



迷你猪。前面兽医。科学。9:902328. doi: 10.3389/fvets.2022.902328

## OPEN ACCESS

### 编辑:

弗朗西斯科·盖  
，意大利国家研究委员会

### 审核人:

爱奥内利亚·  
塔拉努，国家研究发展部 罗马  
尼亚动物生物学和营养研究所  
梅拉。D. 萨利赫，  
亚速尔群岛大学，葡萄牙

### \*Correspondence:

孔祥峰  
nnkxf@isa.ac.cn  
Hengjia  
Ni  
nihengjia@isa.ac.cn

### 专业部分:

这篇文章提交给动物营养和代  
谢，杂志的一部分  
兽医学前沿

收到日期: 2022年4月04

日接受日期: 2022年4月26

日出版日期: 2022年5月17

日

### 引用

阿扎德·马克，江H，倪H，刘Y，  
黄P、Fang J和Kong X (2022) 饮食部  
分用木薯代替 残基  
调节抗氧化剂 环江的容量、脂质代谢  
和肠道屏障功能

# 节食部分替换为木薯残渣可调节环江小型猪的抗氧化能力、脂质代谢和肠道屏障功能

命令阿布尔卡拉姆阿扎德<sup>1,2</sup>、汇角江<sup>1,3</sup>,  
Hengjia Ni<sup>1\*</sup>、刘雅婷<sup>1,2</sup>, 潘黄<sup>1</sup>、军方<sup>3</sup>和  
孔祥峰<sup>1\*</sup>

<sup>1</sup> 湖南省动物营养生理与代谢过程重点实验室, 中国科学院重点实验室

亚热带地区农业生态过程, 国家畜禽生产污染控制和废物利用工程实验室, 中国科学院亚热带农业研究所, 长沙,

<sup>2</sup> 中国科学院大学, 北京, 中国, <sup>3</sup> 湖南农业大学生物科学与生物技术学院湖南猪生产污染控制与废物利用工程实验室, 中国, 长沙

农业副产品已被确定为动物生产中的潜在饲料资源。本研究研究了木薯残渣 (CR) 或发酵 CR (FCR) 对猪的抗氧化能力、免疫力、肠道屏障功能和脂质代谢的影响。将120头健康环江小型仔猪分为3组: 对照组 (基础饲料)、CR组 (基础饲料+ 5% CR) 和FCR组 (基础

饲料+ 5% FCR)。实验持续了30天。结果表明, 与对照组相比, 饲料中添加CR或FCR可提高空肠过氧化氢酶 (CAT,  $P = 0.063$ ) 和谷胱甘肽过氧化物酶 (GSH-Px,  $P < 0.05$ ) 水平和肝脏超氧化物歧化酶 (SOD,  $P < 0.05$ ) 水平, 而降低 ( $P = 0.077$ ) 回肠丙二醛 (MDA) 水平。膳食中补充CR可提高肠道SOD和肝脏GSH-Px水平, 而降低空肠和肝脏MDA水平 ( $P < 0.05$ )。膳食CR补充增加分泌免疫球蛋白 (sIgA) 在肠道和肝脏, 以及空肠白细胞介素 (IL) - 10, 回肠肿瘤坏死因子 (TNF) -  $\alpha$  和肝干扰素 (IFN) -  $\gamma$ , 而膳食CR或FCR补充降低空肠IL1  $\beta$  水平和增加肝IL10水平 ( $P < 0.05$ )。在肠道微生物群分析中, 饲料中添加CR或FCR提高了结肠  $\alpha$  多样性和回肠放线菌丰度, 而降低了回肠疣状菌和结肠软杆菌丰度 ( $P < 0.05$ )。此外, 饲料中添加FCR增加了回肠和结肠厚壁菌门和拟杆菌门丰度, 而添加CR增加了大肠志贺菌, 降低了回肠三孢杆菌丰度 ( $P < 0.05$ )。饲料中添加CR或FCR可上调与仔猪肠道屏障功能相关的基因表达 ( $P < 0.05$ )。然而, 膳食中补充CR通过上调相关基因的表达, 对肝脏脂质代谢产生负面影响

与脂肪酸的合成，甘油三酯和脂质的代谢有关。综上所述，饲料中添加CR或FCR可通过提高抗氧化能力、肠道屏障功能、改变肠道微生物群组成来维持仔猪的健康，但添加CR可能增加脂质代谢异常的潜在风险。

**关键词：**替代饲料，细胞因子，肝脏生物化学，肠道微生物群，肠道生理学，猪

## 介绍

种群数量的持续增长与对动植物源食物需求的增长密切相关。此外，随着人们生活水平和健康意识的提高，消费者对高质量、安全的猪肉的需求也在不断增加。牲畜生产中的饲料战略，特别是非常规的本地饲料资源和成本有效的替代品，在改善畜牧业的可持续发展方面引起了特别的兴趣。最近的研究证据表明，传统浓缩物可以部分被非传统饲料资源取代，作为牲畜饲料，对动物健康和生产性能没有损害(1,2)。此外，非常规饲料资源具有有益的功能，包括抗菌活性、抗氧化活性和肠道健康(3,4)。木薯(人造木薯)广泛生长在热带和亚热带地区。全世界的木薯产量估计为2.767亿吨，它为超过105个发展中国家提供了有价值的粮食来源(5,6)。木薯仍被广泛用于淀粉、生物乙醇和其他生物产品的生产，如饲料、药物和生物聚合物(5)。然而，木薯产品加工后，仍有大量残留物未使用，可能造成环境污染。木薯残留物(CR)含有更高的热量含量和各种蛋白质、乙醚提取物、矿物质和维生素的含量，这使其比其他块茎更有营养。因此，在猪饲料中应用CR有助于减少其对环境的影响和对营养物质的浪费。

大量的研究证据表明，微生物发酵可以通过提高营养物质的生物利用度和降低抗营养因子的含量来提高猪饲料的营养质量(7-9)。最近的研究发现，发酵玉米豆粕可以改善猪的免疫功能，发酵饲料通过增强肠道内的有益菌(乳酸菌)和抑制致病菌(大肠杆菌)对猪的肠道功能有积极的影响(10)。此外，从苹果渣、蘑菇、桑叶提取物等发酵饲料中可以提高猪的繁殖性能、生长性能、抗氧化能力和肠道功能(11-14)。然而，CR或发酵CR(FCR)在猪饲料中的应用仍受到限制。

因此，CR或FCR是否能促进肠道功能和肠道微生物群组成，以及

仔猪的脂质代谢。此外，我们之前的研究也表明，微生物发酵可以通过增加粗蛋白质和粗脂肪含量，降低洗涤剂纤维含量来提高CR的营养质量(15)。因此，我们推测，用CR或FCR部分替代玉米大豆可能会影响仔猪的抗氧化能力、肠道生态系统和肝脂质代谢。本研究评价了CR或FCR补充剂对环江小仔猪肠道和肝脏抗氧化能力、肠道屏障功能、肠道微生物群组成和脂质代谢的影响。

## 材料和方法

### 木薯渣和发酵木薯渣的制备

整体CR由杜安红河淀粉有限公司提供。(中国广西)，并包含16个。13 MJ/kg总能量，2.73%粗蛋白质，37.78%中性洗涤剂剂，2.52%矿物。将200kg CR与20kg玉米豆粕粉彻底混合，然后加入0.20 kg发酵液(植物乳杆菌 $1 \times 10^8$  + 枯草芽孢杆菌 $0.2 \times 10^8$  + 酿酒酵母 $0.2 \times 10^8$ )喷洒在饲料表面，并大力混合。混合后，CR被包装并密封在一个容量为5kg的聚乙烯袋中，在27-30°C 7天。最后，FCR样品在4°C下保存，以防止变质。细菌种类的选择和浓度是基于我们之前的发现(15)。发酵液肉汤取自湖南立丰生物科技有限公司。(中国长沙)。

### 实验设计与饮食经营

选取120头体重相近(体重 $8.85 \pm 0.64$ kg)的健康环江小型仔猪，随机分为3组，每组8个重复，每个重复生活仔猪。三组分别为：(a)对照组，饲喂基础饲料；(b) CR组，基础饲料中添加5% CR；(c) FCR组，基础饲料中添加5% FCR。膳食CR和FCR与基础饮食均匀混合，每日喂食2次(08:00和15:00)。实验期间，仔猪饲养在围栏(2×3m)，饲养强制通风，温度保持在23-26°C。CR和FCR的补充剂量是基于我们之前的发现(未发表的数据)。仔猪基础饲料的组成和营养水平符合中国当地要求

猪的营养要求 (NY/T65-2004) 和美国国家研究委员会 (NRC, 2012年) 的饮食要求 (16、17)。**仔猪基础饲料的组成和营养水平见补充表1。**实验持续了30天。在实验期间, 可免费获得饲料和饮料。

## 样本收集

在30天的试验结束时, 从每个重复中选择1只仔猪, 每组共8头体重相似的仔猪 ( $n = 8$ ) 进行样本采集。然后, 如前所述 (18), 使用电击 (120V, 200Hz) 安乐死仔猪。收集回肠 (回盲交界处上方10cm) 和结肠 (中间部分) 节段, 并立即保存在  $-20^{\circ}\text{C}$  下, 用于微生物群落分析。切除空肠和回肠组织, 用冰冷的磷酸盐纤维溶液冲洗, 然后用玻片报废。取粘膜刮片 ( $\sim 2\text{g}$ ), 快速冷冻到液氮中, 立即在  $-80^{\circ}\text{C}$  下保存, 用于进一步研究抗氧化剂、分泌性免疫球蛋白A (sIgA)、细胞因子和肠道屏障功能。收集肝组织样本, 快速冷冻到液氮中, 然后在  $-80^{\circ}\text{C}$  下保存, 以进一步分析生化参数、抗氧化剂、sIgA、细胞因子和脂质代谢。

## 肝脏生化参数测定

肝脏生化指标, 包括甘油三酯 (TG)、总胆固醇 (TC)、丙氨酸转氨酶 (ALT)、碱性磷酸盐 (ALP)、高密度脂蛋白胆固醇 (HDL-C) 和低密度脂蛋白胆固醇 (LDL-C), 使用市售试剂盒 (F. 和罗氏自动生化分析仪 (Cobas c311, F. 霍夫曼-拉罗氏有限公司, 巴塞尔, 瑞士)。

## 抗氧化能力测定

将大约100mg的冷冻肠 (空肠和回肠) 和肝组织样本解冻, 然后用冰冷的生理盐水 (1: 9, w/v) 快速均质。然后在  $4^{\circ}\text{C}$  下,  $2000 \times g$  离心20 min。上清液用于进一步分析。氧化和抗氧化指标, 包括丙二醛 (MDA)、过氧化氢酶 (CAT)、超氧化物歧化酶 (SOD)、谷胱甘肽 (GSH) 和GSH过氧化物酶 (GSH-Px), 通过市售的ELISA检测试剂盒 (美米, 中国江苏), 根据制造商的说明使用多扫描光谱光度计 (泰康, 钢M200 Pro, 瑞士) 进行分析。

