

刘洋, 孔祥峰, 余祖功. 宫内发育迟缓仔猪断奶后肠道菌群特征及其与生长的潜在联系 [J]. 畜牧与兽医, 2024, 56 (3): 23-30.

LIU Y, KONG X F, YU Z G. Characteristics of gut microbiota and their potential association with growth in weaned piglets with intrauterine growth retardation [J]. Animal Husbandry & Veterinary Medicine, 2024, 56 (3): 23-30.

宫内发育迟缓仔猪断奶后肠道菌群特征及其与生长的潜在联系

刘洋^{1,2}, 孔祥峰^{1,2}, 余祖功^{1*}

(1. 南京农业大学动物医学院, 江苏 南京 210095;

2. 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)

摘要: 本试验旨在研究正常体重 (NBW) 仔猪和宫内发育迟缓 (IUGR) 仔猪肠道菌群的定植特征及其与器官生长发育的潜在联系。试验选取 NBW 仔猪和 IUGR 仔猪各 12 头, 21 日龄断奶后转至单栏饲养, 经 7 d 适应后, 开始为期 28 d 的饲养试验。分别于试验的第 0 和 28 天空腹称重并记录, 屠宰后分离肝脏、脾脏和胰腺称重; 分离空肠、回肠和结肠称重并测量长度, 采集肠内容物进行微生物组分析。结果表明, 与 NBW 仔猪相比, IUGR 仔猪的末重、肝脏重、空肠重和长度均显著降低 ($P < 0.05$), 而肝脏系数, 回肠重、长度和系数以及结肠重、长度与系数均显著升高 ($P < 0.05$)。NBW 仔猪和 IUGR 仔猪空肠、回肠和结肠微生物 α 和 β 多样性均无明显改变, 而 IUGR 仔猪空肠变形菌门 (Proteobacteria) 丰度呈升高趋势 ($P = 0.08$), 回肠 Proteobacteria 和放线菌门 (Actinobacteria) 丰度显著升高、厚壁菌门 (Firmicutes) 丰度显著降低 ($P < 0.05$)。此外, Spearman 分析发现肠道菌丰度与仔猪器官发育密切相关, 其中呈显著负相关 ($P < 0.05$) 的包括: 空肠葡萄球菌属 (*Staphylococcus*) 与末重、肝脏重和胰腺重, 回肠 Firmicutes 与回肠重、回肠长度和回肠系数; 呈显著正相关 ($P < 0.05$) 的包括: 回肠 Proteobacteria 与回肠重、回肠系数和肝脏系数, 结肠 Actinobacteria 与结肠重和结肠系数。由上可见, NBW 仔猪与 IUGR 仔猪断奶后肠道菌群定植发生明显变化, 这与仔猪的器官生长发育受阻具有明显的相关性。

关键词: 宫内发育迟缓; 断奶仔猪; 肠道微生物; 生长发育

中图分类号: S858.28

文献标志码: A

文章编号: 0529-5130(2024)03-0023-08

Characteristics of gut microbiota and their potential association with growth in weaned piglets with intrauterine growth retardation

LIU Yang^{1,2}, KONG Xiangfeng^{1,2}, YU Zugong^{1*}

(1. College of Veterinary Medicine, Nanjing Agricultural University, Nanjing 210095, China;

2. Hunan Provincial Key Laboratory of Animal Nutritional Physiology and Metabolic Process/Institute of Subtropical Agriculture, Chinese Academy of Sciences, Changsha 410125, China)

Abstract: This study was aimed to identify the characteristics of intestinal microbiota colonization and their potential association with organ growth and development in normal body weight (NBW) piglets and intrauterine growth retardation piglets (IUGR). Twelve NBW piglets and 12 IUGR piglets were selected for the experiment. The piglets were weaned at 21 days of age, and then were fed individually. After 7 days of adaptation, a 28-day feeding experiment was conducted. At the end of the experiment, the piglets were slaughtered and their liver, spleen and pancreas were separated and weighed. Their jejunum, ileum, and colon were also separated and weighed. The contents of the jejunum, ileum, and colon were collected for microbiome sequencing. The results showed that, compared with those of the NBW piglets, the final weight, liver weight, jejunum weight and length of the IUGR piglets were significantly decreased ($P < 0.05$). However, their liver index; ileum weight, length and the index; and colon weight length and the index were significantly increased ($P < 0.05$). The microbiota α and β diversity of the jejunum, ileum, and colon in the NBW piglets and IUGR piglets did not vary significantly; but the jejunal Proteobacteria abundance in the IUGR piglets was increased ($P = 0.08$), their Ileal Proteobacteria and Actinobacteria abundances were significantly increased ($P < 0.05$), and their Firmicutes abundance was significantly decreased ($P < 0.05$). Furthermore, the spearman correlation analysis showed that the intestinal differential microbiota was closely correlated with the organ development of the piglets, and there were significant negative

收稿日期: 2023-04-25; 修回日期: 2023-12-25

基金项目: 国家自然科学基金联合基金重点支持项目 (U20A2056)

第一作者: 刘洋, 男, 博士

* 通信作者: 余祖功, 教授, 博导, 研究方向: 兽药新制剂研发及药动学研究, E-mail: yuzugong@njau.edu.cn.

correlations ($P < 0.05$) between their jejunal *Staphylococcus* and final weight, liver weight, and pancreas weight; and between their ileal Firmicutes and ileal weight, length, and index. There were significant positive correlations ($P < 0.05$) between ileal Proteobacteria and ileal weight, ileal index and liver index; and between colonic Actinobacteria with colonic weight and index. In conclusion, these results indicated that the intestinal microbial colonization in the NBW piglets and IUGR piglets varied significantly after weaning, which was significantly correlated with the organ growth and development of the piglets.

