



### 编者按:

野鸟是一些病原体长距离传播的重要宿主或传播媒介。野鸟携带或传播的病原体包括病毒、细菌、真菌等。随着人类活动与自然界不断的融合、世界贸易和交通的发展、气候变化等原因,动物源性的突发新发病原的公共卫生风险日益凸显。因此,有必要对动物特别是具有迁徙习性的野生动物携带的病原组学进行研究和摸底调查,绘制重要动物的病原组图谱,为同一个世界同一个健康的全健康发展及我国生物安全体系建设提供科学数据支撑。

## 新疆不同栖息地赤麻鸭肠道菌群多样性研究

杜菲<sup>1#</sup>, 王瑞红<sup>2#</sup>, 曹建<sup>3</sup>, 彭鹏<sup>4</sup>, 阿木提喀日·马木提<sup>1</sup>, 常娜娜<sup>1</sup>, 初冬<sup>4</sup>, 孙贺廷<sup>4</sup>, 马正海<sup>1\*</sup>, 毕玉海<sup>3,5</sup>

- 1 新疆大学生命科学与技术学院, 新疆生物资源基因工程重点实验室, 新疆 乌鲁木齐 830046
- 2 中国动物疫病预防控制中心, 北京 100125
- 3 中国科学院微生物研究所, 病原微生物与免疫学重点实验室, 北京 100101
- 4 国家林业和草原局, 野生动物疫源疫病监测总站, 辽宁 沈阳 110034
- 5 中国科学院大学, 北京 101408

杜菲, 王瑞红, 曹建, 彭鹏, 阿木提喀日·马木提, 常娜娜, 初冬, 孙贺廷, 马正海, 毕玉海. 新疆不同栖息地赤麻鸭肠道菌群多样性研究. 微生物学报, 2022, 62(1): 1–9.

Du Fei, Wang Ruihong, Cao Jian, Peng Peng, Mamuti·Amutikari, Chang Nana, Chu Dong, Sun Heting, Ma Zhenghai, Bi Yuhai. Diversity of gut microbiota in *Tadorna ferruginea* living in different habitats of Xinjiang province. *Acta Microbiologica Sinica*, 2022, 62(1): 1–9.

**摘要:**【目的】探讨天山北麓赤麻鸭肠道细菌多样性及其与栖息地环境之间的关系。【方法】于2017年秋季在天山北麓5个栖息地随机采取新鲜的赤麻鸭粪便,用细菌16S rDNA通用引物扩增V3–V4区并进行高通量测序,使用BLAST、USEARCH和QIIME等软件和在线工具分析各栖息地样品菌群组成与差异。【结果】从赤麻鸭粪便样本中共获得16S rDNA有效序列408 036条,

**基金项目:**新疆维吾尔自治区区域协同创新专项(上海合作组织科技伙伴计划)(2017E01022);中国科学院战略性先导科技专项(B类)(XDB29010102);国家自然科学基金(41761096)

Supported by the Xinjiang Uygur Autonomous Region Regional Cooperative Innovation Project (The Shanghai Cooperation Organization Science and Technology Partnership Program) (2017E01022), by the Strategic Priority Research Program of the Chinese Academy of Sciences (CAS) (XDB29010102) and by the National Natural Science Foundation of China (41761096)

<sup>#</sup>These authors contributed equally to this work.

\*Corresponding author. E-mail: mzhxju@126.com

Received: 12 October 2020; Revised: 7 November 2020; Published online: 3 February 2021

聚类产生 1 014 个操作分类单元(operational taxonomic unit, OTU)。样品中的细菌分属 25 个门和 397 个属。在门分类阶元上,变形菌门和厚壁菌门在所有样品中均为优势菌,相对丰度较高的还包括拟杆菌门、梭杆菌门、放线菌门、蓝藻细菌、螺旋体门、*Saccharibacteria* 和迷踪菌门,但以上细菌在各栖息地样品中的相对丰度存在差异。在属分类阶元上,各栖息地样品的菌群组成差异显著,艾比湖、安集海水库、奎屯水库、蘑菇湖水库和八一水库样品的优势菌分别为鲸杆菌属、巨单胞菌属、假单胞菌属、乳酸菌属和链球菌属。对不同样品菌群组成和差异分析表明,赤麻鸭胃肠道菌群组成受环境和食源的影响较大。【结论】新疆 5 个栖息地赤麻鸭肠道细菌多样性较为丰富,菌群组成有一定的共性,同时也存在明显的差异性,其主要与赤麻鸭所处环境和食源结构有关。

**关键词:** 赤麻鸭; 肠道菌群; 多样性; 高通量测序; 栖息地

## Diversity of gut microbiota in *Tadorna ferruginea* living in different habitats of Xinjiang province

DU Fei<sup>1#</sup>, WANG Ruihong<sup>2#</sup>, CAO Jian<sup>3</sup>, PENG Peng<sup>4</sup>, Mamuti·Amutikari<sup>1</sup>, CHANG Nana<sup>1</sup>, CHU Dong<sup>4</sup>, SUN Heting<sup>4</sup>, MA Zhenghai<sup>1\*</sup>, Bi Yuhai<sup>3,5</sup>