## 肠和肝分泌物IgA和细胞因子测定

来自空肠、回肠和肝组织的样品 (100mg) 用冰冷的生理盐水 (1: 9, w/v) 均质, 在  $4^{\circ}\text{C}$  下以  $2000 \times g$  离心20 min。然后收集上清液, 测定sIgA和细胞因子的水平, 包括白细胞介素 (IL) -  $1\beta$ 、IL10、IL-22、肿瘤坏死因子 (TNF) -  $\alpha$  和干扰素 (IFN) -  $\gamma$

根据制造商的说明, 可获得的ELISA检测试剂盒 (美棉, 江苏, 中国)。

## 肠道微生物群分析

根据制造商的协议, 使用HiPure粪便DNA试剂盒 (Megan, 广州, 中国) 从回肠和结肠样本 ( $n=7-8$ ) 中提取肠道细菌基因组DNA。分别用NanoDrop ND1000分光光度计 (NanoDrop科技公司, 威尔明顿, 美国) 和0.80%琼脂糖凝胶电泳测定提取的DNA浓度和纯度。从V3-V4区扩增出细菌的16S rRNA基因聚合酶链反应 (PCR) 与正向引物 338f (5'-3')

引物806R (5'-3')。PCR成分和PCR扩增条件按照制造商的指南 (新英格兰Biolab公司, MA, USA) 保持。扩增后的PCR产物用AXYGEN AxyPrepDNA凝胶回收试剂盒进行2.0%琼脂糖凝胶电泳检测。根据标准方案, 纯化的扩增子通过IliSeq试剂试剂盒进行等摩尔和对端 ( $2 \times 300$ ) 测序, 由生物标记技术有限公司构建序列库。(中国北京)。本研究的原始序列数据保存在NCBI序列读取档案 (SRA) 中, 登录号为PRJNA793624。

OTU水平的  $\alpha$  多样性是通过微生物生态学 (QIIME, 1.8版) 软件来测量的。采用  $\beta$ -多样性分析方法评价对照组和治疗组回肠和结肠菌群的结构差异。采用偏最小二乘判别分析 (PLS-DA) 和非度量多维尺度分析 (NMDS) 对三组间微生物群落的结构变化进行了分析。使用转移瘤。cbcb.umd.采用edu/) 的分析方法, 测定了三个类群在门和属水平上的不同类群的丰度。最后, 采用线性判别分析来估计差异大小 (LEfSe) 分析, 使用默认参数来评估不同的丰富类群。

## 肝脂质代谢和肠道屏障与功能相关的基因表达分析

根据制造商的说明, 使用TRIzol (Invitrogen, 卡尔斯巴德, 美国) 从肠道和肝脏组织中分离总RNA。用带有gDNA橡皮擦器的大连RT试剂试剂盒将大约1000 ng的总RNA (TaKaRa生物技术有限公司, 大连, 中国) 反向处理成cDNA。然后, 将2  $\mu\text{L}$  的cDNA模板加入到总体积为10  $\mu\text{L}$  的RT-PCR反应体系溶液中, 每个正向和反向引物包含0.25  $\mu\text{L}$ , 遵循5.0  $\mu\text{L}$  SYBR Green混合物, 和2.5  $\mu\text{L}$  去离子蒸馏水。PCR循环条件如下: 首先在  $95^{\circ}\text{C}$  下变性5 min, 然后在  $95^{\circ}\text{C}$  下变性40次, 变性5s, 在  $60^{\circ}\text{C}$  下退火30s。猪的脂质特殊引物序列

表1|木薯渣（CR）或发酵木薯渣（FCR）对仔猪肝脏生化指标的影响。

项目	对照组	cr组	FCR组	扫描电镜	P值
ALT（U/L）	446.40	418.28	408.44	17.38	0.660
ALP（U/L）	196.60 <sup>b</sup>	186.67 <sup>b</sup>	308.00 <sup>a</sup>	17.82	0.004
高密度脂蛋白-碳（mmol/L）	0.07	0.08	0.06	0.01	0.792
低密度脂蛋白-碳（mmol/L）	0.01	0.01	<0.01	0.00	0.073
TC（mmol/L）	0.69	0.80	0.88	0.04	0.220
TG（mmol/L）	0.16 <sup>b</sup>	0.21 <sup>b</sup>	0.31 <sup>a</sup>	0.02	<0.001

数据用扫描电镜（n = 8）的平均值表示。没有公共上标字母的一行内的平均值是不同的（P < 0.05）。碱性磷酸、碱性磷酸、丙氨酸转氨酶；HDL-C、高密度脂蛋白-胆固醇、LDL-C、低密度脂蛋白-胆固醇；TC、总胆固醇、TG、甘油三酯。

代谢和肠道屏障功能相关基因见补充表2。采用2- $\Delta\Delta$ Ct法计算各基因的mRNA表达水平。

### 统计分析

采用单因素方差分析，分析肠道和肝脏参数，包括生化参数、抗氧化能力、sIgA、细胞因子，以及与脂质代谢和肠道屏障功能相关的基因表达水平。不同组间的比较分析采用Tukey事后检验（SPSS 26.0；SPSS Inc.，芝加哥，IL，USA）。采用R包的Spearman相关法测定肠道屏障功能相关指标与肠道微生物属的相关性。所有数据均以均值±标准误差（SEM）表示，P<为0.05时认为数据具有统计学意义，0.05≤P<为0.10时认为数据具有统计学意义。

### 结果

#### CR或FCR对肝脏组织的影响

##### 仔猪的生化参数

饲料中补充CR和FCR对肝脏生化指标的影响见表1。与对照组和CR组相比，饲料中添加FCR增加仔猪肝脏TG和ALP水平（P < 0.05），肝脏LDL-C水平有下降趋势（P = 0.073）。然而，膳食中补充CR或FCR对肝脏TC、ALT和HDL-C水平没有影响（P > 0.05）。

#### CR或FCR对肠道和肠道的影

##### 响仔猪的肝脏抗氧化能力

饲料中添加CR或FCR对仔猪抗氧化活性的影响见表2。在空肠，膳食CR补充增加仔猪SOD和减少MDA活动（P < 0.05），而膳食CR或FCR增加（P<0.05）GSH-Px活动和显示增加的趋势（P = 0.063）猫活动，与对照组相比。在

表2|木薯残渣（CR）或发酵木薯残渣（FCR）对仔猪肠道和肝脏抗氧化能力的影响。

项目	对照组	cr组	FCR组	扫描电镜	P值
<b>空肠</b>					
CAT（U/mg）	3.81	4.72	4.26	0.15	0.063
GSH（ $\mu$ mol/mg）	4.78	5.51	5.28	0.22	0.433
GSH-Px（U/mg）	24.43 <sup>b</sup>	38.29 <sup>a</sup>	36.28 <sup>a</sup>	1.74	<0.001
MDA（nmol/mg）	3.26 <sup>a</sup>	2.46 <sup>b</sup>	2.96 <sup>ab</sup>	0.18	0.026
SOD（U/mg）	94.62 <sup>b</sup>	164.86 <sup>a</sup>	119.53 <sup>ab</sup>	9.75	0.006
<b>回肠</b>					
CAT（U/mg）	5.00 <sup>b</sup>	6.82 <sup>a</sup>	5.53 <sup>b</sup>	0.19	<0.001
GSH（ $\mu$ mol/mg）	5.43 <sup>b</sup>	7.71 <sup>a</sup>	5.51 <sup>b</sup>	0.30	<0.001
GSH-Px（U/mg）	45.09	60.62	46.45	3.01	0.056
MDA（nmol/mg）	4.43	3.69	3.58	0.79	0.077
SOD（U/mg）	124.10 <sup>b</sup>	251.38 <sup>a</sup>	183.75 <sup>b</sup>	15.07	0.001
<b>肝脏</b>					
CAT（U/mg）	3.26	4.14	3.63	0.17	0.120
GSH（ $\mu$ mol/mg）	4.02	4.84	4.46	0.19	0.209
GSH-Px（U/mg）	16.24 <sup>b</sup>	26.30 <sup>a</sup>	24.53 <sup>ab</sup>	1.81	0.040
MDA（nmol/mg）	2.93 <sup>a</sup>	2.10 <sup>b</sup>	2.44 <sup>ab</sup>	0.14	0.042
SOD（U/mg）	269.02 <sup>b</sup>	447.29 <sup>a</sup>	431.33 <sup>a</sup>	24.47	0.001

数据用扫描电镜（n = 8）的平均值表示。没有公共上标字母的一行内的平均值是不同的（P < 0.05）。CAT、过氧化氢酶；GSH、谷胱甘肽；GSH-Px、GSH过氧化物酶；丙二胺、丙二醛；SOD、超氧化物歧化酶。

与对照组和FCR组相比，CR组的CAT、GSH、SOD活性升高（P < 0.05）。与对照组相比，与其他两组相比，CR组GSH-Px活性有升高趋势（P = 0.056），而CR组和CR组MDA水平有下降趋势（P = 0.077）。在肝脏中，与对照组相比，CR组的GSH-Px活性较高，MDA水平较低，而CR组和FCR组的SOD活性高于对照组（P < 0.05）。

#### CR或FCR对肠道和肠道的影

##### 响仔猪肝分泌物IgA和细胞因子水平

饲料中添加CR或FCR对仔猪肠、肝sIgA及细胞因子水平的影响见表3。与对照组和FCR组相比，CR组空肠黏膜中sIgA浓度升高（P < 0.05）。此外，与对照组相比，CR组和FCR组的IL1 $\beta$ 浓度有下降的趋势（P = 0.067），而CR组的IL10浓度有上升的趋势（P = 0.069）。在回肠黏膜中，CR组的sIgA和IL10浓度高于对照组和FCR组，而FCR组的IL1 $\beta$ 浓度降低



