量，背最长肌硒含量为 0.38mg/kg，达到富硒猪肉团体标准 T/CMATB 1003-2021，猪肉富硒效果优于无机硒组，这可为富硒猪肉生产提供技术方案。

关键词：酵母硒；育肥猪；肉品质；硒含量；硒形态

---

[74]基金项目：重庆荣昌农牧高新技术产业研发专项(cstc2020ngzxO005）

第一作者：周晓容（1976-），女，四川射洪人，硕士研究生，从事畜禽健康养殖与饲料资源开发研究。E-mail: zhouxiaorong429@163.com

*通讯作者：杨飞云，研究员，E-mail:yfeiyun@yeah.net

6612 发酵饲料对育肥猪肠道菌群、代谢图谱及猪肉风味的影响及其机制研究

刘事奇 1，杜满 1，路则庆 1，汪以真 1，单体中 1*

（1. 浙江大学饲料科学研究所，浙江大学动物分子营养学教育部重点实验室，生物饲料安全与污染防控国家工程实验室，农业农村部（华东）动物营养与饲料重点实验室，浙江省饲料与动物营养重点实验室，杭州，310058）

摘要：本试验旨在探究育肥猪日粮中添加发酵饲料（Fermented feed, FF）对育肥猪肉风味、肠道菌群及代谢的影响。发酵饲料制作的菌株选用粪肠球菌和枯草芽孢杆菌 ZJU12，枯草芽孢杆菌 ZJU12 由本团队前期筛选得到，发酵底物为 40%玉米、40%豆粕和 20%麦麸。本试验共选取 144 头育肥猪（杜洛克×巴克夏×嘉兴黑），随机分为 3 组，每组 4 个重复，每个重复 12 头猪。3 个试验组分别饲喂基础日粮（0% FF）、基础日粮+5% 发酵饲料（5% FF）、基础日粮+10% 发酵饲料（10% FF），预饲 4 天，试验期 38 天。试验结果表明：1）与 0% FF 组相比，添加 10% FF 提高育肥猪平均日增重（$P<0.05$），添加 5% FF 和 10% FF 不影响育肥猪的料重比；2）相比 0% FF 组，添加 10% FF 提高 *Phascolarctobacterium*、*Faecalibacterium* 和 *UCG_002* 属的相对丰度（$P<0.05$），同时降低 *UCG-010_unclassified* 属的相对丰度（$P<0.05$）；3）与 0% FF 组相比，添加 FF 改变结肠中脂多糖生物合成与氨基酸合成代谢途径，其中 10% FF 提高 3-脱氢茶甾酮等代谢物的丰度（$P<0.05$）；4）相比 0% FF 组，添加 10% FF 改变背最长肌中挥发性化合物组成，同时提高（*E*, *E*）-2,4-二烯醛、十二醛、壬醛、2-癸烯醛以及醛类化合物的总含量（$P<0.05$），提高肌苷酸合成关键基因（*ATIC* 和 *GPAT*）的表达水平和肌苷酸的含量（$P<0.05$）；5）相关性分析表明，差异菌 *Phascolarctobacterium* 和 *Faecalibacterium* 与肌苷酸和总醛的含量呈正相关（$P<0.05$），同时与差异代谢物 3-脱氢茶甾酮和 2-[（磺酰氧基）甲基]丁酸呈正相关（$P<0.05$）；差异属 *UCG-010_unclassified* 与壬醛、（*E*, *E*）-2,4-二烯醛、总醛和肌苷酸的含量呈负相关（$P<0.05$），同时与拉坦前列素和 3-羟基十六酸肉毒碱的丰度呈正相关（$P<0.05$）。总之，添加 10% FF 可提高背最长肌挥发性风味化合物的含量、改善猪肉的风味和鲜味，这与肠道微生物组成及代谢有关。

关键词：发酵饲料；猪肉；风味；肠道微生物；代谢

基金项目：国家重点研发计划项目（2021YFC2103005）

作者简介：刘事奇（1998—），男，湖南怀化人，博士研究生，动物营养与饲料科学专业。手机：13588041377 E-mail: liushiqi@zju.edu.cn

*通信作者：单体中，教授，E-mail: tzshan@zju.edu.cn

6662 饲粮添加 L-茶氨酸对育肥猪肉品质和肌纤维类型转化的影响

代涵纳 1,§，陈小玲 1,§，陈代文 1，余冰 1，何军 1，陈洪 2，阎辉 1，郑萍 1，罗玉衡 1，黄志清 1,*

（1. 四川农业大学动物营养研究所，动物抗病营养教育部重点实验室，成都 611130; 2. 四川农业大学食品学院，雅安 625014）[75]

摘要：通过提高慢肌纤维的比例来改善猪肉品质的方法已经得到了广泛地报道。近年来，L-茶氨酸被发现具有促进骨骼肌纤维类型转化的生物学作用。然而，L-茶氨酸对育肥猪肉品质和肌纤维类型转化的影响及机制尚不明确。本试验旨在研究饲粮中添加 L-茶氨酸对育肥猪肉品质和肌纤维类型转化及机制的影响。试验选用 18 头平均体重为 86.03±0.83kg 的健康“杜×长×大”(DLY)阉公猪，随机分为 3 组(分别饲喂基础饲粮和在基础饲粮中添加 500 mg/kg 和 1000 mg/kg L-茶氨酸)，每组 6 个重复，每个重复 1 头猪，试验期为 30 天。结果表明：（1）饲粮添加 1000 mg/kg L-茶氨酸显著提高了育肥猪的眼肌面积*(P < 0.05)*。（2）饲粮中添加 500 mg/kg L-茶氨酸显著降低了背最长肌的 $L^*_{24\,h}$ *(P < 0.05)*，饲粮中添加 1000 mg/kg L-茶氨酸显著降低了背最长肌的 $b^*_{24\,h}$ 和滴水损失*(P < 0.05)*。（3）添加 L-茶氨酸显著降低育肥猪糖原和乳酸的含量，以及糖酵解潜力*(P < 0.05)*。（4）1000 mg/kg L-茶氨酸能显著提高育肥猪背最长肌中 Slow MyHC、TNNI1 和 TNNT1 蛋白的表达，显著降低了 Fast MyHC 蛋白的表达*(P < 0.05)*；并且，1000 mg/kg L-茶氨酸组的 *MyHC I*、*MyHC IIa*、*TNNI1* 和 *TNNC1* mRNA 水平也显著升高，*MyHC IIb* mRNA 水平显著降低*(P < 0.05)*。此外，免疫荧光分析显示，在饲料中添加 L-茶氨酸后，慢肌纤维百分比显著增加，快肌纤维百分比显著降低*(P < 0.05)*。（5）添加 L-茶氨酸显著提高了育肥猪背最长肌中 SDH 和 MDH 的活性，并显著降低 LDH 活性*(P < 0.05)*。（6）1000 mg/kg L-茶氨酸可增加育肥猪背最长肌 *COX1*、*Cytc*、*Nrf1*、*TFAM*、*TFB1M* 和 *ATP5G* 的 mRNA 表达量*(P < 0.05)*；此外，饲粮中添加 1000 mg/kg L-茶氨酸也显著上调肝脏中 *Cytc*、*Nrf1*、*TFAM*、*TFB1M*、*PGC-1* 和 *Sirt1* mRNA 水平*(P < 0.05)*。（7）饲粮中添加 L-茶氨酸可显著上调背最长肌中 p-AMPK、p-CaMKKβ、PGC-1α和 Sirt1 的蛋白表达*(P < 0.05)*；Real-time qPCR 分析显示，1000 mg/kg L-茶氨酸组的背最长肌中 *AMPKα1*、*AMPKα2*、*PGC-1α*和 *Sirt1* mRNA 水平显著高于对照组*(P < 0.05)*。总之，本研究首次证明，饲粮中添加 1000 mg/kg 的 L-茶氨酸可以改善肥育猪的猪肉颜色和滴水损失，促进肌纤维类型从快肌纤维向慢肌纤维转变。

关键词：L-茶氨酸；猪肉品质；肌纤维类型转化；AMPK 信号通路；育肥猪

---

[75] 基金项目：四川省自然科学基金项目(No. 2022NSFSC0074)；四川省科技计划项目(No. 2021ZDZX0009)。

§共同第一作者

作者简介：代涵纳（1998—），女，湖北襄阳人，硕士研究生，从事猪的营养研究。手机：13995727226 E-mail: 1260786214@qq.com

*通信作者：黄志清，教授，博士生导师，E-mail: zqhuang@sicau.edu.cn

6666 三甲基甘氨酸对育肥猪肉品质的影响及机制探究

刘佳琪[1]，王新霞[1*]

(1. 浙江大学动物科学学院，杭州 310058) [76]

摘要：本实验旨在研究三甲基甘氨酸对育肥猪肉品质的影响及其调控肌内脂肪沉积的表观遗传学机制。选取平均体重为 90.12±0.20 kg 的杜×长×大（阉公猪）育肥猪 54 头，随机分为两组（每组 3 个重复，每个重复 9 只）：对照组饲喂基础饲粮，试验组饲喂添加 2500 mg/kg 三甲基甘氨酸的试验饲粮。另选取 4 周龄雄性 C57BL/6J 小鼠 24 只，随机分为两组（每组 3 个重复，每个重复 4 只）：对照组饲喂小鼠维持饲料，试验组饲喂小鼠维持饲料+2%三甲基甘氨酸（饮水补充）。结果显示：1）饲粮中添加 2500 mg/kg 三甲基甘氨酸可以显著提高育肥猪肌内脂肪含量，改善肉品质（$P<0.05$）。2）补充 2%三甲基甘氨酸可以显著促进甘油诱导的小鼠肌内脂肪沉积（$P<0.05$）。3）三甲基甘氨酸并不是直接作用于肌内脂肪细胞，而是通过提高肝脏 BHMT 蛋白表达，促进 NADPH 生成，降低 FTO 介导的细胞 m^6A 水平，促进克隆增值阶段的细胞周期，进而促进肌内脂肪细胞的分化聚酯。由此可见，三甲基甘氨酸通过调节整体代谢和组织间互作实现对动物肌内脂肪沉积的正向调控，揭示了三甲基甘氨酸-NADPH-FTO-m^6A-肌内脂肪含量的表观遗传机制，为三甲基甘氨酸在畜牧中的应用提供了理论依据。

关键词：三甲基甘氨酸，肌内脂肪，m^6A

作者简介：刘佳琪（1998—），女，河南洛阳人，硕士研究生，从事肠道微生物调控机体脂质代谢相关研究。手机：18237990677
E-mail: 22117023@zju.edu.cn

*通信作者：王新霞，教授，E-mail: xinxiawang@zju.edu.cn

基金项目：浙江省科技创新领军人才工程（2022R52023）；国家自然科学基金区域创新发展联合基金（U21A20249）

6670 栀子对生长育肥猪生长性能、胴体性状、肉品质及抗氧化功能的影响

唐佳希，邱月琴，熊云霞，王丽，高开国，蒋宗勇，杨雪芬*

（广东省农业科学院动物科学研究所，猪禽种业全国重点实验室，农业农村部华南动物营养与饲料重点实验室，广东省畜禽育种与营养研究重点实验室，岭南现代农业科学与技术广东省实验室茂名分中心，广州 510640）

摘要：本试验旨在研究饲粮中添加不同水平的栀子（Fructus Gardeniae，FG）对生长育肥猪生长性能、胴体性状、肉品质及抗氧化活性的影响。选取初始体重为 35.83 ± 3.77 kg 的生长育肥猪（杜×长×大）216 头，随机分为 4 个处理组，每组 6 个重复，每个重复 6 头猪（公母各半）。对照组饲喂基础饲粮，试验组分别在基础饲粮中添加 0.4%、0.8%、1.2% FG。试验猪自由采食饮水，试验期 96 天。结果表明：1）生长育肥猪的平均日增重（ADG）随 FG 添加水平的增加线性增加（P<0.05），料重比（F/G）随 FG 添加水平的增加线性降低（P<0.05）。与对照组相比，0.4%、0.8%和 1.2% FG 组试验猪的 ADG 分别提高了 5.70%、4.29%和 5.65%（P<0.05），0.8%和 1.2% FG 组试验猪的 F/G 分别降低了 7.62%和 7.94%（P<0.05）。2）与对照组相比，各试验组的胴体性状指标无显著差异（P>0.05）。3）随着 FG 添加水平的增加，生长育肥猪背最长肌的 pH_{24h}、45 min 亮度和 45 min 黄度呈线性升高（P<0.05），24 h 滴水损失、48 h 红度和剪切力均呈线性减少（P<0.05）。与对照组相比，1.2% FG 组试验猪肌肉的 45 min 黄度显著提高（P<0.05），0.4%、0.8%和 1.2% FG 组试验猪肌肉的剪切力显著降低（P<0.05）。4）生长育肥猪的血浆总抗氧化能力（T-AOC）随 FG 添加水平的增加呈线性升高（P<0.05），且 0.4%和 1.2% FG 组血浆 T-AOC 显著高于对照组（P<0.05）。肝脏 T-AOC 和还原型谷胱甘肽酶活随 FG 添加水平增加呈线性升高（P<0.05）。背最长肌 T-AOC 和总超氧化物歧化酶活性随 FG 添加水平的增加呈线性升高（P<0.05），且 0.8%和 1.2% FG 组背最长肌 T-AOC 含量显著高于对照组（P<0.05）。由此可见，饲粮中添加 FG 能改善生长育肥猪生长性能，一定程度上改善肌肉品质，提高机体抗氧化能力。在本实验条件下，育肥猪饲粮中 FG 的适宜添加水平为 0.8%。

关键词：栀子；生长育肥猪；生长性能；胴体性状；肉品质；抗氧化活性

基金项目：the Collaborative Innovation Center of GDAAS (XTXM 202205), National Key R&D Program of China (No. 2021YFD1300402), Guangzhou Science and Technology Project (No. 202206010193), GuangDong Basic and Applied Basic Research Foundation (No. 2022A1515110799)

作者简介：唐佳希（1998-），女，湖南长沙人，硕士，从事猪营养与饲料科学研究。手机：18229472389，E-mail：314381387@qq.com

*通讯作者：杨雪芬，女，研究员。E-mail: yangxuefen@gdaas.cn

6674 慢性免疫应激断奶仔猪肌肉损伤的机制探究

余嘉懿 1，郑昌炳 2，段叶辉 1*

（1. 中国科学院亚热带农业生态研究所，长沙 410125；2. 湖南农业大学动物科学技术学院，长沙 410125）

摘要：骨骼肌质量和体重的急剧下降会导致仔猪发病率和死亡率上升。然而，肌肉质量下降的详细病因机制尚未完全确定。本研究旨在探究慢性免疫应激下仔猪肌肉质量损失的病因机制。试验选取 80 头 21 日龄健康三元杂断奶仔猪（初始体重 6.98±0.14 kg），随机分为两个组：对照组（CON，注射生理盐水）；处理组（LPS，注射 LPS），每组 10 个重复，实验期 15 天。在 1，5，9，15 天进行屠宰采样并收集血清、被最长肌（LM）、比目鱼肌（SM）和结肠内容物。结果表明：1）与 CON 组相比，注射 LPS 仔猪 5 d 至 15 d 体重减轻 20%，肌肉总重量减轻 11%~44%，肌纤维蛋白量减少 33%~89%（P<0.05）；2）在慢性免疫应激早期阶段（1~5 d），与对照组相比，LPS 组 *Bacteroidetes* 丰度降低，同时血清炎症因子（TNF-α，IL -6，IL-1β）浓度升高，关联分析显示血清炎症因子浓度与 *Bacteroidetes* 丰度呈现负相关（P<0.05）；LM 和 SM 组织中线粒体形态受损表现为线粒体破碎或肿胀，线粒体动力学（融合/分裂）和有丝分裂活化改变表现为线粒体分裂蛋白 Drp1、自噬体 Bnip3 和 LC3B II/I 蛋白表达量增加，线粒体融合蛋白 OPA1 和自噬蛋白 p62 蛋白表达量减少（P<0.05）；从 LPS 注射第 5 d 开始，LPS 组 LM 与 SM 组织中氧化损伤标志物 MDA 含量与 8-OHdG 蛋白表达量显著高于 CON 组，SOD 酶活性显著低于 CON 组，MDA 水平与肌肉重量之间呈现负相关（P<0.05），表明氧化还原系统的平衡在第 5 d 时被破坏；4）在免疫应激后期（9~15 d），LPS 组 LM 和 SM 组织 mtROS 水平升高且其与肌肉质量呈现负相关，线粒体膜电位ΔΨm 和 ATP 产量降低（P<0.05）；5）炎症因子（TNF-α，IL -6，IL-1β）与肠道微生物、氧化指标、肌肉蛋白代谢指标、自噬体以及线粒体功能指标的相关性分析显示，在 LM 中，促炎因子浓度与 mtROS 浓度和 p-AMPKα蛋白表达呈正相关，与 p-mTOR 蛋白表达呈负相关，在 SM 中，促炎因子浓度与 MDA 含量呈正相关，在 LDM 和 SM 中与 p-mTOR 蛋白水平呈负相关，与 p-AMPKα蛋白水平呈正相关（P<0.05）。对于线粒体功能，促炎因子与 LDM 和 SM 中 LC3B II / I 和 Drp1 蛋白水平呈正相关（P<0.05）。综上，断奶仔猪在慢性免疫应激过程中，*Bacteroidetes* 丰度降低先于肌肉质量下降，促炎因子循环水平增加会导致线粒体网络形状的破坏（融合减少，裂变增加）和氧化应激，最终导致肌肉质量下降。

关键词：*Bacteroidetes*;炎症;线粒体网络形状;肌肉质量损失;慢性免疫应激仔猪

基金项目：湖南省自然科学优秀青年基金(2021JJ20044)，长沙市杰出创新青年基金项目(kq2009020)。

作者简介：余嘉懿（2000-），女，陕西渭南人，博士研究生，从事分子营养与肉品质调控研究。手机：18392679425，E-mail : yjy1964560110@163.com

*通讯作者：段叶辉，副研究员，E-mail: duanyehui@isa.ac.cn

6675 饲粮中添加香菇渣对育肥猪生长性能、猪肉品质和风味物质的影响

李奇隆 1,2，郭秋平 1，李凤娜 1,2 *

（1. 中国科学院亚热带农业生态研究所，长沙 410125；2. 中国科学院大学现代农业科学学院，北京 101499）

摘要：本试验旨在研究在饲粮中添加香菇渣对育肥猪生长性能、肌肉品质和风味物质的影响。选取 100 头日龄、体重接近且健康状况基本一致的杜×长×大三元杂交育肥猪，随机分为 2 组（每组 10 个重复，每个重复 5 头猪），分别为对照组和 3%香菇渣组，对照组饲喂基础饲粮，试验组在基础日粮水平上添加 3%香菇渣，试验为期 59 d。结果表明：与对照组相比，1）3%香菇渣的添加对育肥猪生长性能和胴体性状没有显著影响（*P*>0.05），但是宰后背最长肌红度值 a*显著提高（*P*<0.05）；2）3%香菇渣组的血清肌酐和葡萄糖含量显著提高（*P*<0.05）；3）3%香菇渣组背最长肌游离氨基酸鲜味氨基酸中谷氨酸含量显著增加，苦味氨基酸中亮氨酸含量显著下降（*P*<0.05）；4）3%香菇渣组的背最长肌干物质、粗蛋白和肌内脂肪含量均显著提高（*P*<0.05）；肌肉中总单不饱和脂肪酸比例显著提高（*P*<0.05），等效鲜味浓度显著增加（*P*<0.05）。5）品尝试验结果表明，与对照组相比，3%香菇渣组的背最长肌滋味和多汁性显著改善，咀嚼性显著增强（*P*<0.05）；电子鼻分析显示，对照组和香菇渣组背最长肌的气味轮廓存在明显差异（*P*<0.05）；基于顶空固相微萃取-气相色谱-质谱联用法（HS-SPME-GC-MS），在两个组中鉴定到共同的挥发性风味物质共 20 种，其中 8 种关键挥发性物质在 3%香菇渣组背最长肌中显著提高（*P*<0.05）；6）3%香菇渣组的背最长肌中氧化型肌纤维类型基因 MyHC I 和 MyHC IIa 的 mRNA 表达水平显著增加（*P*<0.05）。由此可见，在饲粮中添加 3%香菇渣对育肥猪的生长性能和胴体性状没有显著影响，但是能够提高宰后背最长肌肉色；同时，添加 3%香菇渣会对肌肉中的谷氨酸和肌苷酸两者之间的协同作用产生影响，并能够促进挥发性风味物质的沉积，提高氧化型肌纤维比例，从而改善肌肉品质。

关键词：香菇渣；育肥猪；猪肉品质；风味物质

基金项目：湖南省重点研发计划项目（2022NK2026）

作者简介：李奇隆（1999—），男，四川巴中人，硕士研究生，从事肉品质营养调控。手机：15983962816 E-mail: li_qilongwy@163.com

*通信作者：李凤娜，研究员，E-mail: lifengna@isa.ac.cn

6679 宁乡猪不同月龄肌肉挥发性有机物的比较研究

李华丽，刘莹莹，朱吉，任慧波，胡雄贵，邓缘，崔清明，左剑波，喻国均，曹丽华，陈晨*，彭英林*

（湖南省畜牧兽医研究所，长沙，410131）[77]

摘要：宁乡猪肉质鲜美，为中国四大名猪种之一。以 2、4、6、8、10、12 月龄宁乡猪为试验对象，每个月龄 6 头猪，采用气相色谱-离子迁移谱联用技术（GC-IMS）对各试验猪背最长肌的挥发性有机物（VOC）进行半定量分析，旨在全面了解宁乡猪生长发育期间肌肉 VOC 的变化规律，确定不同月龄肌肉的特征 VOCs，构建挥发性风味物质指纹图谱。鉴定出宁乡猪 2、4、6、8、10、12 月龄肌肉已知 VOCs 数量依次是 27、40、40、54、49、46，2 月龄 VOCs 数量最少，8 月龄最多。2、4、6 月龄肌肉主要 VOCs 均为酮类、醛类与醇类，其相对含量之和分别占各月龄总 VOCs 的 87.09%、81.68%与 82.86% ；2 月龄肌肉尚未形成酯类物质。8 月龄主要 VOCs 为醇类、酮类、醛类、酯类、酸类与含硫化合物，其相对含量共占 93.85%；其特有 VOCs 15 种，为癸醛、5-甲基糠醛、甲硫基丙醛、（E） -2-己烯醛、6-甲基-5-庚烯-2-酮、4-酮异佛尔酮（茶香酮）、1-戊烯-3-酮、乙酸 2-甲基丙酯-D、丁酸异戊酯、2-甲基丁酸乙酯-M、乙酸丁酯、己酸-D、二烯丙基二硫-M、二烯丙基二硫-D 与柠檬烯；与其它月龄样品相比，特征性显著差异 VOCs 有 3-甲基-2-丁烯醛、2-甲基丙酸-M 和己酸-M（P<0.05）；酯类数量最多有 7 种，其相对含量在宁乡猪生长期间达峰值 15.60% 。 10、12 月龄样品主要 VOCs 为酮类、醛类、醇类与呋喃类，其相对含量分别占 10、12 月龄的 74.12%与 77.09%。呋喃类化合物从 8 月龄开始形成，但相对含量仅为 0.44%，在 10 月龄与 12 月龄阶段，其相对含量分别为 10.23%与 9.06% 。二甲胺在 2 月龄时相对含量最高，随月龄增长其相对含量降低，在 8 月龄时最低，随后呈上升趋势。从 10 月龄开始有 2-乙基-3,5-二甲基吡嗪。主成分分析显示各月龄样品基本能各自聚类，其中 8 月龄与其它月龄在 PC1 方向差异较大。综上所述，宁乡猪生长初期挥发性风味基础物质水平最低，8 月龄时风味基础物质最丰富；构建了宁乡猪挥发性风味物质特征指纹图谱，确定了不同月龄肌肉 VOCs 的变化规律。