1 Xinjiang Key Laboratory of Biological Resources and Genetic Engineering, College of Life Science and Technology, Xinjiang University, Urumqi 830046, Xinjiang Uygur Autonomous Region, China

2 China Animal Disease Control Center, Beijing 100125, China

3 CAS Key Laboratory of Pathogenic Microbiology and Immunology, Institute of Microbiology, Chinese Academy of Sciences, Beijing 100101, China

4 General Station for Surveillance of Wildlife-Borne Infectious Diseases, State Forestry and Grassland Administration, Shenyang 110034, Liaoning, China

5 Chinese Academy of Sciences University, Beijing 101408, China

**Abstract:** [Objective] Explore the diversity of gut microbiota of *Tadorna ferruginea* and its relationship with associated environment. [Methods] The fresh fecal samples of *Tadorna ferruginea* were randomly collected from five habitats at the northern Tianshan Mountain in the autumn of 2017, V3–V4 region was amplified with bacterial 16S rDNA universal primer, and high-throughput sequencing was performed, and then the software and online tools including BLAST, USEARCH and QIIME were used to analyze the bacterial diversity and compare the differences among the samples from different habitats. [Results] A total of 408 036 valid sequences and 1 014 OTUs were sequenced. The bacteria from the samples belonged to 25 phylum and 397 genera. At phylum level *Proteobacteria* and *Firmicutes* were dominant, meanwhile *Bacteroidetes*, *Fusobacteria*, *Actinobacteria*, *Cyanobacteria*, *Spirochaetes*, *Saccharibacteria* and *Elusimicrobia* are also abundance in the detected fecal samples. However, the proportions of these bacteria were diverse in these five habitat sites. In addition, the bacterial community of each site was significantly different at genus level. *Cetobacterium*, *Megamonas*, *Pseudomonas*, *Lactobacillus* and *Streptococcus* were the dominant bacteria in the samples from Aibi Lake, Anjihai reservoir, Kuitun reservoir, Moguhu reservoir and Bayi reservoir, respectively. Correlation analysis showed that the gut bacterial community was greatly influenced by the environment and food. [Conclusion] The diversity of gut microbiota of the *Tadorna ferruginea* in these five habitats in Xinjiang province was abundant, and there were some similarity and also specificity of the bacterial community in different sites, which were mainly related to the environment and food compositions in the habitat for *Tadorna ferruginea*.

**Keywords:** *Tadorna ferruginea*; gut microbiota; diversity; high-throughput sequencing; habitat

目前地球上已知的动物种类可达 150 余万种, 经过长期的自然选择, 以及生活环境、食性和生活习性的差异性, 使得动物形成各自特有的肠道环境。在这些多样且复杂的肠道环境中蕴藏着数量巨大、种类多样的微生物。这些微生物群落与宿主相互作用, 构成宿主体内复杂且多样的生态系统——肠道微生物系统(gut microbiota)<sup>[1]</sup>。许多研究表明, 肠道微生物在生理、免疫、营养和宿主代谢过程中均起着重要作用<sup>[2-4]</sup>。近年来, 宏基因组测序技术结合生物信息学方法的研究极大地拓展了人们对肠道微生物多样性和代谢特点的认识<sup>[5]</sup>。

目前, 鸟类与微生物间关系的研究主要集中在人工养殖的经济物种, 野生鸟类的研究材料收集困难, 故而研究较少<sup>[6]</sup>。鸟类的肠道微生物组成与哺乳动物十分相似, 在已经认识的 75 个门中, 厚壁菌门(*Firmicutes*)和拟杆菌门(*Bacteroidetes*)占据主导地位<sup>[7]</sup>。迁徙鸟类每年在繁殖地和越冬地之间进行长距离往返迁飞, 复杂多样的生态环境和生存压力导致肠道微生物菌群变化复杂, 并影响着鸟类代谢。已有多项研究以迁徙鸟类为研究对象探讨环境和动物肠道微生物群落之间的关系以及食物和环境来源有害菌对鸟类的潜在危害<sup>[8-9]</sup>。

赤麻鸭是一种迁徙性水鸟, 繁殖于东北、内蒙古、甘肃、青海、新疆、西藏、四川和云南西北部, 冬季和迁徙期在中国北部最为丰富, 赤麻鸭随四季交替而来回迁飞, 其体表和粪便携带的大量微生物可随赤麻鸭迁飞而传播。新疆天山北麓是候鸟迁徙的重要通道和部分候鸟的繁殖地和越冬地。秋季, 赤麻鸭成群迁往新疆, 途中多是家族群集成更大的群体迁飞, 其新鲜粪便是研究动物肠道微生物多样性与环境关系的理想材料。本研究基于宏基因组学分析天山北麓多个栖息地赤麻鸭新鲜粪便中微生物