表3|木薯渣（CR）或发酵木薯渣（FCR）对仔猪肠、肝分泌IgA和细胞因子水平的影响。

项目	对照组	cr组	FCR组	扫描电镜	P值
空肠					
IL1β（ρ g/mg）	217.46	181.50	188.09	6.84	0.067
IL10（ρ g/mg）	47.64	58.11	52.89	1.88	0.069
IL-22（ρ g/mg）	84.57	82.52	92.25	4.60	0.680
TNF-α（ρ g/mg）	50.75	50.35	50.71	2.42	0.998
IFN-γ（ρ g/mg）	11.32	11.69	10.51	0.50	0.628
sIgA（μg/mg）	13.43 <sup>b</sup>	18.06 <sup>a</sup>	14.03 <sup>b</sup>	0.62	0.001
回肠					
IL1β（ρ g/mg）	280.19 <sup>a</sup>	276.63 <sup>a</sup>	236.24 <sup>b</sup>	7.52	0.020
IL10（ρ g/mg）	63.18 <sup>b</sup>	84.61 <sup>a</sup>	63.36 <sup>b</sup>	3.25	0.003
IL-22（ρ g/mg）	119.12	120.02	108.89	4.78	0.586
TNF-α（ρ g/mg）	69.51	79.8.3	65.57	2.50	0.053
IFN-γ（ρ g/mg）	14.60	15.34	13.90	0.54	0.555
sIgA（μg/mg）	16.76 <sup>b</sup>	22.40 <sup>a</sup>	16.19 <sup>b</sup>	0.81	<0.001
肝脏					
IL1β（ρ g/mg）	170.71	154.01	179.90	7.17	0.342
IL10（ρ g/mg）	34.45 <sup>b</sup>	49.48 <sup>a</sup>	47.16 <sup>a</sup>	2.10	0.003
IL-22（ρ g/mg）	58.57	61.43	66.32	2.96	0.579
TNF-α（ρ g/mg）	40.59	46.22	40.95	2.46	0.599
IFN-γ（ρ g/mg）	8.24 <sup>b</sup>	12.10 <sup>a</sup>	10.97 <sup>ab</sup>	0.61	0.022
sIgA（μg/mg）	11.11 <sup>b</sup>	15.05 <sup>a</sup>	12.90 <sup>ab</sup>	0.57	0.011

数据用扫描电镜（n = 8）的平均值表示。没有公共上标字母的一行内的平均值是不同的（P < 0.05）。  
IFN、干扰素、IL、白细胞介素、TNF、肿瘤坏死因子、sIg、分泌性免疫球蛋白A。

与对照组和CR组进行比较（P < 0.05）。与对照组和FCR组相比，CR组的TNF-α浓度有升高的趋势（P = 0.053）。在肝脏中，CR组sIgA和IFN-γ浓度以及CR组和FCR组IL10浓度较对照组升高（P < 0.05）。

### CR或FCR对肠道的影响 仔猪微生物多样性

从回肠和结肠获得的Miseq测序数据被合并，质量控制，然后用错觉图进行澄清。对优化后的序列进行了OTUs分析和物种分类分析。OTUs的α diversity指数如表4所示。与对照组相比，CR组和FCR组除原始标签有增加趋势（P = 0.099）外，回肠α多样性指数无显著差异。与对照组相比，CR组和FCR组的结肠中OTU、ACE和Chao1指数均升高（P < 0.05）。此外，FCR组的结肠覆盖指数更高（P < 0.05）。PLS-DA和NMDS的结果（图1）显示，对照组、CR组和FCR组的肠道细菌β-多样性均趋于聚集的趋势

表4|木薯残渣（CR）或发酵木薯残渣（FCR）对仔猪回肠和结肠微生物多样性指标的影响。

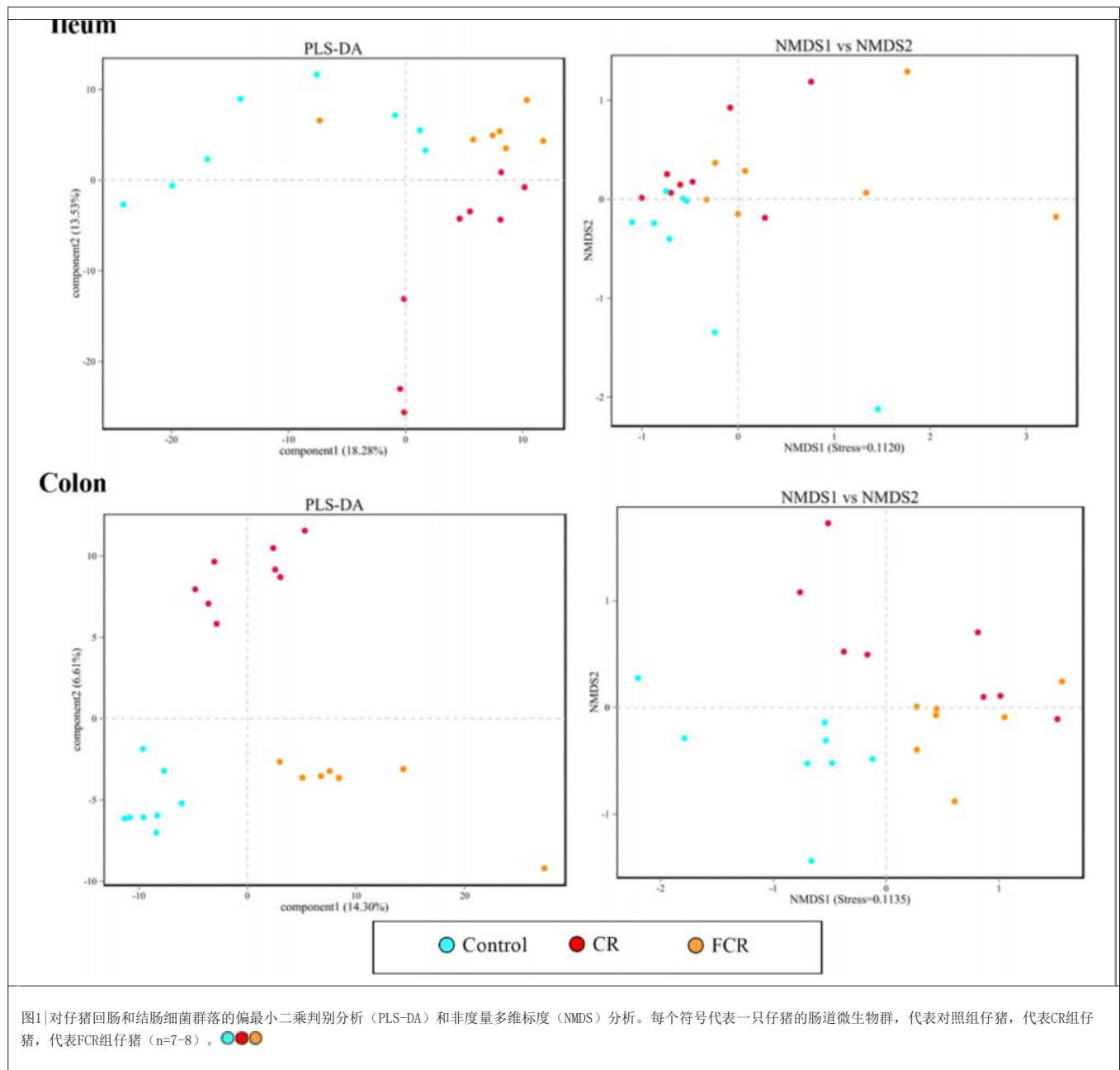
项目	统治组	cr组	FCR组	扫描电镜	P值
回肠					
原始标签	78,693.13	79,063.50	78,917.29	72.1.9	0.099
有效标签	75,764.00	76,724.75	74,037.14	635.47	0.237
奥图	560.00	567.00	480.00	21.12	0.194
ACE	622.13	612.26	547.97	17.97	0.208
超1	618.55	622.04	557.63	16.95	0.243
辛普森	0.10	0.16	0.14	0.02	0.598
香农	3.61	3.33	3.01	0.17	0.407
覆盖	0.998925	0.999	0.998686	0.00	0.533
胃号					
原始标签	79,052.00	78,966.88	78,957.50	57.71	0.778
有效标签	70,473.50	70,015.25	69,953.75	418.67	0.869
奥图	444.00 <sup>b</sup>	501.75 <sup>a</sup>	535.75 <sup>a</sup>	11.52	0.001
ACE	507.77 <sup>b</sup>	576.84 <sup>a</sup>	582.08 <sup>a</sup>	10.03	0.001
超1	534.13 <sup>b</sup>	582.81 <sup>a</sup>	588.66 <sup>a</sup>	9.33	0.024
辛普森	0.11	0.08	0.06	0.01	0.308
香农	3.70	3.72	3.98	0.11	0.488
覆盖	0.998188 <sup>b</sup>	0.998537 <sup>a</sup>	0.998537 <sup>a</sup>	0.00	0.04
	5.99837 <sup>ab</sup>				

数据用扫描电镜（n=7-8）的平均值表示。没有公共上标字母的一行内的平均值是不同的（P < 0.05）。

三组。此外，在结肠中PLS-DA和NMDS的分离比在回肠中更明显。

### CR或FCR对肠道的影响 仔猪微生物群落

采用分类群依赖分析方法评价饲料中添加CR或FCR对肠道微生物群落组成的影响。回肠和结肠在门水平上的微生物群落组成如图2所示。在回肠中，厚壁菌门(72.71-85.16%)，Actinobacteria (4.31-10.17%)、变形菌门(3.22-13.08%)和拟杆菌门(0.60-5.44%)是不同处理组中最丰富的4个门（图2A）。FCR组拟杆菌门（P = 0.064）和螺旋体（P < 0.05）的相对丰度均低于对照组。与对照组相比，CR组和FCR组放线菌的相对丰度呈上升趋势（P = 0.050），而疣状梭菌则呈下降趋势（P = 0.072）。此外，与其他两组相比，CR组中厚壁菌门的相对丰度呈下降趋势（P=0.094）（图2A）。在结肠中，厚壁菌门、拟杆菌门、变形菌门和放线菌门分别占65.23%~78.04%，12.77%~28.13%，2.13%~4.57%和2.24%至2.41%（图2B）。与对照组相比，FCR组的厚壁菌门相对丰度增加（P < 0.05），拟杆菌门数量减少（P < 0.05）。此外，软植物的相对丰度为



与对照组相比，CR组和FCR组的 $P$ 值均有所下降 ( $P < 0.05$ ) (图2B)。

在回肠和结肠中含量最丰富的20种细菌属级别如图3所示。在回肠中，最主要的优势属为褐杆菌 (18.03 - 21.43%)、螺旋杆菌 (8.25 - 12.81%)、三孢杆菌 (5.71 - 15.26%)、乳酸菌 (6.86 - 9.33%) 和 *Clostridium sensu stricto\_1* (0.98 - 11.48%) (图3A)。与对照组相比，FCR组中 *Ruminococcaceae\_UCG005* 和 *[真杆菌]\_coprostanoligens\_group* 的相对丰度降低 ( $P < 0.05$ )。CR组和三孢杆菌的相对丰度

CR组和FCR组 *Lachnospiraceae\_XPB1014\_group* 均降低 ( $P < 0.05$ )。此外，与其他两组相比，CR组的大肠杆菌-志贺氏菌的相对丰度较高 (图3A)。在结肠中，*uncultured\_bacterium\_f\_Muribaculaceae* (8.97 - 33.01%)、乳酸菌 (10.92 - 14.98%)、*Clostridium sensu stricto\_1* (3.46 - 7.94%)、*Lachnospiraceae\_XPB\_group* (1.20 - 6.99%) 和 *Ruminococcaceae\_UCG-005* (1.82 - 4.77%) 是最具优势的属 (图3B)。在FCR组中，*uncultured\_bacterium\_f\_Muribaculaceae* 的相对丰度降低，而 *Ruminococcaceae\_UCG-005* 则增加