关键词：宁乡猪，挥发性有机物，GC-IMS，指纹图谱

基金项目：湖南省自科基金（2022JJ30317）；湖南省创新平台与人才计划（2022NK4145）

作者简介：李华丽，（1979.12-），女，湖南资兴市人，副研究员，从事畜产品加工研究。手机：13974937732，E-mail:233751146@qq.com

*通信作者：陈晨，副研究员，E-mail: 2004chch@163.com；彭英林，研究员，博士生导师，E-mail: 13907487646@126.com

6179 饲粮添加水飞蓟宾对断奶仔猪生长性能及其对肠道氧化损伤和微生物群失调的调节作用

蔡龙，李彦品，孙文娟，皮宇，蒋显仁，李习龙*

（中国农业科学院饲料研究所，农业农村部饲料生物技术重点开放实验室，北京 100081）[78]

摘要：氧化应激是断奶仔猪肠道功能障碍的主要诱因，通常会导致腹泻、生长迟缓甚至死亡。水飞蓟宾（Si）因其抗氧化特性而受到广泛关注。在此，我们探究了饲粮中添加水飞蓟宾对断奶仔猪生长性能的影响，并随后确定了其对百草枯（PQ）诱导的肠道氧化损伤和微生物群失调的保护作用。在试验 1 中，选用 120 头断奶仔猪随机分为到 5 个处理，每个处理组 6 个重复，每个重复 4 头仔猪（公母各半），分别饲喂添加了 0、50、100、200 或 400 mg/kg 水飞蓟宾的试验饲粮，试验共持续 42 天。在试验 2 中，选取断奶仔猪 24 头，按照体重和性别随机分为 4 组（每组 6 个重复，每个重复 1 头），分别为对照组，PQ 挑战组，Si 组以及 Si + PQ 组。试验第 18 天，PQ 组以及 Si + PQ 组仔猪腹腔注射 4 mg/kg 的 PQ，其他组注射等量的生理盐水，注射 3 天后屠宰取样。结果表明，在本试验中根据断奶仔猪的生长性能、腹泻和血浆抗氧化能力等指标，饲粮中添加 400 mg/kg 的水飞蓟宾是最佳添加剂量。饲粮中添加水飞蓟宾可减轻 PQ 挑战引起的生长阻滞和氧化应激，表现为提高仔猪日增重并逆转 PQ 挑战引起的空肠中 CAT 和 SOD 酶活性的下降和 MDA 含量的升高，这与激活肠道中 Nrf2 信号通路密切相关；同时水飞蓟宾通过调节空肠线粒体生物发生和生物能学来改善断奶仔猪的线粒体功能，表现为上调黏膜中 *MFN2*、*NDUFV2* 和 *ATP5H* 基因的表达、提高线粒体呼吸链复合体 I 和 V 的活性以及 ATP 的含量；此外，水飞蓟宾通过调节 Bcl-2/Bax 信号通路抑制线粒体相关的内源性凋亡途径，进而改善 PQ 挑战仔猪的肠道屏障功能和肠道形态，表现为增加绒毛高度和杯状细胞数量、提高肠道的完整性和紧密连接蛋白 ZO-1 的表达。此外，水飞蓟宾通过恢复肠道微生物的α-多样性和富集产短链脂肪酸细菌，改善了 PQ 挑战诱导的肠道微生态失调，并随后增加了乙酸和丙酸的产量。Spearman 相关分析显示，差异菌属的相对丰度与肠道稳态相关指标显著相关。综上所述，饲粮中添加 400 mg/kg 的水飞蓟宾可以改善断奶仔猪的生长性能并降低腹泻率。水飞蓟宾的有益作用可能是通过保护断奶仔猪免受氧化应激诱导的肠道损伤、线粒体功能障碍和微生物群失调。以上结果为水飞蓟宾作为天然饲料添加剂的开发和应用提供了理论支持。

关键词：水飞蓟宾；断奶仔猪；生长性能；氧化应激；肠道健康；微生物群落

---

[78]基金项目：中国农业科学院农科英才“青年英才计划”项目；国家重点研发计划“政府间国际科技创新合作”重点专项（2018YFE0111800）

作者简介：蔡 龙（1995—），男，四川南充人，博士研究生，从事植物营养素调控断奶仔猪肠道健康方面的研究。手机：13126700905 E-mail: longcai17@126.com

*通信作者：李习龙，研究员，E-mail: lixilong@caas.cn

6193 槲皮素对围产期母猪繁殖性能的影响及作用机制

李垚*，应琳琳，毛彦军，杨庆林，刘君红，周帅帅，伏雨欣，刘家言

（东北农业大学动物科学技术学院，哈尔滨，150030)

摘要：处于高度氧化应激状态的围产期母猪繁殖性能受到严重影响，哺乳仔猪生长性能也会降低。本试验旨在研究饲粮加槲皮素对围产期母猪繁殖性能的影响及作用机制，为提高围产期母猪繁殖性能，解决母猪围产期综合症提供理论依据。胎次相近长×大二元健康母猪24头随机分4组，每组6个重复，每个重复1头，分别饲喂添加0.000%、0.025%、0.050%、0.075%槲皮素的玉米-豆粕型基础饲粮。预试10天，正式试验从母猪妊娠100天开始，至母猪下一次发情配种结束。采用ELISA、16S rDNA测序等方法进行测定。结果表明：与对照组相比，3水平槲皮素均显著降低母猪便秘率、血清丙二醛、血清催乳素和孕酮含量（*P*<0.05）、粪便厚壁菌门（*P*=7.82e-4）和链球菌属（*P*=8.50e-4）相对丰度，显著提高初乳胰岛素样生长因子-1和血清雌二醇含量（*P*<0.05）、粪便拟杆菌门（*P*=2.19e-6）、乳酸杆菌属（*P*=1.57e-2）和g_norank_f_Muribaculaceae菌（*P*=2.57e-5）相对丰度；0.05%和0.075%槲皮素显著降低母猪背膘损失率、血清一氧化氮、IL-6、TNF-α、单核细胞趋化蛋白1含量（*P*<0.05）和粪便毛螺菌属_XPB1014（*P*=4.99e-2）相对丰度，显著缩短母猪发情间隔（*P*<0.05），显著提高初乳IgA和IgG、血清多巴胺含量、粪便菌群多样性（*P*<0.05）以及瘤胃菌属（Ruminococcaceae_UCG-002，*P*=2.24e-3）和普雷沃氏菌属（Prevotellaceae_UCG-001，*P*=5.11e-4）相对丰度；0.025%和0.050%槲皮素显著降低血清去甲肾上腺素含量（*P*<0.05）；0.025%槲皮素显著提高血清谷胱甘肽含量（*P*<0.05），显著降低血清肾上腺素含量（*P*<0.05）；0.050%槲皮素显著增加粪便克里斯滕森菌属（Christensenellaceae_R-7_group，*P*=2.36e-2）相对丰度；0.075%槲皮素显著提高哺乳仔猪28天断奶重、日增重和初乳IgM含量（*P*<0.05），显著降低血清IL-1β含量（*P*<0.05）。总之，槲皮素可以通过调控围产期母猪肠道菌群多样性和相对丰度来提高抗氧化能力，从而降低氧化应激和炎症反应，最终提高繁殖性能，减少产后三联症的发生。

关键词：槲皮素；围产期母猪；粪便菌群；炎症因子；激素

基金项目：国家自然科学基金项目（32072749）

通讯作者*：李垚（1966—），女，黑龙江哈尔滨人，教授，博士生导师，E-mail：liyaolzw@163.com

6213Iturin A 缓解 STb-Rosetta 菌诱导断奶仔猪肠道氧化损伤的研究

彭启良，周加义，王晓帆，高春起，严会超，王修启*

（华南农业大学动物科学学院，广州 510642）

摘要：大肠杆菌通过分泌耐热肠毒素和/或不耐热肠毒素诱导仔猪腹泻，还会破坏仔猪肠道隐窝-绒毛结构，扰乱抗氧化酶的产生，使肠道处于氧化应激状态，伊枯草菌素（Iturin A）是一种带有脂肪酸侧链的 7 个氨基酸环状肽，具备抑菌和抗氧化功能。本研究旨在探讨 Iturin A 是否能缓解 STb-Rosetta 菌诱导的肠道氧化损伤及其机制。试验选取 28 头健康状况良好，体重相近的杜×长×大三元杂断奶仔猪，随机分为 4 个处理组。对照组灌胃 200 mL PBS；Iturin A 处理组灌胃 200 mL Iturin A（320 mg/kg BW）；STb-R 处理组灌胃 200 mL STb-Rosetta（1× 10^{10} CFU/mL）；Iturin A+STb-R 处理组灌胃 200 mL Iturin A（320 mg/kg BW）+STb-Rosetta（1× 10^{10} CFU/mL）。不同处理灌胃 10 天，第 11 天屠宰。采集断奶仔猪的肠道样品，评价其小肠结构和功能完整性，检测氧化/抗氧化指标和 Keap1/Nrf2 信号变化。结果显示：1）与对照组相比，STb-R 组的断奶仔猪的平均日增重降低，Iturin A 能显著提高 STb-Rosetta 感染后断奶仔猪的平均日增重（P<0.05）；2）与对照组相比，STb-R 组的断奶仔猪出现了空肠单位肠重下降、绒毛高度降低、隐窝深度增加等现象，而 Iturin A+STb-R 组的断奶仔猪则恢复到了正常水平（P<0.05）；3）与对照组相比，STb-R 组的断奶仔猪紧密连接蛋白 ZO-1 和上皮细胞钙黏附蛋白 E-cadherin 表达量显著降低（P<0.05）；4）与对照组相比，Iturin A 显著降低断奶仔猪血清和空肠组织中活性氧 (ROS) 和丙二醛 (MDA) 的水平（P<0.05），并增加了总抗氧化能力 (T-AOC)、超氧化物歧化酶 (SOD) 和谷胱甘肽过氧化物酶 (GSH-PX) 水平（P<0.05）；5）Iturin A 显著降低了断奶仔猪空肠组织中 Keap1 的表达，增加了 Nrf2 及其下游靶基因的表达，包括谷胱甘肽过氧化物酶 4 (GPX4) 和超氧化物歧化酶 1 (SOD1)，（P<0.05）。以上结果说明，Iturin A 通过调节 Keap1/Nrf2 信号通路来保护肠上皮细胞免受 STb 菌诱导的氧化应激的影响。

关键词：Iturin A；断奶仔猪；肠道干细胞；氧化损伤； Keap1/Nrf2

基金项目：国家重点研发计划项目（2022YFD130040308）

作者简介：彭启良（1999—），男，硕士研究生，从事肠道干细胞命运决定机制及营养调控研究。E-mail:1172535606@qq.com

*通信作者：王修启，研究员，博士生导师，E-mail: xqwang@scau.edu.cn

6214Frizzied7 介导 L -谷氨酸上调 Wnt/β-catenin 信号刺激猪肠道干细胞扩增

秦颖超 1，周加义 1，朱敏 2，昝庚秀 1，高春起 1，严会超 1，黎相广 3*，王修启 1*

（1. 华南农业大学动物科学学院，广州 510642；2. 贵州大学动物科学学院，贵阳 550025；3. 广东工业大学生物医药学院，广州 510006）

摘要：肠道干细胞可解码并协调来自饮食的各种营养信息，调控肠道干细胞活性，维持肠上皮有序更新；而营养信号分子调控肠上皮稳态的具体机制仍有待解析。因此，我们以断奶仔猪、肠道类器官和 IPEC-J2 细胞为模型，通过免疫组织化学、iTRAQ、免疫共沉淀、基因编辑、微量热泳动等技术，探究 L-谷氨酸(L-Glu)调控肠道干细胞活性，促进猪肠道发育的新机制。免疫组织化学结果表明，无氮日粮和玉米豆粕型基础日粮分别添加 1% L-Glu 均显著上调空肠干细胞和各功能细胞（如 Olfm4^{+}肠道干细胞、SOX9^{+}分泌型祖细胞、PCNA^{+}增殖细胞、KRT20^{+}分化细胞、Villin^{+}吸收细胞、Mucin2^{+}杯状细胞和 ChgA^{+}肠内分泌细胞）占比，促进断奶仔猪空肠上皮发育($P < 0.05$)。iTRAQ 分析结合 Western blotting 结果表明日粮添加 1% L-Glu 显著上调断奶仔猪空肠和隐窝组织 Wnt/β-catenin 信号活性，其下游靶蛋白质(Active β-catenin, β-catenin, TCF4, c-Myc, Cyclin D1) 和上游膜受体 FZD7 表达水平均显著增加($P < 0.05$)。类器官体外培养结合 WES 结果发现，无论是分离日粮添加 1% L-Glu 仔猪空肠隐窝离体培养还是 5 mmol/L L-Glu 体外处理猪空肠干细胞，L-Glu 均可显著促进猪空肠干细胞扩增形成类器官，且上调 FZD7/β-catenin 信号活性 ($P < 0.05$)。FZD7 抑制剂(Fz7-21 TFA)处理显著抑制猪肠道干细胞扩增，同时可消除 L-Glu 对肠道干细胞扩增及 FZD7/β-catenin 信号的调控作用 ($P < 0.05$)。同样，L-Glu 也不能上调 FZD7 敲除的 IPEC-J2 细胞系增殖活性，且丧失对 FZD7/β-catenin 信号的调控作用($P < 0.05$)。进一步的研究发现，L-Glu 和 FZD7 在仔猪空肠隐窝部位的表达具有共定位；且免疫共沉淀结果表明，L-Glu 与 FZD7 在仔猪空肠组织中具有相互作用。通过大肠杆菌表达系统体外表达并纯化重组猪 FZD7（rp-FZD7）蛋白质，微量热泳动技术(MST)和等温滴定量热法(ITC)检测发现体 rp-FZD7 与 L-Glu 具有中高强度的结合能力。上述结果表明，L-Glu 作为信号分子可刺激 FZD7/β-catenin 轴，促进肠道干细胞驱动的肠上皮自更新。

关键词：肠道干细胞，Frizzled7，β-catenin，L-Glu，仔猪

基金项目：国家自然科学基金（32072777、31872389 和 32002213）和广东省基础与应用基础研究基金（2019B1515210021 和 2019A1515110205）

作者简介：秦颖超（1994—），男，河南，博士研究生，从事肠道干细胞命运决定机制及营养调控研究。手机：18814116592 E-mail: 820947195@qq.com

*通信作者：黎相广，副教授，硕士生导师，E-mail: xgli@gdut.edu.cn；王修启，研究员，博士生导师，E-mail: xqwang@scau.edu.cn

6217 甲酸对抗猪流行性腹泻病毒损伤仔猪肠道干细胞机制研究

穆钊坤，周加义，王晓帆，高春起，严会超，王修启*

（华南农业大学动物科学学院，广州 510642）

摘要：猪流行性腹泻病毒（PEDV）是引起仔猪水样腹泻致死的主要致病因子，本研究旨在探讨甲酸对 PEDV 感染的仔猪小肠干预效果，为 PEDV 防控提供营养调控手段。试验选取 7 日龄健康状况良好、体重相近的三元杂仔猪 12 头，随机分为 3 组，每组 4 个重复，每个重复 1 头猪。试验期共 7 d，0~4d 均饲喂人工乳，在试验第 5d，PEDV 组和 PEDV+1%甲酸组单次灌服 PEDV 病毒 30 mL（总量为 10^5 TCID50），5~7d PEDV+1%甲酸组在饲喂人工乳前灌喂 1%甲酸溶液 10 mL，第 7d 早上采集样品，评价猪小肠结构和功能完整性，并分离仔猪空肠隐窝进行三维培养，收集空肠组织和肠道类器官（IOs）样品，检测 Wnt/β-catenin 信号变化。结果显示：1）与对照组相比，甲酸可以逆转 PEDV 对仔猪生长性能的抑制作用（P<0.05）；2）与对照组相比，PEDV 组仔猪空肠绒毛萎缩破损，甲酸则明显减轻 PEDV 感染对仔猪空肠结构的破坏作用（P<0.05）；3）与对照组相比，PEDV 组仔猪空肠组织中紧密连接蛋白质的表达量和二胺氧化酶（DAO）含量显著降低（P<0.05），血清中 DAO 含量显著升高（P<0.05），甲酸则可以降低 PEDV 感染后仔猪空肠通透性；4）与对照组相比，PEDV 组仔猪肠道干细胞（ISCs）标志 Olfm4、分泌型祖细胞标志 SOX9 和增殖细胞标志 PCNA 的表达量显著降低（P<0.05），分化标志 KRT20、吸收细胞标志 Villin 和杯状细胞标志 MUC2 的表达量显著降低（P<0.05），甲酸可以缓解 PEDV 感染诱导的仔猪 ISCs 增殖和分化能力下降（P<0.05）；5）与对照组相比，PEDV 感染后显著降低 Wnt/β-catenin 信号水平（P<0.05），甲酸可以缓解这种降低； 6）与对照组相比，PEDV 组肠道干细胞体外扩增为 IOs 后，生成效率和出芽效率显著降低（P<0.05），而甲酸可以促进 PEDV 感染后 IOs 扩增（P<0.05），7）与对照组相比，PEDV 组仔猪 IOs 中 Wnt/β-catenin 信号通路相关蛋白质表达显著降低（P<0.05），而添加甲酸后上调了 Wnt/β-catenin 信号活性（P<0.05）。以上结果说明，甲酸重新激活 PEDV 暴露下的 Wnt/β-catenin 信号，恢复 ISCs 的活力，从而快速修复肠上皮黏膜，保护肠道屏障功能。

关键词：甲酸；猪流行性腹泻病毒；肠道干细胞；Wnt/β-catenin 信号

基金项目：仔猪肠道损伤修复机制及营养调控（2022YFD130040308）

作者简介：穆钊坤（1999—），男，河南郑州人，硕士研究生，从事肠道干细胞命运决定机制及营养调控研究。手机：15521297841 E-mail: 1105400417@qq.com

*通信作者：王修启，研究员，博士生导师，E-mail: xqwang@scau.edu.cn

6222 饲粮中单独添加有机酸或与不同功能性添加剂组合对断奶仔猪生长性能、血清生化指标和肠道健康的影响

阳治康，徐伟伟，刘雅婷，张关锋，彭洁，江慧琼，陈清华*

（湖南农业大学动物科学技术学院，长沙 410128）[82]

摘要：本试验旨在研究饲粮中单独添加有机酸或与不同功能添加剂组合对断奶仔猪生长性能、血清生化指标以及肠道健康的影响。试验选用健康、体重相近(6.48±0.68 kg)的 25 日龄断奶仔猪(杜×长×大)240 头，随机分为 5 个组，每个组 6 个重复，每个重复 8 头。饲粮处理如下：基础饲粮(CON)；CON+5 kg/t 有机酸(OA)；CON+5 kg/t OA+800 g/t 精油(OAEO)；CON+5 kg/t OA+500 g/t 单宁酸(OATA)；CON+5 kg/t OA+500 g/t 复合酶(OACE)。试验期为 28 d。结果表明：1)与 CON 组相比，OAEO、OATA 和 OACE 组显著降低断奶仔猪料重比($P < 0.05$)，OATA 和 OACE 组显著提高仔猪干物质、粗灰分、粗蛋白、粗脂肪、钙和磷表观消化率($P < 0.05$)。2)与 CON 组相比，OA 和 OAEO 组显著提高血清超氧化物歧化酶活性($P < 0.05$)，OATA 组显著提升谷胱甘肽过氧化物酶活性($P < 0.05$)，OA、OAEO、OATA 和 OACE 组显著降低丙二醛浓度($P < 0.05$)。3)与 CON 组相比，OAEO 和 OATA 组显著提高血清免疫球蛋白 G 浓度 ($P < 0.05$)，OA 和 OATA 组显著提高白介素-2 含量($P < 0.05$)，OATA 和 OACE 组显著降低 D-乳酸浓度和诱导型一氧化氮合酶活性($P < 0.05$)。4)与 CON 组相比，OATA 和 OACE 组显著降低胃、十二指肠和空肠 pH 值($P < 0.05$)，OACE 组显著提高空肠蔗糖酶和乳糖酶活性($P < 0.05$)，OA、OAEO、OATA 和 OACE 组显著提高空肠α -淀粉酶和麦芽糖酶活性($P < 0.05$)。5)与 CON 组相比，OA、OAEO、OATA 和 OACE 组显著提高空肠和回肠绒毛高度($P < 0.05$)，OAEO 组显著提高盲肠乙酸浓度($P < 0.05$)，OAEO、OATA 和 OACE 组显著降低盲肠异丁酸和异戊酸浓度($P < 0.05$)。综上所述，饲粮中单独添加有机酸或与不同功能性添加剂组合可以提高养分表观消化率和改善饲料报酬，其作用机制可能是通过增强断奶仔猪血清免疫力和抗氧化性能以及改善肠道健康实现的。

关键词：有机酸；功能性添加剂；断奶仔猪；生长性能；血清生化指标；肠道健康

---

[82] 基金项目：湖南省教育厅科学研究项目（HNJG-2020-0333）；爱酸灵在断奶仔猪中的应用研究-横向课题（2021kjc-js105）

作者简介：阳治康(1997-)，男，湖南岳阳人，硕士研究生，从事动物营养学与饲料资源开发与利用研究。E-mail: yangzhikang2021@163.com

*通信作者：陈清华，教授，博士生导师，E-mail:chqh314@163.com

6224 裂殖壶藻对育肥猪生长性能和肉品质的影响

宫嘉泰，刘志辉，伍树松*

（湖南农业大学动物科学与技术学院，长沙 410128）[83]

摘要：我国是生猪养殖和猪肉消费大国，随着人们生活水平的提高，生产优质猪肉成为我国养猪业发展亟待解决的关键问题之一。脂肪沉积对猪肉品质具有非常重要的影响。裂殖壶藻属于海洋真菌类异养型生物，是一种产油微藻，其油脂中富含二十二碳六烯酸（DHA）等多不饱和脂肪酸，能够补充动物体内缺乏的脂肪酸，且含有角鲨烯、虾青素等活性物质，具有多种生理功能。本研究旨在通过在日粮中添加裂殖壶藻，探究其对育肥猪生长性能和肉品质的影响。选取 36 头初始体重为 100 kg 的杜×长×大阉公猪，随机分为 2 个处理，每个处理 6 个重复，每个重复 3 头猪。对照组饲喂基础日粮，裂殖壶藻组在基础饲粮中添加 0.3%裂殖壶藻粉，预饲期 3 天，试验期 37 天。研究结果表明：（1）日粮中添加裂殖壶藻显著提高了育肥猪的末重（P<0.05），平均日增重有升高趋势（P=0.059）；（2）日粮中添加裂殖壶藻显著降低了育肥猪背最长肌中总甘油三酯（TG）含量（P<0.05），但对胴体性状、肉品质、肌肉主要营养成分无显著影响；（3）日粮中添加裂殖壶藻显著提高了育肥猪背最长肌单不饱和脂肪酸、多不饱和脂肪酸和 n-3 多不饱和脂肪酸的含量（P<0.05）；（4）日粮中添加裂殖壶藻显著降低了育肥猪血清中 TG、总胆固醇（T-CHO）和低密度脂蛋白（LDL）水平(P<0.05)；（5）日粮中添加裂殖壶藻显著提高了肝脏总抗氧化能力（T-AOC）和超氧化物歧化酶（SOD）活性（P<0.05）。由此可见，日粮中添加裂殖壶藻能提高育肥猪生长性能和肝脏抗氧化能力，改善血清脂质水平和肌肉中脂肪酸谱的组成。