的群落组成, 以探讨鸟类肠道微生物群落与宿主和环境之间的关系。

## 1 材料与方法

### 1.1 赤麻鸭粪便样品的采集

赤麻鸭粪样品于 2017 年 9 月至 11 月采集于新疆北麓区的蘑菇湖水库(MGF, 44°29'N, 85°57'E)、安集海水库(AJF, 44°35'N, 85°48'E)、八一水库(BYF, 44°17'N, 87°53'E)、奎屯水库(KCF, 44°49'N, 85°15'E)以及艾比湖(ABF, 44°67'N, 83°32'E), 每个栖息地采集 20 份赤麻鸭新鲜粪便(采集粪便中间样品, 避免接触环境样品)于 50 mL 离心管中混匀, 置于冰盒中, 保存于-20 °C 便携式冰箱中当天运回实验室, 储存于-80 °C 冰箱备用。

### 1.2 主要试剂

文库构建试剂盒 Ion Plus Fragment Library Kit 48 rxns 为 Thermo scientific 公司产品; CTAB 为北京诺博莱德科技有限公司产品; Universal DNA 纯化回收试剂盒为北京天根生化科技有限公司产品。

### 1.3 赤麻鸭粪样品总 DNA 的提取

CTAB 法提取赤麻鸭粪样品 DNA, 琼脂糖凝胶电泳和 Qubit 2.0 荧光定量仪检测 DNA 的纯度和浓度, 核酸样品稀释至 1 ng/μL。以赤麻鸭粪便 DNA 为模板, 针对 16S rDNA 的 V3-V4 区(341-806 bp), 使用带 barcode 的特异引物 341F (CCTACGGGNGGCWGCAG) 和 806R (GACTACHVGGGTATCTAATCC) 进行 PCR 扩增, 琼脂糖凝胶电泳后切胶回收 PCR 产物。

### 1.4 文库构建和上机测序

使用 Thermo Fisher Scientific 公司的 Ion Plus Fragment Library Kit 48 rxns 文库构建试剂盒进行文库构建, 构建好的文库经过 Qubit 2.0 荧光定量仪定量和文库检测合格后, 使用 Illumina

HiSeq 测序平台测序。

### 1.5 测序数据处理及分析

测序后的数据进行统计优化分析和样品复杂度分析, 计算 Chao1、Shannon 和覆盖指数 (Coverage) 等多样性指数, 绘制样品稀释曲线。对 OTU 代表序列在不同分类水平上进行物种注释, 选取样品在门水平上丰度最高的 10 个物种和属水平上丰度最高的 20 个物种进行相对丰度分析, 并分析样品中潜在的病原微生物种类。通过 PCoA 分析和聚类分析探讨 5 个栖息地赤麻鸭肠道微生物菌群组成差异性。

## 2 结果与分析

### 2.1 赤麻鸭肠道菌群的组成特征分析

测序数据经过质量控制后, 共计得到 408 036 条有效序列, 以 97% 的序列一致性将序列共聚类成 1 014 个 OTU。由物种稀释性曲线 (图 1) 可知, 随着测序数量的增加, OTU 数量逐渐趋于平缓, 表明测序深度能够满足后续分析要求。各栖息地赤麻鸭粪便样本的 OTU 数目在 237–523 之间, 且  $\alpha$  多样性指数 (Chao1 和 Shannon 指数) 存在差异 (表 1), 艾比湖、安集海水库和蘑菇湖水库样品的 Shannon 和 Chao1 指数较高, 分别为 5.17 和 518.97、5.50 和 505.02、5.35 和 493.5, 均明显高于奎屯水库样品的相应指数 (分别为 3.14 和 231.24), 也明显高于八一

水库样品的 Shannon 指数 (3.31), 但八一水库样品的 Chao1 指数 (457.55) 较高。以上数据表明, 5 个栖息地中, 艾比湖以及安集海水库和蘑菇湖水库赤麻鸭粪便样品中细菌群落的丰度和多样性相对较高, 而奎屯水库样品中菌群的丰度和多样性均较低, 八一水库样品中菌群丰度较高, 但菌群的多样性较低。

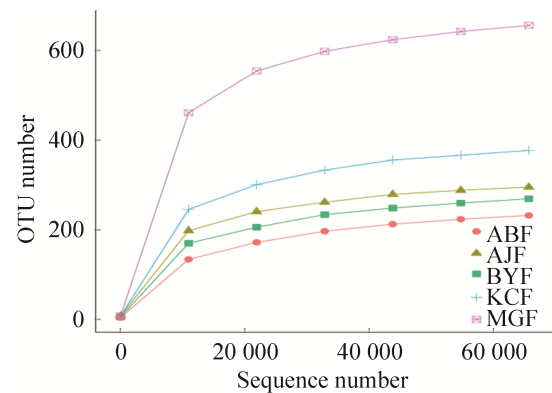


图 1 赤麻鸭粪便样本的 Shannon 指数稀释曲线  
Figure 1 Rarefaction curve of Shannon of the *Tadorna ferruginea* fecal samples.