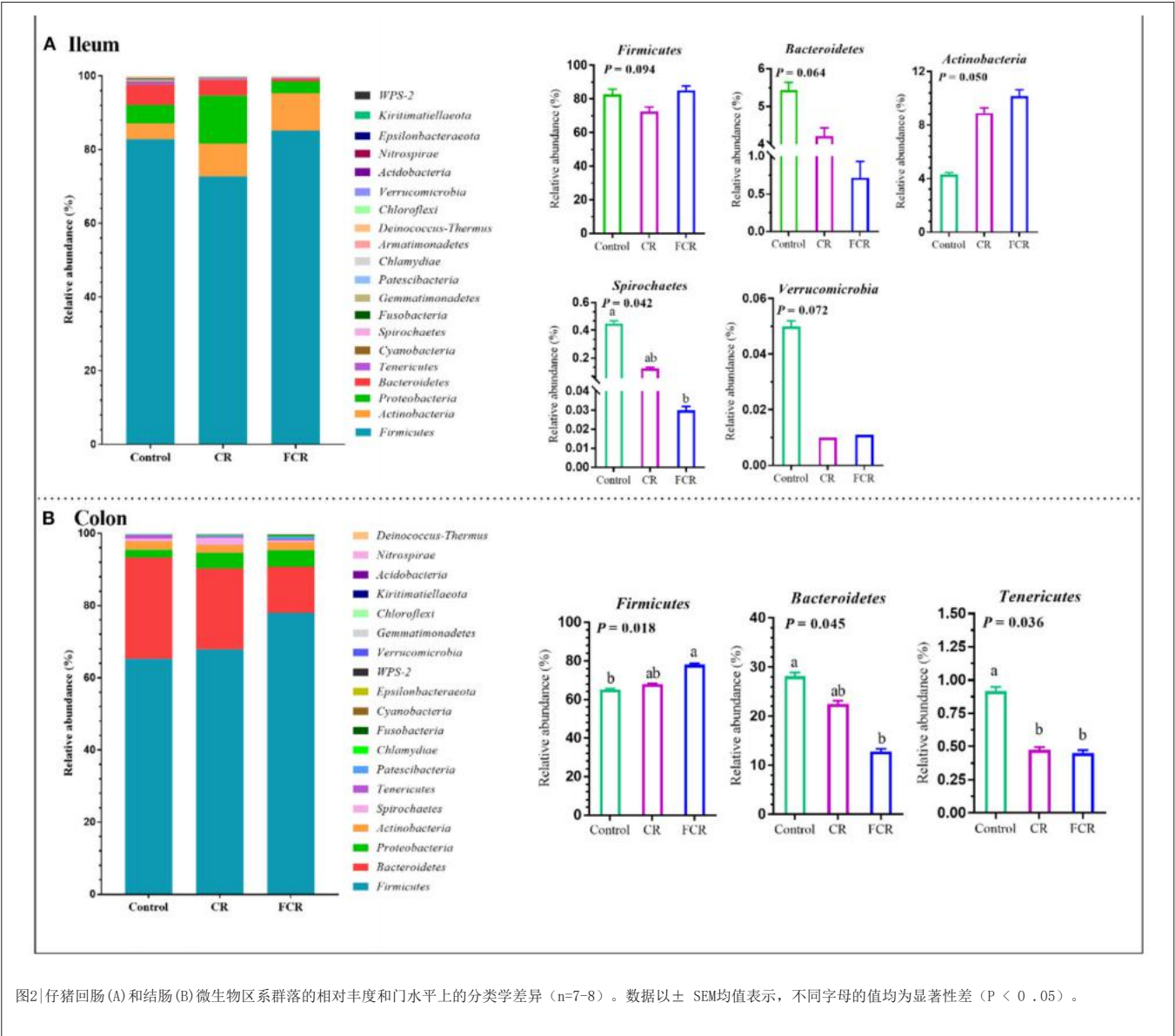


图2|仔猪回肠(A)和结肠(B)微生物区系群落的相对丰度和门水平上的分类学差异 (n=7-8)。数据以± SEM均值表示, 不同字母的值均为显著性差 (P < 0.05)。

与对照组比较 (P < 0.05)。与对照组相比, CR组Treponema\_2的相对丰度降低 (P < 0.05)。此外, 与对照组相比, CR组和FCR组的相对丰度呈上升趋势 (P = 0.061), 而链球菌则呈下降趋势 (P=0.060) (图3B)。

为了进一步研究三组间回肠和结肠微生物区系群落的差异, 我们在属水平上进行了LEfSe分析 (LDA阈值评分≥4.0) (图4)。FCR组的回肠中三孢杆菌明显富集 (图4A)。在结肠中, uncultured\_bacterium\_f\_Muribaculaceae和链球菌在对照组中富集, 而Lachnospiraceae\_XPB1014\_group在CR组中富集。此外, 三孢杆菌, Clostridium\_sensu\_stricto\_1,

和螺旋杆菌在FCR中富集 (图4B)。

### CR或FCR对仔猪肠道屏障功能相关基因表达的影响

饲料中添加CR或FCR对仔猪肠道屏障功能相关基因表达的影响见表5。与对照组相比, 饲料中添加CR或FCR均上调了仔猪空肠中粘蛋白1、粘蛋白1mRNA的表达 (P < 0.05)。与对照组和FCR组相比, CR组空肠e-钙粘蛋白、Nrf2、CD36mRNA表达上调, 而TLR4表达下调 (P < 0.05)。此外, NF-κB的mRNA表达上调 (P < 0.05), Keap1的表达下调 (P < 0.05), ZO-1的表达有向上调的趋势 (P = 0.087)。



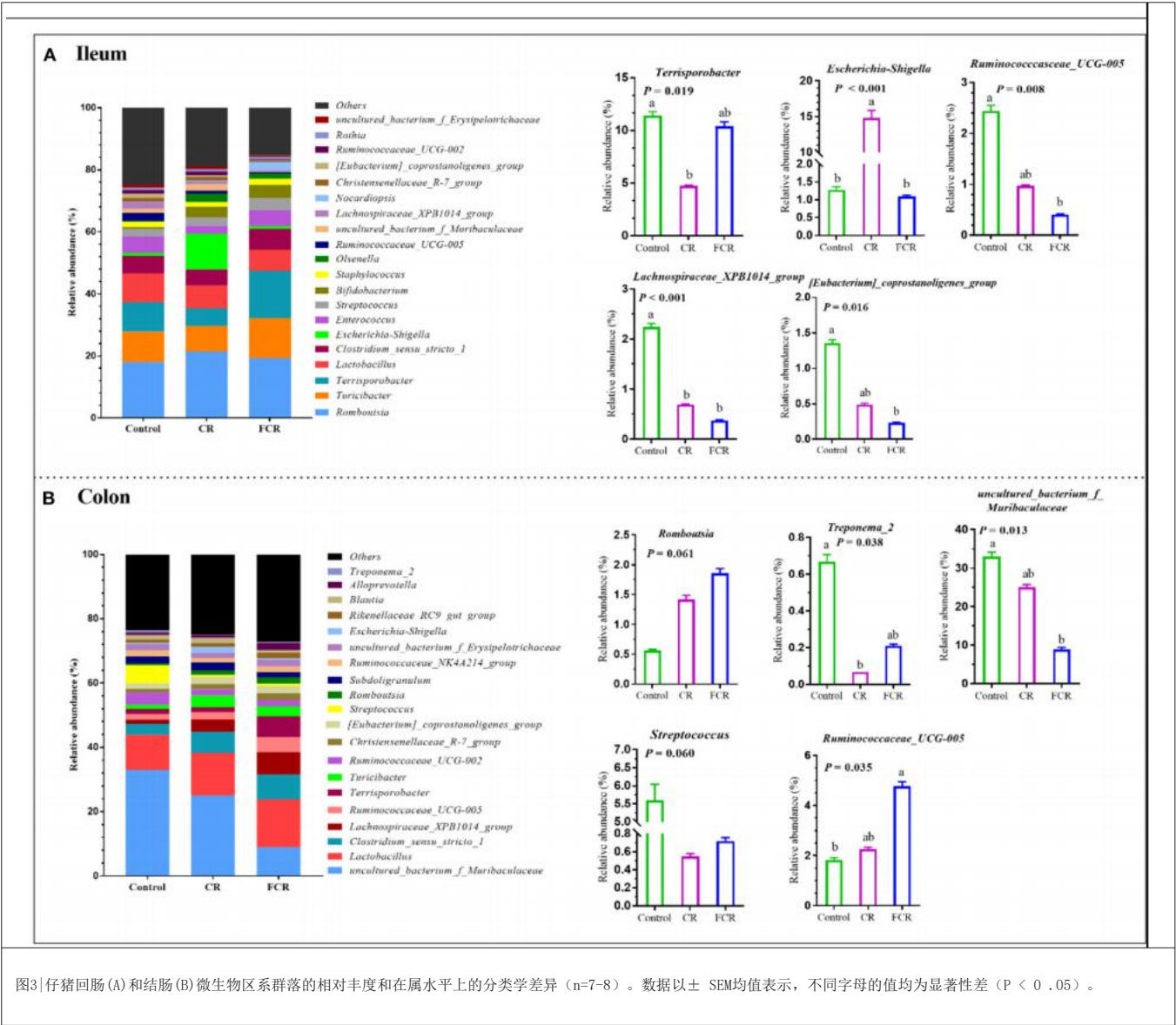


图3| 仔猪回肠(A)和结肠(B)微生物区系群落的相对丰度和在属水平上的分类学差异 (n=7-8)。数据以± SEM均值表示, 不同字母的值均为显著性差 (P < 0.05)。

FCR组空肠组与对照组和CR组比较。在回肠中, 与对照组相比, CR和FCR组中粘蛋白1、钙粘蛋白、NF- $\kappa$ B和Nrf2mRNA表达上调, 而FCR组NF- $\kappa$ B表达上调, E-钙粘蛋白表达下调 (P < 0.05)。与对照组相比, CR组粘蛋白-1、TLR4和CD36mRNA表达上调, 而FCR组咬合蛋白和Keap1mRNA表达上调 (P < 0.05)。