关键词：育肥猪；生长性能；肉品质；裂殖壶藻

---

*通信作者：伍树松，教授，博士生导师，E-mail:wush688@hunau.edu.cn

发表情况：无

基金项目：基金填写：国家自然科学基金（32102578），湖南省重点研发计划（2021NK2010）

[83] 作者简介：宫嘉泰（1997—），男，陕西汉中人，硕士研究生，从事分子营养与与单胃动物营养研究。手机：13027493892，E-mail：516528658@qq.com

6237 饲粮添加小檗碱对 ETEC K88 感染断奶仔猪肠道微生物群、胆汁酸代谢和肠道屏障损伤的影响

聂小燕，卢麒，何振涛，李耀杰，熊太第，尹宇呈，戴 洋，王瑞，戢怡文 朱翠*

(佛山科学技术学院，生命科学与工程学院，佛山 528225)

摘要：本试验基于肠道菌群-胆汁酸轴探讨小檗碱缓解产肠毒性大肠杆菌（Enterotoxigenic *Escherichia coli.*, ETEC）K88 感染的仔猪肠道屏障损伤的影响机制。选取 21 日龄健康的杜×长×大三元杂断奶仔猪（去势公猪）64 头，随机分为 4 个组：①对照组、②小檗碱组、③ETEC 组、④ETEC+小檗碱组，每个组 8 个重复，每个重复 2 头。其中①组和③组仔猪饲喂基础饲粮，②组和④组饲喂基础饲粮 + 250 mg/kg 小檗碱。在试验期第 15 天和第 17 天对仔猪进行攻毒，其中 ETEC 组和 ETEC+小檗碱组分别灌服 ETEC K88 菌悬液（1×10^9 CFU/mL）10 mL，对照组和小檗碱组灌服等量的灭菌 PBS。试验第 18 天清晨对所有仔猪进行空腹称重，每个重复随机选取 1 头接近平均体重的仔猪进行屠宰，采集肝脏样品进行非靶标和靶标代谢组学分析，采集肝脏、回肠和结肠黏膜用于测定胆汁酸代谢相关基因表达情况，采集结肠和盲肠内容物用于测定肠道微生物群的变化。结果表明：1）小檗碱有效改善了 ETEC K88 感染导致的腹泻仔猪肠道屏障损伤情况，其中显著缓解了因 ETEC K88 感染引起的断奶仔猪结肠黏膜的 *Occludin*、*Claudin-5*、*pBD-1* 和 *TFF3* 的 mRNA 表达量降低，并显著降低了 ETEC K88 感染导致的结肠黏膜 *IL-1β*和 *IL-8* 的 mRNA 表达量升高（$P<0.05$）。2）饲粮添加小檗碱显著改变了 ETEC 腹泻仔猪的初级胆汁酸合成代谢、三羧酸循环（TCA）、牛磺酸代谢和不饱和脂肪酸生物合成等代谢通路，并显著提高了肝脏中牛磺胆酸（TCA）和牛磺去氧胆酸（TDCA）的含量，但降低了胆酸（CA）的含量，以及显著提高了肝脏中 *CYP7A1* 和 *CYP27A1* 的 mRNA 表达量（$P<0.05$）。3）饲粮添加小檗碱还显著提高了结肠黏膜中 *FXR*、*FGF19*、*TGR5* 和 *OST-β*的 mRNA 表达量（$P<0.05$）。4）饲粮添加小檗碱可显著改变 ETEC 腹泻仔猪结肠和盲肠内容物中菌群的组成和多样性，并显著逆转了 ETEC 腹泻仔猪结肠和盲肠中与胆汁酸代谢相关微生物的相对丰度（$P<0.05$）。5）Sperman 关联分析表明，结肠和盲肠内容物的 *unidentified Clostridiales* 和 *Tenericutes* 细菌属相对丰度与结肠黏膜的紧密连接蛋白、*TFF3* 的 mRNA 表达量以及肝脏 TCDCA 浓度呈负相关关系，但与结肠黏膜 *IL-1β*的 mRNA 表达量和肝脏 CA 浓度呈正相关关系（$P<0.05$）。由此可见，饲粮中添加小檗碱可能通过调控肠

基金项目：广东省基础和应用基础研究基金资助项目（2022A1515011185）

作者简介：聂小燕（1998—），女，广东恩平人，硕士研究生，畜牧专业。手机：15819717300 E-mail: 20180410229@stu.fosu.edu.cn

*通信作者：朱翠，副研究员，从事单胃动物肠道健康与营养调控研究。E-mail: zhucui@fosu.edu.cn

道菌群稳态，介导肝肠循环的胆汁酸合成代谢过程，从而缓解 ETEC 感染仔猪肠道损伤，最终保护肠道黏膜完整性。本研究结果提示肠道菌群-胆汁酸轴可能成为缓解断奶仔猪腹泻的营养调控新靶点。

关键词：小檗碱；断奶仔猪；肠道微生物；胆汁酸代谢；肠道屏障

6248 宁乡猪源罗伊氏乳杆菌调控母猪初乳免疫球蛋白分泌的研究

谢谦 1，端木青 1，王婧 1，谭碧娥 1*

(1，湖南农业大学动物科学技术学院，湖南 410128) [84]

摘要:本试验旨在研究长×大猪和抗逆性更高的宁乡猪肠道菌群的差异，并探讨宁乡猪源罗伊氏乳杆菌对妊娠小鼠初乳和肠道免疫球蛋白水平的影响。试验一选取宁乡母猪、长×大母猪各 8 头，在母猪分娩时采集粪便和初乳，研究长×大猪和宁乡猪肠道菌群的差异，及肠道菌群与初乳免疫球蛋白的相关性，并从宁乡猪粪便中分离鉴定罗伊氏乳杆菌。试验二选取健康 6 周龄健康母鼠(BALB/C)，随机分为 2 组，每组 10 个重复，配种成功后从妊娠第 10 d 开始，分别灌胃 200μL 生理盐水和 200μL 宁乡猪源罗伊氏乳杆菌（1.9×10^9 CFU/mL）到生产当天结束，验证宁乡猪源罗伊氏乳杆菌对小鼠初乳和肠道免疫球蛋白水平的影响。结果表明，1)宁乡母猪和大白母猪肠道的差异微生物主要有瘤胃球菌、卷曲乳杆菌、粪球菌以及罗伊氏乳杆菌，其中罗伊氏乳杆菌与初乳中 IgG, IgA 以及 IgM 含量呈显著正相关(P<0.05)。2）从宁乡母猪粪便分离得到罗伊氏乳杆菌，罗伊氏乳杆菌具有一定的耐酸和耐胆盐能力，生物学特性优良，满足在动物生产中作为益生菌添加的基础特性。3）罗伊氏乳杆菌显著降低了母鼠产后血清中 LDL-C, TC, ALT 和 AST 的浓度(P<0.05)；显著提高了母鼠初乳中 sIgA 和 IgA 的浓度(P<0.05)，极显著提高了乳腺中 IgA 的浓度和血清中 IgM 的浓度(P<0.01)，显著提高了回肠中趋化因子配体(CCL28)、多聚免疫球蛋白受体(pIgR)和 IFN-γ的 mRNA 表达水平(P<0.05)。综上，宁乡猪源罗伊氏乳杆菌可提高母鼠肠道免疫球蛋白受体表达，提高血清和初乳中免疫球蛋白含量。

关键词：宁乡母猪；肠道微生物；罗伊氏乳杆菌；初乳；免疫球蛋白

---

[84] 基金项目：国家自然科学基金区域创新发展联合基金重点支持项目（U20A2054）

作者简介：谢谦（1997—），男，广东惠州人，博士研究生，从事单胃动物研究

手机：15717496782，E-mail: 292851677@qq.com

*通信作者：谭碧娥，教授，E-mail: bietan@hunau.edu.cn

6282Iturin A 缓解 STb-Rosetta 菌诱导断奶仔猪小肠损伤及其机制研究

何慧，周加义，王晓帆，高春起，严会超，王修启*

（华南农业大学动物科学学院，广东省动物营养调控重点实验室，猪禽种业全国重点实验室，国家生猪种业工程技术研究中心，广州 510642）

摘要：产肠毒素大肠杆菌产生的耐热肠毒素（ST）是致仔猪腹泻的主要致病因素，干细胞是驱动肠上皮隐窝-绒毛轴更新的动力之源，Wnt/β-catenin 信号是调控肠道干细胞更新和增殖分化的控制器。本研究旨在探讨 Iturin A 是否可以通过调控 Wnt/β-catenin 信号缓解耐热肠毒素-大肠杆菌（STb-Rosetta）对断奶仔猪肠道组织的损伤。试验选取 28 日龄健康状况良好、体重相近的杜×长×大三元仔猪 28 头，随机分为 4 组。试验期共 10 d，其中对照组灌胃 PBS，Iturin A 组灌胃 320 mg/kg BW Iturin A，STb-R 组灌胃 1×10^{10} CFU/mL STb-Rosetta 菌；Iturin A + STb-R 组灌胃 320 mg/kg BW Iturin A + 1×10^{10} CFU/mL STb-Rosetta 菌，各组灌胃体积均为 200 mL。第 11 d 早上采集样品，评价断奶仔猪小肠结构和功能完整性，并分离空肠隐窝进行三维培养，收集仔猪肠道组织和类器官样品检测 Wnt/β-catenin 信号变化，此外通过分子对接分析 Iturin A 和 STb 与 FZD7 结合情况。结果表明：1）与对照组相比，STb-R 组空肠 TEER 值显著降低（P<0.05），并且 STb-R 组空肠中紧密连接蛋白质 Occludin 和 Claudin1 表达量显著降低（*P*<0.05），Iturin A 能增强 STb-Rosetta 菌暴露下仔猪空肠屏障功能；2）与对照组相比，肠道干细胞标志 SOX9 阳性细胞数量、增殖细胞标志 PCNA、分化细胞标志 KRT20、吸收细胞标志 Villin 和肠内分泌细胞标志 CGA 表达量显著降低（*P*<0.05），STb-R 组凋亡细胞标志 C-caspase3 蛋白质表达量显著升高（*P*<0.05），Iturin A 可以促进仔猪空肠干细胞增殖，促进细胞分化，抑制细胞凋亡（*P*<0.05）；3）与对照组相比，STb-R 组肠道类器官出芽效率显著降低（*P*<0.05），而 Iturin A 可以增强 STb-Rosetta 菌暴露下仔猪空肠干细胞扩增（*P*<0.05）；4）与对照组相比，STb-R 组空肠中 Wnt/β-catenin 信号通路相关蛋白质表达量显著降低（*P*<0.05），Iturin A 重新激活 STb-Rosetta 菌暴露下 Wnt/β-catenin 信号（*P*<0.05）；5）Iturin A 和 STb 与 FZD7 竞争性结合。上述结果表明，Iturin A 通过与 FZD7 受体结合，重新激活 Wnt/β-catenin 信号通路，增强干细胞活性，维持肠上皮结构和屏障功能完整性，缓解 STb-Rosetta 菌造成的小肠损伤。

关键词：Iturin A；STb-Rosetta 菌；断奶仔猪；肠道干细胞；Wnt/β-catenin 信号

基金项目：国家重点研发计划项目（2022YFD130040308）

作者简介：何慧（1998—），女，河南商丘人，硕士研究生，从事肠道干细胞命运决定机制及营养调控研究。手机：15986385009 E-mail: 1841896252@qq.com

*通信作者：王修启，研究员，博士生导师，E-mail: xqwang@scau.edu.cn

6438 响应面法优化菌酶协同发酵对夏威夷果青皮抗氧化活性的提升作用

黄海波 1，张成功 1，李步豪 1，唐曾标 1，郑妍 1，陈梦婷 1，蒋谦 1，印遇龙 1,2，张琛 1*

（1. 湖南农业大学动物科学技术学院动物营养基因组与种质创新研究中心，长沙 410128；2. 中国科学院亚热带农业生态研究所，长沙 410125）[86]

摘要：夏威夷果青皮（Macadamia green peel，MGP）是夏威夷果壳外部的绿色表皮，富含多酚、黄酮、原花青素、熊果苷、豆腐果苷等多种抗氧化成分和活性物质，是一种潜在的抗氧化饲料添加剂，但受加工影响，其抗氧化成分极易流失。本试验旨在利用发酵粘液乳杆菌ZC529（*Limosilactobacillus fermentum* ZC529, *L.f* ZC529）与纤维素酶协同发酵提升 MGP 抗氧化活性，并利用响应面法优化其发酵工艺，研究发酵后 MGP 浸提液对氧化应激果蝇模型的治疗作用。以新鲜 MGP 为原料，选取纤维素酶（酶活≥2×10^4 U/g）添加量、*L.f* ZC529（$\times10^8$ CFU/mL）添加量和发酵时间 3 个因素，利用单因素试验和响应面分析探究不同发酵条件对发酵后 MGP 总抗氧化能力（T-AOC）的影响，并检测其黄酮含量；以 *gstD-GFP* 品系果蝇为模式动物，利用 H_2O_2 诱导制备氧化应激模型，分别以浓度为 6.25%、12.5%、25%的发酵 MGP 浸提液为干预剂进行治疗处理，并以正常饲料为阴性对照，维生素 C 饲料为阳性对照。测定各组果蝇体内 T-AOC，超氧化物歧化酶（SOD）、过氧化氢酶（CAT）、谷胱甘肽过氧化物酶（GSH-Px）活性以及丙二醛（MDA）含量。通过响应面分析建立 T-AOC（Y）对纤维素酶添加量（A）、*L.f ZC529* 添加量（B）和发酵时间（C）的二次回归模型：Y=35.50+1.97 A+2.79 B+1.42 C-2.05 AB-0.6150 AC+0.4986 BC-4.50 A^2-4.79 B^2-6.73 C^2，R^2=0.9672。最佳工艺参数为纤维素酶添加量 0.9 %、*L.f ZC529* 添加量 4 mL/100g、发酵时间 7 d，在此条件下 MGP 的 T-AOC 和黄酮含量显著提高（P<0.05），增幅分别为 160.72 %、45.72 %。与阴性对照组相比，经各浓度发酵 MGP 浸提液（6.25%、12.5%、25%）处理后，果蝇体内 T-AOC 和 SOD、GSH-Px 活性均显著提高（P<0.05），且 MDA 含量显著降低（P<0.05），其中 12.5%和 25%处理组中 CAT 活性显著提高（P<0.05）。与阳性对照相比，各浓度发酵 MGP 浸提液处理组果蝇体内的 GSH-Px 活性和 MDA 含量均无差异（P＞0.05），25%处理组中 CAT 活性与维生素 C 处理效果一致（P＞0.05）。综上所述，经响应面优化，利用 *L.f* ZC529 和纤维素

基金资助：国家重点研发计划（2021YFD1301004）；云南省科技重点项目（2022AE090032）；国家生猪产业技术体系（CARS-35）

作者简介：黄海波（2000-），男，湖南湘潭人，硕士研究生，研究方向非常规饲料资源的开发与利用，E-mail：haibo_huang1024@163.com

*通讯作者：张琛，讲师，E-mail：zhch@hunau.edu.cn

酶对 MGP 进行菌酶协同发酵，可显著提高发酵产物 T-AOC 和黄酮含量；经氧化应激果蝇模型验证，发酵 MGP 可以显著提高果蝇体内抗氧化酶的活性，降低 H_2O_2 诱导的氧化损伤。本研究有效改善了 MGP 抗氧化活性流失问题，为制备 MGP 抗氧化饲料添加剂提供理论基础。

关键词：响应面；夏威夷果青皮；发酵粘液乳杆菌 ZC529；菌酶协同；抗氧化活性

6478 激发性益生元对母猪泌乳性能和免疫指标以及断奶仔猪生长性能和肠道微生物的影响

陈文宁，李敬，李习龙 1，蒋显仁 *

（中国农业科学院饲料研究所，农业农村部饲料生物技术重点试验室，北京 100081）[87]

摘要：激发性益生元（stimbiotics，STB）作为一种新型的饲料添加剂，已被证明可加速肠道远端纤维降解菌的增殖，提高膳食纤维的利用，对肠道健康有多种益处。本试验旨在评价在母猪妊娠后期和哺乳期以及断奶仔猪饲粮中添加 STB 对母猪泌乳性能和免疫指标以及断奶仔猪生长性能、机体免疫力和粪便微生物菌群的影响。本研究以妊娠母猪和断奶仔猪为研究对象，分别开展两个动物试验。试验一选取 40 头体重相近（251.7±5.6kg）的二元母猪，分为两个处理，1）对照组（CT）：饲喂基础饲粮，2）试验组（VP）：基础饲粮中添加 100 mg/kg 的 STB。母猪从妊娠第 85 天饲喂至泌乳第 28 天，在泌乳期第 0 天和第 14 天，采集母猪的初乳和常乳；泌乳期第 0 天和第 28 天，采集母猪的血样。试验二选取 80 头体重相近（8.84±0.26 kg）的断奶仔猪，分为 2 个处理，1）对照组（CT）：饲喂基础饲粮，2）试验组（VP）：基础饲粮中添加 100 mg/kg 的 STB。每个处理设有 8 个重复，每个重复 5 头仔猪，试验周期 42 天（保育前期 0~14 天，保育后期 14~28 天），试验第 14 天，采集仔猪血液，试验第 42 天采集血液和粪便样本。试验一结果表明：1）与 CT 组相比，VP 组的仔猪在哺乳期的平均日增重显著提高（$P < 0.05$）；2）VP 组母猪在分娩时的血浆免疫球蛋白 M（IgM）和断奶时的血浆免疫球蛋白 G（IgG）浓度均高于 CT 组（$P < 0.05$）；3）VP 组母猪初乳中 IgM、第 14 天乳中免疫球蛋白 A（IgA）和 IgM 浓度也显著升高 CT 组（$P < 0.05$）。试验二结果表明：1）与 CT 组相比，VP 组的断奶仔猪第 28 天和第 42 天的体重显著提高（$P < 0.05$），并且在第 14~28 天和整个试验期间的平均日增重和平均日采食量也明显增加（$P < 0.05$）；2）VP 组显著提高了断奶仔猪第 42 天的血浆胰岛素样生长因子 1（IGF-1）水平（$P < 0.05$）以及第 14 天和第 42 天的 IgA 和 IgG 浓度（$P < 0.05$）；3）VP 组增加了断奶仔猪粪便有益菌的相对丰度，包括 *Norank_f_Muribaculaceae*（$P = 0.083$）、*Rikenellaceae_RC9_gut_grouP*（$P = 0.083$）、*Parabacteroides*（$P = 0.083$）和 *Unclassified_f_oscillosPiraceae*（$P = 0.083$）。综上所述，饲粮添加 STB 可以提高母猪的泌乳性能，改善母猪泌乳期的免疫性能。此外，饲粮添

* 通讯作者：蒋显仁，副研究员，硕士生导师，E-mail：jiangxianren@caas.cn.

基金项目：国家自然科学基金项目（32260850）

作者简介：陈文宁（1999-），女，河南周口人，硕士研究生，从事猪饲料与营养调控研究。手机：18515226922； E-mail：chenwn808@126.com

加 STB 可提高断奶仔猪的免疫球蛋白和 IGF-1 水平、改善仔猪肠道有益菌相对丰度，进而促进断奶仔猪生长。

关键词：泌乳性能；生长性能；免疫性能；激发性益生元；母猪；断奶仔猪

6484 发酵罗汉果渣对黄羽肉鸡营养物质表观消化率、血清生化指标、肠道形态及盲肠微生物菌群的影响

王天丽 1,2，梁丽芬 [3]，宾石玉 3，何流琴 1,4*，姚婷 [1,2]，王晨昱 1, 4，李铁军 1,2*

（1.中国科学院亚热带农业生态研究所，中国科学院亚热带农业生态过程重点实验室，长沙 410125；2.中国科学院大学现代农业科学学院，北京 100049；3.广西师范大学生命科学学院，珍稀濒危动植物生态与环境保护教育部重点实验室，桂林 541006；4.湖南师范大学生命科学学院，动物肠道功能调控湖南省重点实验室，长沙 410081）

摘要：本试验旨在探究发酵罗汉果渣对黄羽肉鸡营养物质表观消化率、血清生化指标、肠道形态及盲肠微生物菌群的影响。选取 90 日龄中速型成年黄羽肉鸡（公鸡）15 只，按组间体重[（2.74±0.32） kg] 一致原则分为 3 组，每组 5 个重复。采用强饲法进行代谢试验，各组分别强饲罗汉果渣原料（Ⅰ组）、100%发酵罗汉果渣（Ⅱ组，100%罗汉果渣，菌酶协同发酵）和 80%发酵罗汉果渣（Ⅲ组，80%罗汉果渣＋20%麸皮，菌酶协同发酵）。试验期 48 h。结果显示：1）与Ⅰ组相比，Ⅱ组和Ⅲ组的粗蛋白质、干物质、粗灰分、粗脂肪和总能表观消化率均显著提高（*P*<0.05），且Ⅲ组的营养物质表观消化率均最高。2）各组之间血清生化指标无显著差异（*P*>0.05）。3）与Ⅰ组相比，Ⅱ组的十二指肠绒毛高度（VH）和绒毛高度/隐窝深度（V/C）显著降低（*P*<0.05），十二指肠的隐窝深度（CD）、空肠VH和V/C及回肠VH显著升高（*P*<0.05）；Ⅲ组的十二指肠、空肠和回肠VH及十二指肠V/C显著升高（*P*<0.05）。4）与Ⅰ组相比，Ⅲ组的Shannon指数和Simpson指数显著降低（*P*<0.05）。主坐标分析（PCoA）显示，Ⅰ组与Ⅲ组盲肠微生物菌群构成差异明显（*P*<0.05）。在门水平上，Ⅰ组和Ⅲ组的盲肠优势菌门是拟杆菌门（Bacteroidetes）、厚壁菌门（Firmicutes）和变形菌门（Proteobacteria）；在属水平上，与Ⅰ组相比，Ⅲ组的盲肠丹毒丝菌科UCG-004(Erysipelotrichaceae_UCG-004)相对丰度显著升高（*P*<0.05），盲肠uncultured_bacterium_f_Lachnospiraceae相对丰度显著降低（*P*<0.05）。线性判别分析效应量（LEfSe）分析发现，Ⅰ组中有 12 个显著富集的盲肠微生物菌群（*P*<0.05），包括梭菌目（Clostridiales）、梭菌纲（Clostridia）、瘤胃球菌科（Ruminococcaceae）、毛螺菌科（Lachnospiraceae）等，Ⅲ组中有 7 个显著富集的盲肠微生物菌群（*P*<0.05），包括丹毒丝菌科UCG-004、丹毒丝菌科（Erysipelotrichaceae）、丹毒丝菌

基金项目：广西重点研发项目（桂科 AB22035039），湖南省重点研发项目（2022NK2023），长春市院科技创新合作专项 (21SH19)，天津市合成生物技术创新能力提升项目(TSBICIP-CXRC-038)、

作者简介：王天丽(1999-),女，四川内江人，硕士研究生，研究方向为单胃动物营养与分子生物学。手机：13106712645 E-mail: fine2020l@163.com

*通信作者：何流琴，教授，博士生导师，E-mail: heliuqin@hunnu.edu.cn;李铁军，研究员，博士生导师，E-mail: tjli@isa.ac.cn

纲（Erysipelotrichia）、丹毒丝菌目（Erysipelotrichales）等。与Ⅰ组相比，Ⅲ组的嘧啶代谢、嘌呤代谢、糖酵解/糖异生和氨基糖及核苷酸糖代谢通路相对丰度显著升高（*P*<0.05）。5）uncultured_bacterium_f_Lachnospiraceae相对丰度与粗纤维、粗灰分、干物质、粗蛋白质和总能表观消化率呈显著负相关（*P*<0.05），栖粪杆菌属（*Faecalibacterium*）相对丰度与总能表观消化率呈显著负相关（*P*<0.05），丹毒丝菌科UCG-004 相对丰度与总能和干物质表观消化率呈显著正相关（*P*<0.05）。综上所述，在短期内，发酵 80%罗汉果渣可以提高黄羽肉鸡的营养物质表观消化率，改善肠道形态，调节盲肠微生物菌群，改变菌群功能代谢通路。