Keywords: intrauterine growth retardation; weaned piglets; gut microbiota; growth and development

近年来,随着集约化生猪养殖业的快速发展,人们对高产母猪的需求日渐增加。然而,随着母猪产仔数的增加,新生仔猪宫内发育迟缓(IUGR)的发生率高达15%~20%^[1]。新生IUGR仔猪营养获取不足,体重轻、免疫力弱,造成生长发育缓慢、腹泻率高和死亡率高等问题^[2]。经常在断奶前死亡或者被淘汰,造成了极大的浪费^[3]。肠道是抵抗病原入侵的重要屏障,对维持动物机体健康具有重要意义^[4]。肠道菌群的早期定植与动物肠道免疫和屏障功能的成熟以及生长发育密切相关^[5]。IUGR新生仔猪的肠道发育和屏障功能受损严重,是导致IUGR仔猪肠道疾病发生和生长性能降低的重要原因^[6]。有研究表明,新生IUGR仔猪肠道微生物的早期定植、结构组成、代谢特征与正常体重(NBW)仔猪明显不同^[7]。然而,断奶IUGR仔猪肠道微生物的定植特征尚不清楚,因此,本文旨在研究断奶后NBW仔猪与IUGR仔猪的肠道微生物定植特征及其与器官生长发育的潜在联系,为改善IUGR仔猪的生长性能和肠道健康提供参考。

1 材料与方法

1.1 试验动物、分组与饲养管理

动物饲养试验在中科院亚热带农业生态研究所试验场开展。试验选用胎次和体况相近的健康大白×大白妊娠母猪24头(湖南益阳新五丰猪场),分娩后根据每窝的产仔数(10~14头)选出12窝新生仔猪。本试验中,将新生仔猪体重低于窝平均体重10%的仔猪称为IUGR仔猪,将大于平均体重的仔猪称为NBW仔猪^[8],根据每窝平均体重,从每窝中挑出NBW仔猪和IUGR仔猪各1头,总计24头,分为NBW组和IUGR组,每组12头。所选仔猪由母猪自然哺乳喂养,21日龄断奶后单栏饲养适应1周后,(7.50±0.29)kg NBW仔猪和(5.68±0.43)kg IUGR仔猪开始饲喂28d的保育料^[9],日粮的组成及营养水平见表1。母猪和仔猪饲养管理、消毒和免疫等按正常养殖标准规范操作。

1.2 测定指标与方法

1.2.1 器官系数测定

断奶仔猪饲喂28d时,禁食12h后空腹称重,

采用麻醉后放血处死,屠宰后分离肝脏、脾脏和胰腺称重并记录,计算器官系数。计算公式为:器官系数=器官重(g)/末体重(kg)。

表1 日粮组成与营养水平(风干基础)

组成	含量/%	营养指标 ²⁾	营养水平
玉米	48.50	消化能/(MJ·kg ⁻¹)	14.44
膨化大豆	12.00	粗蛋白/%	17.50
膨化玉米	10.00	粗脂肪/%	4.70
豆粕	7.50	粗纤维/%	2.70
乳清粉	5.00	赖氨酸/%	1.40
发酵豆粕	5.00	苏氨酸/%	0.77
蒸汽鱼粉	3.00	蛋氨酸/%	0.33
乳仔猪专用油粉	2.00	钙/%	0.61
葡萄糖	2.00	总磷/%	0.54
预混料 ¹⁾	5.00		
合计	100.00		

注:1)预混料为每千克日粮提供:维生素A 12 000 IU,维生素D₃ 3 000 IU,维生素E 50 mg,维生素K₃ 4 mg,维生素B₁ 4 mg,维生素B₂ 10 mg,维生素B₆ 7 mg,维生素B₁₂ 0.05 mg,酸化剂 5.00 g,氯化胆碱 1.00 g, Cu (CuSO₄·5H₂O) 0.50 g, Mn (MnSO₄·H₂O) 0.30 g, Zn (ZnSO₄·H₂O) 0.30 g, Fe (FeSO₄·H₂O) 0.60 g, I (KIO₃) 10 mg,抗氧化剂 80 mg;²⁾营养水平为计算值。

1.2.2 肠道微生物测序

取中段部位的空肠、回肠和结肠内容物,装入离心管中,液氮速冻后-80℃保存。取0.2g左右肠道内容物,采用OMEGA Soil DNA Kit (D5625-01, Omega Bio-Tek, Norcross, GA, USA)试剂盒提取微生物总DNA。采用16S rRNA V3-V4区特异性引物扩增,上游引物为5'-ACTCCTACGGGAGGCAGCA-3',下游引物为5'-TCGGACTACHVGGGTWTCTAAT-3'。扩增程序为:98℃ 2 min 预变性;98℃ 变性 15 s, 55℃ 退火 30 s, 72℃ 延伸 30 s, 25个循环;最后72℃ 延伸 5 min。用2%琼脂糖凝胶电泳检验扩增产物,采用DNA回收试剂盒(Axygen Biosciences, Union City, CA, USA)回收DNA产物,并用Quantifluor™-ST微型荧光仪(Promega, Madison, WI, USA)进行核酸质量检验,之后在Illumina平台上进行测序。

使用QIIME2对下机数据进行质控,使用DADA2

软件对序列进行过滤、去噪、合并和去除嵌合体。用 Greengenes 数据库对扩增子序列变体进行分类和物种注释。序列数据分析主要采用 QIIME2 平台进行, 利用其多样性分析插件进行微生物 α 多样性分析, 检测指标包括 Shannon、Simpson、Observed_species 和 Chao1。微生物 β 多样性分析, 采用主坐标分析 (principal co-ordinates analysis, PCoA) 和非度量多维尺度分析 (nonmetric multidimensional scaling, NMDS) 对肠道微生物组学数据进行降维处理, 并进行可视化以观察菌群的结构差异。采用 Mann - Whitney U test 分析门和属分类水平上不同组仔猪肠道微生物群的丰度差异。