### 微生物含量的相关性分析 丰度和肠道屏障功能

采用斯皮尔曼的相关性分析来评估肠道屏障表达水平之间的相关性

仔猪在属水平上的功能相关基因和肠道菌群的相对丰度。如图5A所示, 回肠uncultured\_bacterium\_f\_Muribaculaceae丰度与空肠Nrf2呈正相关, 与空肠咬合蛋白、克劳丁蛋白1、NF- $\kappa$ B mRNA表达水平呈负相关。回肠乳酸菌丰度与空肠粘蛋白、克劳丁蛋白1、NF- $\kappa$ B mRNA表达水平呈负相关。此外, 有正相关回肠葡萄糖菌丰富与空肠ZO-1, 细菌杆菌丰富与空肠TLR4和NF- $\kappa$ B, 肠球菌丰富1, 和肠杆菌丰富与空肠NF- $\kappa$ B mRNA表达水平。回肠uncultured\_bacterium\_f\_Muribaculaceae丰度与回肠keap1、咬合蛋白和克隆蛋白1 mRNA表达水平呈负相关, 而回肠乳酸杆菌丰度呈负相关

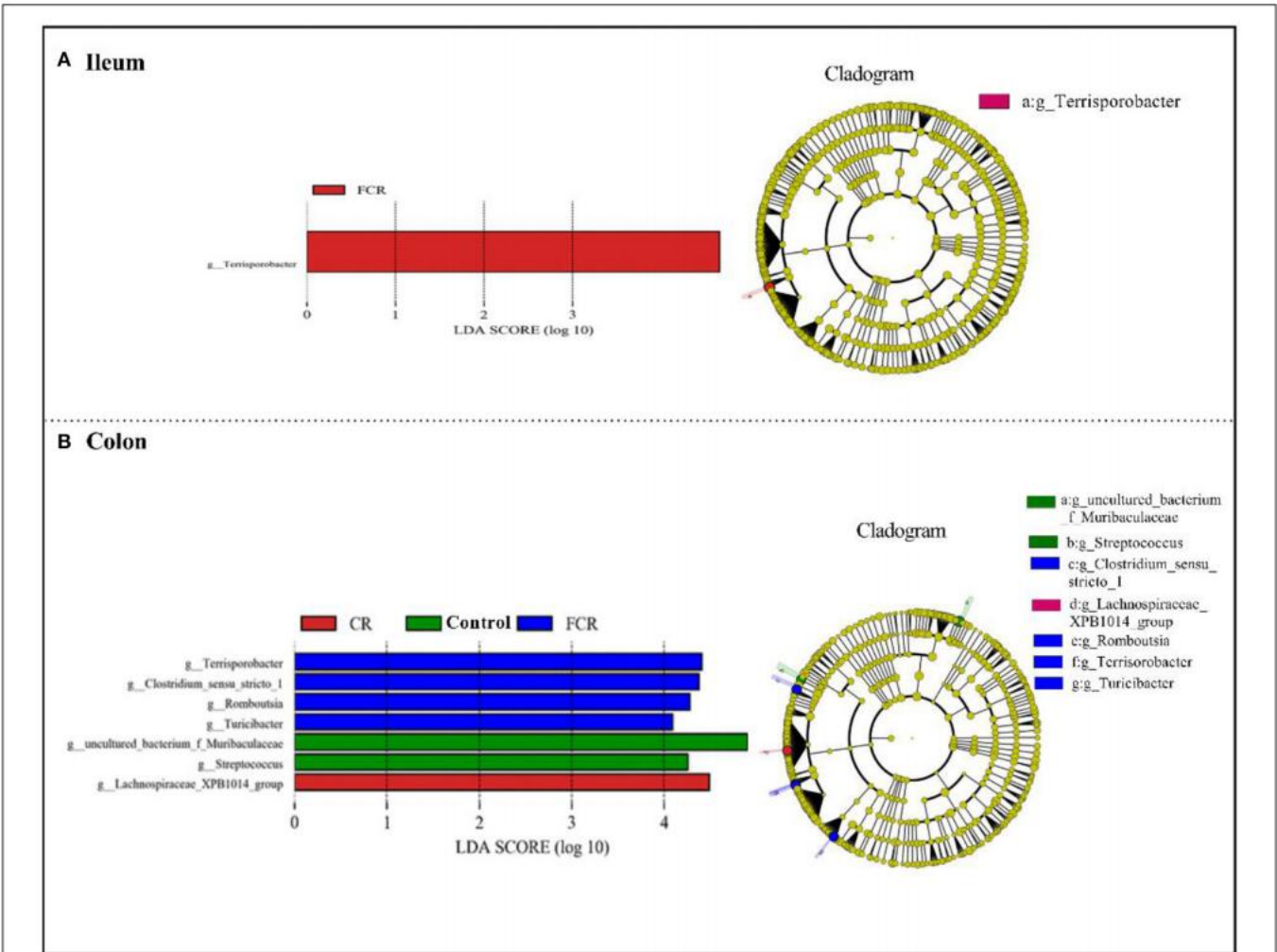


图4|线性判别分析对仔猪回肠(A)和结肠(B)含量中微生物区系的联合效应大小(LEFS)测定分析。

与回肠咬合udin1mRNA表达水平呈负相关(图5B)。如图5C所示,结肠短孔杆菌丰度与空肠NF- $\kappa$ B、粘蛋白、克劳德蛋白1呈正相关,与keap1 mRNA表达水平呈负相关。此外,结肠杆菌杆菌丰度与空肠粘蛋白、粘蛋白1和CD36、Clostridium\_sensu\_stricto\_1丰度与空肠NF- $\kappa$ B、Lachnospiraceae\_XPB1014\_group丰度与空肠ZO-1和粘蛋白mRNA表达水平也呈正相关。结肠uncultured\_bacterium\_f\_Muriculaceae和Ruminococcaceae\_UCG-002丰度分别与空肠ZO-1和CD36 mRNA表达水平分别呈负相关。如图5D所示,结肠杆菌杆菌丰度与回肠粘蛋白、TLR4、e-钙粘蛋白、CD36和Nrf2 mRNA表达水平呈正相关,结肠Ruminococcaceae\_UCG-002丰度与回肠Nrf2 mRNA表达水平呈负相关。结肠小孢杆菌丰度与回肠咬合蛋白、keap1、NF- $\kappa$ B、claudin1和Nrf2呈正相关。

结肠uncultured\_bacterium\_f\_Muribaculaceae丰度与回肠咬合蛋白和keap1 mRNA表达水平呈负相关。

### CR或FCR对基因表达的影响 与仔猪的肝脂质代谢有关

膳食CR或FCR补充的mRNA表达水平与脂肪酸合成和甘油三酯代谢,如脂肪酸合酶(FASN),CCAAT增强剂结合蛋白(CEBP- $\alpha$ ),脂蛋白脂肪酶(LPL),二酰基甘油酰基转移酶1(DGAT1),和甾醇调节元素结合蛋白1c(SREBP-1c)在图6。与对照组和FCR组相比,CR组中CEBP- $\alpha$ 和LPL的mRNA表达水平均表达上调( $P < 0.05$ )。与对照组相比,CR组和FCR组中DGAT1的mRNA表达水平下调( $P < 0.05$ ),而SREBP-1c的表达水平上调( $P < 0.05$ )。然而

表5| 木薯残渣（CR）或发酵木薯残渣（FCR）对仔猪肠道屏障功能相关基因表达的影响。

项目	对照组	CR组	FCR组	扫描电镜	P值
<b>空肠</b>					
二氧化二氮	0.99	1.02	1.25	0.05	0.087
克劳丁1	0.94 <sup>b</sup>	1.15 <sup>a</sup>	1.23 <sup>a</sup>	0.04	0.002
奥克鲁丁	0.98 <sup>b</sup>	1.16 <sup>a</sup>	1.22 <sup>a</sup>	0.03	<0.001
粘蛋白1	0.98 <sup>b</sup>	1.19 <sup>a</sup>	1.26 <sup>a</sup>	0.03	<0.001
上皮细胞钙粘蛋白	1.00 <sup>b</sup>	2.05 <sup>a</sup>	1.01 <sup>b</sup>	0.12	<0.001
库1	1.43 <sup>a</sup>	1.35 <sup>a</sup>	1.32 <sup>b</sup>	0.02	0.047
NF-κB	1.43 <sup>b</sup>	1.40 <sup>b</sup>	1.66 <sup>a</sup>	0.04	0.006
TLR4	1.35 <sup>a</sup>	1.14 <sup>b</sup>	1.42 <sup>a</sup>	0.03	<0.001
Nrf2	1.11 <sup>b</sup>	2.14 <sup>a</sup>	1.07 <sup>b</sup>	0.12	<0.001
CD36	1.01 <sup>b</sup>	2.05 <sup>a</sup>	1.03 <sup>b</sup>	0.11	<0.001
<b>回肠</b>					
二氧化二氮	1.00	1.01	0.99	0.01	0.875
克劳丁1	0.99 <sup>b</sup>	1.21 <sup>a</sup>	1.36 <sup>a</sup>	0.04	<0.001
奥克鲁丁	1.00 <sup>b</sup>	1.01 <sup>b</sup>	1.28 <sup>a</sup>	0.03	<0.001
粘蛋白1	1.00 <sup>b</sup>	1.24 <sup>a</sup>	1.02 <sup>b</sup>	0.03	0.002
上皮细胞钙粘蛋白	1.00 <sup>c</sup>	1.14 <sup>a</sup>	1.05 <sup>b</sup>	0.02	<0.001
库1	1.00 <sup>b</sup>	1.07 <sup>b</sup>	1.28 <sup>a</sup>	0.03	<0.001
NF-κB	1.00 <sup>c</sup>	1.15 <sup>b</sup>	1.27 <sup>a</sup>	0.03	<0.001
TLR4	1.00 <sup>b</sup>	1.21 <sup>a</sup>	1.05 <sup>b</sup>	0.02	<0.001
Nrf2	1.00 <sup>b</sup>	1.24 <sup>a</sup>	1.26 <sup>a</sup>	0.03	<0.001
CD36	1.00 <sup>b</sup>	1.25 <sup>a</sup>	1.05 <sup>b</sup>	0.03	<0.001

数据用扫描电镜（n = 8）的平均值表示。没有公共上标字母的一行内的平均值是不同的（P < 0.05）。  
Keap1, Kelch样ECH相关蛋白1、NF-κB、核因子kappa B、Nrf2、核因子红样2相关因子2、TLR4、tol1样受体4、Z01、闭塞带1。

三组间FASN的mRNA表达水平均无明显差异（P > 0.05）。

膳食中CR或FCR补充对与胆固醇代谢相关的肝酶mRNA表达水平的影响如图6B所示。与对照组相比，CR和FCR组肝细胞色素p450家族27亚家族A成员1（CYP27A1）和乙酰辅酶a氧化酶1（ACOX-1）mRNA表达水平下调（P < 0.05），而3-羟基-3-甲基戊二酰辅酶a还原酶（HMG-CoA）表达上调（P < 0.05）。此外，与CR组相比，FCR组肝脏HMG-CoA mRNA表达水平下调（P < 0.05）。然而，三组患者的肝肉碱棕榈酰转移酶2（CPT2）和过氧化物酶体增殖因子激活受体（PPAR-α）mRNA表达水平均无明显差异（P>0.05）。