关键词：发酵罗汉果渣；黄羽肉鸡；营养物质表观消化率；肠道形态；微生物菌群

6485 抗菌肽 Microcin C7 改善动物机体免疫功能及肠道健康

戴子奇 1, 2，曾祥芳 1, 2，于海涛 1, 2，谯仕彦 1, 2*

（1. 中国农业大学农业农村部饲料工业中心动物营养学国家重点实验室，北京 100193；2. 北京生物饲料添加剂重点实验室，北京 100193）

摘要：Microcin C7（McC）是由肠杆菌科细菌产生的小分子抗菌肽，靶向氨酰-tRNA 合成酶，发挥生物活性，抑制细菌蛋白质的合成。本研究通过两个试验探究 McC 对正常生理状态下的肉鸡和免疫抑制状态下小鼠的生长性能、免疫功能及肠道健康的影响，为开发新型绿色添加剂提供理论基础和实践指导。试验一探究抗菌肽 McC 对肉鸡的生长性能、免疫功能及肠道健康的影响。试验共选用 300 只 1 日龄健康 AA 肉公雏，随机分为 5 个处理，分别饲喂基础饲粮、抗生素饲粮（基础日粮 ＋45 mg/kg 金霉素和 30 mg/kg 亚甲基水杨酸杆菌肽）以及 McC 饲粮（基础日粮中分别添加 2、4、6 mg/kg McC）。结果显示：McC 降低饲养全期肉鸡料重比（P<0.05），提高血清 IL-10、IgG 和 IgM 水平，降低血清 TNF-α水平（P<0.05）。McC 提高肉鸡小肠绒毛高度及绒隐比，降低小肠隐窝深度，增加空肠紧密连接蛋白 *Occludin* 和 *ZO-1* 基因表达，降低促炎和趋化因子 *TNF-α*、*IL-8*、*IFN-γ*，Toll 样受体 *TLR2*、*TLR4* 和下游分子 *MyD88* 基因表达，促进回肠 sIgA 的分泌（P<0.05）。McC 降低盲肠总菌数、大肠杆菌数，提高乳酸杆菌数以及短链脂肪酸和乳酸水平（P<0.05）。试验二通过构建环磷酰胺诱导的免疫缺陷小鼠模型，评估 McC 免疫调节活性。试验选取 60 只 6-8 周龄 Balb/c 雌鼠，随机分为 5 个处理，分别为正常对照组、环磷酰胺攻毒组和低、中、高剂量 McC 治疗组。试验 1 至 4 天，空白对照组小鼠每日腹腔注射 0.2 mL 生理盐水，环磷酰胺攻毒组以及 McC 治疗组小鼠每日腹腔注射 0.2 mL 80 mg/kg 体重环磷酰胺。试验 1 至 14 天，空白对照组和环磷酰胺攻毒组小鼠每日灌胃 0.2 mL 生理盐水。McC 治疗组小鼠每日分别灌胃 0.2 mL 8.75、17.5 和 35 mg/mL 溶解后的 McC 产品，第 15 天杀鼠取样。结果表明 McC 缓解攻毒造成的小鼠体重降低（P<0.05），提高小鼠脾脏淋巴细胞增殖率以及小鼠腹腔巨噬细胞吞噬率（P<0.05）。相较攻毒组，McC 提高小鼠血液中血红蛋白的含量，淋巴细胞绝对值及百分比（P<0.05），提高血清半数溶血值以及血清免疫球蛋白 IgA 和 IgG 的水平（P<0.05）。McC 增加小鼠空肠绒毛高度、绒毛隐窝比值，降低空肠及结肠的隐窝深度（P<0.05），改善肠道

基金项目：国家自然科学基金项目（32030105）；重庆荣昌农牧业高新技术产业研发项目（cstc2019ngzx0019）；现代农业产业技术体系北京生猪创新团队

作者简介：戴子奇（1997—），男，浙江舟山人，博士研究生，动物营养与饲料科学专业。手机：18811702698，E-mail: 1030299641@qq.com

*通信作者：谯仕彦，教授，博士生导师，E-mail: qiaoshiyan@cau.edu.cn

形态。McC 降低小鼠血清 D-LA 和 DAO 的水平（P<0.05），提高了小鼠空肠、结肠紧密连接蛋白 ZO-1、Claudin-1 和 Occludin，黏液蛋白 Mucin 1、Mucin 2 以及 sIgA 的表达（P<0.05）。此外，McC 还增加了小鼠结肠内容物中乳酸杆菌和双歧杆菌的数量，降低了大肠杆菌的数量（P<0.05），并使这些微生物的数量恢复至与正常组相似的水平。综上所述，抗菌肽 McC 除了具有直接的抑菌功能之外，还可以增强动物机体的免疫功能，促进动物肠道健康，具有一定的免疫调节能力，是一种极具潜力的抗生素替代物。

关键词：Microcin C7，肉鸡，小鼠，免疫功能，肠道健康

6487 Maternal supplementary tapioca polysaccharide iron improves the growth performance of piglets by regulating the active components of colostrum and cord blood

Shengting Deng 1,2, Chengkun Fang 1,2, Ruiwen Zhuo 1,2, Qian Jiang 1,2, Yating Song 1,2, Kaili Yang 1,2, Sha Zhang 1,2, Juanyi Hao 1,2, Rejun Fang 1,2,*

(1. College of Animal Science and Technology, Hunan Agricultural University, Hunan 410128,China; 2. Hunan Engineering Research Center of Intelligent Animal Husbandry, Hunan 410128, China)

Abstract: The purpose of this study was to investigate the effect of maternal supplementation with TpFe (tapioca polysaccharide iron) on reproductive performance, colostrum composition, cord blood active components of sows, and growth performance of their nursing piglets. Sixty healthy Duroc × Landrace × Yorkshire sows were randomly assigned to three groups (CON group, basal diet +100 mg/kg $FeSO_4 \cdot H_2O$; TpFe50 group, basal diet +50 mg/kg TpFe; TpFe100 group, basal diet +100 mg/kg TpFe, as calculated by Fe content) at day 85 of gestation. The experiment lasted from day 85 of gestation to 21th of lactation. Results showed that maternal supplementation with 100 mg/kg TpFe improved ($P < 0.05$) feed intake during lactation, live births, and birth weight of the litter (alive) and increased ($P < 0.05$) colostrum IgM, IgA, as well as the IgG levels, while it decreased ($P < 0.05$) the urea nitrogen and somatic cell count of sows. Sows in the TpFe100 group had higher ($P < 0.05$) serum iron levels and IgG. Maternal supplementation with 100 mg/kg TpFe increased ($P < 0.05$) iron level, T-AOC, GSH-px, CAT, IgG, RBC, and Hb of cord blood, similar with the iron content, T-AOC, GSH-px, IgG, RBC, Hb, HCT, and MCV of weaned piglet blood. The diarrhea and mortality rates among the nursing piglets were decreased ($P < 0.05$), while the average weight at day 21 of age was increased ($P < 0.05$) in the TpFe100 group. Serum prolactin levels of sows exhibited a positive correlation ($P < 0.05$) with live births. Suckling piglet diarrhea was positively correlated with colostrum urea nitrogen level but negatively correlated with colostrum IgM, IgG, and cord blood Hb content ($P < 0.05$). The mortality of suckling piglets was negatively correlated with serum iron content and IgM in colostrum, GSH-px, and IgG in cord serum of sows ($P < 0.05$). The average weight of weaning

基金项目：湖南省智慧牧业工程技术研究中心（20211231GCZX）；多糖铁在猪饲粮中的有效性评价（2021kjc-js060）

作者简介：邓圣庭（1997-），男，湖南长沙人，博士研究生，研究方向为畜禽矿物质与饲料添加剂的开发应用。手机：18229490054 E-mail：853265266@qq.com

*通信作者：方热军，二级教授，E-mail：fangrj63@126.com

piglets was positively ($P < 0.05$) related to colostrum IgM and IgG levels, as well as cord serum RBC counts of sows on day 21. In conclusion, maternal supplementation with TpFe can improve the active components of colostrum and umbilical cord blood and improve the growth performance of suckling Piglets.

Keywords: sow; polysaccharide iron; piglet; colostrum; cord blood

6493 饲粮添加铁苋菜提取物对断奶仔猪生长性能、抗氧化指标和结肠微生物区系的影响

张佳琦，郭嘉庆，朱伟云，余凯凡*

（国家动物消化道营养国际联合研究中心，江苏省消化道营养与动物健康重点实验室，南京农业大学动物科技学院，南京 210095）

摘要：本试验旨在探究饲粮添加铁苋菜提取物对断奶仔猪生长性能、抗氧化指标和结肠微生物区系的影响。试验选取 24 头杜长大三元杂交的断奶仔猪（8.25 ± 1.03 kg），按照体重随机分为 3 组：对照组（CON）饲喂基础饲粮，试验组分别在饲喂基础饲粮的基础上添加 0.5 g/kg（ALE0.5）、1 g/kg（ALE1.0）铁苋菜提取物。试验期持续 21 天，仔猪单栏饲养，自由采食和饮水。结果表明：1）饲粮添加 0.5 和 1 g/kg 铁苋菜提取物均显著提高了断奶仔猪 15-21 天的饲料转化率（*P*<0.05），而且 1 g/kg 铁苋菜提取物可以显著降低断奶仔猪 15-21 天以及 0-21 天的腹泻率（*P*<0.05）。2）饲粮添加 1 g/kg 铁苋菜提取物显著提高了断奶仔猪对饲粮中干物质、有机物质、粗灰分、总能、粗脂肪和粗蛋白的表观消化率，并显著提高了胰脏和十二指肠中α-淀粉酶、脂肪酶和胰蛋白酶活性，以及空肠中麦芽糖酶和蔗糖酶活性（*P*<0.05）。3）饲粮添加 0.5 和 1 g/kg 铁苋菜提取物显著提高了十二指肠绒毛长度、绒隐比和空肠的绒隐比。另外，饲粮添加 0.5 g/kg 和 1 g/kg 铁苋菜提取物显著上调了十二指肠 *ZO-1*、*Occludin* 和空肠 *ZO-1* 基因表达（*P*<0.05），1 g/kg 铁苋菜提取物还上调了空肠 *Muc2* 和回肠 *ZO-1*、*Muc2* 基因表达（*P*<0.05）。4）饲粮添加 0.5 或 1 g/kg 铁苋菜提取物显著提高了血清和空肠中谷胱甘肽还原酶（GSH-Px）的酶活以及空肠和回肠中超氧化物歧化酶（SOD）的酶活（*P*<0.05）。5）结肠食糜 16S rRNA 测序结果表明，饲粮添加 1.0 g/kg 铁苋菜提取物显著改变了仔猪肠道菌群组成（*P*<0.05），且柯林斯氏菌属（*Collinsella*）为 ALE1.0 组仔猪的标志菌属。微生物功能预测结果显示，饲粮添加 1.0 g/kg 铁苋菜提取物改变了肠道微生物在氨基酸代谢、脂代谢、能量代谢、碳水化合物代谢等功能；其中，ALE1.0 组在脂代谢功能方面显著富集，尤其集中在初级胆汁酸和次级胆汁酸合成代谢通路。6）与测序结果相似，结肠食糜非靶向代谢组结果表明，饲粮添加 1.0 g/kg 铁苋菜提取物改变了仔猪结肠代谢模式；对筛选出的 274 种差异代谢物进行 KEGG 富集分析发现，富集得到的 TOP20 代谢通路主要为

基金项目：国家自然科学基金项目（31972528）

作者简介：张佳琦（1996—），女，河南漯河人，博士研究生，动物营养与饲料科学专业。手机：17302595637，E-mail: 2022205046@stu.njau.edu.cn

*通信作者：余凯凡，副教授，硕士生导师，E-mail: yukaifan@njau.edu.cn

氨基酸代谢、碳水化合物代谢、脂代谢等。综上，饲粮添加铁苋菜提取物能提高断奶仔猪抗氧化能力，调节仔猪肠道菌群区系，转变肠道代谢模式，并改善肠道屏障，进而提高饲料消化率，降低腹泻率，一定程度上改善仔猪的生长性能。

关键词：铁苋菜提取物；断奶仔猪；生长性能；抗氧化功能；微生物区系

6495 硬毛粗盖孔菌 Mafic-2001 发酵产酶及其对非常规饲料原料酶解效果的研究

鲍成玲 1,2,3，刘志云 1，曹云鹤 2*

（1. 重庆市畜牧科学院，重庆 402460；2. 中国农业大学动物科学技术学院，北京 100094；3. 国家生猪技术创新中心，重庆 402460）

摘要：本试验旨在研究硬毛粗盖孔菌 Mafic-2001 固态发酵产的复合酶对非常规饲料原料体外酶解效果及对其中的漆酶进行异源表达，探究重组漆酶对饲料原料中木质素的降解效果，以促进非常规饲料在动物日粮中的应用及为 Mafic-2001 在动物生产中的应用奠定基础。将 Mafic-2001 进行固态发酵，对所产复合酶中的酶系进行分析，以每克底物 0、0.1、0.2、0.3 和 0.4 g 的剂量分别降解菜籽粕、棉籽粕和棕榈粕，分析处理之后原料的营养成分及抗营养因子的变化。漆酶基因 *Lac1* 在毕赤酵母中进行异源表达，探究重组漆酶对水稻秸秆、玉米秸秆和棕榈粕中木质素的降解效果。硬毛粗盖孔菌 Mafic-2001 固态发酵产的复合酶中漆酶、木聚糖酶、纤维素酶和蛋白酶的酶活力分别为 772、483、96 和 1,272 U/g，Mafic-2001 固态发酵产生的复合酶在体外能有效酶解菜籽粕、棉籽粕和棕榈粕，中性洗涤纤维的最高降解率分别为 27.63%、23.07%和 15.42%，最高酸溶蛋白含量分别提高至 3.55、8.58 和 2.32 倍，其中菜籽粕中硫苷降解率达 44.67%。成功构建表达重组漆酶 rLac1 的毕赤酵母工程菌株，重组菌株在 30 L 发酵罐中进行高密度发酵，最高漆酶 rLac1 的活力达 0.72 U/mL，SDS-PAGE 分析表明，纯化的重组漆酶 rLac1 分子量约为 70 kDa。rLac1 的最适温度为 40℃，pH 为 3.0。rLac1 在 pH 为 2.5~8.0 的条件下孵育 1 h 后具有较高的残余酶活（90%）。rLac1 在 20~60℃温度下仍能保持 60%以上的漆酶活性，在 40℃温度下 2 h 仍能保持 50%以上的活性。Cu^{2+}能促进 rLac1 活性，Fe^{2+}能抑制 rLac1 活性。在最佳条件下，rLac1 在水稻秸秆、玉米秸秆和棕榈粕的木质素降解率分别为 50.24%、55.49%和 24.43%。rLac1 处理后，水稻秸秆、玉米秸秆和棕榈粕等农业废弃物的结构明显松动，扫描电子显微镜和傅里叶变换红外光谱结果也证明 rLac1 能有效改变底物结构，降解木质素。硬毛粗盖孔菌 Mafic-2001 固态发酵可分泌丰富的复合酶，主要包括漆酶、木聚糖酶、纤维素酶和蛋白酶，复合酶能有效提高粕类非常规饲料的饲用价值。来自 Mafic-2001 的漆酶基因 *Lac1* 可在毕赤酵母中表达，且重组表达的漆酶 rLac1 可降解富含木质纤维素饲料中的木质素，具有深度利用农业废弃物的潜力。硬毛粗盖孔菌 Mafic-2001 在非常规饲料的开发和动物生产中具有较大的应用前景。

关键词：硬毛粗盖孔菌；固态发酵；复合酶；漆酶；木质素；非常规饲料

作者简介：鲍成玲（1995—），女，云南楚雄人，博士研究生，动物营养与饲料科学专业。手机：18811725776 E-mail: baochengling@163.com

*通信作者：曹云鹤，教授，E-mail: caoyh@cau.edu.cn

6510 类肠膜魏斯氏菌对猪生长性能、粪菌和代谢产物的影响

刘韶娜*，赵彦光，张斌，相德才，赵智勇

（云南省畜牧兽医科学院，昆明 650224）

摘要：本试验旨在研究类肠膜魏斯氏菌对猪生长性能、粪菌和代谢产物的影响。选用（228±2）日龄、体重为（95.84±10.05）kg 的迪庆藏猪选育猪 20 头，随机分为 2 组，每组 10 头，每组 2 个重复，每个重复 1 头。对照组饲喂基础饲粮，试验组饲喂在基础饲粮中添加类肠膜魏斯氏菌（107 CFU/g）的试验饲粮。试验期为 22 d。结果表明：1）2 组生长性能无显著差异（P>0.05）。2）2 组粪菌的α多样性无显著差异（P>0.05）。门水平上，试验组的螺旋菌门和变形菌门相对丰度显著或极显著高于对照组（P<0.05 或 P<0.01）；属水平上，严格梭菌属和密螺旋体_2 的相对丰度显著或极显著高于对照组（P<0.05 或 P<0.01），norank_f_F082 和瘤胃球菌科_UCG-002 相对丰度则显著低于对照组（P<0.05）。多级物种差异判别分析（LEfSe）获得 27 个生物标记物（LDA 值 > 3.0（Linear Discriminant Analysis 线性判别分析）），其中试验组获得生物标记物 15 个。对照组内 LDA 值最大的是瘤胃球菌科_UCG-002，试验组 LDA 值最大的是狭义梭菌属_1。3）偏最小二乘法判别分析(PLS-DA)发现，正负离子模式下，样品完全分开，试验组 2-羟基十六烷酸、磷酸脱氧腺苷、2-羟基十四烷酸和 Avocadene acetate 的差异表达倍数显著或极显著上调（P<0.05 或 P<0.01），Corchorifatty acid F（P<0.05）和 2,3-丁炔前列腺素 E1 是下调物质（P<0.01），试验组 2-羟基十四烷酸和 Corchorifatty acid F 分别是上调和下调差异倍数最高的代谢产物。综上所述，添加类肠膜魏斯氏菌能改变猪粪便的菌群的结构，显著提高短链脂肪酸产生菌（狭义梭菌属_1）的相对丰度，提高脂肪酸类物质的差异表达倍数（2-羟基十六烷酸、2-羟基十四烷酸和 Avocadene acetate），降低 2,3-丁炔前列腺素 E1 的差异表达倍数，具有潜在的益生功能。

关键词：猪；类肠膜魏斯氏菌；粪菌；菌群多样性；代谢产物

基金项目：云南省重大科技专项计划（202102AE090039）；云南省重点研发计划项目（2018BB003）

作者简介：刘韶娜（1983-），女，山东招远人，副研究员，硕士，从事动物营养与饲料科学及肠道微生物学的研究。手机：15911643714

E-mail： 289066103@qq.com

*通信作者：刘韶娜，副研究员， E-mail： 289066103@qq.com

6515 吲哚-3-乙酸对断奶仔猪肠道功能和菌群结构的影响及其机制初探

樊雨昕，黄俊，涂佳钰，李思雨，马永航，曾祥芳，谯仕彦，王钢*

（中国农业大学动物科学技术学院，生物饲料添加剂北京市重点实验室，北京，100193）

摘要：肠道微生物群产生的色氨酸代谢物在调控宿主生理功能和肠道稳态方面发挥重要作用。吲哚-3-乙酸（IAA）可由肠道菌群代谢色氨酸产生。IAA 能否调控断奶仔猪肠道健康和菌群结构，以及 IAA 能否调节动物病原菌感染及其效果机制，目前尚不清楚。试验一选取 270 头 28 日龄健康三元断奶仔猪，基础日粮分别添加 0、200、400、800 和 1,600 mg/kg IAA，为期 28 天。测定血清总抗氧化能力、超氧化物歧化酶、谷胱甘肽过氧化物酶和二胺氧化酶活性，测定免疫球蛋白 IgG、IgA 和 IgM 水平。基于 16S rRNA 技术分析直肠粪便菌群结构；稀释涂布平板法测定粪便微生物数量。试验二选用 50 只 9~10 周龄 SPF 级 BALB/c 雌性小鼠，随机分为 5 组：对照组、ST 攻毒模型组和 40、80、160 mg/kg IAA 处理-ST 攻毒组。IAA 预处理一周后，灌胃 6.0×10^7 CFU/mL 鼠伤寒沙门氏菌（ST） SL1344，攻毒 96 h 后小鼠眼球采血，收集血清、结肠及内容物、回肠和肝脏组织冻存。研究结果表明：与对照组相比，日粮添加 IAA 对仔猪有显著促生长抗腹泻效果，显著提高血清抗氧化酶活性和免疫球蛋白水平，降低肠道通透性（$P<0.05$）。IAA 显著提高粪便微生物的物种丰富度，改变群落组成β多样性，显著增加理研菌科、毛螺菌科和红蝽菌科等的丰度，显著降低大肠埃氏菌属-志贺氏菌属的丰度，降低粪便 *E.coli* 数量并富集乳酸杆菌（$P<0.05$）。此外，IAA 显著改善 ST 感染引起的小鼠体重减轻，抑制炎症反应，改善肠道炎性浸润和屏障损伤，促进紧密连接蛋白表达，维持肠黏膜屏障完整性（$P<0.05$）。与攻毒对照组相比，IAA 显著改变结肠菌群结构，改善肠道菌群结构紊乱并恢复其多样性，其中拟杆菌科、毛螺菌科和芽孢杆菌科丰度显著上升，显著抑制沙门氏菌亚种-伤寒血清型肠杆菌和啮齿杆菌繁殖（$P<0.05$），改善宿主肠道健康。总之，日粮添加 IAA 具有缓解仔猪断奶应激、提高平均体重和降低腹泻率的作用，并可提高抗氧化能力和免疫水平，其内在机制可能是通过缓解炎症并修复屏障功能，特征性改变肠道菌群结构，富集有益菌群并抑制致病菌繁殖来实现的。

联系方式：樊雨昕，15024741050，fyuxinfan@163.com；导师：谯仕彦，qiaoshiyan@cau.edu.cn；王钢，crazygang@126.com

6517 芽孢杆菌发酵豆渣液对湘黄鸡生产性能及肉品质的影响研究

陶怡佳 1，唐小武 2，陈丽 1，谭露鹏 1，慕容翔建 1，彭歆霏 1，杨灿 1，柳序 1

（1. 衡阳师范学院，生命科学学院，南岳山区生物资源保护与利用湖南省重点实验室，衡阳 421008；2. 湖南环境生物职业技术学院，生物工程学院，衡阳 421005）[89]

摘要：每生产 1 kg 豆腐将产生 9 kg 豆渣液。豆渣液含水量高达 75 %，但其中仍含有可溶性蛋白，脂肪，糖，维生素和微量元素。本实验室前期研究证实豆渣液可作为单一底物，促进芽孢杆菌的生长。芽孢杆菌发酵豆渣液能否直接应用于鸡饮水中，尚需研究。本试验旨在探讨芽孢杆菌发酵豆渣液对湘黄鸡生长性能、肉质性状的影响。 将 160 只 6 周龄湘黄鸡公鸡随机分为 2 组，分别为对照组和试验组，每组 8 个重复，每个重复 10 只鸡。 对照组与试验组均统一饲喂玉米－豆粕型基础饲粮。对照组饲喂普通饮用水，试验组在饮水中添加 40 % 芽孢杆菌发酵豆渣液（含芽孢杆菌 $1.52*10^{-7}$ CFU/mL，仅液体，固形物已 8 层纱布过滤）。试验期为 30 天。 结果显示：湘黄鸡的生产性能在组间差异不显著 ($P > 0.05$)。 与对照组相比，试验组湘黄鸡的胸肌的 pH_{45min} 和 48 h 的肌肉红度值 (a_{48h})显著增加，滴水损失和肉的韧性值显著下降($P < 0.05$)。试验组湘黄鸡腿肌的 $pH_{45\ min}$, $a_{45\ min}$, $a_{48\ h}$ 值以及粗脂肪含量较对照组显著增加 ($P < 0.05$)。形态学检测显示，与对照组相比，当在湘黄鸡饮水中补充芽孢杆菌发酵豆渣液后，其腿肌肌纤维面积下降，肌纤维密度增加 ($P < 0.05$)。与对照组相比，在鸡饮水中添加芽孢杆菌发酵豆渣液科显著降低湘黄鸡胸肌丙二醛含量 ($P < 0.05$)。试验组鸡胸肌肉毒碱棕榈酰转移酶 1 和糖原合成酶的基因 mRNA 表达量显著低于对照组 ($P < 0.05$)。结论，可将豆腐制作过程中的豆渣液用芽孢杆菌发酵后直接添加于鸡饮水中，它可通过调节鸡肌肉的 pH 值，红度值和肌纤维形态改善肌肉品质。