1.3 相关性分析

采用基于 R 包的 Spearman 相关性检验方法, 检测仔猪肠道差异菌群与器官发育指标的相关性。

1.4 统计分析

采用 Excel 进行数据的整理, 并用 SPSS 20.0 软件进行独立样本 t 检验来分析显著性, 结果以“平均值 \pm 标准误”表示, $P < 0.05$ 表示组间数据有显著差异。

2 结果与分析

2.1 NBW 与 IUGR 仔猪器官生长发育的比较

如表 2 所示, 与 NBW 仔猪相比, IUGR 仔猪的末重、肝脏重、胰腺重、空肠重和空肠长度均显著降低 ($P < 0.05$), 而 IUGR 仔猪的肝脏系数, 回肠重、长度和系数以及结肠重、长度与系数均显著升高

($P < 0.05$)。

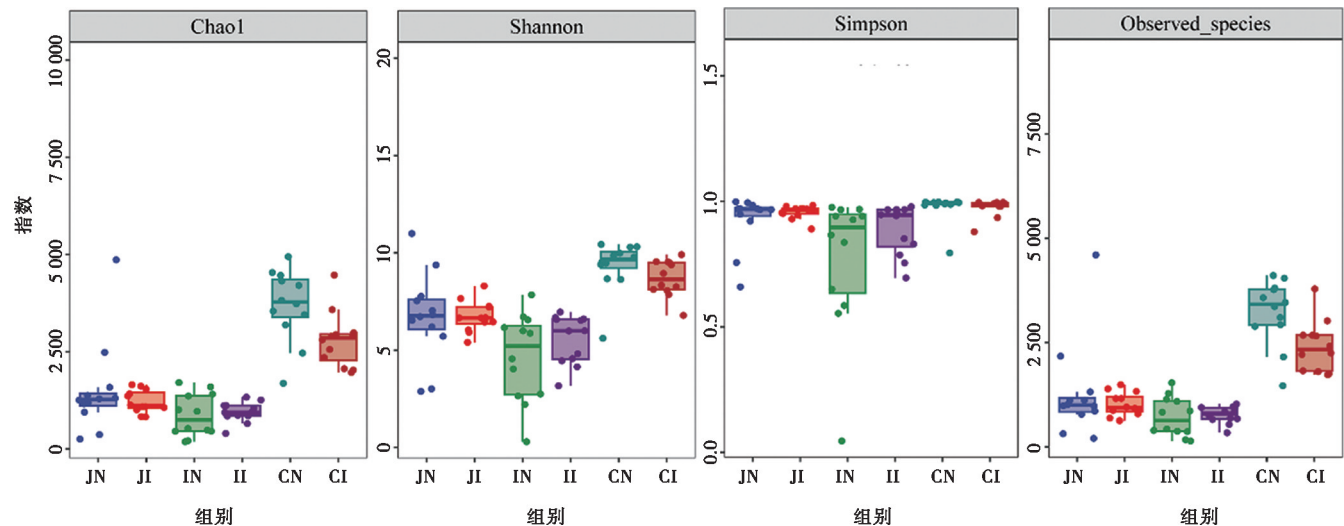
表 2 NBW 仔猪与 IUGR 仔猪器官发育指标的比较

发育指标	NBW 仔猪	IUGR 仔猪
末重/kg	18.97 \pm 0.52	14.70 \pm 0.89*
肝脏重/g	471.49 \pm 12.22	406.42 \pm 13.30*
肝脏系数/(g·kg ⁻¹)	25.26 \pm 0.35	27.36 \pm 0.72*
脾脏重/g	32.53 \pm 1.68	30.41 \pm 2.44
脾脏系数/(g·kg ⁻¹)	1.74 \pm 0.10	2.01 \pm 0.13
胰腺重/g	43.35 \pm 2.15	35.49 \pm 2.33*
胰腺系数/(g·kg ⁻¹)	2.31 \pm 0.09	2.36 \pm 0.10
空肠重/g	542.13 \pm 20.67	387.44 \pm 41.27*
空肠长度/cm	636.50 \pm 45.89	536.00 \pm 27.48*
空肠系数/(g·kg ⁻¹)	29.25 \pm 1.39	26.45 \pm 3.16
回肠重/g	296.72 \pm 41.28	420.21 \pm 39.44*
回肠长度/cm	348.91 \pm 33.53	488.25 \pm 38.08*
回肠系数/(g·kg ⁻¹)	15.76 \pm 2.07	28.62 \pm 3.06*
结肠重/g	170.81 \pm 10.90	209.28 \pm 18.79*
结肠长度/cm	106.76 \pm 7.66	158.57 \pm 16.44*
结肠系数/(g·kg ⁻¹)	9.18 \pm 0.53	14.17 \pm 1.27*

