



王钱保, 黄华云, 李春苗, 黄正洋, 吴兆林, 孔令琳, 赵振华. 鸡舍养殖模式与优质肉鸡肠道形态及微生物群落的关联[J]. 中国农业大学学报, 2026, 31(3): 160-169.

WANG Qianbao, HUANG Huayun, LI Chunmiao, HUANG Zhengyang, WU Zhaolin, KONG Linglin, ZHAO Zhenhua. Association between housing modes of chicken coops and intestinal morphology as well as microbial community of high quality broilers[J]. *Journal of China Agricultural University*, 2026, 31(3): 160-169.

DOI: 10.11841/j.issn.1007-4333.2026.03.14

鸡舍养殖模式与优质肉鸡肠道形态及微生物群落的关联

王钱保 黄华云 李春苗 黄正洋 吴兆林 孔令琳 赵振华*

(江苏省家禽科学研究所, 江苏 扬州 225100)

摘要 为明确不同类型鸡舍中优质肉鸡的肠道形态与微生物群落变化, 选取健康的1日龄L系优质肉鸡公鸡240只, 随机分成2组, 饲养于密闭式环控舱(I组)和普通半封闭式鸡舍(II组)。第15周龄时选取2组公鸡各24只屠宰进行肠道形态的测定, 利用16S rDNA测序分析盲肠内容物中微生物多样性。结果表明: 1) 15周龄时, I组相比于II组显著提升了饲料转化率($P < 0.05$), 同时十二指肠、空肠和回肠的绒毛高度也显著提升、隐窝深度显著降低($P < 0.05$)。2) 2组盲肠肠道微生物Beta多样性存在显著差异表明I组中富集了激活脂内代谢与增强肠道屏障的菌群, 如双歧杆菌属(*Bifidobacterium*)、放线菌门(Actinobacteriota)和疣微菌门(Verrucomicrobiota), II组富集了抑制相关酶活性与阻碍肠上皮能量代谢的拟杆菌门(Bacteroidota)、巴氏菌科(Barnesiellaceae)和脱硫杆菌门(Desulfobacterota)($P < 0.05$)。综上, 在不同鸡舍环境参数调控模式下, 优质肉鸡的肠道组织形态与微生物群落结构存在明显差异, 其中密闭式环控舱模式更有利于促进肠道健康发育。保持肠道内环境稳态不仅对集约化养殖中的生产挑战具有重要实践价值, 也为开展优质肉鸡在精细化调控条件下的微生物群落组学研究提供重要参考。

关键词 优质肉鸡; 环境控制; 肠道形态; 微生物群落

中图分类号 S831.2

文章编号 1007-4333(2026)03-0160-10

文献标志码 A

Association between housing modes of chicken coops and intestinal morphology as well as microbial community of high quality broilers

WANG Qianbao, HUANG Huayun, LI Chunmiao, HUANG Zhengyang, WU Zhaolin, KONG Linglin, ZHAO Zhenhua*

(Jiangsu Institute of Poultry Science, Yangzhou 225100, China)

Abstract To clarify the intestinal morphology and microbiome changes of high-quality broilers in different types of chicken houses, 240 healthy 1-day-old high-quality broilers of the L line were selected and randomly divided into two groups, which were raised in a closed environmental control cabin (Group I) and a common semi-closed chicken coop (Group II). At the 15th week of age, 24 roosters in each group were selected and slaughtered for intestinal morphology determination, and the microbial diversity in cecum contents was analyzed by 16S rDNA sequencing. The results showed as follows: 1) At 15 weeks of age, Group I significantly improved the feed conversion rate compared with group II ($P < 0.05$), the villus height of duodenum, jejunum and ileum was also significantly increased, and the crypt depth was significantly decreased ($P < 0.05$). 2) The significant differences in beta diversity of the cecal microbiota between the two groups indicated that Group I was enriched with

收稿日期: 2025-06-06; 接受日期: 2025-08-28

基金项目: 现代农业产业技术体系建设专项(CARS-41-Z21); 江苏省种业振兴揭榜挂帅项目(JBGS(2021)109)