关键词：芽孢杆菌液；豆渣液；湘黄鸡；生产性能；肉品质

---

[89] 通讯作者: 杨灿，地址：湖南衡阳雁峰区黄白路 165 号衡阳师范学院学院，421008，联系电话：18397769446，E-mail: yangcansky@163.com

[#] 陶怡佳和唐小武贡献度均等。

6519 The Effects of Bacillus subtilis QST713 and β-mannanase on growth performance, intestinal barrier function, and the gut microbiota in weaned piglets

Junchen Liu 1, Xiangyuan Ma 1, Yong Zhuo 1, Shengyu Xu 1, Lun Hua 1, Jian Li 1, Bin Feng 1, Zhengfeng Fang 1, Xuemei Jiang 1, Lianqiang Che 1, Zeyuan Zhu 2,Yan Lin 1, De Wu 1,*

(1. Institute of Animal Nutrition, Key Laboratory for Animal Disease-Resistance Nutrition of China, Ministry of Education, Sichuan Agricultural University, Chengdu, Sichuan 611130, China; 2Elanco Animal Health, Mutiara Damansara, 47800 Petaling Jaya, Selangor, Malaysia)[90]

Abstract： We investigated the effects of different *Bacillus subtilis QST713* doses and a *B. subtilis QST713* and β-mannanase mix on growth performance, intestinal barrier function, and gut microbiota in weaned piglets. In total, 320 healthy piglets were randomly assigned to four groups: 1) control group (basal diet), 2) BS100 group (basal diet plus 100 mg/kg *B. subtilis QST713*), 3) BS200 group (basal diet plus 200 mg/kg *B. subtilis QST713*), and 4) a BS100XT group (basal diet plus 100 mg/kg *B. subtilis QST713* and 150 mg/kg β-mannanase). The study duration was 42 days. We showed that feed intake in weaned piglets on days 1-21 was increased in group BS100 ($P < 0.05$), and that the feed conversion ratio (FCR) in group BS100XT animals decreased throughout the study ($P < 0.05$). In terms of microbial counts, the BS100XT group showed reduced *Escherichia coli* and *Clostridium perfringens* numbers on day 21 ($P < 0.05$). Moreover, no significant α-diversity differences were observed across all groups during the study ($P > 0.05$). However, Principal Coordinates Analysis (PCoA) indicated clear separations in bacterial community structures across groups (Analysis of similarities (ANOSIM): $P < 0.05$) on days 21 and 42. Additionally, *E-cadherin*, *occludin,* and *zonula occludens-1 (ZO-1*) expression in piglet feces increased ($P < 0.05$) by adding *B. subtilis QST713* and β-mannanase to diets. Notably, this addition decreased short-chain fatty acid (SCFA) concentrations. In conclusion, *B. subtilis QST713* addition or combined *B. subtilis QST713* plus β-mannanase effectively improved growth performance, intestinal barrier function, and microbial balance in weaned piglets.

Keywords: *Bacillus subtilis*; β-mannanase; Combined *Bacillus subtilis* and β-mannanase; gut microbiota; weaned piglets

---

作者简介：刘俊辰（1993.10），男，四川巴中人，硕士研究生，畜牧专业。手机：15184361531 E-mail: 3106326661@qq.com

*通信作者：吴德，教授，E-mail: wude@sicau.edu.cn

6520 Effects of fermented traditional Chinese medicine on growth performance and meat quality of black pigs

Yonglin Hu*, XiaoWu Tang*, Dan Zhao†, Liping Li*, Qiufeng Zhong*,Can Yang†, Nguyen Thi Thanh Hai$

(*College of Bioengineering, Hunan Vocational Technical College of Environment and Biology, Hengyang 421005, China; †College of Life Sciences, Hunan Provincial Key Laboratory of Biological Resources Protection and Utilization in NanYue Mountain Area, Hunan Engineering Research Center for Uranium Exploration Technology, Hengyang Normal University, Hengyang 421008, China; $Faculty of Animal Husbandry and Veterinary Medicine, Bac Giang Agriculure and Forestry University, Bac Giang, 236100,Vietnam) [91]

Abstract： Since the antibiotic was banned in animal production, traditional Chinese medicine has been regarded as alternative in improving meat quality in pigs. This study aimed at finding the effect of fermented Chinese medicine (FCM) powder made of pericarpium citri reticulatae 60 g, chinese yam 60 g, the seed of cowherb 50 g, astragalus mongholicus 40 g, hawthorn 30 g, isatis root 30 g, chinese angelica 30 g, herba taching 30 g, cinnamomum cassia 30 g, Zeolete 140 g on growth performance and meat quality in black pigs. A total of 120 (31.47 ± 0.09 kg) growing-finishing black pigs were randomly allotted to 2 treatment groups with 6 replicates, 10 pigs per replicate. The control group were fed a control diet. Experimental group were fed the control diet supplemented with 2 % FCM powder. Experiment lasted 28 days. At day 28, pigs were slaughtered for sample collection. Meat quality, myofibrillar morphology and texture characteristic were analyzed. Results showed that both average daily feed intake (ADFI) and average daily gain (ADG) were higher in experimental group than that in control group ($P < 0.05$). Feed to gain ratio in experimental group was lower when compared with control group ($P<0.05$). The a value at 32 h and 56 h was higher and the b value at 56 h was lower in experimental group when compared with control group ($P<0.05$). Peak positive force used to cut the fresh longissimus dorsi muscle of experimental group was higher than that in control group ($P<0.05$). Muscle biceps femoris (BF) in experimental group had larger fiber diameter and fiber cross-sectional area than that in

[91] Corresponding author: Yonglin Hu; Can Yang

Address: Wangcheng Road 165, Shigu district, Hengyang, Hunan 421005, China

Tel:+86 13973458301 (Yonglin Hu); +86 18397769446 (Can Yang)

E-mail: 962567227@qq.com (Yonglin Hu); yangcansky@163.com (Can Yang)

control group ($P < 0.05$). Chewiness of BF muscle was higher ($P < 0.05$) in experimental group when compared with control group. In conclusion, supplemented with FCM could improve meat quality by affecting muscle morphology and its firmness, hardness. Our findings suggest that FCM is a promising additive in swine industry.

Key words: fermented Chinese medicine; black pigs; meat quality; texture characteristic

Acknowledgments: This research was supported by the key development projects of the Hunan provincial science and technology (2022WK2020); Research foundation of the education of Hunan province (21C1122).

6522 Functional Characterization and Toxicological Study of Proanthocyanidins in Weaned Pigs

Jiahao Liu 2,†, Yong Qiao 1,2,3,†, Bing Yu 1,2, Yuheng Luo 1,2, Zhiqing Huang 1,2, Xiangbing Mao 1,2, Jie Yu 1,2, Ping Zheng 1,2, Hui Yan 1,2, Yan Li 1,2 and Jun He 1,2, *

(1. Institute of Animal Nutrition, Sichuan Agricultural University, Chengdu, 610030; 2. Key Laboratory for Animal Disease-Resistance Nutrition of China Ministry of Education, Chengdu, 610030, China; 3. Feng Lan Sci-Tech Co., Ltd., Chengdu, 610097, China) [92],

Abstract: Proanthocyanidin (PRO) has been implicated in a variety of biological functions, such as antibacterial, antioxidant, and anti-obesity effects. However, little is known about its safety dose for animals. To explore its safety and effect on growth performance and intestinal health, thirty weaned pigs were divided into five groups and fed with basal diet containing 0, 30, 300, 600, and 1200 mg/kg PRO for 42 days. Results showed that PRO supplementation at 30 and 300 mg/kg significantly decreased the feed/gain ratio (F:G) and diarrhea rate ($p < 0.05$). PRO also increased the digestibilities of dry matter, ether extract, gross energy, and ash ($p < 0.05$). Interestingly, PRO not only elevated the villus height and the ratio of villus height to crypt depth (V/C) in duodenum and jejunum ($p < 0.01$), but also decreased the crypt depth in the duodenum ($p < 0.01$). Moreover, PRO supplementation at 30, 300, and 600 mg/kg elevated the expression levels of mucin 1 (*MUC1*), *MUC2*, and fatty acid transport protein 1 *(FATP-1*) in the duodenum ($p < 0.05$). The expression levels of *FATP-4* in jejunum and ileum were also elevated by PRO ($p < 0.05$). Importantly, histopathological findings of tissues (e.g., heart, liver, kidney, spleen, lungs, pancreas, thymus, mesenteric lymph nodes, stomach, small intestine), serum clinical chemistry, and major hematological parameters were not affected by PRO supplementation. These results suggest that PRO may act as a safe and effective supplement to decrease F:G and improve intestinal health in weaned pigs.

Keywords: proanthocyanidins; safety; growth performance; weaned pigs; intestinal epithelium

---

* 通讯作者，何军，教授，E-mail：hejun8067@163.com

项目基金: 国家科学自然基金 (no. 31972599); 四川省发展规划项目(2020YFN0147)。

[92] 第一作者: 刘嘉豪，男，四川眉山人，硕士研究生，动物营养与饲料专业，手机: 18200399635, E-mail：1379311072@qq.com；共同第一作者：乔永，男，四川成都人，博士研究生，动物营养与饲料专业，手机：13730803684，E-mail：qiaoyong@newhope.cn。

6523 复合有机酸替代金霉素对断奶仔猪生长性能、血清生化指标、肠道健康和微生物代谢产物的影响

李志青，杨凯，朱江，赵雨杰，王永超，王晶晶，陈国武，邢艺苑，马晓康*

（湖南农业大学动物科学技术学院，湖南长沙 410128）

摘要：仔猪断奶应激和环境污染问题是制约我国生猪业发展的主要原因。本研究通过对复合有机酸与金霉素对断奶仔猪生长性能、血清生化指标、肠道健康以及微生物代谢产物影响作用效果对比，为复合有机酸替代抗生素在断奶仔猪上的应用提供依据。试验选取 24 头 24 日龄、平均初始体重为 6.41 ± 0.56 kg 的“杜 × 长 × 大”断奶仔猪，按体重相近原则随机分配到 3 个组中，每组 8 个重复，每个重复 1 头仔猪。分别饲喂基础饲粮（对照组）、基础饲粮+3000 mg/kg 复有机酸（甲酸≥23.9%，乳酸≥14.5%和柠檬酸≥4.0%，复合有机酸组）、基础饲粮+ 75 mg/kg 金霉素（金霉素组）。试验期为 28 天。试验结果表明：（1）与对照组相比，复合有机酸和金霉素组均能提高断奶仔猪的平均日增重（ADG），降低仔猪腹泻率（P<0.05），各组间平均日采食量（ADFI）无显著差异（P>0.05）。（2）与对照组相比，复合有机酸和抗生素组上调了仔猪血清中总抗氧化水平（T-AOC）；下调了血清中白细胞介素（IL-10）的含量（P<0.05）。（3）与对照组和抗生素组相比，复合有机酸组结肠中丙酸的含量增加，酪胺的含量降低（P<0.05）。（4）与对照组相比，复有机酸能有效促进十二指肠和回肠绒毛发育（P<0.05）。（5）肠道微生物分析结果显示，复合有机酸和金霉素组均提高了 Shannon 和 Chao-1 指数，降低了 *Blautia* 和 *Roseburia* 的相对丰度，但增加了 *Clostridium* 的相对丰度（P<0.05）。（6）相关性分析表明，*Clostridium* 可能与仔猪的炎症水平和微生物代谢产物密切相关。综上所述，复合有机酸替代金霉素可能通过调节肠道微生物群改变代谢产物从而有效提高断奶仔猪免疫和抗氧化水平，在促进仔猪生长和肠道健康的同时能够减少环境中生物胺的排放。

关键词：酸化剂；仔猪应激；生长性能；生物胺；肠道菌群

作者简介：李志青，男，博士研究生，研究方向为动物营养与饲料科学，E-mail：lizhiqing213@163.com

*通讯作者：马晓康，男，博士，主要从事猪的营养研究工作，E-mail: maxiaokang@hunau.edu.cn

65344-萜品醇对氧化应激断奶仔猪生长性能及肠道损伤的调节作用

邱广志，李慧敏，董丽，王洪荣，喻礼怀

（扬州大学动物科学与技术学院，扬州，225009）[94]

摘要：本课题组前期研究证明 4-萜品醇对仔猪肠道氧化损伤具有缓解作用，但具体作用机制尚不明确。因此，本试验选用 H_2O_2 在断奶仔猪体内诱导氧化应激，探讨 4-萜品醇对氧化应激断奶仔猪生长性能及肠道损伤的调节作用，探究 4- 萜品醇对氧化应激断奶仔猪肠道损伤的潜在作用机制，为 4-萜品醇在仔猪生产中的应用提供理论指导，并为仔猪肠道氧化损伤的营养调控提供新的靶点。本试验选取 21 日龄断奶的 28 日龄体重相近的(8.53±0.42 kg)仔猪(杜洛克× (长白猪×大白猪)) 32 头随机分为 4 个处理组：(1)正常对照组(CON 组)；(2)过氧化氢组 (H_2O_2 组)；(3) H_2O_2+TER 组(H+T 组)；(4)4-萜品醇组(TER 组)。CON 组和 H_2O_2 组饲喂基础日粮，TER 组和 H+T 组以基础饮食补充 60 mg/kg TER。预试期 3 天，正试期 21 天，试验第 15 天和第 18 天 H_2O_2 组和 H+T 组分别腹腔注射 1mL/kg BW 10% H_2O_2 (注射前用灭菌的 0.9%生理盐水将 30% H_2O_2 稀释成 10% H_2O_2，1:2 体积比稀释)，CON 组和 TER 组分别腹腔注射 0.9%无菌生理盐水。结果表明：(1)TER 组显著提高氧化应激断奶仔猪第 14 天和 21d 的平均体重 (P<0.05)，提高 21 天平均日采食量(P<0.05)。H_2O_2 组显著降低平均体重以及平均日采食量 (P<0.05)，且添加 4-萜品醇均能够有效降低腹泻率。(2)与 CON 组相比，TER 组显著降低仔猪血清 ROS 水平(P<0.05)，H_2O_2 组显著升高血清 ROS 水平 (P<0.01)，H+T 组血清 ROS 水平显著低于 H_2O_2 组(P<0.01)。(3)TER 组血清中抗氧化酶 CAT 和 GSH-Px 活力显著增加(P<0.05) ，MDA 活力显著降低(P<0.05)，H_2O_2 组 CAT 和 SOD 活力显著降低(P<0.05)。H+T 组 CAT、SOD 和 GSH-Px 活力显著增加 (P<0.05)，且 MDA 活力显著降低(P<0.05)。(4)与 CON 组相比，H_2O_2 组血清中 LDH 活性显著升(P<0.01)。与 H_2O_2 组相比，H+T 组显著降低血清中 LDH 活性(P<0.05)。(5)与 CON 组相比，TER 组肠道绒毛高度显著增加(P<0.01)，肠道隐窝深度均显著降低(P<0.01)，绒隐比显著增高(P<0.01)，H_2O_2 组肠道绒毛高度显著降低(P<0.01)，隐窝深度显著升高(P<0.01)，绒隐比显著降低(P<0.01)。与 H_2O_2 组相比，H+T 组肠道绒毛高度显著增加(P<0.01)，隐窝深度显著降低 (P<0.01)，绒隐比显著增高(P<0.01)。(6)与 CON 组相比，H_2O_2 组肠道绒毛破损较为严重，出现断裂脱落，且线粒体出现明显肿胀，

[94] 基金项目：苏北科技专项----富民强村科技帮促项目 (SZ-HAX202205)

第一作者简介：邱广志，男，硕士，E-mail： xiaonanhaiqiu@163.com

通讯作者：喻礼怀，男，副教授，主要从事猪的营养代谢与调控研究，E-mail:lhyu@yzu.edu.cn

线粒体嵴断裂，TER 组及 H+T 组相较于 H_2O_2 组绒毛发育良好，整齐排列，较为粗壮，且线粒体呈现正常状况，发育较好。(7)与 CON 组相比，TER 组三段肠道中线粒体膜电位显著升高 (P<0.01)，且 H_2O_2 组显著降低线粒体膜电位水平(P<0.01)。与 H_2O_2 组相比，H+T 组显著升高线粒体膜电位水平(P<0.05)。(8) H_2O_2 组显著降低三段肠道线粒体膜电位水平(P<0.001)，H+T 组和 TER 组显著提高十二指肠和空肠线粒体膜电位水平(P<0.001)，同 TER 显著提高回肠线粒体膜电位水平(P<0.001)。综上所述，在断奶仔猪基础日粮中添加 4-萜品醇可以有效提高断奶仔猪生长性能，有效降低氧化应激断奶仔猪血清和肠道中 ROS 水平，提高其血清和肠道中抗氧化酶活力，减少仔猪肠上皮细胞铁死亡，进而缓解仔猪肠道氧化损伤；4-萜品醇可能通过线粒体自噬途径抑制氧化应激仔猪肠上皮细胞铁死亡，进而缓解仔猪肠道氧化损伤。

关键词：断奶仔猪；4-萜品醇；氧化损伤；铁死亡；线粒体自噬

6538 Tea tree oil alleviates oxidative stress in the ileum epithelial cells IPI-2I of pigs

Changwei Zhang#, Zhaoxin Zhong, Li Dong, Hongrong Wang, Lihuai Yu *

(College of Animal Science and Technology, Yangzhou University, Yangzhou, Jiangsu province 215009, People's Republic of China)

Abstract: The gut of piglets is particularly vulnerable to oxidative stress during the weaning period. Our previous study has suggested tea tree oil (TTO) can improve the antioxidant function and enhance the intestinal immune function in weaning piglets. However, its inner mechanism is unclear. The purpose of this study was to established an oxidative stress cell model by hydrogen peroxide (H_2O_2) and to study the regulatory effects of TTO on oxidative stress by using porcine ileal epithelial IPI-2I cell lines. The results showed that when the cells were treated with 200 μmol/L H_2O_2 for 2h, 4h, 6h, 8h, 10h or 12h, the cell viability and the activity of antioxidant enzymes were both decreased (P<0.05). When the cells were stimulated by H_2O_2 (200 μmol/L; 6h), the levels of reactive oxygen species (ROS) and malondialdehyde (MDA) increased (P<0.05). TTO increased the cell viability(P<0.05), decreased the level of ROS and MDA (P<0.05), increased the activity of antioxidant enzymes (P<0.05) in IPI-2I cells, and it works best at a concentration of 0.025%. TTO increased the expression of nuclear factor E2 related factor 2 (Nrf2) and its downstream antioxidant genes (P<0.05), and the H_2O_2 induced oxidative stress was alleviated by TTO. In conclusion, 200 μmol/L H_2O_2 challenge for 6h was the most suitable to constructed oxidative stress cell model in IPI-2I cell lines. And 0.025% TTO treated for 12h could effectively alleviated oxidative stress by H_2O_2 in intestinal epithelial cells of pigs, which might be associated with Nrf2 signaling.

Keywords:tea tree oil; IPI-2I cells; oxidative stress; Nrf2 antioxidant pathway

6546 苹果多酚通过激活 Nrf2/Keap1 信号通路促进育肥猪肠道抗氧化能力和屏障功能

黄腾腾 1,§，车强军 1,§，陈小玲 1,§，陈代文 1，余冰 1，何军 1，陈洪 2，阎辉 1，郑萍 1，罗玉衡 1，黄志清 1,*

（1. 四川农业大学动物营养研究所，动物抗病营养教育部重点实验室，成都 611130; 2. 四川农业大学食品学院，雅安 625014）[95]

摘要：近年来，植物多酚对肠道屏障的改善作用已经得到了充分报道。然而，植物多酚促进肠道屏障功能的确切机制尚不明确。本研究通过育肥猪和 IPEC-J2 细胞实验，研究了饲粮中添加苹果多酚（APs）对肠道抗氧化能力和屏障功能的影响及机制。在育肥猪实验中，选择 36 头平均体重（71.25±2.40）kg 的 DLY 阉公猪，采用随机区组实验设计随机分为 3 个组，分别为基础饲粮组（对照组）、在基础饲粮中添加 400 mg/kg 和 800 mg/kg APs 的处理组。每个处理 6 个重复，每个重复 2 头猪，试验期为 49 天。在 IPEC-J2 细胞实验中，分别用 0、10、20 和 40 μg/mL 的 APs 处理 IPEC-J2 细胞 1 天。结果表明：（1）饲粮添加 APs 能改善回肠绒毛的形态，显著降低回肠的隐窝深度，并显著提高回肠的绒隐比（P<0.05）。（2）添加 APs 促进空肠黏膜和 IPEC-J2 细胞 ZO-1、Occludin 以及 Claudin-1 的表达（P<0.05）。（3）饲粮添加 APs 显著提高回肠 sIgA 浓度和血清 IgA 浓度（P<0.05）。（4）饲粮添加 APs 显著提高盲肠食糜中乳酸杆菌和双歧杆菌的数量（P<0.05），并降低结肠食糜中大肠杆菌的数量（P<0.05）。（5）饲粮添加 APs 显著提高血清总抗氧化能力和过氧化氢酶（CAT）活性（P<0.05）；显著提高空肠粘膜的总抗氧化能力并降低空肠粘膜的丙二醛（MDA）含量（P<0.05）；显著提高回肠粘膜中 CAT 活性并降低回肠粘膜中 MDA 含量（P<0.05）。（6）在空肠黏膜中，饲粮添加 APs 显著上调 *SOD1* mRNA 表达，下调 *Keap1* mRNA 和蛋白表达并上调 HO-1、NQO1 和 Nrf2 的蛋白表达（P<0.05）；在回肠黏膜中，饲粮添加 APs 下调 *Keap1* mRNA 表达，上调 *CAT* 和 *Nrf2* mRNA 的表达（P<0.05）。此外，在 IPEC-J2 细胞中，添加 APs 下调 Keap1 并上调 HO-1、NQO1 和 Nrf2 的蛋白表达（P<0.05）。（7）在 IPEC-J2 细胞中，经 Nrf2 抑制剂 ML-385 处理后，APs 对 IPEC-J2 细胞 Nrf2、HO-1 以及 NOQ1 蛋白表达的上调作用被减弱；对 ZO-1、Occludin 以及 Claudin-1 蛋白表达的上调作用也被减弱。总之，我们的结果表明 APs 通过激活 Keap1/Nrf2 信号通路促进育肥猪肠道抗氧化能力以及屏障功能。

关键词：苹果多酚；育肥猪；肠道抗氧化能力；肠道屏障功能

---

[95] 基金项目：四川省青年科技创新研究团队项目（2020JDTD0026）；四川省科技计划项目（2021ZDZX0009）

§共同第一作者

作者简介：黄腾腾（1996—），男，湖北孝感人，博士研究生，从事猪的营养研究。手机：18371245532 E-mail: 1059058645@qq.com

*通信作者：黄志清，教授，博士生导师，E-mail: zqhuang@sicau.edu.cn

6552 液体发酵饲料对断奶仔猪生长性能、腹泻率、抗氧化能力及肠道微生物菌群的影响

郭振兴，黄兴国*

（1.湖南农业大学动物科学技术学院，湖南 长沙 410125）[96]