讨论

农业工业经过加工和生产后产生大量的农业副产品，是多糖、类黄酮、蛋白质、维生素、矿物质等生物活性化合物的丰富来源。这些化合物已被发现可以改善抗氧化能力和肠道屏障功能，以及肠道微生物群的改变。

因此，本研究评价了用CR或FCR部分替代玉米-豆粕对仔猪肠道和肝脏抗氧化能力、免疫调节功能、肠道微生物群组成、肠道屏障功能和脂质代谢的影响。本研究在饲料中添加CR或FCR可提高环江小型猪肠道抗氧化能力、免疫调节功能、肠道屏障功能，调节肝脏脂质代谢。

MDA被认为是脂质过氧化的分解产物，是氧化应激的重要标志物（19）。此外，已有研究发现，早期断奶应激可通过增加MDA和自由基的水平来诱导氧化应激（e.g., H2O2以及对仔猪细胞抗氧化防御系统的损害（20）。因此，有可能通过降低MDA水平来降低脂质破坏程度，提高ROS的清除能力。在本研究中，饲料中添加CR可降低空肠和肝脏的MDA水平，而在回肠中则呈下降趋势，提示饲料中添加CR可能会影响仔猪的氧化状态。此外，SOD、GSH-Px和CAT是主要的GSH依赖的酶促抗氧化剂，具有较强的自由基清除能力（21）。GSH是一种主要的内源性抗氧化剂，在细胞中作为自由基清除剂，而GSH-Px是限速酶，是氧化应激的重要指标。本研究表明，饲料中添加CR或FCR增加了仔猪肝脏空肠GSH-Px活性和SOD活性，而饲料中CR增加了仔猪肝脏空肠和回肠SOD活性和仔猪肝脏GSH-Px活性。饲料中添加CR可提高仔猪回肠CAT和GSH活性。因此，这说明饲料中添加CR或FCR可提高仔猪的抗氧化能力，这可能有助于降低仔猪早期的氧化应激。

炎症性细胞因子已被发现会破坏肠道屏障功能。例如，过度的促炎细胞因子（i.e., IL1β, TNF-α, 和IFN-γ），水平引起免疫反应障碍，这可进一步导致炎症，而抗炎细胞因子（如IL10）可减少信息（22）。在目前的研究中，膳食CR补充增加IL10空肠的浓度，IL10和TNF-α回肠，和IFN-γ在肝脏而CR和FCR补充减少IL1β空肠和增加IL10在肝脏。CR或FCR喂养的仔猪促炎细胞因子减少和抗炎细胞因子增加可能部分改善了仔猪的免疫调节功能。此外，本研究表明，饲料中添加CR增加了仔猪肠道和肝脏sIgA的分泌。分泌性IgA是黏膜分泌物中最重要抗体，具有很强的防止病原体入侵以保护黏膜屏障系统的能力（23）。膳食CR或FCR对免疫反应的有益影响的可能原因是，CR中所呈现的iber含量可以直接增加

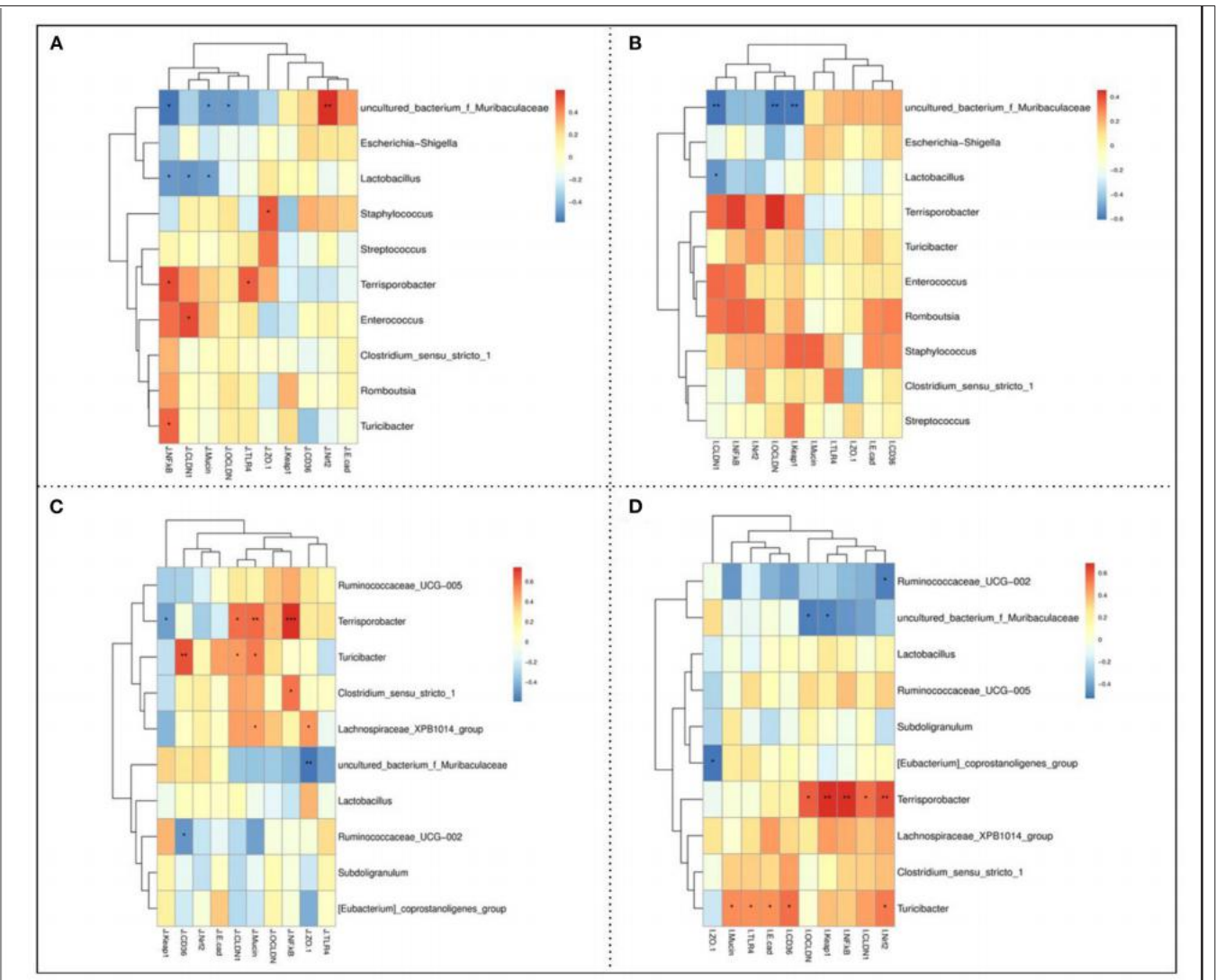


图5|：空肠 (A) 和回肠 (B) 屏障功能相关参数与回肠微生物群丰度、空肠 (C) 和回肠 (D) 屏障功能相关参数与结肠微生物群丰度的相关性。\* P < 0.05, \*\* P < 0.01, 和\*\*\* P < 0.001。

潜在的免疫细胞激活和细胞介导的免疫 (24)。因此，提示在仔猪饲料中加入CR可以通过调节促/抗炎细胞因子和抗体来增强仔猪的免疫调节功能。

肠道微生物群在机体的胃肠道功能、免疫功能和宿主的健康中起着至关重要的作用 (25)。阿尔法多样性通常被称为一个地点或一个样本内生物的多样性。此外，较高的  $\alpha$  diversity 被认为有助于维持宿主的肠道内稳态 (26)。本研究中，饲料中添加CR或FCR对回肠微生物群落丰富度 (Chao 1和Simpson) 和均匀度 (ACE和Shannon) 无影响，而结肠中ACE、Chao 1和OTU指数均升高。此外， $\beta$ -多样性分析显示，膳食

添加CR或FCR可显著改变仔猪结肠微生物群落组成的整体结构。因此，这些信息表明，部分用CR或FCR替代的饲料可能有助于维持仔猪的肠道免疫稳态。

厚壁菌门、拟杆菌门、变形菌门和放线菌门是仔猪回肠和结肠中最丰富的门，这些门在猪胃肠道中占主导地位 (27, 28)。同时，在仔猪饲料中添加FCR后，仔猪回肠和结肠中厚壁菌门丰度增加，拟杆菌门数量减少。这些结果表明，饲料中添加FCR改变了仔猪肠道菌群的结构。研究证据表明，当厚壁菌门丰度增加时，断奶仔猪的能量吸收增强