第一作者: 王钱保(ORCID: 0000-0002-9183-2472), 副研究员, 主要从事家禽遗传育种研究, E-mail: wqb15855142436@163.com

通讯作者: 赵振华(ORCID: 0009-0000-4576-9575), 研究员, 主要从事家禽遗传育种研究, E-mail: zzh0514@163.com

Bifidobacterium, Actinobacteriota and Verruco microbiota, which was capable of activating lipid metabolism and enhancing the intestinal barrier, Group II was enriched with Bacteroidota, Barnesiellaceae and Desulfobacterota, which inhibited related enzyme activity and hinder intestinal epithelial energy metabolism ($P < 0.05$). In summary, there are significant differences in the intestinal tissue morphology and microbial community structure of high-quality broiler chickens by environmental parameters of different types of chicken houses. Among them, the closed-loop control model is more suitable for healthy intestinal development of high-quality broilers. Maintaining a stable intestinal environment is not only of great practical value for the production challenges in intensive farming, but also provides important reference for conducting microbiome research on high-quality broiler chickens under refined regulation conditions.

Keywords high quality broiler; environmental control; intestinal morphology; microbial communities

随着土地资源集约化利用的加速与规模化养殖的普及,鸡舍环境参数的精准调控已成为影响家禽健康、生产性能及产品品质的核心因素^[1-3]。中国优质肉鸡产业作为兼具传统特色与现代需求的支柱性农业领域,其肠道健康、品质风味与养殖模式密切相关。然而,当前以活禽交易为主的产业形态对养殖环境提出了更高要求,急需通过科学手段解析“环境-宿主-微生物”互作关系^[4-5],以实现健康养殖与品质提升的双重目标。

肠道微生物群落是宿主生理功能的关键调控者,其结构与动态变化不仅直接参与营养代谢与免疫调节^[6-8],还可能通过“肠-脑轴”等跨系统途径影响肉鸡行为与应激响应^[9]。因此,从微生物组学视角揭示环境参数对肠道菌群的塑造作用及其生理生化结果,对于优化肉鸡养殖策略具有重要科学价值。传统环境调控研究多聚焦于温度、湿度、通风等物理参数对肉鸡生长速度或屠宰性能的表现影响^[10-11],对于不同环境养殖模式下肉鸡肠道组织形态及其与微生物群落关联性探索仍显不足。近年来,分子生物学和微生物组学技术的突破为这一领域提供了全新研究范式。通过16S rDNA基因测序技术,研究者能够系统性解析肠道菌群的物种组成、功能潜力及其与环境因子的交互网络^[12]。高密度养殖条件下,肉鸡肠道中拟杆菌门(Bacteroidetes)丰度的显著降低,这可能与其免疫抑制状态相关,Lv等^[13]则证实,优化通风系统可提升厚壁菌门(Firmicutes)与乳酸菌属(*Lactobacillus*)丰度水平,进而改善饲料转化效率。上述研究表明,环境参数可能通过重塑肠道微生物生态,间接调控宿主的代谢稳态与生理表型。尽管如此,目前针对不同环境饲养模式研究多集中于肉鸡舍内环境参数和肉生长发育的表现测定,而不同类型鸡舍

养殖模式对优质肉鸡肠道微生物的影响机制尚未明晰,此外,环境参数复合作用对肠道组织形态(如绒毛高度、隐窝深度)及屏障功能的协同影响机制仍需深入探讨。本研究选取江苏省家禽科学研究所自主培育的优质肉鸡L系分别饲养于密闭式环控舱和普通半封闭式鸡舍下,系统探究优质肉鸡从雏鸡到出栏整个生长周期内饲料转化效率、肠道组织形态、微生物菌群组成及多样性的变化规律,评估特定微生物类群对肠道紧密连接的调控作用,揭示微生物群落影响宿主肠道健康的分子机制,为优质肉鸡健康养殖提供理论支撑。