摘要：本试验旨在研究饲粮中添加液体发酵饲料对断奶仔猪生长性能、腹泻率、抗氧化能力及肠道微生物菌群的影响。选取 144 头 21 日龄“杜×长×大”三元杂交断奶仔猪，初始体重为（5.21±0.11）kg，随机分为 3 个处理组，每个处理 6 个重复，每个重复 8 头猪。对照组饲喂基础饲粮，湿料组（WF 组）饲喂基础饲粮+纯净水（第 1~14 天添加比例为 3：0.54，第 15~28 天不添加纯净水），液体发酵饲料组（FLF 组）饲喂基础饲粮+液体发酵饲料（第 1~14 天添加比例为 3：1，第 15~28 天不添加液体发酵饲料）。试验期 28 天，分两个阶段。结果表明：1）FLF 组第 1~14 天平均日增重（ADG）和平均日采食量（ADFI）显著低于对照组（P<0.05），料重比（F/G）显著高于对照组（P<0.05）；FLF 组第 15~28 天 ADG 和 ADFI 极显著高于对照组和 WF 组（P<0.01），F/G 极显著低于对照组（P<0.01）。FLF 组第 15~28 天腹泻率极显著低于对照组（P<0.01）。2）第 14 天，FLF 组的血清甘油三酯（TG）含量显著低于对照组（P<0.05），总抗氧化能力（T-AOC）显著高于对照组和 WF 组（P<0.05）；第 28 天，FLF 组的血清总蛋白(TP)含量极显著高于对照组（P<0.01）,TG 含量极显著低于对照组和 WF 组（P<0.01），血清过氧化氢酶（CAT）活性显著高于对照组（P<0.05），T-AOC 显著高于对照组（P<0.05），丙二醛（MDA）含量极显著低于对照组（P<0.01），WF 组的血清 TG 含量极显著高于对照组（P<0.01），血清 T-AOC 极显著高于对照组（P<0.01）。3）FLF 组的 Shannon 指数、Ace 指数和 Chao 指数极显著低于对照组和 WF 组（P<0.01），Simpson 指数极显著高于对照组（P<0.01）；WF 组的 Simpson 指数极显著高于对照组（P<0.01），Ace 指数和 Chao 指数极显著低于对照组（P<0.01）。4）在门水平上，FLF 组的优势菌群门主要是厚壁菌门（*Firmicutes*）和变形菌门（*Proteobacteria*）；在属水平上，狭义梭菌属 1（*Clostridium_sensu_stricto_1*）相对丰度极显著低于对照组（P<0.01），放线杆菌属（*Actinobacillus*）极显著高于对照组（P<0.01）。综上所述，饲粮中添加液体发酵饲料能够提高断奶仔猪保育后期生长性能，降低腹泻率，改善血清生化指标，提高抗氧化能力，改善回肠肠道微生物区系，抑制有害菌的数量。

---

[96] 1 作者简介：郭振兴（1999—），男，湖南醴陵人，硕士研究生。研究方向为畜禽饲料资源开发与应用。手机：15674142668 E-mail: 1209857993@qq.com

*通信作者：黄兴国，教授，博士生导师。

6561 妊娠后期饲粮添加后生元对母猪繁殖性能及其后代仔猪生长性能和免疫功能的影响

刘阳，王一凡，周强，王昌勤，方正锋，林燕，徐盛玉，冯斌，卓勇，吴德，车炼强

(四川农业大学动物营养研究所，成都 611130)[97]

摘要：本试验旨在考察妊娠后期补充后生元对母猪繁殖性能及其后代仔猪生长性能和免疫功能的影响。试验采用单因素完全随机设计，选取 60 头经产 LY 母猪（3~6 胎），随机分配到 2 个处理组，每个处理 30 个重复，每个重复 1 头母猪，分别饲喂基础饲粮添加 0（CON）或 2 g/kg 后生元（POS，以沙棘和葛根为底物经基因工程乳酸菌和酿酒酵母等多级发酵生成）的试验饲粮。母体饲粮干预从妊娠 90 天开始至仔猪 21 日龄断奶。仔猪断奶后，每组选取 80 头体重相近的断奶仔猪（共 160 头），采用裂区试验设计，随机分配到基础饲粮组或基础饲粮添加 2 g/kg 后生元饲粮组，共分为 4 个处理组：CON-CON，CON-POS，POS-CON 和 POS-POS。仔猪断奶后饲喂 21 天，每个处理 10 个重复，每个重复 4 头仔猪。母猪数据采用非配对 T 检验进行分析，仔猪数据采用 SAS 9.4 中的 Mixed 模型，以母体饲粮干预为大区、仔猪饲粮干预为小区进行统计，以 P<0.05 为显著差异判断标准。结果表明：1）两组母猪产仔性能无显著差异，但 POS 组母猪断奶仔猪数量显著高于 CON 组母猪（+0.79 头，P<0.05）。2）POS 组母猪常乳中乳脂、干物质和免疫球蛋白 M（IgM）含量有高于 CON 组母猪的趋势（P=0.08~0.09）。3）POS 组母猪分娩时血浆谷胱甘肽过氧化物酶活性显著高于 CON 组母猪（P<0.01），而分娩和断奶时丙二醛含量显著低于 CON 组母猪（P<0.05）。4）与 CON 组母猪所产仔猪相比，POS 组母猪所产仔猪断奶后平均日采食量显著提高（+10.6%, P<0.05），且平均日增重（+11.0%, P=0.07）和断奶后 21 天体重（+ 3.5%, P=0.08）有提高的趋势。5）POS-POS 组仔猪试验全期平均日增重和平均日采食量显著高于 CON-CON 组仔猪（P<0.05），且断奶后 21 天体重显著高于 CON-CON 组仔猪（P<0.05）。6）与 CON 组母猪所产仔猪相比，POS 组母猪所产仔猪断奶时和断奶后 21 天血浆抗炎细胞因子 IL-10 水平显著升高（P<0.01），且断奶后 21 天血浆 IgM 含量也显著升高（P<0.05）。本试验结果表明：妊娠后期补充后生元可改善母猪乳成分和氧化应激状态，同时提高后代仔猪生长性能和免疫功能。此外，母猪和仔猪同时补充后生元效果更优于母猪单独补充。

关键词：母猪，后生元，仔猪，生长性能，免疫功能

---

[97] 基金项目：本研究受到上海创博生态工程有限公司和国家生猪产业体系（CARS-35）资助。

作者简介：刘阳（1995—），男，重庆市沙坪坝区人，博士研究生，从事动物营养与饲料科学研究。手机：18227585648。E-mail: 745182931@qq.com

*通讯作者：车炼强，教授，博士生导师，E-mail：Che.lianqiang@sicau.edu.cn

6563 双层微囊包被精油对断奶仔猪生长性能、肠道发育、抗氧化及抗炎能力的影响

戴志琦[98]，张倚剑[99]，吴胜[100]

（1. 南京农业大学动物科技学院，南京 210095；2. 上海美农生物科技股份有限公司，上海 201807；3. 上海美农生物科技股份有限公司，上海 201807）

摘要：植物精油已被证实具有缓解仔猪断奶应激的功效，而双层微囊包被工艺的引入能增强精油稳定性及其在仔猪体内的缓释作用进而提高精油效果。本研究旨在通过不同工艺与不同浓度两个对比实验，探究基于双层微囊包被工艺技术的植物精油（DLMEO）对仔猪养殖的具体效果。试验一选取 90 头平均体重为 8.15±0.07 kg 的“杜×长×大”三元杂交猪，采用单因子三重复试验设计，将仔猪随机分成 3 组，每组 3 个重复（栏），每个重复 10 头仔猪（公母各半），对照组（CON）饲喂基础饲粮，吸附精油组（AEO）和双层微囊包被精油组(MEO)分别添加 500 mg/kg 普通吸附工艺处理和 500 mg/kg 双层微囊包被工艺处理的植物精油，试验期为 14d。试验结果表明：1）MEO 组相比于 CON 组和 AEO 组，胴体重显著增加（P<0.05），腹泻率显著降低（P<0.05）。2）饲粮添加双层微囊包被精油对仔猪肠道发育无明显影响，但 MEO 组十二指肠黏膜α-淀粉酶的活性显著高于 CON 组和 AEO 组（P<0.05）。3）与 CON 组相比，MEO 组回肠及血清 MDA 均显著降低（P<0.05）。4）MEO 组血清中 IL-6 含量显著低于 CON 组和 AEO 组（P<0.01）。试验二围绕试验一对照组（CON）与双层微囊包被精油组(MEO)，额外增加精油浓度为 300 mg/kg（LMEO）与 700 mg/kg（HMEO）的双层微囊包被精油组进行浓度对比实验，饲养条件不变。试验结果表明：1）LMEO 组的平均日增重显著高于 CON 组（P<0.05），料重比则显著降低（P<0.05）。2）LMEO 组绒毛高度及绒腺比（绒毛长度/隐窝深度）最高且均显著高于 CON 组（P<0.05）。3）LMEO 组空肠 MDA 含量显著高于 HMEO 组（P<0.05）。3）LMEO 组空肠 MDA 含量显著高于 HMEO 组（P<0.05）。4）关于抗炎性能，各组血清中 IL-10 含量无显著差异，但 LMEO 组的数值明显低于其他组。综上所述，在饲粮中添加 DLMEO 能够显著提高仔猪的生长性能（包括胴体重的增加和腹泻率的降低），其中精油添加浓度为 300 mg/kg 时效果最佳。此外，添加 DLMEO 还能改善肠道结构和功能，显著增加肠道绒毛表面积和淀粉消化酶活性，从而促进营养吸收。同时，DLMEO 还具有较好的抗氧化和抗炎作用，可通过减轻氧化应激反应和降低白细胞介素-6 含量来保护肠道健康。

关键词：植物精油；仔猪；包被工艺；生产性能；肠道发育；抗氧化；抗炎

---

[1] 戴志琦 男 湖南岳阳人 硕士研究生 （E-mail）dai1756621256@163.com，(电话)18390139130

[99] 张倚剑 男 安徽安庆人（E-mail）1030171434@qq.com，(电话) 15755081394

[100] 吴胜 男 安徽铜陵人（E-mail）1207092042@qq.com，(电话) 15850565878

6564 饲粮添加富含 DHA 和月桂酸单甘酯复合物对公猪精液品质的影响

邬妍婷 1,2，杨志鹏 1,2，李亚梅 1,2，李豪 1,2，彭健 1,2,3，魏宏逵 2,3*，王济华 4

（1. 华中农业大学动物科技学院，武汉 430070；2. 生猪健康养殖部省共建协同创新中心，武汉 430070；3. 动物育种与健康养殖前沿科学中心，武汉 430070；4. 嘉利多生物技术（武汉）有限公司；武汉，430070）

101,

摘要：本试验通过在种公猪饲粮中添加不同水平富含二十二碳六烯酸（Docosahexaenoic acid，DHA）和月桂酸单甘酯（Glycerol monolaurate，GML）的复合物，研究其对公猪精液品质的影响。试验选择 46 头 19~24 月龄杜洛克公猪，随机分成 4 组：对照组饲喂基础饲粮，3 个处理组饲粮中裂壶藻粉（富含 DHA）和 GML 的复合物添加量分别为 0.18%（处理组 1）、0.24%（处理组 2）和 0.30%（处理组 3），复合物中裂壶藻粉和 GML 的比例为 4:1。试验期 16 周，试验期间采集公猪精液、血液和粪便样品。结果表明：1）在精子脂肪酸水平方面：试验第 16 周结束时，处理组 2 和 3 的公猪精子 DHA 含量极显著高于对照组（$P< 0.01$），处理组 1、2 和 3 的公猪精子 n-3 PUFA 和总 PUFA 含量极显著高于对照组（$P< 0.01$）。2）在氧化应激水平方面：与对照组相比，处理组 1 的公猪血清丙二醛（Malondialdehyde，MDA）水平降低（$P< 0.01$），精子超氧化物歧化酶（Superoxide dismutase, SOD）活性增加（$P< 0.01$）；处理组 2 的公猪精子 MDA 水平降低（$P< 0.01$），精浆和精子中 SOD 活性增加（$P< 0.05$）；处理组 3 的公猪血清 MDA 水平显著降低（$P< 0.01$）。在储存 24 h 后，各处理组公猪精子 MDA 水平显著低于对照组（$P< 0.01$），但在储存 72 h 后，各组精浆与精子氧化应激指标间无显著差异。3）在肠道通透性与炎症方面：处理组 1 和 2 公猪血清中白细胞介素-6（Interleukin-6，IL-6）水平（$P< 0.01$）、粪便中二胺氧化酶（Diamine oxidase，DAO）含量（$P< 0.01$）和钙卫蛋白（Fecal calprotectin，FC）含量（$P< 0.05$）显著低于对照组。4）在精液品质方面：与对照组相比，试验期第 10 周，处理组 1 和 2 的公猪精子活力显著增加（$P< 0.01$），处理组 2 和 3 的公猪精子膜完整性显著提高（$P< 0.05$）；第 12 周时，处理组 1、2 和 3 的公猪精子膜完整性显著提高（$P< 0.01$），且处理组 3 的公猪总精子数和有效精子数提高（$P< 0.01$），精子畸形率降低（$P< 0.01$）；第 16 周时，处理组 1、2 和 3 的公猪总精子数、

基金项目：现代农业产业技术体系（CARS－36）；湖北省重点研发计划（2022BBA0012）

作者简介：邬妍婷（1997—），女，安徽蚌埠人。硕士研究生，动物营养与饲料科学专业。

手机：13485976800，E-mail: wyt1823@163.com

*通信作者：魏宏逵，副教授，硕士生导师，E-mail: weihongkui@mail.hzau.edu.cn

有效精子数和精子膜完整性均显著提高（$P< 0.05$），精子畸形率均显著降低（$P< 0.05$）。另外，处理组 1 的公猪新鲜精液和储存 72h 后的稀释精液中旋转运动精子比率显著低于对照组（$P< 0.01$）；而处理组 3 的公猪储存 24 h 后的稀释精液中快速运动精子比率显著高于处理组 1 的公猪（$P< 0.05$）。总的来说：饲粮中添加 0.18%~0.30%的裂壶藻粉与 GML 复合物 10 周以后，具有提高公猪新鲜精液和储存期精液品质的作用，其机制可能与精子脂肪酸含量的增加，从而改善精子膜完整性有关。此外，DHA 和 GML 复合物对肠道屏障功能的调控，以及对机体氧化应激和炎症状态的调控可能也发挥了一定作用。

关键词：公猪；DHA；GML；精液品质；脂肪酸；氧化应激

6566 妊娠期饲粮中添加维生素 D3 或 25-羟基维生素 D3 对母猪繁殖性能、乳成分、血液激素和后代仔猪骨骼发育的影响

王昌勤，周强，刘阳，吴江楠，方正锋，林燕，徐盛玉，冯斌，卓勇，吴德，车炼强

(四川农业大学动物营养研究所，四川 611130)[102]

摘要：本试验旨在探究母猪妊娠期饲粮中添加维生素 D3（VD3）或 25-羟基维生素 D3（25-OH-D3）对母猪繁殖性能、乳成分、血液激素和后代仔猪骨骼发育的影响。试验采用单因素完全随机设计，选取 60 头体重和背膘相近的经产 LY 母猪（2~6 胎），按胎次和体况相近原则随机分配到 2 个处理组，每个处理 30 个重复，每个重复 1 头母猪，分别饲喂基础饲粮添加 50 μg/kg VD3 或 50 μg/kg 25-OH-D3 的试验饲粮。饲粮干预从母猪配种开始至分娩结束，分娩后所有母猪饲喂同一饲粮直至哺乳 21 天断奶。母猪分娩后（仔猪吃初乳前）和仔猪断奶时，每组各选择 10 头仔猪进行屠宰取样。母猪分娩时和哺乳第 10 天，分别采集初乳和常乳测定乳成分。数据采用非配对 T 检验进行统计分析，所有统计结果以 P<0.05 为显著差异判断标准。结果表明：1）两组母猪繁殖性能无显著差异，但 25-OH-D3 组母猪常乳中干物质和乳脂含量有高于 VD3 组母猪的趋势（P=0.07）。2）与添加 VD3 相比，妊娠期饲粮添加 25-OH-D3 显著提高母猪分娩时血浆 IGF-1 含量（P<0.05），并有提高催乳素（P=0.05）和雌二醇（P=0.08）含量的趋势。3）与 VD3 组母猪所产仔猪相比，25-OH-D3 组母猪所产仔猪出生时血浆钙（Ca）含量显著升高（P<0.05），且断奶时胫骨和股骨相对重量也显著升高（P<0.05）。本试验结果表明：妊娠期饲粮中添加 25-OH-D3 对母猪繁殖性能无显著影响，但改善了母猪乳成分，增加新生仔猪血浆钙含量，并提高仔猪断奶时胫骨和股骨相对重量，促进仔猪骨骼发育。

关键词：维生素 D3；25-羟基维生素 D3；母猪；仔猪；乳成分；骨骼

---

[102] 基金项目：本研究受到帝斯曼（中国）有限公司和国家生猪产业体系（CARS-35）资助。

作者简介：王昌勤（1998—），男，四川省绵阳市游仙区人，硕士研究生，从事动物营养与饲料科学研究。手机：15228442357。E-mail: 727363480@qq.com

*通讯作者：车炼强，教授，博士生导师，E-mail：Che.lianqiang@sicau.edu.cn

6574 色氨酸代谢产物吲哚-3-乳酸对肠道炎症性损伤的作用效果探究

孙倚帆 1,2,#，周嘉毓 1,2,#，罗旭康 1,2，佟垚毅 1,2，米金秋 1,2，王庆凤 1,2，马秋刚 1,2，黄世猛 1,2,（1 中国农业大学动物科学技术学院，畜禽营养与饲养全国重点实验室，北京 100193；2. 北京京瓦农业科技创新中心，北京 100160）[103]

摘要：肠道微生态失衡以及肠道菌群衍生物的改变与肠道炎症性损伤有关。由于早期断奶应激诱发的肠道炎症是困扰生猪健康养殖的重大问题，而目前有效缓解仔猪肠道炎症性损伤的方法并不完全有效，导致新生仔猪和断奶仔猪出现持续和反复出现慢性炎症损伤和继发性感染。根据课题组前期研究，筛选到一株乳酸杆菌代谢色氨酸产生的衍生物-吲哚-3-乳酸，该代谢物具有极强的抗炎作用可有助于预防或治疗肠道炎症性损伤，但其缓解肠道炎症损伤的潜在机理有待进一步研究。本试验探究了色氨酸代谢产物吲哚-3-乳酸对小鼠结肠炎症损伤的影响。通过综合分析小鼠肠道菌群组成、肠道粘膜屏障功能、炎症细胞因子等结果，系统性解析吲哚-3-乳酸对肠道炎症性损伤的作用效果。结果表明，与对照组（DSS 组）相比，灌胃吲哚-3-乳酸（40 mg/kg 体重）可显著缓解小鼠结肠长度缩短，可使结肠长度从 4.5 左右恢复到 5.5 厘米左右，降低小鼠疾病活动指数（DAI），降低结肠组织炎症损伤评分；通过分析小鼠血清中细胞因子和抗氧化酶水平，与 DSS 组相比，吲哚-3-乳酸组血清中 TNF-α 和 IL-8 水平显著降低，而 T-SOD 和 GSH-Px 水平显著增加，进而缓解小鼠结肠组织和全身性炎症；与健康组（CON）相比，DSS 组小鼠肠道屏障被显著破坏，粘液层变薄，其中杯状细胞数量和黏蛋白分泌减少，通过灌胃吲哚-3-乳酸可显著回复结肠上皮中杯状细胞数量，黏蛋白水平增加；结合组织免疫荧光分析，吲哚-3-乳酸处理后可显著增加 MUC2、TP1 和 ZO-1 蛋白的表达，从而降低肠道渗透性，恢复肠道屏障功能完整性。综上，发色氨酸代谢产物吲哚-3-乳酸可显著改善肠道屏障功能，上调黏蛋白和紧密连接蛋白表达，修复肠道上皮黏膜免疫功能，进而显著缓解小鼠炎症损伤，本试验证实的色氨酸代谢产物吲哚-3-乳酸益生效果在防治仔猪肠道炎症损伤具有较大的潜力。

关键词：色氨酸代谢产物；吲哚-3-乳酸；炎症损伤；肠道屏障；粘液层

---

[103] 基金项目：国家自然科学基金项目（32102568）

作者简介：#孙倚帆和周嘉毓为共同第一作者，孙倚帆（2004—），女，天津人，本科生，从事动物营养与饲料科学研究。手机：16622754228，E-mail：2022304010102@cau.edu.cn；周嘉毓（2004—），女，湖南衡阳人，本科生，从事动物营养与饲料科学研究。手机：15201092895，E-mail：2901904967@qq.com

通信作者：黄世猛，副教授，E-mail：shimengh@cau.edu.cn

6576 基于转录组分析猪β-防御素 114 在巨噬细胞中的免疫调节作用及机制

李林峰 1,2,3，黄升 1,2，陈利 1,2，江山 1,2，黄金秀 1,2，杨飞云 1,2，王贵学 4，刘作华 1,2，苏国旗 1,2*（1. 重庆市畜牧科学院，重庆 402460；2. 生猪技术创新中心（重庆），重庆 402460；3. 西南大学动物科学技术学院，重庆 400715；4. 重庆大学生物工程学院，重庆 400044）[104]

摘要：本试验旨在研究猪β-防御素 114（pBD114）对猪肺泡巨噬细胞 3D4/21 的免疫调节作用，并通过转录组的深入分析揭示 pBD114 的作用机制。试验采用不同浓度 pBD114 处理猪肺泡巨噬细胞 3D4/21，并分别在不同时间收集细胞培养液，采用酶联免疫吸附试验法检测肿瘤坏死因子-α（TNF-α）和白细胞介素-10（IL-10），以此探索 pBD114 对猪肺泡巨噬细胞 3D4/21 的免疫调节作用。为更加深入揭示 pBD114 在巨噬细胞中的免疫调节作用及机制，本试验分别用浓度为 0（MOCK 组）和 100 μg/mL 的 pBD114（PBD114 组）处理猪肺泡巨噬细胞 3D4/21 12 h，收集细胞培养液，通过转录组分析 pBD114 对 3D4/21 免疫调节相关基因表达的影响，并采用实时荧光定量 PCR（qRT-PCR）验证转录组测序结果。结果表明：1）适宜浓度的 pBD114 能够显著促进猪肺泡巨噬细胞 3D4/21 分泌 TNF-α和 IL-10（P<0.05），并且存在剂量依赖和时间效应。2）转录组测序表明，MOCK 组和 PBD114 组共鉴定出 1894 个差异表达基因（DEGs）。其中，与 MOCK 组相比，PBD114 组 CXC 基序趋化因子配体 2（*CXCL*2）、白细胞介素-1β（*IL*-1β）、集落刺激因子 3（*CSF*3）、白血病抑制因子（*LIF*）和白细胞介素-1α（*IL*-1α）等 1170 个基因显著上调[差异倍数（FC）≥ 2，校正 P 值（adjusted P-value）≤0.001]，B 细胞淋巴瘤 6β（Bcl6β）、B 细胞淋巴瘤 3（*Bcl*3）、CD2、CD4 和 CD83 等 724 个基因显著下调（FC≥ 2，adjusted P-value ≤0.001）。DEGs 基因本体（GO）功能注释主要分布在分子功能、细胞组分和生物过程，DEGs 数量分别是 1832、1844 和 1802 个；京都基因与基因组百科全书（KEGG）通路显著富集到 95 条（Q<0.05），其中肿瘤坏死因子（TNF）信号通路、丝裂原活化蛋白激酶（MAPK）信号通路、核因子-κB（NF-κB）信号通路、Toll 样受体（TLR）信号通路和白细胞介素-17（IL-17）信号通路等信号通路参与免疫激活，DEGs 数量分别是 38、66、33、29 和 27 个；蛋白质-蛋白质互作（PPI）和关键驱动分析（KDA）分析表明，*RELB*、TNF-α诱导蛋白 3（*TNFAIP*3）和 TNF 受体相关因子 1（*TRAF*1）等基因