5 个栖息地样品中共有 25 个菌门, 在艾比湖、安集海水库、奎屯水库、蘑菇湖水库和八一水库样品中的菌门分别为 21 个、15 个、12 个、15 个和 16 个, 其中相对丰度前 10 的菌门如图 2 所示, 变形菌门 (*Proteobacteria*) 和厚壁菌门 (*Firmicutes*) 在 5 个栖息地样品中均为优势菌, 在艾比湖、安集海水库、奎屯水库、蘑菇

表 1 赤麻鸭粪便样本菌群  $\alpha$  多样性指数

Table 1 Alpha diversity indexes of bacterial community in the *Tadorna ferruginea* fecal samples

Sites	Reads	OTUs	Coverage/%	Bacterial diversity indexes	
				Shannon	Chao1
ABF	80 171	523	99.99	5.17	518.97
AJF	80 161	414	99.99	5.50	505.02
KCF	80 226	237	99.99	3.14	231.24
MGF	80 110	500	99.99	5.35	493.50
BYF	80 099	464	99.99	3.31	457.55

湖水库和八一水库样品中, 变形菌门 (*Proteobacteria*) 相对丰度分别达到 16.01%、3.68%、53.47%、3.67%和 22.02%, 厚壁菌门 (*Firmicutes*) 相对丰度分别达到 30.22%、49.11%、46.24%、83.04%和 67.68%, 两者在奎屯水库和八一水库样品中的相对丰度合计分别达到了 99.71%和 89.70%, 如前所述这两个水库样品的 Shannon 明显低于其他 3 个栖息地样品, 说明该两个栖息地样品中菌群多样性较低。菌门丰度的数据分析表明, 高丰度菌门在各栖息地样品间存在差异, 如拟杆菌门 (*Bacteroidetes*) 在安集海水库和艾比湖样品中含量较高, 相对丰度分别为 44.85%和 10.05%, 梭杆菌门 (*Fusobacteria*) 在艾比湖样品中含量较高, 相对丰度为 34.31%, 放线菌门 (*Actinobacteria*) 在蘑菇湖水库和八一水库样品中含量较高, 相对丰度分别为 8.49%和 8.96%。5 个栖息地样品中相对丰度位于前 10 的菌门还包括蓝藻细菌 (*Cyanobacteria*)、*Saccharibacteria*、螺旋体门 (*Spirochaetes*) 和迷踪菌门 (*Elusimicrobia*)。

在属分类阶元上, 5 个栖息地样品中共获得 397 个菌属, 在艾比湖、安集海水库、奎屯

水库、蘑菇湖水库和八一水库样品中的菌属分别为 242 个、168 个、120 个、233 个和 218 个, 其中相对丰度前 20 的菌属如图 3 所示, 结果显示各栖息地赤麻鸭粪便样中的优势菌属差异较大, 链球菌 (*Streptococcus*) 在八一水库含量较高, 相对丰度为 56.05%, 假单胞菌 (*Pseudomonas*) 和肠杆菌属 (*Catellibacoccus*) 在奎屯水库样品中含量较高, 相对丰度分别为 48.14%和 37.77%, 乳酸菌 (*Lactobacillus*) 和毛球菌属 (*Trichococcus*) 在蘑菇水库样品中含量较高, 相对丰度分别为 46.71%和 12.36%, 鲸杆菌属 (*Cetobacterium*) 和拟杆菌属 (*Bacteroides*) 在艾比湖样品中含量较高, 相对丰度为 34.15%和 9.04%, 拟杆菌属 (*Bacteroides*) 和巨单胞菌属 (*Megamonas*) 在安集海水库样品中含量较高, 相对丰度分别为 22.34%和 16.21%。5 个栖息地样品中相对丰度位于前 20 的菌属还包括泛生菌属 (*Pantoea*)、粪杆菌属 (*Faecalibacterium*)、罕见小球菌属 (*Subdoligranulum*)、罗姆布茨菌 (*Rombotusia*)、不动杆菌 (*Acinetobacter*)、狭义梭菌属 (*Clostridium sensu stricto*)、拟普雷沃菌属 (*Alloprevotella*)、理研菌科 RC9 肠道群