1 材料与方法

1.1 试验材料

试验动物选自江苏省家禽科学研究所培育的L系黄羽优质肉鸡,已自繁培育9个世代,群体变异系数小、体型匀称、饲料转化率高。

1.2 试验设计与管理

挑选1日龄健康的L系公鸡240只,随机分成2组,每组120只,设6个重复,I组饲养于密闭式智能环控舱内(型号:KL-WKC35-40),环控舱内部体积为45 m³,可通过环境控制器和新风排风系统始终保持舱内新鲜空气的进入,全程通过环境控制器进行温湿度精准控制。II组饲养于普通半封闭式鸡舍内,鸡舍长110 m、宽13 m,内部可安装两排A型三层笼,后端安装直径为1.4 m的通风机,鸡舍前后墙壁上下两层均匀排列,每层3个,纵向通风,左侧装有湿帘。温湿度主要通过湿帘和通风系统,安装肉鸡生产环境与体征监测系统(型号:ZNYL20),可以在线提供实时、准确的鸡舍环境参数。育雏期(0~21 d)鸡舍温度靠煤炭通过管道传热的方法给鸡只加热,湿度通过湿帘和洒水方式进行,21 d脱温后,

鸡舍内温湿度为当日自然天气值,此时正值夏末秋初,温度和湿度分别在 26~32 ℃和 55%~60%,试验周期 15 周。2 个处理组鸡舍温湿度调控方案见表 1,均严格按照黄羽肉鸡饲养标准在统一条件下饲养。2 组鸡舍光照模式均参照(NY/T 1871—2010)黄羽肉鸡饲养管理技术规程进行^[14]。

表 1 2 组优质肉鸡全期温湿度调控方案
Table 1 The whole-period temperature and humidity control schemes of the two groups of high quality broilers

日龄 Age	I 组 Group I		II 组 Group II	
	温度/℃ Temperature	湿度/% Humidity	温度/℃ Temperature	湿度/% Humidity
0~3 d	35.6 ± 0.5	66.4 ± 0.7	35.1 ± 1.2	58.8 ± 1.1
4~7 d	33.4 ± 0.6	65.2 ± 0.5	32.8 ± 1.5	57.3 ± 1.3
2~3 周	30.7 ± 0.5	63.4 ± 0.5	31.7 ± 1.6	57.8 ± 1.4
4~6 周	26.8 ± 0.4	61.2 ± 0.9	32.1 ± 1.8	58.3 ± 1.5
7~9 周	24.5 ± 0.6	60.4 ± 0.7	29.3 ± 2.3	58.8 ± 1.6
10~12 周	22.6 ± 0.4	59.3 ± 0.6	28.2 ± 2.5	59.6 ± 1.6
13~15 周	21.4 ± 0.3	58.2 ± 0.4	26.8 ± 2.4	60.8 ± 1.7

1.3 测定指标

1.3.1 饲料转化率及肠道形态指标测定

所有鸡每 2 周全群称重,按重复组统计各组鸡日耗料量、日死淘鸡数,计算饲料转化率。待 15 周龄时,分别从 2 组公鸡中按每重复 4 只鸡随机抽取 24 只进行屠宰,采集鸡十二指肠、空肠及回肠中段,每段各 4 cm。屠宰和采集方法按《肉鸡生产性能测定技术规范》(NY/T 828—2025)^[15]进行。采集完成后采用 4% 多聚甲醛通用型组织固定液进行形态固定,之后送往北京索莱宝公司制作石蜡切片,并在显微镜下观察肠道样品的形态结构。使用图像切片分析软件 SlideViewer 2.5,选取 5 个典型视野进行图像采集分析,测量肠道的绒毛高度(Villus height, VH)和黏膜隐窝深度(Crypt depth, CD),计算绒毛高度/隐窝深度(VH/CD)比值。