基金项目：重庆市科研机构绩效引导专项（cstc2021jxjl80001）；重庆市博士后基金特别资助项目（21309）；

作者简介：李林峰（2000-），女，河北唐山人，硕士研究生，动物营养与饲料科学专业。手机：15713352745 E-mail：15713352745@163.com

* 通信作者：苏国旗，助理研究员，E-mail：master2015@163.com

在 pBD114 调节巨噬细胞免疫中起着关键作用。3）qRT-PCR 验证结果表明，8 个随机选择的 DEGs 的表达趋势与转录组测序结果一致。由此可见，pBD114 可以通过 *RELB*、*TNFAIP*3 和 *TRAF*1 等关键基因，以及 TNF、MAPK、NF-κB、TLR 和 IL-17 等信号通路激活巨噬细胞免疫。

关键词：猪β-防御素 114；巨噬细胞；免疫；炎症

6587 马克思克鲁维酵母 Sec16 蛋白的功能分析

潘婷，郭瑞婷，刘明*

（北京农学院 动物科学技术学院，北京 102206）[105]

摘要：本试验旨在通过 SEC 信号通路改造酵母，调控纤维素酶的分泌，深入研究 sec16 蛋白对马克斯克鲁维酵母分泌纤维素酶的调控机制，从而有效降低酵母蛋白-蛋白饲料的生产成本。选取 4 种氨基酸分别是亮氨酸、异亮氨酸、缬氨酸和苯丙氨酸，设置 4 个氨基酸浓度梯度，分别为 0、1、5 和 10 mM，每个处理 3 重复，培养 48 小时；分别提取酵母总 RNA，反转录成 cDNA，利用 qRT-PCR 检测目标基因，包括 *Sec16*、*Sarl*、*Sec23*、*CAJI*、*Sec63* 和 *PDI* 共计 6 条分泌信号通路相关基因的表达情况；Sec16 分别与 Sar1、Sec23 和 Sec12 进行 AI 蛋白互作分析，Sec16 共有 2294 aa，将 Sec16 分为 Sec16A（1-1095 aa）和 Sec16B（1096-2294 aa）两部分，Sec16A 和 Sec16B 分别与 Sar1、Sec23 和 Sec12 的氨基酸序列进行一对一精准蛋白互作分析：构建蛋白质互作的三维空间模型，分析蛋白质间结合的核心结构域，并对蛋白质互作的可能性进行置信度评分。置信评分大于 0.7 时，两个分子结合的可能性很大；置信评分在 0.5~07 之间时，两种分子有可能结合；置信评分低于 0.5 时，两种分子不太可能结合。结果表明：1）随着 4 种氨基酸浓度从 0 增加到 10 mM，酵母分泌的蛋白量显著下降；随着亮氨酸浓度的不同，酵母分泌的蛋白量下降的最为显著；随着亮氨酸浓度从 0 增加到 10 mM：酵母分泌的蛋白量显著下降（$P < 0.05$）；在培养 48 小时之后，相对于添加 1 mM 亮氨酸的对照组，未添加亮氨酸的实验组显著促进了酵母分泌的蛋白量（$P < 0.05$）。2）在对分泌信号通路相关基因的转录及表达水平进行比较后可知，在未添加亮氨酸的培养条件下，分泌信号通路相关基因的表达在诱导后期呈现出上调的趋势。在培养 8 小时后，分泌信号通路中的 *Sec16* 呈现上调表达；在培养 6 小时后，分泌信号通路的 *Sar1* 呈现上调表达；在培养 4 小时后，分泌信号通路中的 *Sec23* 呈现上调表达。3）AI 蛋白互作数据分析表明，Sec16 蛋白与 Sar1、Sec23 和 Sec12 蛋白互作的置信评分均大于 0.7，Sec16 蛋白与 Sar1、Sec23 和 Sec12 蛋白结合的可能性很大；其中 Sec16 蛋白与 Sar1 蛋白互作的置信评分高达 0.94，Sec16 蛋白与 Sar1 蛋白结合的可能性最大。由此可见，Sec16 蛋白与 Sar1 蛋白很可能参与 SEC 信号途径的应答反应，初步证明 Sec16 蛋白在马克斯克鲁维酵母的蛋白分泌中起重要作用。

关键词：马克思克鲁维酵母；Sec16 蛋白；蛋白分泌

---

* 通讯作者：刘明，教授，E-mail：liuming@bua.edu.cn

基金项目：北京农学院科技创新“火花行动”支持计划（BUA-HHXD2022011）；国家自然科学基金青年科学基金项目（32302777）

作者简介：潘婷（1999—），女，山东济南人，硕士研究生，研究方向为动物营养与饲料科学专业。手机：15269168852 E-mail：997649568@qq.com

6589 猪源解淀粉芽孢杆菌 SM12 对断奶小鼠肠道发育的影响

刘肖若薇，王启业，王鑫，耿春春，杨焕胜*

（湖南师范大学 生命科学学院 动物营养与人体健康实验室，湖南 410081）

摘要：本试验旨在研究高纤维素饲粮对小鼠肠道发育的影响，并探究具有纤维素体外降解能力的猪源解淀粉芽孢杆菌 SM12 在高纤维素饲粮下对小鼠肠道发育的作用。从健康三元母猪肠道内容物中用刚果红染色法分离出具有纤维素体外降解能力的细菌；通过测定 CMCase 比活力、耐热性、构建 DSS 诱导果蝇模型的方法进一步筛选出一株多功能益生菌。选取断奶后 3 周龄 C57BL/6J（公鼠）小鼠 32 只，随机分为 4 组（每组 3 个重复，每个重复 4 只）：对照组饲喂基础饲粮，试验组分别饲喂纤维素含量为 30%的高纤维素试验饲粮、添加解淀粉芽孢杆菌 SM12（10^9 CFU/kg）的试验饲粮、添加解淀粉芽孢杆菌 SM12（10^9 CFU/kg）且纤维素含量为 30%的高纤维素试验饲粮，试验期 21 d。结果表明：1）使用以羧甲基纤维素钠为唯一碳源的培养基，刚果红染色后筛选出十余株透明圈直径（T）与菌落直径(J)比值优越的菌株进行进一步筛选。最终筛选出 CMCase 比活力相对较强(0.12 U/ml)、强耐热性(92°，20 min 处理后存活率 39.8%)、能显著提高 DSS 肠炎模型果蝇生存率（P<0.05）的解淀粉芽孢杆菌 SM12。2）相较于普通饲粮组，饲粮添加 30%纤维素显著降低了小鼠体重和空肠绒毛高度（P<0.01）；显著提高了小鼠胃净重、小肠长度、大肠长度和小肠重量（P<0.01）；显著提高了小鼠大肠重量（P<0.05）。3）相较于饲喂高纤维素饲粮的小鼠，添加浓度为 10^9 CFU/kg 的 SM12 的高纤维素饲粮组显著提高了小鼠总重和空肠绒毛高度（P<0.05）；显著降低了小鼠大肠长度（P<0.05）；显著提高了小鼠空肠绒毛宽度和回肠绒毛宽度（P<0.01）。4）相较于普通饲粮组，添加 10^9 CFU/kg 的 SM12 普通饲粮组各生长性能指标均无显著差异。由此可见，普通饲粮添加浓度为 10^9 CFU/kg 的解淀粉芽孢杆菌 SM12 对小鼠没有负面影响；30%高纤维素饲粮对小鼠体重有负面影响，对小鼠肠道生长性能有促进作用；添加浓度为 10^9 CFU/kg 的解淀粉芽孢杆菌 SM12 能缓解高纤维素饲粮带来的影响，改善肠道形态结构，促进肠道发育。

关键词：解淀粉芽孢杆菌 SM12；猪源芽孢杆菌；纤维素降解菌；断奶小鼠；生长性能；肠道发育

基金项目：国家自然科学基金项目（32130099）

作者简介：刘肖若薇（2000—），女，湖南长沙人，硕士研究生，研究方向为动物营养与肠道健康。手机：13207490672， E-mail: 760204683@qq.com

*通信作者：杨焕胜，教授，E-mail: yhs@hunnu.edu.cn

6596 芪翁黄柏散对断奶仔猪生长性能及肠道屏障功能的调节作用

丁泽强，朱苗苗，袁浩洋，董丽，王洪荣，喻礼怀

（扬州大学动物科学与技术学院，扬州，225009）[106]

摘要：文章旨在研究日粮添加芪翁黄柏散对断奶仔猪生长性能及肠道屏障功能的调节作用。试验选取 40 日龄，体重接近的 180 头健康断奶仔猪，随机分为 3 组，每组 4 个重复，每个重复 15 头，分别饲喂基础饲粮+2kg/t 酸化剂+0.2kg/t 植物精油的对照组(CON)、饲喂基础饲粮+2kg/t 酸化剂+0.2kg/t 植物精+300g/t 芪翁黄柏散(300HB)和基础饲粮+500g/t 芪翁黄柏散(500HB)。预试期为 3 天，正试期为 20 天，统计仔猪生长性能、腹泻率以及试验期结束，仔猪屠宰后，分离收集仔猪的十二指肠、空肠及回肠，测定仔猪肠道绒毛形态和结构、杯状细胞数量、抗氧化酶活性、免疫球蛋白和细胞因子含量。采集结肠食糜，检测肠道微生物；结果表明：(1)相较于 CON 组，300HB 组与 500HB 组 ADG 分别提高了 10%、13.5%。F/G 分别降低了 8.5%和 7.9%。(2)500HB 组死淘率与对照组相比下降 1%，300HB 组和 500HB 组腹泻率与对照组相比分别下降 9.9%和 8.5%。(3)300g HB 组与 500HB 组的小肠绒毛高度和绒隐比显著高于对照组(P<0.01)；500HB 组的十二指肠与空肠隐窝深度显著低于 CON 组与 300HB 组(P<0.01)。(4)500HB 组血清过氧化氢酶（CAT）活力显著高于 300HB 组与 CON（P<0.01），500g 芪黄组超氧化物歧化酶（SOD）活力显著高于对照组(P<0.05)；300HB 组与 500HB 组十二指肠中 SOD、谷胱甘肽过氧化物酶（GSH-Px）和总抗氧化能力（T-AOC）活力显著高于对照组(P<0.05)；300HB 组与 500HB 组空肠中 CAT 和 T-AOC 活力显著高于对照组，500HB 空肠中 GSH-Px 活力显著高于 CON 组(P<0.05)；500HB 组回肠中 CAT、SOD 和 T-AOC 活力显著高于 CON 组(P<0.05)。(5)300HB 组与 500HB 组肿瘤坏死因-α(TNF-α)含量显著低于 CON 组(P<0.01)；500HB 组免疫球蛋白 G（IgG）含量显著高于 CON 组(P<0.05)。500HB 组十二指肠中 TNF-α 含量显著低于 CON 组与 300HB 组(P<0.01)，300HB 组 TNF-α 含量显著低于 CON 组(P<0.01)；300HB 组仔猪空肠中分泌型免疫球蛋白 A(sIgA)含量显著高于 CON 组(P<0.05)；500HB 组仔猪回肠中 sIgA 含量显著高于对照组(P<0.05)。(6)500HB 组的厚壁菌门(*Bacteroidetes*)丰度显著低于 300HB 组(P<0.05)，且与 CON 组相比下降了 4.13%；500HB 组的拟杆菌门(*Firmicutes*)丰度显著高于 300g 组(P<0.05)，且与 CON 组相比上升了 7.13%；300HB 组与 500HB 组的螺旋菌门(*Spirochaetes*)丰度都显著低于对照(P<0.05)。(7)300HB 组与 CON 组相比，普雷沃菌属和普雷沃氏菌科 NK3B31 属分别上升 1.67%、1.64%；

[106] 第一作者简介：丁泽强，男，硕士，E-mail：961719245@qq.com

通讯作者：喻礼怀（1977-），男，副教授，主要从事猪的营养代谢与调控研究，E-mail:lhyu@yzu.edu.cn

与 CON 组和 500HB 组相比，300HB 组的罗氏菌属(*Roseburia*)显著升高(P<0.05)。结论：断奶仔猪日粮中添加芪翁黄柏散可一定程度提高断奶仔猪生长性能，改善断奶仔猪肠道绒毛发育，提高仔猪肠道抗氧化功能，进而增强仔猪肠道物理和化学屏障功能。推荐添加量为 500g/t；断奶仔猪日粮中添加芪翁黄柏散可减少断奶仔猪血清和肠道中促炎细胞因子的分泌，增加仔猪血清和肠道中免疫球蛋白的分泌，进而提高仔猪肠道免疫屏障功能；断奶仔猪日粮中添加芪翁黄柏散可优化断奶仔猪肠道菌群结构，增强仔猪肠道微生物屏障功能。

关键词：芪翁黄柏散；断奶仔猪；生长性能；肠道屏障功能

65994-萜品醇对氧化应激断奶仔猪结肠形态结构、抗氧化功能和免疫功能的调节作用

孙中伟，侯宇轩，李慧敏，董丽，王洪荣，喻礼怀

（扬州大学动物科学与技术学院，扬州，225009）[107]

摘要：本文旨在研究茶树油主要成分 4-萜品醇(Terpinen-4-ol,TER)对过氧化氢(H_2O_2)诱导氧化应激断奶仔猪结肠形态结构、抗氧化功能和炎症因子的调节作用。试验选取 21 日龄断奶的 28 日龄健康仔猪(杜×(长×大))32 头，随机分为 4 个处理组：(1)对照组(CON 组)；(2)过氧化氢组(H_2O_2 组)；(3)过氧化氢+4-萜品醇组(H+T 组)；(4)4-萜品醇组(TER 组)。CON 组和 H_2O_2 组饲喂基础日粮，H+T 组和 TER 组以基础饮食补充 60 mg/kg TER。预试期 3 天，正试期 21 天，试验第 15 天和第 18 天 H_2O_2 组和 H+T 组分别腹腔注射 1 mL/kg BW 10% H_2O_2，CON 组和 TER 组分别腹腔注射 0.9%无菌生理盐水。测定仔猪结肠形态、结肠抗氧化功能和免疫功能。结果表明：(1)与 CON 组相比，H_2O_2 组仔猪结肠粘膜层明显变薄，隐窝数量减少，排列稀疏，隐窝深度极显著降低(P<0.01)。与 H_2O_2 组相比，H+T 组仔猪结肠组织结构基本正常，粘膜层隐窝数量较多，隐窝深度极显著提高(P<0.01)。(2)与 CON 组相比，H_2O_2 组仔猪结肠谷胱甘肽过氧化物酶(Glutathione peroxidase, GSH-Px)、过氧化氢酶(Catalase, CAT)活力极显著降低(P<0.01)。与 H_2O_2 组相比，H+T 组 CAT 酶活力极显著增加(P<0.01)，TER 组抗氧化酶总抗氧化能力(Total antioxidant capacity, T-AOC)、CAT 和谷胱甘肽过氧化物酶(Glutathione peroxidase, GSH-Px)活力显著增加(P<0.05)，丙二醛(Malondialdehyde, MDA)含量显著降低(P<0.05)。(3)与 CON 组相比，H_2O_2 组仔猪结肠白细胞介素-1β(Interleukin-1β, IL-1β)含量显著增加(P<0.05)，白细胞介素-10(Interleukin-10, IL-10)含量显著降低(P<0.05)；与 H_2O_2 组相比，H+T 组仔猪结肠 IL-1β含量极显著降低(P<0.01)，肿瘤坏死因子-α(Tumor necrosis factor-α, TNF-α)含量显著降低(P<0.05)。综上，在基础日粮中添加 4-萜品醇能够减轻 H_2O_2 诱导的氧化应激仔猪结肠损伤，能够有效提高氧化应激仔猪结肠抗氧化能力，并且一定程度上缓解结肠的炎症反应。

关键词：4-萜品醇；氧化应激；断奶仔猪；结肠；抗氧化

[107]第一作者简介：孙中伟，男，硕士，E-mail：szhwei777@163.com

通讯作者：喻礼怀，男，副教授，E-mail：lhyu@yzu.edu.cn

66014-萜品醇对免疫应激仔猪肠上皮细胞稳态的调节作用

周杨淑，王梦璇，董丽*

（扬州大学动物科学与技术学院，扬州，225009）[108]

摘要:前期研究发现 4-萜品醇能够缓解应激后的仔猪肠道损伤，增强肠道屏障功能，而 4-萜品醇对仔猪肠道干细胞的作用研究较少，因此，本试验旨在研究 4-萜品醇对免疫应激仔猪肠上皮细胞稳态的调节作用及探究日粮中添加 4-萜品醇调节免疫应激仔猪肠上皮细胞稳态的潜在作用机制。本试验选取 40 头 21 日龄断奶的 28 日龄（15~18 kg）健康杜×长×大仔猪，随机分为 5 个处理组：对照组（CON 组，饲喂基础日粮）、脂多糖刺激组（LPS 组，饲喂基础日粮）、低、中、高剂量 4-萜品醇组（LT+P 组、MT+P 组、HT+P 组，分别饲喂基础日粮加 30 mg/kg 、60 mg/kg 、90 mg/kg TER）。每组 8 头仔猪，单栏饲养，预试期 3 天，正试期 21 天，在第 21 天（取样前 6 h）LPS 组、LT+P 组、MT+P 组和 HT+P 组仔猪腹腔注射 100 ug/kg 体重的 LPS，CON 组腹腔注射相应剂量 0.9%的无菌生理盐水。结果表明：（1）与 CON 组相比，MT+P 和 HT+P 组仔猪平均日增重（ADG）和平均日采食量（ADFI）显著提高（P<0.05），LT+P 组料重比显著降低（P<0.05），TER 各组仔猪的腹泻率显著降低（P<0.05）。（2）与 CON 组相比，LPS 组仔猪空肠和回肠绒毛形态结构紊乱，空肠的绒毛高度以及空、回肠绒隐比显著降低（P<0.05）；相比于 LPS 组，TER 各组肠道绒毛形态结构较完整，绒毛横切面较宽，TER 各组仔猪空肠和 HT+P 组回肠的绒毛高度、绒隐比显著增高（P<0.05）。（3）与 CON 组相比，LPS 组断奶仔猪空、回肠隐窝 Ki67 阳性细胞数以及 Ki67 基因表达显著降低（P<0.05），添加中、高剂量 TER 显著增加仔猪空、回肠 Ki67 阳性细胞数（P<0.05）并提高 Ki67 基因表达（P<0.05）。（4）与 CON 组相比，LPS 组仔猪回肠 Lgr5 基因以及空、回肠 Lgr5 蛋白表达显著降低（P<0.05）；相比于 LPS 组，LT+P 组仔猪空肠以及 MT+P 组、HT+P 组回肠 Lgr5 和 Bmi1 基因表达显著增高（P<0.05）且 TER 各组仔猪空肠和 MT+P 组回肠 Lgr5 蛋白相对表达显著提高（P<0.05），其中 HT+P 组相比于 MT+P 组仔猪回肠 Lgr5 蛋白相对表达显著降低（P<0.05）。（5）与 CON 组相比，LPS 组仔猪空、回肠杯状细胞数以及 Muc2 阳性细胞分泌显著降低（P<0.05）；相比于 LPS 组，MT+P 组仔猪空、回肠杯状细胞数显著增加（P<0.05），TER 各组仔猪空肠和回肠 Muc2 阳性细胞分泌显著增加（P<0.05）。（7）相

作者简介：周杨淑（2000—），女，江苏南通人，硕士研究生，研究方向猪的营养代谢与调控。E-mail： 18762496897@139.com

*通信作者：董丽，副教授，硕士生导师，E-mail: donglijiayou@126.com

比于 CON 组，LPS 组仔猪空肠 Wnt1、TCF4 和 Cyclin D1 以及回肠 Wnt1、β-catenin 和 TCF4 基因表达显著降低（P<0.05），空肠 c-Myc 基因表达显著提高（P<0.05），TER 各组仔猪空肠 Wnt1、β-catenin、Cyclin D1 基因表达以及回肠 Wnt1、β-catenin、TCF4、c-Myc 基因表达与 LPS 组相比显著提高（P<0.05）。（8）与 CON 组相比，LPS 组仔猪空、回肠细胞核β-catenin 蛋白相对表达显著降低（P<0.05）；仔猪空肠 MT+P 组、HT+P 组与回肠 LT+P 组、MT+P 组细胞核β-catenin 蛋白相对表达与 LPS 组相比显著增高（P<0.05）。综上，在断奶仔猪日粮中添加 4-萜品醇能够改善肠道绒毛隐窝结构，提高仔猪生长性能，降低腹泻率，建议添加剂量 60 mg/kg；LPS 能够减少仔猪肠上皮细胞增殖和肠干细胞数量，减少肠干细胞分化细胞数量，导致肠上皮细胞稳态失衡；而 4-萜品醇可能通过 Wnt/β-catenin 信号通路调节免疫应激仔猪肠上皮细胞稳态。研究结果可为 4-萜品醇在仔猪中的应用提供参考并为仔猪肠道损伤提供新的营养调控靶点。

6602 饲粮添加吲哚-3-醛对断奶仔猪生长性能、肠上皮功能及肠道微生物区系的影响

张若凡，王孟婷，朱伟云，余凯凡*

（国家动物消化道营养国际联合研究中心，江苏省消化道营养与动物健康重点实验室，南京农业大学动物科技学院，南京 210095）

摘要：本试验旨在探究饲粮添加吲哚-3-醛对断奶仔猪生长性能、肠上皮发育和屏障功能以及肠道菌群组成的影响。试验选取 24 头 28 日龄体重相近的断奶仔猪，随机分为 3 组，每组 8 个重复：对照组饲喂基础饲粮，试验组分别饲喂基础饲粮中添加 100 mg/kg（ICA100）和 200 mg/kg 吲哚-3-醛（ICA200）的试验饲粮。试验期 14 天，仔猪单栏饲养，自由采食和饮水。第 14 天对照组和 ICA100 组仔猪进行屠宰采样。结果显示：1）饲粮添加 ICA 对断奶仔猪的平均日增重和平均日采食量无显著差异（$P > 0.05$），但 100 mg/kg ICA 显著降低了断奶仔猪在 0~14 天的料重比（$P < 0.05$）。2）对照组和 ICA100 组仔猪心、肝、脾、胰腺等器官重和指数无显著差异（$P > 0.05$），但 ICA100 组空肠、回肠、结肠的肠道指数显著高于对照组（$P < 0.05$）。3）饲粮添加 100 mg/kg ICA 上调了肠内增殖细胞核抗原（PCNA）的表达（$P < 0.05$），但对断奶仔猪肠道形态、通透性以及屏障相关基因、炎症相关基因的表达无明显影响（$P > 0.05$）。4）体外研究结果显示，15 μM ICA 上调了芳香烃受体（AHR）和增殖标志物 PCNA 和 Cyclin D1 蛋白的表达（$P < 0.05$），促进了 IPEC-J2 细胞的增殖。5）饲粮添加 100 mg/kg ICA 一定程度改变了结肠食糜菌群的组成和结构，提高了微生物多样性，显著降低了 Fibrobacterota 菌门和 *Alloprevotella*、*Prevotella*、*Parabacteroides* 属的相对丰度（$P < 0.05$），增加了 *Butyrivibrio* 属的丰度。5）饲粮添加 100 mg/kg ICA 显著提高了结肠食糜中乙酸的浓度（$P < 0.05$），但对丙酸、丁酸、总短链脂肪酸浓度无显著影响（$P > 0.05$）。综上，饲粮添加吲哚-3-醛可促进肠道上皮增殖，降低断奶仔猪的料重比；吲哚-3-醛部分调节肠道菌群的组成和代谢产物的浓度，研究揭示了肠道代谢物吲哚-3-醛对断奶仔猪肠道发育的调节作用。