注: * 表明两组间存在显著差异 ($P < 0.05$), 下同。

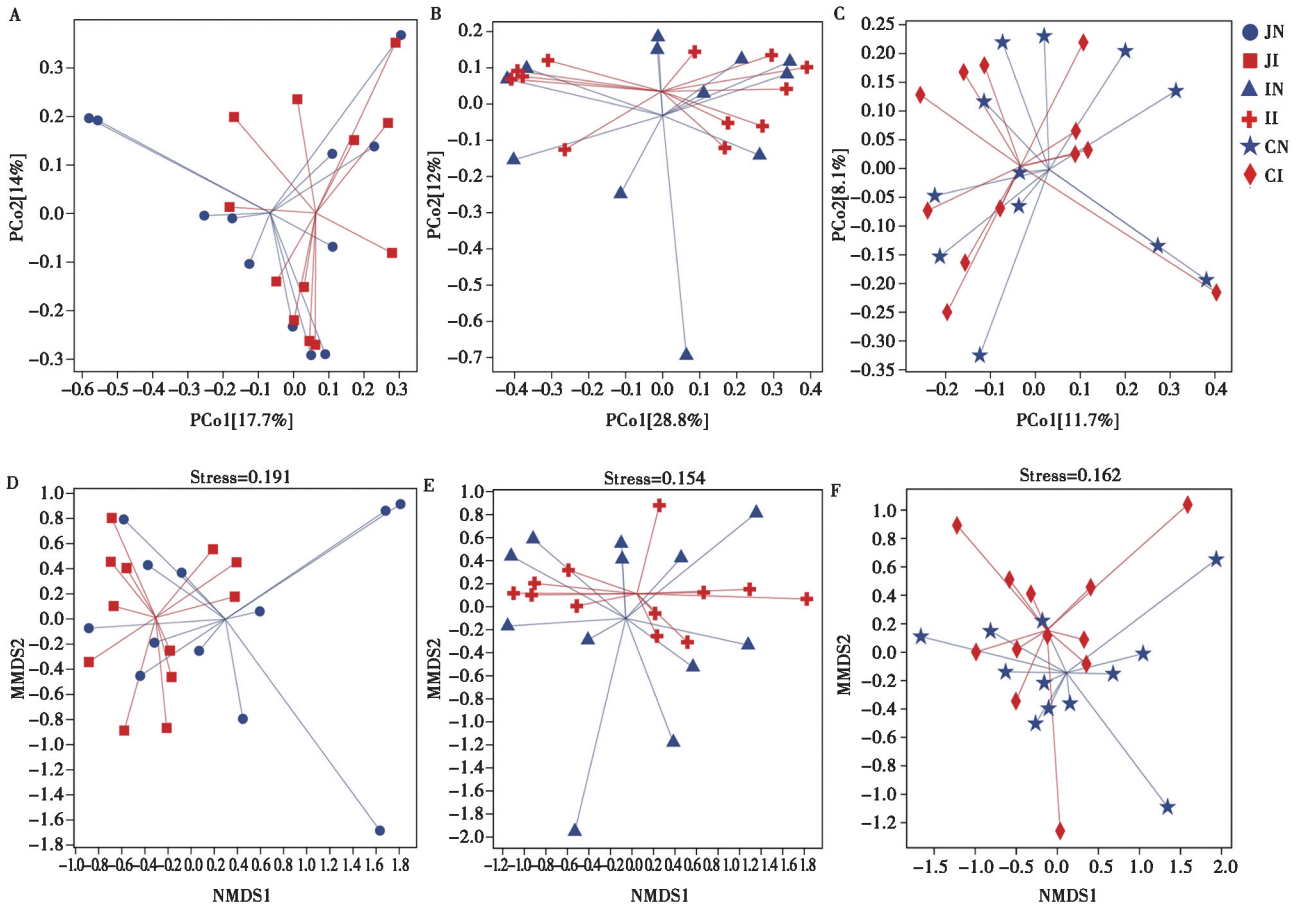
2.2 NBW 与 IUGR 仔猪肠道菌群多样性的比较

如图 1 和 2 所示, NBW 和 IUGR 仔猪的空肠、回肠和结肠菌群 α 多样性没有明显差异, 并且 β 多样性结果也显示两组仔猪的肠道菌群没有明显的聚类特征。



JN 和 JI 分别表示 NBW 仔猪和 IUGR 仔猪空肠; IN 和 II 分别表示 NBW 仔猪和 IUGR 仔猪回肠; CN 和 CI 分别表示 NBW 仔猪和 IUGR 仔猪结肠, 下同。

图 1 NBW 和 IUGR 仔猪空肠、回肠和结肠菌群 α 多样性的比较



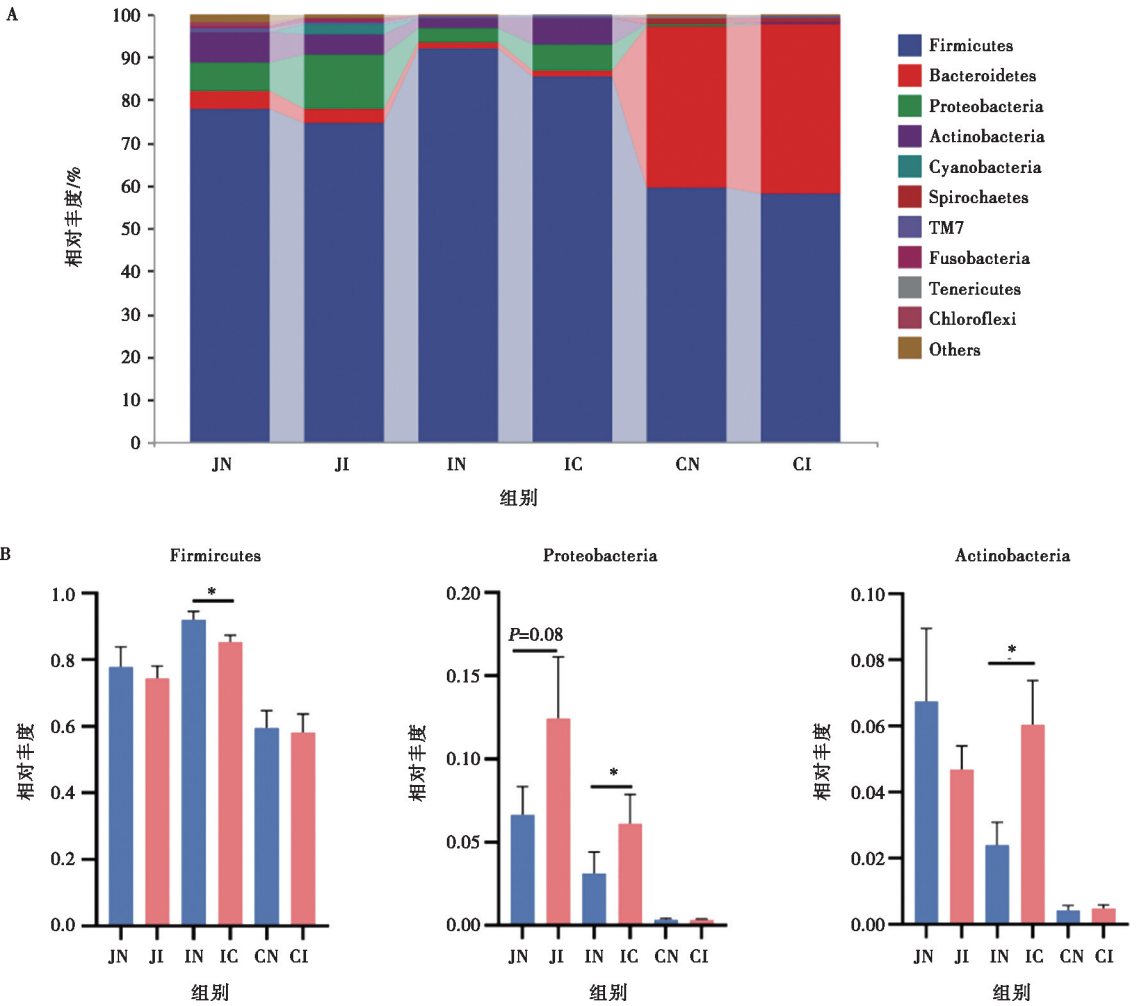
A~C. 仔猪空肠、回肠和结肠菌群的主坐标分析 (PCoA) 结果; D~F. 仔猪空肠、回肠和结肠菌群非度量多维尺度分析 (NMDS) 结果。