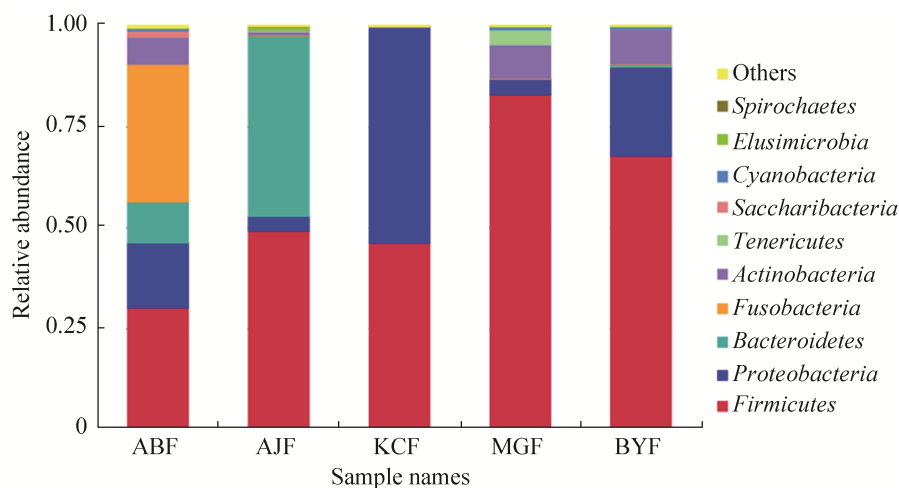


图 2 赤麻鸭粪便样中门水平相对丰度最高的 10 种细菌

Figure 2 The top 10 bacteria at phylum level in the *Tadorna ferruginea* fecal samples.

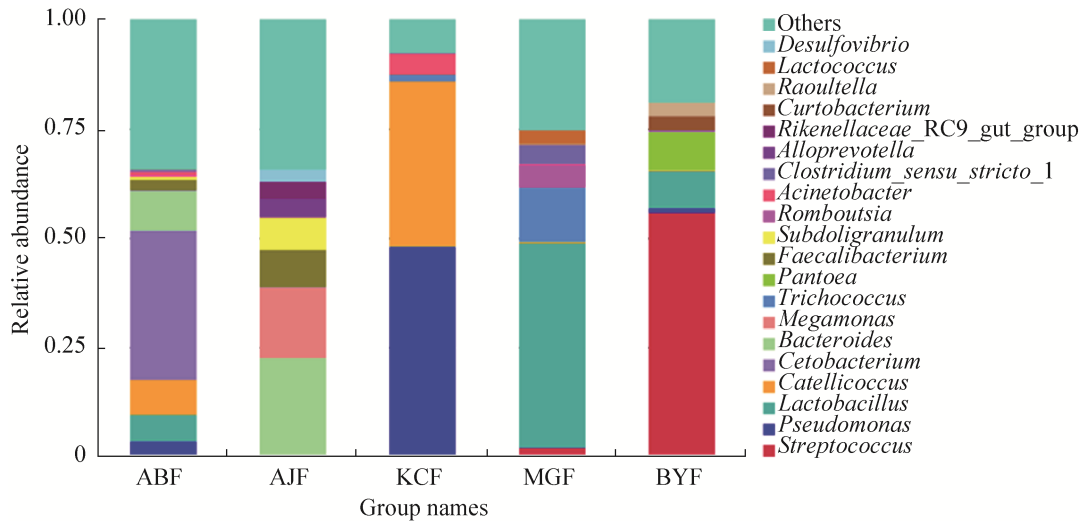


图 3 赤麻鸭粪便样中属水平相对丰度最高的 20 种细菌

Figure 3 The top 20 bacteria at genus level in the *Tadorna ferruginea* fecal samples.

(*Rikenellaceae\_RC9\_gut\_group*)、短小杆菌属 (*Curtobacterium*)、拉乌尔菌属 (*Raoultella*)、乳球菌属 (*Lactococcus*) 和脱硫弧菌属 (*Desulfovibrio*)。

分析表明，赤麻鸭粪便样品中相对丰度前 20 的菌属(图 3)中还存在多种病原菌以及条件致病菌，如拉乌尔菌属、链球菌属、假单胞菌、不动杆菌属和梭状芽孢杆菌属等。

## 2.2 不同栖息地赤麻鸭肠道菌群的差异性分析

基于 unweighted unifracs 距离矩阵的 PCoA 分析表明，八一水库和蘑菇湖水库样品中的微生物组成最为相似(图 4)。样本层级聚类分析结果表明，安集海水库之外的 4 个栖息地样品微生物组成聚在一起，且蘑菇湖水库与八一水库样品聚在一个终末分支(图 5)，说明在赤麻鸭粪便菌群组成方面，安集海水库与其他 4 个栖息地的差异较大，而蘑菇湖水库与八一水库最为相似，这与 PCoA 分析结果一致。Venn 分析如(图 6)所示，5 个栖息地样品中共 76 个 OTUs，奎屯水库、八一水库、蘑菇湖水库、安集海水库和艾比湖样品中各自独有的 OTU 数量分别为