关键词：吲哚-3-醛；肠上皮增殖；肠屏障功能；肠道菌群；断奶仔猪

6616 饲粮添加胍基乙酸对低出生重仔猪断奶后生长性能、养分消化、能量代谢和肌肉发育的影响

宋倞汇 1，胡亮 1，刘阳 1，方正锋 1，林燕 1，徐盛玉 1，冯斌 1，卓勇 1，吴德 1，Peter Loibl 2，车炼强 1

（1.四川农业大学动物营养研究所，成都 611130；2. Alzchem Trostberg GmbH, Dr.-Albert-Frank-Str. 32, Trostberg, Germany 83308）[109]

摘要：本试验旨在考察饲粮中添加胍基乙酸（Guanidinoacetic acid，GAA）对低出生重仔猪断奶后生长性能、养分消化、能量代谢和肌肉发育的影响。试验采用 2×2 因子设计，选取 60 对正常出生体重（NBW, 1.94±0.14 kg）和低出生体重（LBW，1.17±0.12kg）仔猪，母乳饲喂至 21 日龄断奶（5.11kg vs 7.06kg），将两种断奶体重仔猪随机分配到基础饲粮处理组（CON）或基础饲粮添加 1000 mg/kg GAA 处理组，共 4 个处理组：LBW-CON，NBW-CON，LBW-GAA 和 NBW-GAA。每个处理 10 个重复，每个重复 3 头仔猪，仔猪断奶后饲喂 28 天。采用 SAS 9.4 中的 PROC MIXED 程序进行统计分析，当观察到显著的主效应或交互效应时，采用 Tukey 法进行多重比较，所有结果以 P<0.05 为显著差异判断标准。结果表明：1）LBW 仔猪断奶后干物质、总能和粗蛋白质消化率均显著低于 NBW 仔猪（P <0.05），总氨基酸消化率也有降低的趋势（P =0.05）。2）与 NBW 仔猪相比，LBW 显著降低了仔猪断奶后平均日采食量、平均日增重及末重（P<0.05）；饲粮中添加 GAA 显著提高了试验第 14～28 天仔猪平均日增重（+14.6%，P<0.05）和平均日采食量（+7.5%，P<0.05）。3）LBW 仔猪断奶后背最长肌乳酸脱氢酶与β-羟基酰基-辅酶α-脱氢酶活性比例高于 NBW 仔猪（P=0.09），添加 GAA 有提高仔猪背最长肌肌酸激酶活性的趋势（P=0.06）。4）LBW 仔猪断奶后慢肌纤维比例显著低于 NBW 仔猪（P<0.05），而快肌纤维比例显著高于 NBW 仔猪（P<0.05）。饲粮添加 GAA 显著提高了仔猪断奶后慢肌纤维的数量和比例（P<0.05），显著降低了快肌纤维比例（P<0.05），并有降低快肌纤维数量的趋势（P=0.06）。5）饲粮添加 GAA 上调了仔猪断奶后背最长肌 mTOR、Akt、eIF4E 和 MyHC Ⅰ的基因表达（P<0.05）。本研究结果表明，LBW 对仔猪生后的生长性能和肌肉发育不利，饲粮添加 GAA 可改善 LBW 仔猪断奶后生长性能和肌肉发育，这与 GAA 提高机体能量代谢状态和促进肌纤维类型转换有关。

关键词：胍基乙酸，低出生重，生长性能，养分消化，能量代谢，肌肉发育

---

[109] 基金项目：本研究受到德国 Alzchem 化工有限公司和国家生猪产业体系（CARS-35）资助。

作者简介：宋倞汇（1999—），男，四川省乐山市人，硕士研究生，从事动物营养与饲料科学研究。手机：15984378797。E-mail: 735572143@qq.com

*通讯作者：车炼强，教授，博士生导师，E-mail：Che.lianqiang@sicau.edu.cn

6637 饲料中呕吐毒素和玉米赤霉烯酮脱毒菌的筛选及脱毒效果评价

张璐瑶 1,2，王永伟 2，范志勇 1，何贝贝 2*

（1. 湖南农业大学动物科学技术学院，湖南 长沙 410125；2. 国家粮食和物资储备局科学研究院粮食品质营养研究所，北京 100037）[110]

摘要：猪饲料中毒素污染严重，主要以呕吐毒素（DON）、玉米赤霉烯酮（ZEN）等为主要种类。目前市场上缺乏高效安全且能同时降解多种毒素的的新型饲料添加剂。本试验旨在筛选能有效脱除饲料中 DON 和 ZEN 的脱毒菌并对其脱毒效果及脱毒机制进行评价。收集本实验室保存或在菌种库购买的脱毒菌种（乳酸菌、芽孢杆菌、酵母菌、霉菌等），以含 DON（3500 μg/kg）和 ZEN（2500 μg/kg）的毒素玉米为发酵底物，设置接种量 $1*10^7$ CFU/g、料水比 1：0.6、发酵温度 32 ℃、发酵时间 48 h 分别进行单菌发酵试验，筛选出对玉米中 DON 和 ZEN 脱除率最高的戊糖片球菌、植物乳杆菌和酿酒酵母菌；随后以筛选出的 3 株菌为单因素，各单菌分别设置 $1*10^6$、$1*10^7$、$1*10^8$ CFU/g 接种水平，以 DON 和 ZEN 脱除率为指标，设计 L9（3^4）正交试验，找到 3 株菌对 DON 和 ZEN 毒素脱除的最优组合；并利用高温灭活及上清液提取法，研究筛选出的 3 株菌对 DON 和 ZEN 毒素的脱除机制。结果表明：（1）实验室保存和菌种库购买的菌中，戊糖片球菌、植物乳杆菌、酿酒酵母对玉米中 DON 和 ZEN 毒素脱除率最高，3 株菌发酵玉米后对 DON 的脱除率分别为 33.45%、25.73%、28.03%（$P<0.05$），对 ZEN 的脱除率分别为 70.51%、74.08%、73.75%（$P<0.05$）。（2）通过对戊糖片球菌、酿酒酵母菌、植物乳杆菌不同接种量进行正交试验，当 3 株菌接种量组合分别为 $1*10^8$、$1*10^7$、$1*10^6$ CFU/mL 发酵玉米时，对 DON 脱除率最高，可达到 61.83%（$P<0.05$）；接种量组合分别为 $1*10^8$、$1*10^8$、$1*10^8$ CFU/mL 发酵玉米时，对 ZEN 脱除率最高，可达到 75.94%（$P<0.05$）。（3）在液态基质中，戊糖片球菌、植物乳杆菌、酿酒酵母菌体细胞未灭活时对 DON 脱除率分别为 86.88%、93.62%、94.96%（$P<0.05$），菌体细胞灭活后对 DON 脱除率分别为 80.18%、84.48%、93.21%（$P<0.05$）；戊糖片球菌、植物乳杆菌、酿酒酵母上清液未灭活时对 DON 脱除率分别为 8.389%、6.55%、5.2%（$P<0.05$），上清液灭活后对 DON 脱除率分别为 3.84%、3.85%、2.51%（$P<0.05$），说明三株菌对 DON 脱除主要通过菌体细胞的吸附作用，其菌体细胞分泌酶对毒素的降解效果较弱。由此可见，用本试验筛选出的戊糖片球菌、植物乳杆菌和酿酒酵母进行一定的配比组合，可通过固态发

---

[110] 基金项目：国家重点研发计划专项（2021YFD1300300）。

作者简介：张璐瑶（1999-），女，甘肃庆阳人，硕士硕士，研究方向为动物营养与饲料科学。E-mail: 545483011@qq.com

*通信作者：何贝贝，助理研究员，Email：hbb@ags.ac.cn

酵有效吸附脱除玉米中 DON 和 ZEN 毒素，为多种霉菌毒素的同步降解及新型饲料添加剂的研发提供了基础。

关键词：呕吐毒素；玉米赤霉烯酮；戊糖片球菌；植物乳杆菌；酿酒酵母；毒素脱除；玉米

6654 栀子对断奶仔猪生长性能、肠道发育、抗氧化能力和微生物区系的影响

刘世龙 1,2，张贝贝 1，徐晓明 1，田敏 1，邱月琴 1，杨雪芬 1*，蒋宗勇 1

（1. 广东省农业科学院动物科学研究所，畜禽育种国家重点实验室，农业农村部华南动物营养与饲料重点实验室，广东省畜禽育种与营养研究重点实验室，岭南现代农业科学与技术广东省实验室茂名分中心，广州 510640；2. 华南农业大学兽医学院，广州 510640）[111]

摘要：本试验旨在研究不同添加水平栀子对断奶仔猪生长性能、血清生化、抗氧化能力、肠道发育及微生物区系的影响。试验选取 144 头 21 日龄杜×（大×长）断奶仔猪，随机分为 4 组（每组 6 个重复，每个重复 6 头猪）：对照组饲喂基础饲粮，试验组饲喂分别添加 0.4、0.6 和 0.8 %栀子的试验饲粮，试验期 30 d。结果表明：1）与对照组相比，饲粮添加栀子对断奶仔猪平均日增重（ADG）、平均日采食量（ADFI）和料重比均无显著影响（*P*>0.05）；但饲粮添加 0.8 %栀子可显著降低仔猪腹泻率（*P*<0.05）。2）与对照组相比，饲粮添加 0.4、0.6 和 0.8 %栀子均可提高血清低密度脂蛋白（LDL）和白介素-10（IL-10）含量（*P*<0.05）；添加 0.6 和 0.8 %栀子显著提高血清谷丙转氨酶（ALT）、胆固醇（CHO）和总胆红素（TBil）含量（*P*<0.05）。3）血常规分析表明，与对照组相比，饲粮添加 0.4 和 0.6 %栀子可显著降低中性粒细胞、淋巴细胞和单核细胞绝对值（*P*<0.05）；饲粮添加 0.4、0.6 和 0.8 %栀子均可提高平均血红蛋白浓度（*P*<0.05）；饲粮添加 0.4 %栀子可降低血小板压积（*P*<0.05）。4）与对照组相比，饲粮添加 0.4 和 0.8 %栀子显著降低血清丙二醛（MDA）水平，但显著提高总抗氧化能力（T-AOC）水平（*P*<0.05）；添加 0.4 %栀子显著提高血清总超氧化物岐化酶（T-SOD）活性，并提高肝脏 T-AOC 水平，以及过氧化氢酶（CAT）和总超氧化物岐化酶（T-SOD）活性（*P*<0.05）；添加 0.8 %栀子显著降低空肠丙二醛（MDA）水平。5）与对照组相比，饲粮添加 0.8 %栀子显著增加了仔猪十二指肠和回肠绒毛长度，并提高了回肠绒毛/隐窝比值（*P*<0.05）。6）与对照组相比，饲粮添加 0.4 和 0.6 %栀子显著提高空肠谷氨酸半胱氨酸连接酶催化亚基（GCLC）基因表达水平（*P*<0.05）；添加 0.6 %栀子显著提高谷氨酰半胱氨酸连接酶修饰亚基（GCLM）和封闭蛋白 1（Caludin-1）基因表达水平（*P*<0.05）；添加 0.6 和 0.8 %栀子显著提高血红素氧合酶-1（HO-1）和闭锁连接蛋白-1（ZO-1）基因表达水平（*P*<0.05）；

---

[111] 基金项目：2023 年度猪禽种业全国重点实验室开放课题（2023GZ04）

作者简介：刘世龙（1994—），男，河南平顶山人，博士研究生，从事仔猪肠道健康研究。手机：13265375897 E-mail: 2496662828@qq.com

*通信作者：杨雪芬，研究员，E-mail: yangxuefen@gdaas.cn

添加 0.8 %栀子显著提高封闭蛋白（Occludin）基因表达水平（P<0.05）。7）与对照组相比，饲粮添加 0.8 %栀子显著提高结肠菌群普雷沃氏菌属的相对丰度（P<0.05）。综上，饲粮添加 0.4 和 0.6 和 0.8 %栀子可提高仔猪抗氧化能力；其中，饲粮添加 0.8 %栀子可调节结肠有益菌比例，缓解肠黏膜损伤，提高肠道紧密连接蛋白表达水平和抗氧化能力，从而缓解仔猪腹泻。

关键词：栀子；断奶仔猪；生长性能；抗氧化；微生物区系

6659 饲粮中添加β丙氨酸对母猪繁殖性能及其子代肠道形态结构的影响

张伟东，王兆斌，王茜茜，王启业，杨焕胜

（湖南师范大学 生命科学学院 动物营养与人体健康实验室，湖南 410081）[112]

摘要：本研究旨在研究妊娠后期（妊娠 90d-断奶）饲粮中添加β-丙氨酸对母猪繁殖性能及其子代生长性能和肠道形态结构的影响，为β-丙氨酸在母猪饲粮中的应用提供理论依据。选择 24 头第 2～6 胎(胎次相近的) 妊娠后期（90±3）巴克夏母猪，按胎次和体况分为 3 组，每组 8 个重复，每个重复 1 头母猪。对照组饲喂基础日粮，2 个试验组在饲喂基础日粮的基础上分别添加不同含量的β-丙氨酸：试验 1 组（250 mg/kg β-丙氨酸）和试验 2 组（500 mg/kg β-丙氨酸），饲喂期为妊娠期 90d 至哺乳期结束。结果表明：(1)繁殖性能：母猪从妊娠期 90d 至哺乳期结束，背膘厚度逐渐下降。然而，在哺乳期 21d，补充 0.05%β-丙氨酸的试验母猪的背膘厚有显著增加的趋势（$P = 0.067$），同时，该组的妊娠后期采食量显著下降（$P = 0.045$），哺乳期采食量显著上升（$P = 0.004$）。从产仔性能来看，补充β-丙氨酸的总产仔数有明显上升的趋势（P =0.074），其他指标差异不显著。(2)脏器指数：本研究对初生仔猪进行屠宰取样。研究结果显示，补充 0.025%β-丙氨酸的母猪后代胃重、胃指数均显著增加（$P < 0.05$）。此外，补充 0.050%β-丙氨酸的母猪子代小肠长度指数和大肠长度指数均显著上升。研究发现，补充 0.050%β-丙氨酸的母猪子代在哺乳期 21d 时的屠宰体重显著增加。补充 0.025%β-丙氨酸的母猪子代在哺乳期 21d 时的肝脏指数显著下降。其他指标差异不显著。(3)空肠回肠组织学分析：0d 出生仔猪空肠绒毛高度实验组相较于对照组显著增高（$P < 0.05$），而补充 0.025%β-丙氨酸与补充 0.05%β-丙氨酸实验组无显著差异，其中补充 0.05%β-丙氨酸的隐窝深度最浅，而补充 0.025%β-丙氨酸隐窝深度最深，对照组在两者之间（$P < 0.05$）。0d 出生仔猪空肠绒毛高度与隐窝深度无显著差异。断奶仔猪空肠补充 0.025%β-丙氨酸实验组绒毛高度较对照组显著缩短（$P < 0.05$）而 0.025%β-丙氨酸实验组隐窝深度较对照组显著加深（$P < 0.05$），断奶仔猪回肠绒毛高度两组实验组较于对照组显著增长（$P < 0.05$）其余无显著差异。由此可见，妊娠后期母猪日粮中补充适宜水平的β-丙氨酸会对母猪繁殖性能及后代表观性状和肠道形态产生较大影响。

关键词：β丙氨酸；妊娠母猪；繁殖性能；肠道发育；表观性状

---

[112] 基金项目：国家自然科学基金项目（32130099）

作者简介：张伟东（1998—），男，安徽芜湖人，硕士研究生，从事动物营养与健康养殖研究。

手机：17852581372 E-mail: 1852214922@qq.com

*通信作者：杨焕胜，教授，E-mail: yhs@hunnu.edu.cn

6668 饲粮补充酵母硒对荣昌商品猪肠道屏障和肠道菌群的影响

邱小宇 1,2，周晓容 1,2，王琪 1,2，王敬 1,2，杨飞云 1,2，齐仁立 1,2

（1. 重庆市畜牧科学院，重庆荣昌 402460；2. 生猪技术创新中心，重庆荣昌 402460）[113]

摘要：本研究旨在通过在育肥阶段猪饲粮中添加适量酵母硒，明确酵母硒对猪肠道屏障功能和肠道菌群的影响，相关结果有助于进一步揭示有机硒对肠道健康的调控作用。（材料与方法）试验选用体重相近的荣昌×约克夏二元杂交商品猪 48 头，随机分为两组，对照组饲喂基础饲粮，试验组饲喂额外添加 0.5 mg/kg 酵母硒的基础饲粮，持续 48 天。试验结束时，每组选 6 头猪屠宰后采集血液、回肠肠壁和结肠内容物用于生化指标、肠道形态结构和肠道菌群分析。结果表明：1）与对照组相比，试验组猪的肠壁肌层厚度极显著增加（$P<0.001$），紧密连接蛋白 Zo-1（$P<0.01$)和 Claudin（$P=0.057$）表达水平提高，但小肠绒毛高度降低（$P<0.05$）。肠道杯状细胞数量和 sIgA 水平略提高，但差异不显著。2）基于 16sr DNA 测序的微生物组分析发现两组猪的结肠菌群存在一定的区别。与对照组相比，试验猪的肠道菌群 alpha 多样性有轻微的减少，Chao 指数、Shannon 指数略降低而 Simpson 指数略升高，但差异不显著（$P>0.05$)。对两组的猪结肠微生物组成和结构进一步分析发现，两组猪的肠道微生物均以厚壁菌门、拟杆菌门和螺旋体菌门为主，其中厚壁菌门占据主导地位。与对照组相比，试验组猪只的瘤胃球菌属、副杆菌属（parabacteroides）和 norank 的 UCG-10 菌群的相对丰度显著增加（$P<0.05$）；而克里斯藤森氏菌 R7 菌群、NK4A214 菌群、理研菌科 RC9 菌群、norank 的 F082 菌群、梭状芽孢杆菌 UCG-014（Clostridia）、UCG-005、未分类的伯克霍尔德氏菌（Burkholderiales）、UCG-010 和丹毒丝菌科（Erysipelotrichaceae）的相对丰度则显著减少（$P<0.05$）。其中，典型的条件性致病菌梭状芽孢杆菌 UCG-014 菌的相对丰度在试验组猪结肠内极显著的减少（$P<0.01$）。3）使用 Picrust2 软件来预测两组微生物代谢功能的差异。与对照组相比，有机硒组的微生物功能预测结果大致相似，其中，氨基酸代谢在两组微生物功能之间的变化相对明显，分析原因可能是由于硒直接参与了大量氨基酸合成与代谢，如蛋氨酸、半胱 氨酸、络氨酸、色氨酸等。总之，饲粮补充有机硒一定程度上强化了猪的肠道屏障结构和免疫功能，增加瘤胃球菌、普雷沃菌等功能菌丰度，对肠道健康产生积极的影响。

关键词：酵母硒；肠道屏障；肠道微生物；猪

---

[113] 基金项目：荣昌猪降本增效营养供给关键技术研究与应用（NCTIP-XD/B04）；生孢梭菌代谢色氨酸产生吲哚-2-丙酸调控猪肌肉生长的机制研究（32272830）；荣昌猪肉品质评价与特色优质产品生产关键技术研究（cstc2020ngzx0005）

作者简介：邱小宇（1992-），男，四川犍为县人，硕士，助理研究员，从事动物营养与饲料研究。手机：15736017004，E-mail: qiuxiaoyu7004@sina.com

*通讯作者：齐仁立（1982-），研究员，E-mail：qirenli1982@163.com

6669 关键窗口期补充谷氨酸对沙子岭猪不同部位组织脂质代谢的影响及其作用机制

郑昌炳 1，段叶辉 1，印遇龙 1,2

（1. 中国科学院亚热带农业生态研究所，动物营养生理与代谢过程湖南省重点实验室，畜禽养殖污染控制与资源化技术国家工程实验室，中国科学院亚热带农业生态过程重点实验室，长沙 410125；2. 中国科学院大学，北京 100049）[114]

摘要：我们前期研究表明，150~210 日龄是沙子岭猪氨基酸、脂肪酸和代谢物变化的关键窗口期，且谷氨酸代谢是沙子岭猪肉风味的主要代谢途径，其含量可作为沙子岭猪 EAA、NEAA、风味 AA 和甜味 AA 含量的指示标志物。基于以上结果，本试验旨在进一步研究关键窗口期补充谷氨酸对沙子岭猪不同部位组织脂质代谢的影响及其作用机制。试验选取 48 头健康沙子岭阉公猪（150 日龄，30.4±1kg），随机分成 2 组：对照组和谷氨酸组（在基础饲粮中添加 1%谷氨酸）。每组 6 个重复，每个重复 4 头猪，自由采食和饮水，饲养 51 天后，每组选择 6 头屠宰取样。结果表明：1）与对照组相比，日粮添加 1% Glu 增加了沙子岭猪日采食量、日增重和末重，且增加了瘦肉率，降低了脂肪率（$P < 0.05$）；2）日粮补充 1% Glu 增加了肌肉中肌苷酸（IMP）、肌内脂肪含量（IMF）；3）日粮添加 1% Glu 提高背最长肌 Glu 含量（$P < 0.05$），且背最长肌中 Glu 含量和瘦肉率呈显著正相关（$P < 0.05$）；4）日粮补充 1% Glu 增加背最长肌 MUFAs 含量，降低 C18:2n6 和 n6 PUFAs、PUFAs 含量和 PUFA/SFA 比例。在肝脏中，补充 1% Glu 增加 n3 PUFAs 含量并降低 n6/n3 PUFAs 比例（$P < 0.05$）。补充 1% Glu 对脂肪组织脂肪酸组成无显著影响；5）日粮添加 1% Glu 显著增加背最长肌脂肪合成代谢相关基因（*FAS*、*SREBP*-1*C*）和肌纤维生长相关基因（*MyHC Ⅱb*、*MyHC Ⅱx*）的 mRNA 表达水平，提高肝脏脂质分解和β氧化相关基因（*HSL*、*CPT*-1*B*、*PPARα*、*ACOX*1）的 mRNA 基因表达丰度，提高背脂中 *HSL*、*AMPKα*、*SIRT*1、*Leptin* 及 *Visfatin* 的 mRNA 表达丰度；6）日粮补充 1% Glu 增加结肠内 *spirochaetae* 丰度及乙酸含量（$P < 0.05$）。7）皮尔森相关性分析表明，结肠乙酸水平和 *spirochaetae* 丰度及背最长肌中 IMF 含量呈显著正相关，与脂肪率呈显著负相关（$P < 0.05$）。结论：本试验中日粮添加 1% Glu 增加了沙子岭猪瘦肉率并减少脂肪率，同时促进背最长肌中脂肪合成基因的 mRNA 表达和背脂、肝脏中脂肪分解代谢等相关基因的 mRNA 表达，进而改变背肌、肝脏和背脂中脂肪酸组成并提高背肌 IMF 含量。

---

[114] 基金项目：国家自然科学基金项目（U19A2037）

作者简介：郑昌炳（1995—），男，博士研究生，从事猪氨基酸营养与肉品质调控研究。E-mail：chamdpion@stu.hunau.edu.cn

*通讯作者：段叶辉，副研究员，E-mail: duanyehui@isa.ac.cn；印遇龙，院士，博士生导师，E-mail：yinyulong@isa.ac.cn

谷氨酸的这种有益作用可能通过骨骼肌-乙酸（*spirochaetae*）轴来发挥作用，进而差异性调控机体中不同组织的脂肪代谢。

关键词：沙子岭猪；肉品质；氨基酸；脂肪酸；脂肪代谢