1.3.2 微生物组学测定

分别从 2 组屠宰鸡中按重复各抽出 5 只,选取肠道中的盲肠后挤出食糜于冻存管中-80 ℃保存,I 组样品编号分别为 M1~M5,II 组样品编号分别为 M6~M10。送至广州基迪奥生物科技有限公司 Service@genedenovo.com 平台进行 16S rDNA 微生物多样性测定分析。

1.4 数据处理和统计分析

采用 R 语言中 prop.test() 函数对生长发育、屠宰性能和肠道组织进行 *t* 检验,数据用平均值±标准差(Mean±SD)表示。基于 Effective tag 进行 OTU 丰度统计再依次进行微生物组学的物种注释、

使用 *t* 检验和 Wilcox 秩和检验进行 Alpha 多样性分析,利用 Anosim 检验进行 Beta 多样性分析、Welch's *t* 检验进行 2 个分组的物种差异分析。

2 结果与分析

2.1 2 组不同试验时期内气体参数的变化分析

2 组鸡舍不同时间内气体测定参数见表 2,由表 2 可知,试验前期 0~3 d 内,2 组鸡舍内 NH₃、CO₂ 和 H₂S 浓度均较低,差异不显著(*P*>0.05)。I 组试验鸡一直处于温控舱内,由于温控舱内新风系统的存在,NH₃和 H₂S 浓度始终处于较低的状态,分别为(1.2~5.9 μmol/mol),随着试验周龄的增加,II 组普通半封闭式鸡舍的 NH₃、CO₂ 和 H₂S 浓度逐渐升高,2 周龄后,各气体含量显著高于 I 组(*P*<0.05)。

2.2 不同鸡舍饲养环境下优质肉鸡肠道组织形态与饲料转化效率的差异分析

不同鸡舍饲养环境下,两组优质肉鸡各肠道组织形态见图 1,具体测定差异见表 3。由表 3 可知,15 周龄时,I 组相比于 II 组显著提升了饲料转化率,提升了约 5.6%,同时十二指肠、空肠和回肠的绒毛高度也显著增加、隐窝深度显著降低(*P*<0.05)。其中 I 组比 II 组十二指肠绒毛高度增加约为 9.9%,空肠为 10.9%,回肠为 10.4%,回肠增加幅度最大。十二指肠隐窝深度降低了约为 5.8%,空肠降低了 6.1%,回肠降低了 5.6%,其中空肠的降低幅度最大。上述结果表明,与 II 组相比,I 组在饲料转化效率和肠道组织形态上具有明显优势。

表 2 2组鸡舍不同时间内气体测定参数

Table 2 Gas measurement parameters in the two groups of chicken houses at different times

日龄 Age	I组 Group I			II组 Group II		
	NH ₃ /(μmol/mol)	CO ₂ /(μmol/mol)	H ₂ S/(μmol/mol)	NH ₃ /(μmol/mol)	CO ₂ /(μmol/mol)	H ₂ S/(μmol/mol)
0~3 d	2.4±0.1	1542.2±53.6	1.2±0.2	2.7±0.2	1 591.3±56.8	1.4±0.3
4~7 d	3.1±0.2 a	1548.5±55.5	1.4±0.3	5.3±0.5 b	1 622.5±64.2	1.7±0.4
2~3周	3.8±0.2 a	1 563.4±60.4 a	2.0±0.4 a	7.2±0.9 b	1 659.4±76.3 b	3.1±0.7 b
4~6周	4.6±0.3 a	1 571.8±69.2 a	2.5±0.4 a	8.6±1.1 b	1 676.8±78.6 b	4.4±1.0 b
7~9周	5.4±0.3 a	1 579.6±71.4 a	2.8±0.5 a	10.3±1.3 b	1 692.5±81.7 b	5.3±1.2 b
10~12周	5.7±0.4 a	1 587.8±78.2 a	3.1±0.6 a	12.2±1.8 b	1 699.4±86.4 b	5.9±1.4 b
13~15周	5.9±0.4 a	1 593.3±83.7 a	3.8±0.6 a	13.6±2.1 b	1 706.3±88.2 b	6.3±1.6 b

注:同日龄同行同指标数据肩标不同字母表示差异显著($P<0.05$),无肩标字母或相同字母表示差异不显著($P>0.05$)。下同。
Note: For data of the same age, the same row and the same indicator, different letters on the superscript letters indicate significant differences ($P<0.05$), while no letters on the shoulder labels or the same letters indicate insignificant differences ($P>0.05$). The same as below.