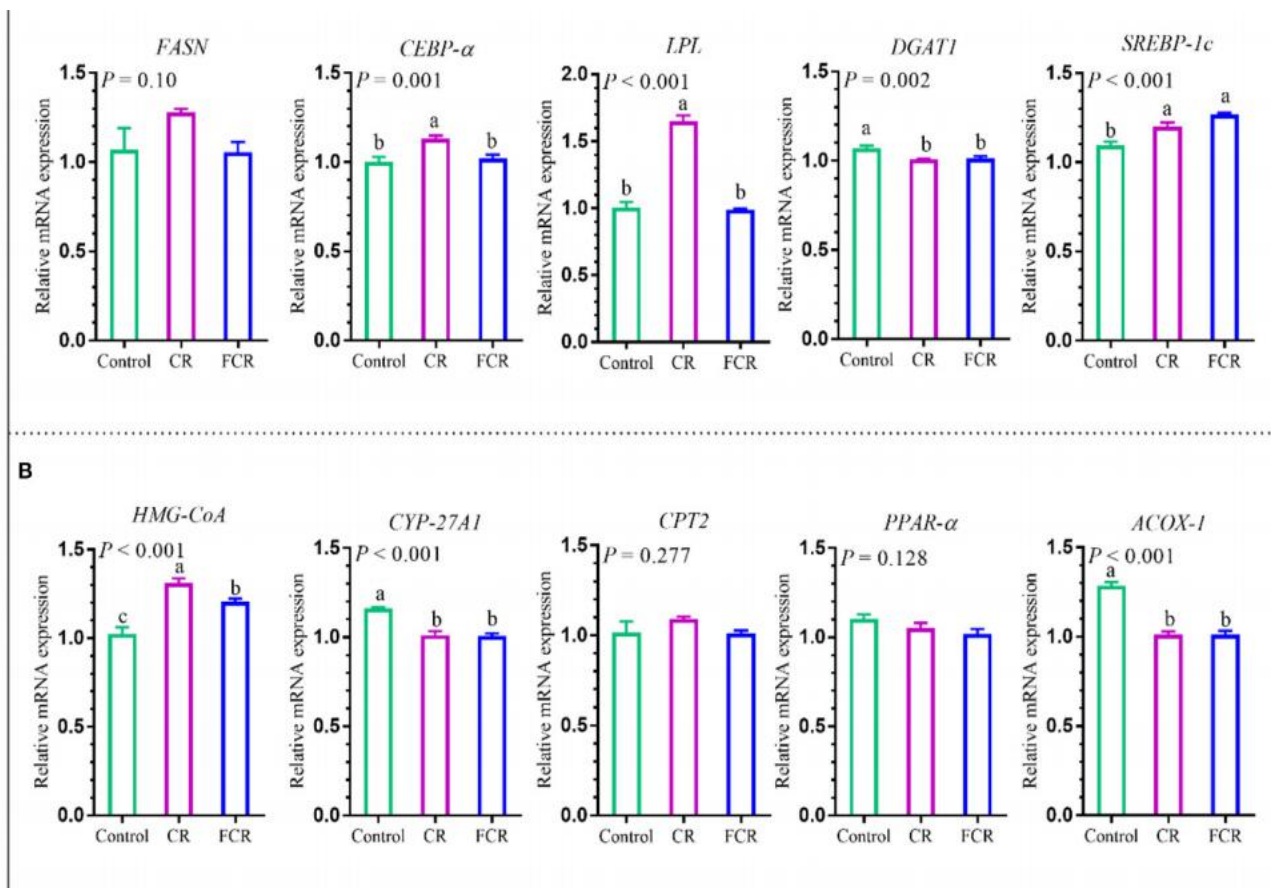


图6|木薯残渣 (CR) 或发酵木薯残渣 (FCR) 对仔猪肝脏脂质代谢的影响。与脂肪酸合成和甘油三酯代谢 (A) 和胆固醇代谢 (B). 相关的酶的mRNA表达水平数据以  $\pm$  SEM均值表示, 不同字母的值均为显著性差 ( $P < 0.05$ )。ACOX1, 乙酰辅酶A氧化酶1; CEBP- $\alpha$ , CCAAT增强子结合蛋白; CPT2, 肉碱棕榈酰转移酶2; CYP-27A1, 细胞色素p540家族27亚家族A成员1; DGAT1, 二酰基甘油邻酰基转移酶1; FASN, 脂肪酸合酶; HMG-CoA, 3- $\beta$ -羟基-3-甲基戊二酰辅酶A还原酶; LPL, 脂蛋白脂酶; PPAR- $\alpha$ , 过氧化物酶体增殖物激活受体; SREBP1c, 甾醇调节元件结合蛋白1c。

高于拟杆菌门 (29)。同样, 本研究中厚壁菌门丰度的增加可能会增强饲喂FCR的仔猪的能量吸收 (7)。饲料中添加CR或FCR分别增加仔猪回肠放线菌丰度, 降低仔猪回肠、结肠和软线菌丰度。放线菌与iber的生物降解有关, 并参与植物源性碳水化合物淀粉和多糖的分解, 包括菊粉和阿拉伯木聚糖 (30)。一般来说, 在发酵膳食iber干预下, 肠道菌群中发现了少量疣状菌 (7)。这些结果与Lu等人 (7) 的结果相似, 他们报道了饲喂发酵玉米-豆粕的断奶仔猪具有较高的放线菌丰度和较低的放线菌丰度。

在属水平上, 饲料添加CR增加了回肠大肠杆菌-志贺氏菌丰度, 降低了

仔猪回肠和结肠叔杆菌和Treponema\_2丰度; 而饲料中添加FCR降低了回肠Ruminococcaceae\_UCG-005和[真杆菌]\_coprostanoligens\_group丰度, 增加了仔猪结肠Ruminococcaceae\_UCG和Ruminiococcaceae\_UCG-005丰度。大肠杆菌-志贺氏菌已知是动物和人类中的一种机会性病原体, 与许多疾病和传染病有关 (31)。瘤胃球菌科在通过其消化酶功能降解细菌以获得更多能量的过程中起着特别重要的作用 (32)。通过进一步分析LEfSe, 证实了饲料中添加CR或FCR对仔猪回肠和结肠肠道微生物富集的影响。综上所述, 饲料中添加CR对仔猪肠道健康的风险较小, 而添加FCR可通过调节回肠和结肠的微生物群组成来改善仔猪的肠道健康。



早期仔猪的肠道屏障功能为以后的营养吸收和最初的信息屏障保护提供了基础，这在以后的生命中持续存在（33）。紧密连接蛋白（e.g., ZO-1、粘蛋白-1和咬合蛋白）、粘蛋白和肠道菌群协同建立肠道屏障，以维持肠道稳态和细胞功能（34）。在本研究中，仔猪肠道中紧密连接蛋白（ZO-1、粘蛋白-1）和粘蛋白-1的mRNA表达上调，提示饲料中添加CR或FCR可增强仔猪肠道的理化屏障功能。与对照组相比，CR组和FCR组E-钙粘蛋白、NF- $\kappa$ B、Nrf2的mRNA表达上调，FCR组NF- $\kappa$ B表达上调，E-钙粘蛋白表达下调。与此一致，相关分析还显示，肠道屏障功能参数与白蚁杆菌和杆菌杆菌的肠道微生物丰度呈正相关。因此，这些信息提示饲料中添加CR或FCR有利于维持仔猪的肠道稳态。

营养策略塑造肠道微生物群，影响肝脏脂质代谢。此外，肝脂质积累可能是由于脂质可利用性和脂质处理之间的不平衡所致，从而最终引发脂质过氧化物应激和肝损伤（35, 36）。在本研究中，饲料补充FCR增加了TG和ALP水平，降低了LDL-C水平，这表明饲料补充FCR可能导致肝脏轻度炎症，尽管还需要进一步的研究来阐明这一点。有趣的是，在本研究中，饲料中添加CR和FCR显著上调了仔猪肠道中NF- $\kappa$ B基因的表达。NF- $\kappa$ B是一种在免疫和信息传递过程中起着重要作用的转录因子。它也是控制各种促炎细胞因子、趋化因子、细胞粘附分子和粘附蛋白的基因表达的重要因子（37）。然而，由NF- $\kappa$ B激活控制的促炎性细胞因子（特别是TNF- $\alpha$ ）并不受膳食CR或FCR补充的影响。然而，为了关联细胞因子蛋白，并阐明NF- $\kappa$ B的激活机制，对NF- $\kappa$ B蛋白的评价还需要进一步的研究。肝脏中脂质的积累也依赖于脂肪酸和甘油三酯的合成和脂质代谢相关的基因表达水平。本研究发现，饲料中添加CR可上调仔猪肝脏中FASN、CEBP- $\alpha$ 和LPL mRNA的表达水平。LPL被认为是参与脂质代谢的关键蛋白水解酶。LPL水平的降低会阻断脂质代谢，并帮助脂肪在肝脏中的积累（38）。一些研究表明，与对照组相比，高脂饮食中的FASN和CEBP- $\alpha$ 水平有所增加（39, 40）。HMG-CoA水平的降低参与了胆固醇合成的减少，而胆固醇合成与脂质代谢相关，而PPAR- $\alpha$ 和CPT2基因与脂肪酸 $\beta$ -氧化相关（41）。此外，CYP-27A1 mRNA下调

表达水平与肝化有关（42）。然而，本研究表明，饲料中添加CR或FCR可上调仔猪肝脏HMG-CoA mRNA水平，下调CYP-27A1和ACOX1水平。总的来说，这些信息表明膳食CR补充有潜在的风险，而FCR补充在某些情况下有这种趋势。这些结果可能是CR生物学特性背后的原因。然而，还需要进一步的研究来揭示确切的原因。

## 结论

综上所述，用农业副产品CR或FCR部分替代玉米-豆粕，可以通过提高肠道和肝脏的抗氧化能力、免疫调节功能和IgAs的产生来维持仔猪的健康。此外，饲料中添加CR对肠道和肝脏的抗氧化酶以及IgA的产生比FCR有更明显的影响。同时，这些补充剂增加了肠道屏障的功能，并改变了肠道微生物群的组成。而饲料中添加CR对仔猪肝脏脂质代谢有潜在风险，而微生物发酵CR的影响较小。然而，用CR或FCR部分替代玉米-豆粕将是一种具有成本效益高的畜牧业饲料补充策略。

## 数据可用性声明

本研究中提供的数据集可以在在线存储库中找到。存储库/存储库的名称和登录号可以在文章/补充资料中找到。

## 伦理声明

本研究遵循中国科学院实验动物伦理委员会的指导方针进行，并经中国科学院长沙亚热带农业研究所动物护理委员会批准。

## 作者贡献

MA、HN和XK构思并设计了这个实验。MA、HJ、YL、PH分别进行了实验。MA、HN和YL对数据进行了处理。MA准备并起草了手稿。JF和XK对稿件进行了修改。所有作者均已阅读并批准了该论文的手稿。

## 资金

本研究由湖南省创新省建设专项资金资助

省（2019RS3022）和中国科学院院长国际奖学金倡议2020PB0097。

确认

作者要感谢国家动物基金会和湖南省动物营养生理和代谢过程重点实验室的研究生的收集

参考文献

1. 阿劳乔, AB, 萨利赫, 库尔奇, 珀迪根PL, Bicudo SJ等。生长猪整体木薯根青贮物的营养评价。 *Anim核*。 (2016) 2:149 – 53. doi: 10.1016/j.aninu06.2016.04.0

2. 刘、李、小、鹏、何、陈C等。桑叶粉可调节育肥猪的抗氧化能力和脂质代谢。 *Anim核*。 (2021) 7:421 – 9. doi: 10.1016/j.aninu.2020.08.005

3. 塔拉努一, 阮TT, Pham KD, Gras MA, 手枪GC, Marin DE, 等。越南的水稻和木薯馏谷干谷物: 营养价值及其膳食成分对生长猪血液化学参数和免疫反应的影响。 *废物生物质瓦洛里兹*。 (2019) 10:3373 – 82. doi: 10.1007/s12649-018-0341-7

4. 李敏, 周赫, 徐T, 子X。木薯叶片对鹅的生产性能、胴体特性和胃肠道发育的影响。 *Poult Sci*。 (2019) 98:2133 – 8. doi: 10.3382/ps/pey567

5. 李世, 崔勇, 周勇, 罗勇, 刘勇, 赵敏。木薯的工业应用: 研究现状、机遇和前景。 *J科学食品农业*。 (2017) 97:2282 – 90. doi: 10.1002/jsfa.8287

6. 郑洋、赵洋、薛S、王王、王洋、曹子等。用体外气体试验评价用木薯（甘露）残渣替代奶牛精料的饲喂价值。 *动物*(2021) 11:307. doi: 10.3390/ani11020307