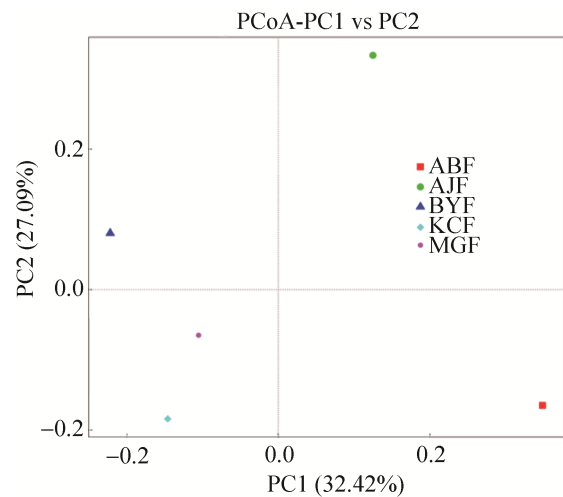


图 4 赤麻鸭粪便样的 unweighted PCoA 图

Figure 4 The unweighted PCoA scores of the *Tadorna ferruginea* fecal samples.

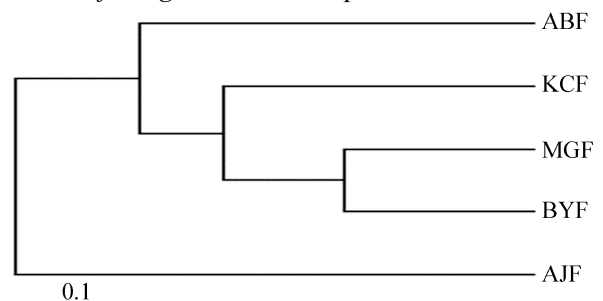


图 5 赤麻鸭粪便样的层级聚类分析

Figure 5 The hierarchical clustering tree of the *Tadorna ferruginea* fecal samples.

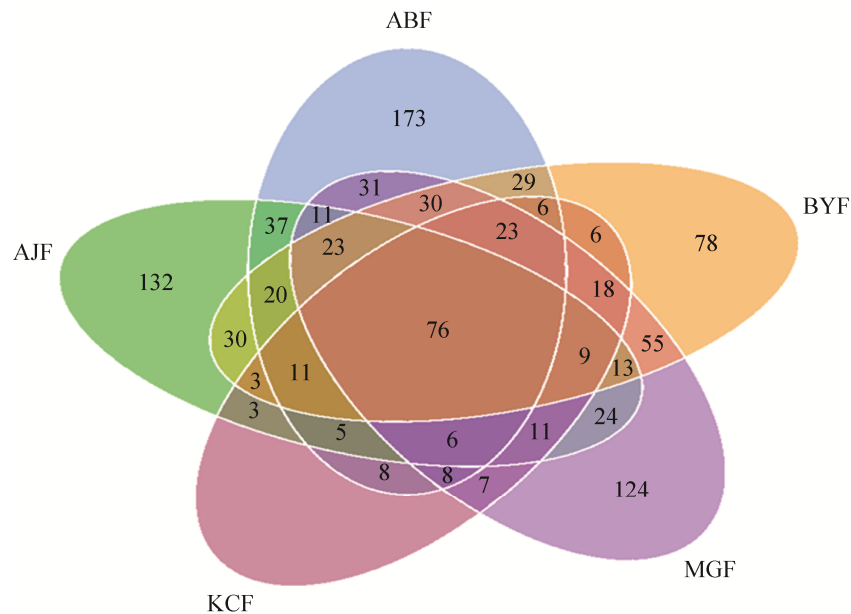


图 6 赤麻鸭粪便样品的 OTUs Venn 图

Figure 6 Venn diagram of OTUs of the *Tadorna ferruginea* fecal samples.

4、78、124、132 和 173，其中八一水库和蘑菇湖水库样品中共有的 OTU 最多，为 247 个。

### 3 讨论

鸟类肠道微生物具有高度的多样性，不同样品间又存在一定的差异性，其受宿主遗传背景、年龄、饮食和栖息环境等因素的影响。本研究结果表明，5 个赤麻鸭栖息地粪便样品中的菌群组成有共性，同时各样本的 OTU 数目、种类和多样性指数都存在差异(表 1)，其中安集海水库与其他 4 个栖息地样品差异较大，蘑菇湖水库和八一水库样本中的菌群组成最为相似。由于野生鸟类从环境中觅食饮水的过程是宿主肠道菌群定殖的重要途径之一，故环境和鸟类摄入食物的差异可显著影响鸟类胃肠道菌群的组成<sup>[10]</sup>，Yang 等发现不同栖息地雁形目鸟类粪便样品中微生物组成差异明显，认为这种差异与鸟类食源密切相关<sup>[8]</sup>。在本研究中不同栖息地样品菌群组成和多样性的差异主要也是

由于环境和鸟类食源差异所致。艾比湖、安集海水库、蘑菇湖水库和八一水库周边种植了小麦和玉米等多种粮食作物以及棉花和各类蔬菜，丰富多样的食源使得赤麻鸭肠道微生物的丰度和多样性均较高。而奎屯水库周边以种植棉花为主，食物单一可能是该水库样品中菌群的丰度和多样性较低的原因之一。