表 3 2组鸡 15 周龄饲料转化率和各肠道组织形态的比较

Table 3 Comparison of feed conversion ratio and intestinal tissue morphology of chickens at 15 weeks of age between the two groups

项目 Item		I组 Group I	II组 Group II
料肉比 Feed conversion ratio		2.38±0.11	2.52±0.12
死淘率/% Death and culling rate		2.52±0.55	3.04±0.46
十二指肠 Duodenum	绒毛高度 VH/μm	1 971.21±74.23 b	1 793.58±75.47 a
	隐窝深度 CD/μm	290.84±9.21 a	308.71±10.32 b
	绒毛高度/隐窝深度 VH/CD	6.78±0.34 b	5.81±0.36 a
空肠 Jejunum	绒毛高度 VH/μm	1 401.53±56.61 b	1 263.28±52.74 a
	隐窝深度 CD/μm	223.41±6.26 a	237.86±7.47 b
	绒毛高度/隐窝深度 VH/CD	6.27±0.33 b	5.31±0.32 a
回肠 Ileum	绒毛高度 VH/μm	1 112.65±45.21 b	1 008.25±41.29 a
	隐窝深度 CD/μm	187.24±4.38 a	198.38±4.39 b
	绒毛高度/隐窝深度 VH/CD	5.94±0.29 b	5.08±0.27 a

2.3 不同鸡舍饲养环境对优质肉鸡肠道微生物的影响

2.3.1 不同鸡舍饲养环境下优质肉鸡 2 组鸡盲肠组织样品稀释曲线分析

由图 1 稀释曲线分析可知,稀释曲线趋于平缓,表明测序结果已充分反映当前样本包含的多样性,测序深度已经基本覆盖样品中所有物种,满足试验要求。

2.3.2 不同鸡舍饲养环境下优质肉鸡 2 组鸡样品聚类热图分析

由图 2 可知,I 组样品主要分布的微生物物种

有:放线菌门(Actinobacteriota)、酸杆菌门(Fusobacteriota)、疣微菌门(Verrucomicrobiota)和变形菌门(Proteobacteria)等。其中,放线菌门以其强大的有机物降解能力和次级代谢产物合成能力著称;变形菌门作为最广泛的细菌门之一,其成员功能多样,常见于多种生态环境。提示该组微生物群落更倾向于执行分解与物质循环功能。II 组样品中主要分布的微生物物种有迷踪菌门(Elusimicrobiota)、拟杆菌门(Bacteroidota)、脱硫杆菌门(Desulfobacterota)和螺旋体门(Spirochaetota)

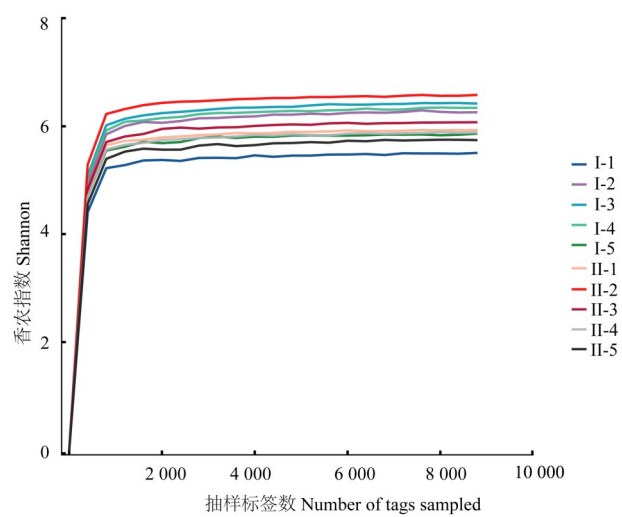


图1 不同鸡舍饲养环境下2组鸡盲肠组织样品多样性稀释曲线

Fig. 1 Dilution curves of diversity of cecal tissue samples from two groups of chickens under different chicken house rearing environments