图2 NBW 和 IUGR 仔猪空肠、回肠和结肠菌群 β 多样性的比较

2.3 NBW 与 IUGR 仔猪肠道菌群在门水平上比较

如图3所示,在空肠内容物中,NBW 仔猪优势菌门为厚壁菌门 (Firmicutes, 77.87%), 拟杆菌门 (Bacteroidetes, 4.27%), 变形菌门 (Proteobacteria, 6.66%) 和放线菌门 (Actinobacteria, 6.74%), IUGR 仔猪优势菌门为 Firmicutes (74.47%), Bacteroidetes (3.51%), Proteobacteria (12.46%) 和 Actinobacteria (4.69%); 在回肠内容物中,NBW 仔猪优势菌门为 Firmicutes (92.06%), Bacteroidetes (1.44%), Proteobacteria (3.13%) 和 Actinobacteria (2.41%), IUGR 仔猪优势菌门为 Firmicutes

(85.37%), Bacteroidetes (1.5%), Proteobacteria (6.13%) 和 Actinobacteria (6.04%); 在结肠内容物中,NBW 仔猪优势菌门为 Firmicutes (59.62%), Bacteroidetes (37.44%), Proteobacteria (0.35%) 和螺旋体门 (Spirochaetes, 1.31%), 而 IUGR 仔猪优势菌门为 Firmicutes (58.19%), Bacteroidetes (39.28%), Spirochaetes (0.79%) 和 Actinobacteria (0.49%)。与 NBW 仔猪相比, IUGR 仔猪空肠 Proteobacteria 丰度呈升高趋势 ($P = 0.08$), 回肠 Proteobacteria 和 Actinobacteria 丰度显著升高、Firmicutes 丰度显著降低 ($P < 0.05$)。