优势菌和菌群相对丰度的分析表明，在门分类阶元上，变形菌门和厚壁菌门在 5 个栖息地样品中都为优势菌门，拟杆菌门在安集海水库和艾比湖样品中以及梭杆菌门在艾比湖样品中的相对丰度均在 10%以上，放线菌门在蘑菇湖水库和八一水库样品中的相对丰度分别达到了 8.49%和 8.96%。以上高丰度菌群在各栖息地样品中的组成有一定的共性，如在纤维素、淀粉和蛋白质等消化吸收中发挥着重要作用的厚壁菌门、拟杆菌门、变形菌门和放线菌门<sup>[11-16]</sup>等是鸟类肠道微生物的优势菌<sup>[7,17-18]</sup>，本研究中以上菌群在样品中亦为优势菌群或相对丰度较

高,表明赤麻鸭在各栖息地以食草为主。同时以上菌群在各栖息地样品中的相对丰度存在差异,这种差异同样与赤麻鸭所处环境以及食源的差异相关,如放线菌门在蘑菇水库和八一水库样本中相对丰度较高,可能与这两个栖息地赤麻鸭食源中的植物纤维的种类及其占比有关,有研究表明放线菌门的含量与宿主纤维摄入呈正相关<sup>[14]</sup>。另外几种相对丰度位于前 10 的菌群中,蓝藻细菌和螺旋体菌门广泛分布于包括多种水环境的自然界中,*Saccharibacteria* 和迷踪菌门为动物胃肠道常见菌群,且其相对丰度可随饮食和胃肠道健康状态而变化<sup>[19-20]</sup>,故这 4 种菌群在栖息地样品间的差异也是与环境 and 食源相关。

在属分类阶元上,相对丰度前 20 的菌群主要有以下几类,一是胃肠道正常菌群,包括乳酸菌属、巨单胞菌属、粪杆菌属、拟普雷沃菌属、狭义梭菌属、理研菌科 RC9 肠道群,以及拟杆菌属、链球菌属和肠杆菌属中的大多数菌群,其中还发现罕见小球菌属和罗姆布茨菌等近几年报道的肠道菌;二是环境中的菌群,包括假单胞菌、毛球菌和脱硫弧菌属,其中后两者与化学污染有关;三是食物中的菌群,如泛生菌属和短小杆菌属主要来源于植物,拉乌尔菌属来源于飞蝗后肠<sup>[21]</sup>,鲸杆菌属主要存在于鱼肠道中<sup>[22]</sup>,这些菌群在不同栖息地样品中的差异显然与鸟类食源不同有关。5 个栖息地样品菌群组成差异较大,说明在属水平的菌群组成受栖息地环境和食源影响,如艾比湖和奎屯水库的优势菌属分别为食源的鲸杆菌属和环境源的假单胞菌,另外 3 个栖息地样品的优势菌虽然均为胃肠道正常菌群,但优势菌属也各不相同,同样是受环境源和食源菌群影响所致。另外,赤麻鸭粪便中还包含多种病原菌及其耐药基因,这需要引起高度关注和密切监控<sup>[23]</sup>。

## 参考文献

- [1] Savage DC. Microbial ecology of the gastrointestinal tract. *Annual Review of Microbiology*, 1977, 31: 107-133.
- [2] Malmuthuge N, Griebel PJ, Guan LL. The gut microbiome and its potential role in the development and function of newborn calf gastrointestinal tract. *Frontiers in Veterinary Science*, 2015, 2: 36.
- [3] Ahern PP, Faith JJ, Gordon JI. Mining the human gut microbiota for effector strains that shape the immune system. *Immunity*, 2014, 40(6): 815-823.
- [4] O'Mahony SM, Clarke G, Borre YE, Dinan TG, Cryan JF. Serotonin, tryptophan metabolism and the brain-gut-microbiome axis. *Behavioural Brain Research*, 2015, 277: 32-48.
- [5] Waite DW, Taylor MW. Exploring the avian gut microbiota: current trends and future directions. *Frontiers in Microbiology*, 2015, 6: 673.
- [6] Pan D, Yu ZT. Intestinal microbiome of poultry and its interaction with host and diet. *Gut Microbes*, 2014, 5(1): 108-119.
- [7] Kohl KD. Diversity and function of the avian gut microbiota. *Journal of Comparative Physiology B*, 2012, 182(5): 591-602.
- [8] Yang YZ, Deng Y, Cao L. Characterising the interspecific variations and convergence of gut microbiota in *Anseriformes* herbivores at wintering areas. *Scientific Reports*, 2016, 6: 32655.
- [9] Read AF. Bird-parasite interactions: ecology, evolution and behaviour: edited by J.E. Loye and M. Zuk. *Oxford University Press/OUP USA*, 1991. £37.50 hbk (xv + 406 pages) ISBN 0 19 857738 9. *Trends in Ecology & Evolution*, 1991, 6(12): 411-412.
- [10] Grond K, Lanctot RB, Jumpponen A, Sandercock BK. Recruitment and establishment of the gut microbiome in arctic shorebirds. *FEMS Microbiology Ecology*, 2017, 93(12): fix142.
- [11] Brulc JM, Antonopoulos DA, Miller ME, Wilson MK, Yannarell AC, Dinsdale EA, Edwards RE, Frank ED, Emerson JB, Wacklin P, Coutinho PM, Henrissat B, Nelson KE, White BA. Gene-centric metagenomics of the fiber-adherent bovine rumen microbiome reveals forage specific glycoside hydrolases. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 2009, 106(6): 1948-1953.
- [12] Yatsunenkov T, Rey FE, Manary MJ, Trehan I, Dominguez-Bello MG, Contreras M, Magris M, Hidalgo G, Baldassano RN, Anokhin AP, Heath AC,