7. 陆军、张十、刘勇、曹浩、韩问、谢B等。发酵玉米豆粕对生长-育肥猪血清免疫、肠道免疫、肠道微生物群和细菌代谢物相关基因表达的影响。 *前微生物*。 (2019) 10:2620. doi: 10.3389/fmicb.2019.02620

8. 王C、石勇、张勇、宋德、陆子、王勇。发酵饲料和猪肠道中的微生物群。 *应用微生物生物技术*。 (2018) 102:2941 – 8. doi: 10.1007/s00253-018-8829-4

9. 张勇、石C、王C、陆Z、王F、冯J等。用枯草芽孢杆菌BS12发酵的豆粕对仔猪生长性能和小肠免疫状态的影响。 *食品农业免疫*。 (2018) 29:133 – 46. doi: 10.1080/09540105.2017.1360258

10. H欣, 王敏, 夏Z, 余B, 何J, 余J, 等。发酵饲料液体喂养可改善猪的生长性能和肠道功能。 *动物*(2021) 11:1452. doi: 10.3390/ani11051452

11. 罗祖、赵Y、曾林、尹J、曾Q、李X, 等。葛根渣对母猪营养物质消化率和繁殖性能的影响。 *前螺母*。 (2021) 8:715713. doi: 10.3389/fnut.2021.715713

12. 宋美, 李, 陈, 金, 金, 金。发酵牡菇（平菇）副产品对伯克郡猪生长性能、血液参数和肉质的影响。 *动物*(2007) 1:301 – 7. doi: 10.1017/S1751731107683785

13. 张勇, 尹C, 施罗仁, N, 马T, 张H。妊娠饲料中添加发酵桑叶和枝条对母猪及其春季生产性能和肠道菌群的影响。 *微生物*。 (2021) 9:604. doi: 10.3390/microorganisms9030604

14. 方杰, 曹勇, 松崎M, 铃木H, 木村H。苹果渣塞青贮对育肥猪生长性能和肉品质的影响。 *Anim科学J*。 (2016) 87:1516 – 21. doi: 10.1111/asj.12601

15. 蒋、李、H鹏、倪赫、方、孔X。微生物发酵对木薯残留物营养物质组成的影响。 *中国微生物学*。 (2021) 48:407 – 13. doi: 10.13344/j.微生物学china2.20026

来自中国科学院亚热带地区农业生态过程关键实验室的样本和技术人员, 以证明技术援助。

补充材料

本文的补充材料可以在<https://www.frontiersin.org/articles/10.3389/fvets.2022.902328/full#supplementary-material>上找到。

16. 中华人民共和国农业部猪饲养标准 (GB, NY/T 65-2004)。北京: 中国农业出版社。(2004)。

17. NRC。《猪的营养需求》: 第11版修订版》。华盛顿特区: 美国国家科学院出版社。(2012). p. 420. doi: 10.17226/13298

18. 阿扎德·马克, 高Q, 马C, 王K, 孔X。在妊娠期和哺乳期的巴马迷你猪饲料中添加盐酸甜菜碱可提高哺乳仔猪的免疫力, 改变肠道微生物群。 *J科学食品农业*。 (2022) 102:607 – 16. doi: 10.1002/jsfa.11389

19. 例如, 例如, 例如。丙二醛(MDA)和蛋白碳酸基(PCO)水平作为家族性高胆固醇血症患者氧化应激的生物标志物。 *Clini Biochem*。 (2010) 43:1220 – 4. doi: 10.1016/j.clinbiochem.2010.07.022

20. 徐J、徐C、陈X、蔡S、杨S、盛Y等。一种抗氧化剂混合物对早期断奶仔猪肠道氧化还原状态和主要微生物群的调控。 *营养*。 (2014) 30:584 – 9. doi: 10.1016/j.j.2013.螺母10.018

21. 伊戈达罗OM, 阿金洛耶OA。第一线防御抗氧化剂——超氧化物歧化酶(SOD)、过氧化氢酶(CAT)和谷胱甘肽过氧化物酶(GPX): 它们在整个抗氧化防御网络中的基本作用。 *亚历克斯J医学*。 (2018) 54:287 – 93. doi: 10.1016/j.ajme.2017.09.001

22. 裴恩, 段S, 孟M, 郭M, 王C。紫甘薯非淀粉多糖对抗生素相关性腹泻小鼠肠道菌群的调节作用。 *食物功能*。 (2021) 12:5563 – 75. doi: 10.1039/D0F003465G

23. CeruttiA, RessignoM。肠道免疫球蛋白A反应的生物学特性。 *免除*(2008) 28:740 – 50. doi: 10.1016/j.immunil.2008.05.00

24. 尚问、刘赫、吴德、马福思、朴十。无抗生素饲料喂养的断奶仔猪的肠道生长来源、免疫反应、肠道屏障功能和微生物群。 *Anim核*。 (2021) 7:315 – 25. doi: 10.1016/j.aninu.2020.12.008

25. Azad MAK, 高J, 马J, 李T, 谭B, 黄X, 等。益生元对单胃动物肠道健康的促进机会。 *Anim核*。 (2020) 6:379 – 88. doi: 10.1016/j.20aninu20.08.001

26. Ciocan D, 雷布斯V, 沃佐塞克L, 普乔斯V, 卡萨德AM等。酒精性肝炎或非酒精性肝炎或慢性酒精性胰腺炎患者的肠道菌群特征。 *科学代表*。 (2018) 8:4822. doi: 10.1038/s41598-018-23146-3

27. 维埃拉, 塞辛美联社, 索拉托塔特。Pires PGdS, 红衣主教KM, Wagner G, 等。功能油或益生菌对新断奶仔猪生产性能和微生物群的影响。 *科学代表*。 (2021) 11:19457. doi: 10.1038/s41598-021-98549-w

28. 丁赫、赵十、阿扎德马克、马C、高Q、何J等。饲料中添加枯草芽孢杆菌和低聚木糖可改善断奶仔猪的生长性能和肠道形态, 并改变肠道菌群和代谢物。 *食物功能*。 (2021) 12:5837 – 49. doi: 10.1039/D1F000208B

29. 李勇、傅晓、马晓、耿世、江晓、黄问等。仔猪肠道微生物代谢组对精油的反应。 *前微生物*。 (2018) 9:1988. doi: 10.3389/fmicb.2018.01988

30. 宾达, 罗佩达, 吉比诺, 吉比诺, 五世, 加斯巴里尼。放线菌: 维持肠道稳态的相关少数菌。 *挖肝Dis*。 (2018) 50:421 – 8. doi: 10.1016/j.dld.2018.02.012

31. 孙杰、杜伦、李十、钟赫、丁勇、刘智子等。腹泻和非腹泻仔猪直肠核心细菌的鉴定。 *科学代表*。 (2019) 9:18675. doi: 10.1038/s41598-019-55328-y

32. 乌丁, 哈桑, 马哈茂德先生, 佩尔托尼米, 奥利维罗C. 饲喂中添加富含树脂酸的成分可调节仔猪肠道微生物群, 改善生长性能, 减少断奶后腹泻和肠道炎症。 *动物*(2021) 11:2511. doi: 10.3390/ani11092511
33. 陶S, 白Y, 李T, 李N, 王J. 原始的低出生体重恶化了猪在生长阶段的后肠上皮屏障功能。 *法塞布J*. (2019) 33:9897–912. doi: 10.1096/fj.201900204RR
34. 雷西尼奥M. 肠上皮屏障在控制稳态和免疫中的作用。 *趋势免疫学*. (2011) 32:256–64. doi: 10.1016/j.j.2011.04.003
35. 肌肉G, 甘比诺R, 卡萨德M. 非酒精性脂肪肝 (NAFLD) 中肝脏脂质代谢的最新见解。 *程序脂质Res*. (2009) 48:1–26. doi: 10.1016/j.plipres.2008.08.001
36. 李M, 雷诺兹CM, 塞戈维亚SA, 格雷C, 维克斯MH. 非酒精性脂肪肝的发展规划: 生活早期营养对晚年易感性和疾病严重程度的影响。 *生物医学Res Int*. (2015) 2015:437107. doi: 10.1155/2015/437107
37. 马泰, 岩本GK、华NT、Akotia V、Pedram A、Boivin MA等. TNF- $\alpha$  诱导的肠上皮紧密连接通透性的增加需要NF- $\kappa$  B的激活。 *我是肝脏生理*. (2004) 286:G367–76. doi: 10.1152/ajpgi.00173.2003
38. 小古德里安, 圣SMSE, Voshol PJ, 特辛克B, 范迪克KW, 范弗利伊曼BJM, 等. VLDL受体通过增强LPL诱导的甘油三酯水解, 在乳糜微粒代谢中发挥重要作用。 *J脂质Res*. (2004) 45:1475–81. doi: 10.1194/jlr.M400009-JLR200
39. 张问, 钱ZY, 周PH, 周X, 张德L, 何N等. 口服硒和镁共同补充对高脂饮食喂养的大鼠的脂质代谢、抗氧化状态、组织病理学损伤及相关基因表达的影响。 *脂质健康Dis*. (2018) 17:165. doi: 10.1186/s12944-018-0815-4
40. 纳塞里E, 翔宇K, 胡C, 阿亚兹A, 拉赫马尼MM, 纳simM等. Bok-choy可促进了高脂饲料中叙利亚金仓鼠的生长性能、脂质代谢和相关基因的表达。 *食物功能*. (2020) 11:2693–703. doi: 10.1039/C9F002975C
41. Nido SA、希图莱尼SA、孟格斯图BM、刘Y、可汗AZ、甘F等. 富硒益生菌对高脂饮食喂养小鼠的脂质代谢、抗氧化状态、组织病理学损伤和相关基因表达的影响。 *Biol跟踪Elem Res*. (2016) 171:399–409. doi: 10.1007/s12011-015-0552-8
42. 叶惠, 内藤, 袁惠, 佳十, 海惠, 田田等. 胆汁酸解毒酶限制了高胆固醇饮食的雌性SHRSP5/Dmcr大鼠对肝脏缺血的敏感性。 *一个PLOS*. (2018) 13:e0192863. doi: 10.1371/journal.pone.0192863

利益关系: 作者声明, 该研究是在没有任何可被解释为潜在利益关系的商业或金融关系的情况下进行的。

出版商注: 本文中所表达的所有声明仅为作者的声明, 并不一定代表他们的affiliated组织, 或出版商、编辑和审稿人的声明。本文中可能评估的任何产品, 或可能由其制造商提出的主张, 不得到出版商的保证或认可。

版权所有©2022 Azad, 江, 倪, 刘, 黄, 方和孔。这是一篇在知识共享署名许可(CC BY)条款下发布的开放获取的文章。允许在其他论坛上使用、分发或复制, 前提是注明原作者(s)和版权所有(s), 并按照公认的学术实践引用本期刊上的原始出版物。不符合本条款的, 不得使用、分发或复制。