A. NBW 和 IUGR 仔猪空肠、回肠和结肠菌群在门水平上的组成；B. NBW 和 IUGR 仔猪空肠、回肠和结肠在门水平上的差异。

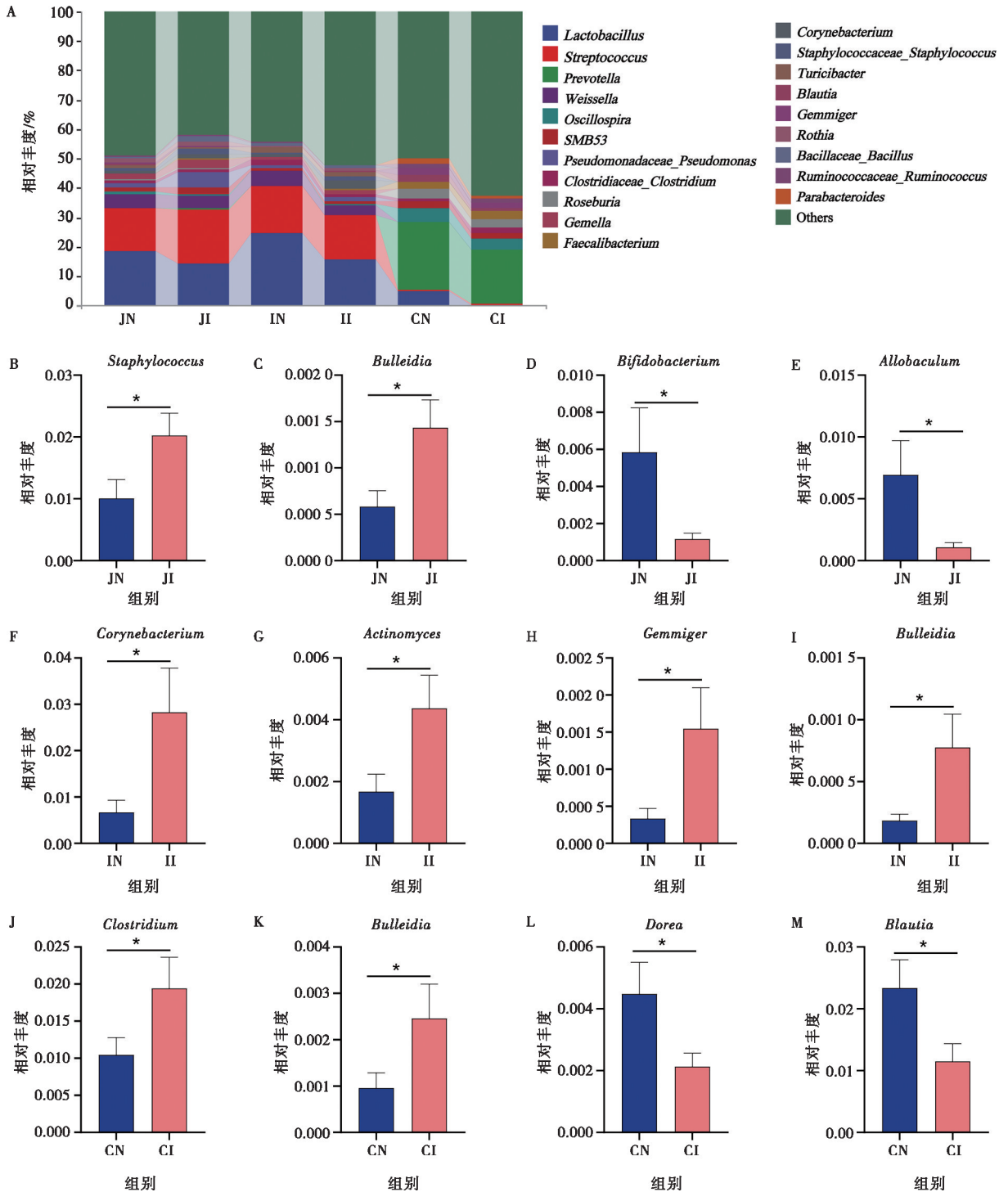
图3 NBW 仔猪和 IUGR 仔猪空肠、回肠和结肠菌群在门水平上的组成与差异

2.4 NBW 与 IUGR 仔猪肠道菌群在属水平上比较

如图示4所示，在空肠内容物中，NBW 仔猪优势菌属为乳杆菌属 (*Lactobacillus*, 18.34%)，链球菌属 (*Streptococcus*, 14.71%)，魏斯氏菌属 (*Weissella*, 4.79%) 和 *SMB53* (1.68%)，而 IUGR 仔猪优势菌群为 *Lactobacillus* (18.65%)，*Streptococcus* (14.10%)，假单胞菌属 (*Pseudomonas*, 5.40%) 和 *Weissella* (4.28%)；在回肠内容物中，NBW 仔猪优势菌属为 *Lactobacillus* (24.65%)，*Streptococcus* (16.13%)，*Weissella* (4.81%) 和梭菌属 (*Clostridium*, 1.99%)，IUGR 仔猪优势菌属为 *Lactobacillus* (15.74%)，*Streptococcus* (15.11%)，*Weissella* (3.25%) 和棒状杆菌属 (*Corynebacterium*, 2.83%)；在结肠内容物中，NBW 仔猪优势菌属为普氏菌属 (*Prevotella*,

23.05%)，*Lactobacillus* (5.09%)，颤螺旋菌属 (*Oscillospira*, 4.87%) 和罗斯氏菌属 (*Roseburia*, 3.07%)，IUGR 仔猪优势菌属为 *Prevotella* (18.44%)，*Oscillospira* (3.61%)，粪杆菌属 (*Faecalibacterium*, 2.85%) 和 *Roseburia* (2.72%)。

此外，与 NBW 仔猪相比，IUGR 仔猪空肠葡萄球菌属 (*Staphylococcus*) 和布雷德菌属 (*Bulleidia*) 丰度显著升高 ($P < 0.05$)，双歧杆菌属 (*Bifidobacterium*) 和 *Allobaculum* 丰度显著降低 ($P < 0.05$)；IUGR 仔猪回肠 *Corynebacterium*、放线菌属 (*Actinomyces*)、芽殖菌属 (*Gemmiger*) 和 *Bulleidia* 丰度均显著升高 ($P < 0.05$)；IUGR 仔猪结肠 *Clostridium* 和 *Bulleidia* 丰度显著升高 ($P < 0.05$)，*Dorea* 和布劳特氏菌属 (*Blautia*) 丰度显著降低 ($P < 0.05$)。