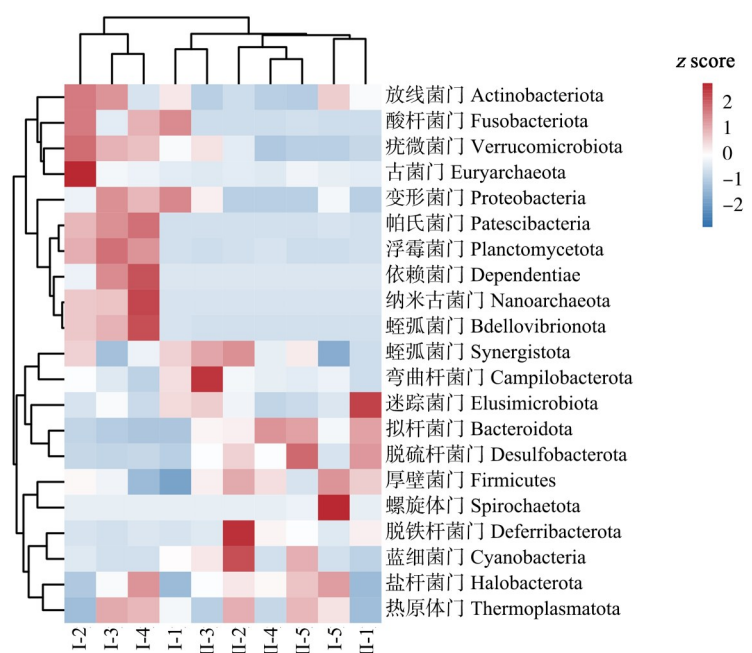


图2 不同饲养环境下2组肉鸡盲肠组织门分类水平上的物种分类热图

Fig. 2 Heat maps of species classification at the phylum classification level of cecal tissue samples from two groups of broilers under different chicken house rearing environments

等。脱硫杆菌门多数为硫酸盐还原菌,其富集表明II组环境中可能存在硫酸盐还原过程,暗示了潜在的厌氧或低氧条件。螺旋体门和迷踪菌门的存在,进一步说明该组微生物群落可能适应于与I组截然不同的微环境。

2.3.3 不同鸡舍饲养环境下优质肉鸡肠道中微生物群落的Beta多样性分析

Beta多样性分析是一种用于评估微生物群落

结构的非参数检验方法,可用于评估分组的合理性。由图3(a)PCoA散点图分析结果可知,I组样本点聚集在圆的左侧,II组样本点聚集在圆的右侧,组内样本点聚集,组间样本点分散,2组各自样品距离越近,表明2组样品越相似,结果可靠。由下图Anosim差异分析图3(b)可知, $0.5 < R < 0.75$,表明I组和II组之间介于大差异和中等差异之间,且2组之间微生物多样性差异显著($P < 0.05$)。