- Warner B, Reeder J, Kuczynski J, Caporaso JG, Lozupone CA, Lauber C, Clemente JC, Knights D, Knight R, Gordon JI. Human gut microbiome viewed across age and geography. *Nature*, 2012, 486(7402): 222–227.
- [13] Nelson KE, Weinstock GM, Highlander SK. A catalog of reference genomes from the human microbiome. *Science*, 2010, 328(5981): 994–999.
- [14] Lee FJ, Rusch DB, Stewart FJ, Mattila HR, Newton ILG. Saccharide breakdown and fermentation by the honey bee gut microbiome. *Environmental Microbiology*, 2015, 17(3): 796–815.
- [15] Zhu LF, Wu Q, Dai JY, Zhang SN, Wei FW. Evidence of cellulose metabolism by the giant panda gut microbiome. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 2011, 108(43): 17714–17719.
- [16] Lu HP, Wang YB, Huang SW, Lin CY, Wu M, Hsieh CH, Yu HT. Metagenomic analysis reveals a functional signature for biomass degradation by cecal microbiota in the leaf-eating flying squirrel (*Petaurista alborufus lena*). *BMC Genomics*, 2012, 13: 466.
- [17] Roto SM, Rubinelli PM, Ricke SC. An introduction to the avian gut microbiota and the effects of yeast-based prebiotic-type compounds as potential feed additives. *Frontiers in Veterinary Science*, 2015, 2: 28.
- [18] Zhao GH, Zhou LZ, Dong YQ, Cheng YY, Song YW. The gut microbiome of hooded cranes (*Grus monacha*) wintering at Shengjin Lake, China. *MicrobiologyOpen*, 2017, 6(3): e00447.
- [19] 刘志云, 钟晓霞, 谢跃伟, 肖融, 江山, 黄健, 黄金秀, 周晓容. 发酵玉米-豆粕型全价饲料对生长猪生长性能、粪便臭味物质和菌群区系的影响. *畜牧兽医学报*, 2018, 49(6): 1169–1177.
- Liu ZY, Zhong XX, Xie YW, Xiao R, Jiang S, Huang J, Huang JX, Zhou XR. Effects of fermented corn-soybean complete feed on the growth performance, odor concentration and bacterial community in faeces of growing pigs. *Acta Veterinaria et Zootechnica Sinica*, 2018, 49(6): 1169–1177. (in Chinese)
- [20] 武帅, 郭东新. 饲料中添加花生秧对伊拉兔肠道菌群的影响. *动物营养学报*, 2019, 31(6): 2735–2744.
- Wu S, Guo DX. Effects of diet supplemented with peanut vine on intestinal flora of Ira rabbits. *Chinese Journal of Animal Nutrition*, 2019, 31(6): 2735–2744. (in Chinese)
- [21] 石旺鹏. 不同来源飞蝗后肠微生物群落高通量测序分析. *生物资源*, 2017, 39(4): 298–302.
- Shi WP. Analysis on high throughput sequencing of hindgut microflora of *Locusta migratoria* from different sources. *Biotic Resources*, 2017, 39(4): 298–302. (in Chinese)
- [22] 李建柱, 侯杰, 张鹏飞, 柳尧全, 夏闰红, 马徐发. 鱼菜共生模式中不同鱼类肠道微生物群落结构的比较. *南方水产科学*, 2016, 12(6): 42–50.
- Li JZ, Hou J, Zhang PF, Liu YQ, Xia RH, Ma XF. Comparative study of intestinal microbial community structure in different species of carp in aquaponics system. *South China Fisheries Science*, 2016, 12(6): 42–50. (in Chinese)
- [23] Cao J, Hu YF, Liu F, Wang YN, Bi YH, Lv N, Li J, Zhu BL, Gao GF. Metagenomic analysis reveals the microbiome and resistome in migratory birds. *Microbiome*, 2020, 8(1): 26.

(本文责编 李磊)