A. NBW 和 IUGR 仔猪空肠、回肠和结肠菌群在属水平上的组成; B~E. NBW 和 IUGR 仔猪空肠的差异菌; F~I. NBW 和 IUGR 仔猪回肠的差异菌; J~M. NBW 和 IUGR 仔猪回肠的差异菌。

图 4 NBW 与 IUGR 仔猪空肠、回肠和结肠菌群在属水平上的组成与差异

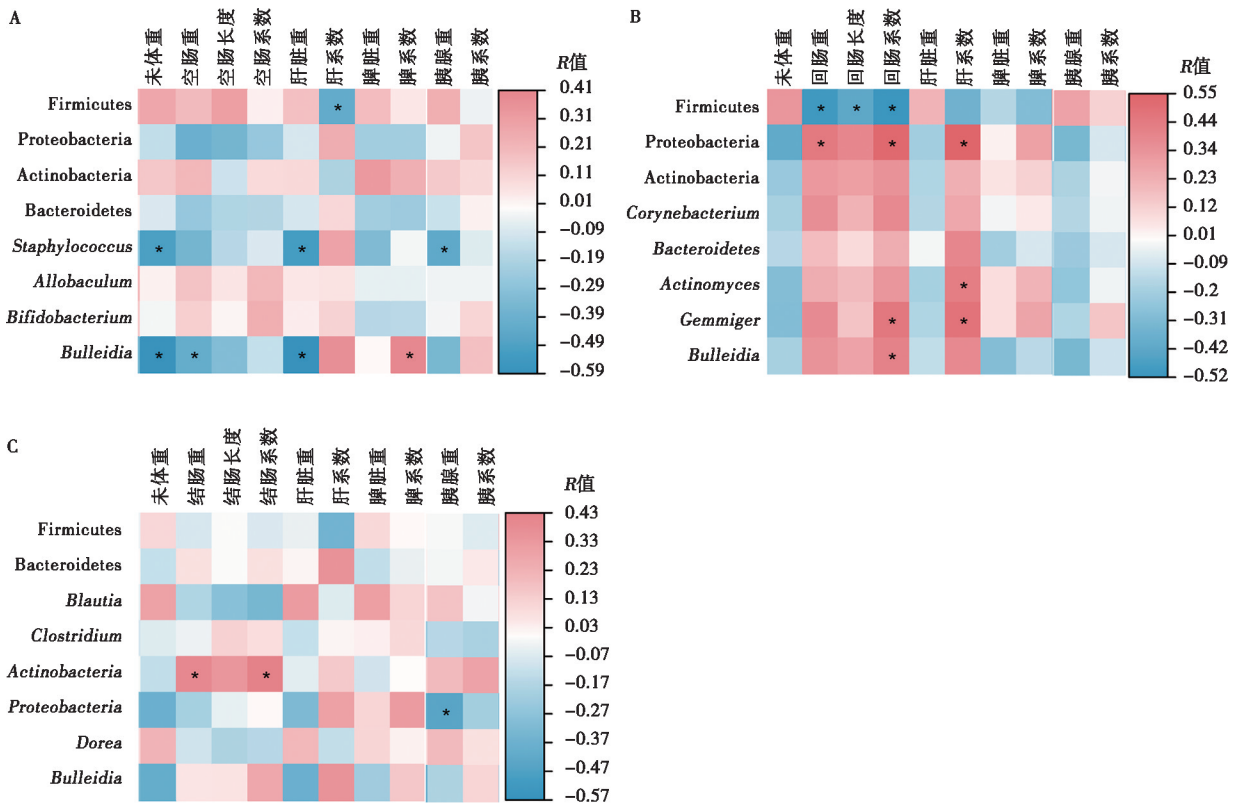
2.5 NBW 与 IUGR 仔猪肠道菌群丰度与器官生长发育的相关性分析

如图 5 所示, 仔猪空肠 Firmicutes 与肝系数呈显著负相关 ($P < 0.05$), *Bulleidia* 与末重、肝脏重和空肠重呈显著负相关、与脾系数呈显著正相关 ($P <$

0.05), *Staphylococcus* 与末重、肝脏重和胰腺重呈显著负相关 ($P < 0.05$); 仔猪回肠 Firmicutes 与回肠重、回肠长度和回肠系数呈显著负相关 ($P < 0.05$), *Proteobacter* 与回肠重、回肠系数和肝系数呈显著正相关 ($P < 0.05$), *Actinomyces* 与肝系数呈显著正相关 ($P <$

0.05), *Gemmiger* 与回肠系数和肝系数呈显著正相关 ($P < 0.05$), *Bulleidia* 与回肠系数呈显著正相关 ($P < 0.05$); 仔猪结肠 *Actinobacteria* 与结肠重和结肠系数

呈显著正相关 ($P < 0.05$), *Proteobacteria* 与胰腺重呈显著负相关 ($P < 0.05$)。



A. NBW 和 IUGR 仔猪空肠差异菌与器官发育的相关性热图; B. NBW 和 IUGR 仔猪回肠差异菌与器官发育的相关性热图; C. NBW 和 IUGR 仔猪结肠差异菌与器官发育的相关性热图。

图5 仔猪肠道差异菌与器官发育的相关性热图

3 讨论

哺乳动物肠道微生物深刻影响着宿主的健康和疾病进程^[1]。越来越多的研究表明, 肠道菌群改变了宿主肠道营养物质的代谢过程^[2], 并且还对宿主代谢和生长发育有着深远影响^[10]。本文研究了NBW 仔猪和 IUGR 仔猪肠道菌群定植特征的差异, 并探讨了其与仔猪器官发育的潜在联系。研究结果表明, IUGR 严重阻碍了仔猪器官的生长发育, 还显著改变了断奶仔猪肠道菌群的组成和丰度, 并且二者之间存在一定的联系。

肠道的正常发育对动物营养物质消化吸收和生长发育至关重要^[11]。有研究表明, 仔猪小肠长度与其平均日增重、平均日采食量和末重呈显著正相关, 小肠较长的仔猪具有更好的消化和吸收能力^[12]。在本试验中, 断奶仔猪经 28 d 饲喂后发现, IUGR 仔猪的末重和器官系数 (包括肝脏和肠道等) 仍然显著低于 NBW 仔猪, 并且 IUGR 猪的空肠、回肠和结

肠重量和长度也明显降低, 这与我们的前期研究结果一致^[7]。综上所述表明, IUGR 可降低断奶仔猪器官的正常生长发育, 并且肠道发育受损可能是影响 IUGR 仔猪生长的重要因素^[13]。

肠道菌群在维护宿主正常生理过程方面发挥着重要作用, 并且其组成和活性也受到宿主肠道内环境的影响。我们的前期研究表明, 哺乳 IUGR 仔猪肠道菌群的结构和丰度以及与宿主代谢相关的肠道菌群代谢通路发生明显改变^[14]。在本试验中, NBW 仔猪和 IUGR 仔猪断奶后 28 d 内肠道菌群的多样性和丰富度未发生明显改变, 而断奶前 IUGR 仔猪肠道微生物的多样性低于 NBW 仔猪^[7], 这可能是随着日龄的增加 IUGR 仔猪肠道发育更加成熟, 有助于肠道正常菌群的定植^[15]。此外, 在本试验中, 仔猪肠道菌群在门和属水平上的组成与丰度发生明显改变。与 NBW 仔猪相比, IUGR 仔猪空肠 *Proteobacteria* 丰度以及回肠 *Proteobacteria* 和 *Actinobacteria* 丰度显著升高, 而 *Proteobacteria* 中包括埃希菌属、沙门菌属和弧菌

属等与肠道炎症有关的菌群^[16]。这表明尽管随着日龄的增长 IUGR 仔猪肠道功能有所恢复,但是仔猪仍然面临着肠道疾病的威胁。此外, Firmicutes 与宿主对食物中能量的摄取能力有关,肥胖儿童和成人肠道中含有更高的 Firmicutes 数量^[17]。本试验中 IUGR 仔猪肠道 Firmicutes 丰度显著降低,提示肠道菌群可能是阻碍 IUGR 仔猪能量获得的原因之一。

Spearman 分析常用来研究两个或多个变量之间的潜在联系。本试验采用 Spearman 分析发现了多对仔猪肠道菌丰度与器官发育指标之间的相关关系,其中,负相关关系包括回肠 Firmicutes 与回肠重、回肠长度和回肠系数等;正相关关系包括 Proteobacter 与回肠重、回肠系数和肝系数, Actinomyces 与肝系数等。有研究表明,肠道中 Firmicutes 的丰度降低不利于肠道能量的利用,进而影响宿主能量代谢^[18];而 Proteobacteria 丰度升高可能导致致病菌的增加,引起肠道严重的免疫反应,不利于仔猪的肠道健康^[19]。此外,有研究表明,无菌小鼠有着更小的肝脏和肠质量、更薄的肠壁和更大的盲肠^[20],这显示出肠道菌具有促进动物生长和器官发育的重要作用。以上结果表明,肠道菌群可能在 IUGR 仔猪的生长发育中有负面效应,提示通过改善 IUGR 仔猪肠道菌群稳态可能是提高其肠道健康和促进其生长发育的有效手段之一。

4 结论

IUGR 可降低断奶仔猪的生长发育和器官系数,而对仔猪空肠、回肠和结肠菌群的 α 多样性没有影响,但是显著改变仔猪各肠段菌群的组成和丰度,且这种改变与仔猪的器官生长发育存在一定的关系。

参考文献:

- [1] LI N, HUANG S, JIANG L, et al. Differences in the gut microbiota establishment and metabolome characteristics between low- and normal-birth-weight piglets during early-life [J]. *Front Microbiol*, 2018, 9: 1798.
- [2] GURUGUBELLI K R, VISHNU B B. Molecular mechanisms of intrauterine growth restriction [J]. *J Matern Fetal Neonatal Med*, 2018, 31 (19): 2634-2640.
- [3] LI N, WANG W, WU G, et al. Nutritional support for low birth weight infants; insights from animal studies [J]. *Br J Nutr*, 2017, 117 (10): 1390-1402.
- [4] ADAK A, KHAN M R. An insight into gut microbiota and its functionalities [J]. *Cell Mol Life Sci*, 2019, 76 (3): 473-493.
- [5] HUANG S, LI N, LIU C, et al. Characteristics of the gut microbiota colonization, inflammatory profile, and plasma metabolome in intrauterine growth restricted piglets during the first 12 hours after birth [J]. *J Microbiol*, 2019, 57 (9): 748-758.
- [6] JIANG L, FENG C, TAO S, et al. Maternal imprinting of the neonatal microbiota colonization in intrauterine growth restricted piglets: a review [J]. *J Anim Sci Biotechnol*, 2019, 10: 88.
- [7] ZHANG W, MA C, XIE P, et al. Gut microbiota of newborn piglets with intrauterine growth restriction have lower diversity and different taxonomic abundances [J]. *J Appl Microbiol*, 2019, 127 (2): 354-369.
- [8] DARENDELILIER F. IUGR; genetic influences, metabolic problems, environmental associations/triggers, current and future management [J]. *Best Pract Res Clin Endocrinol Metab*, 2019, 33 (3): 101260.
- [9] LIU Y, AZAD M A K, KONG X, et al. Dietary bile acids supplementation modulates immune response, antioxidant capacity, glucose, and lipid metabolism in normal and intrauterine growth retardation piglets [J]. *Front Nutr*. 2022, 9: 991812.
- [10] WANG H, XU R, ZHANG H, et al. Swine gut microbiota and its interaction with host nutrient metabolism [J]. *Anim Nutr*, 2020, 6 (4): 410-420.
- [11] DOUGLAS S L, EDWARDS S A, KYRIAZAKIS I. Management strategies to improve the performance of low birth weight pigs to weaning and their long-term consequences [J]. *J Anim Sci*, 2014, 92 (5): 2280-2288.
- [12] WANG M, YANG C, WANG Q Y, et al. The growth performance, intestinal digestive and absorptive capabilities in piglets with different lengths of small intestines [J]. *Animal*, 2020, 14 (6): 1196-1203.
- [13] 唐武, 张旺宏, 孔祥峰. 宫内发育迟缓仔猪小肠形态和屏障功能相关基因的表达特征 [J]. *动物营养学报*, 2022, 34 (2): 1240-1246.
- [14] XIONG L, YOU J, ZHANG W, et al. Intrauterine growth restriction alters growth performance, plasma hormones, and small intestinal microbial communities in growing-finishing pigs [J]. *J Anim Sci Biotechnol*, 2020, 11: 86.
- [15] LI N, HUANG S, JIANG L, et al. Characterization of the early life microbiota development and predominant *Lactobacillus* species at distinct gut segments of low- and normal-birth-weight piglets [J]. *Front Microbiol*, 2019, 10: 797.
- [16] CUESTA S, BURDISSO P, SEGEV A, et al. Gut colonization by Proteobacteria alters host metabolism and modulates cocaine neurobehavioral responses [J]. *Cell Host & Microbe*, 2022, 30 (11): 1615-1629.
- [17] TURNBAUGH P J, LEY R E, MAHOWALD M A, et al. An obesity-associated gut microbiome with increased capacity for energy harvest [J]. *Nature*, 2006, 444 (7122): 1027-1031.
- [18] JANDHYALA S M, TALUKDAR R, SUBRAMANYAM C, et al. Role of the normal gut microbiota [J]. *World J Gastroenterol*, 2015, 21 (29): 8787-8803.
- [19] 孔祥峰, 余祖功, 刘洋. 宫内发育迟缓对仔猪肠道微生物的影响及营养调控 [J]. *动物营养学报*, 2022, 34 (10): 6265-6270.
- [20] 魏应凤, 梁雁, 林臣鸿, 等. 无菌动物在肠-肝轴研究中的应用前景 [J]. *中国实验动物学报*, 2017, 25 (6): 671-675.