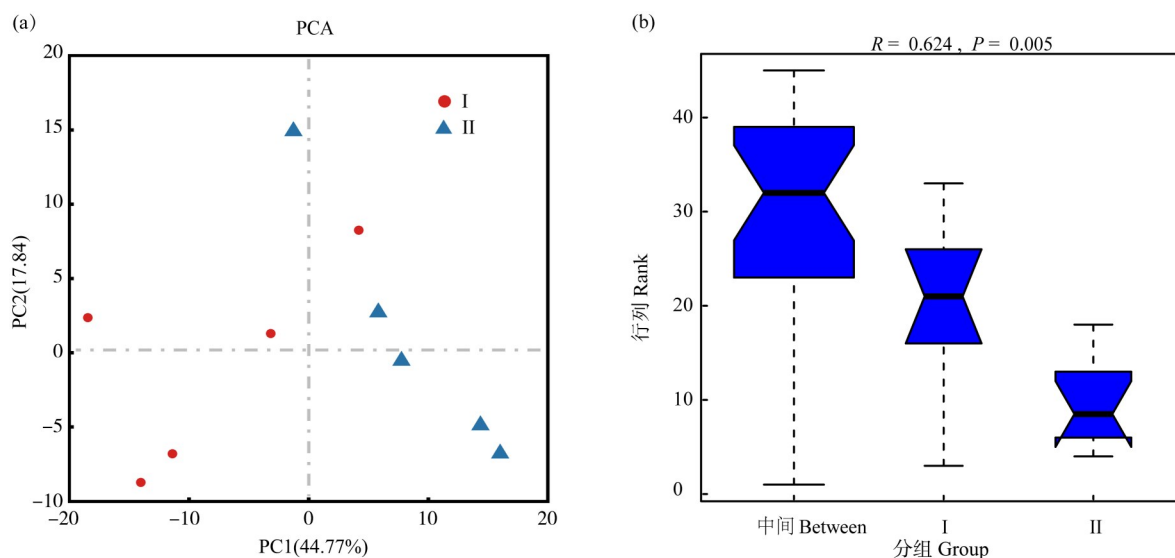


图3 不同鸡舍饲养环境下2组鸡盲肠组织样本间Beta多样性指数的PCoA散点图(a)和Anosim箱线图(b)

Fig. 3 PCoA scatter plot(a) of Beta diversity index between two groups of chicken cecal tissue samples under different chicken house rearing environments and Anosim box plot(b)

2.3.4 不同鸡舍饲养环境下优质肉鸡肠道中微生物群落物种组成分析

属水平各比较组 t 检验结果展示如图4, 2组共有85个tags, 占比50.9%, I组特有74个tags, 占比

44.3%, II组特有8个tags, 占比4.8%, 经 Welch's t 检验, 2组间 UCG-009、Alistipes、Bacteroides、Butyricoccus、Desulfovibrio 和 Parabacteroides 等菌属差异显著 ($P < 0.05$) (图5)。

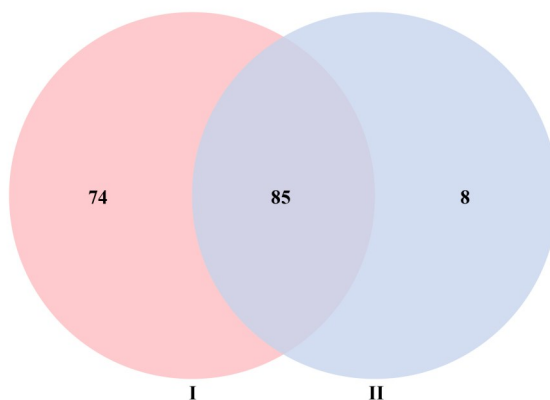


图4 不同鸡舍饲养环境下2组鸡肠道中微生物群落属水平的物种组成韦恩分析图

Fig. 4 Wayne analysis diagrams of species composition at the genus level of microbial communities in the intestines of two groups of chickens under different chicken house rearing environments

2.3.5 不同鸡舍饲养环境下优质肉鸡肠道中微生物群落 LEFSe 标志物种分析

利用 LEFSe 软件对差异组间进行分析, 可以找出各组间特异的主要菌群。由图6可知, 经 LEFSe 分析过滤后共筛选出155个标志物种具有显著组间差异。其中, I组有标志物种47个, 主要为 *Bifido-*

bacterium、*Actinobacteria*、*Olsenella* 和 *Coriobacteriales* 等菌群。II组有标志物种108个, 主要为 *Bacteroides*、*Barnesiellaceae*、*Desulfovibrio* 和 *UCG-009* 菌群。2组标志物种的异同揭示了组间肉鸡肠道微生物群落结构、宿主健康与肠道组织形态的关联具有重要意义。

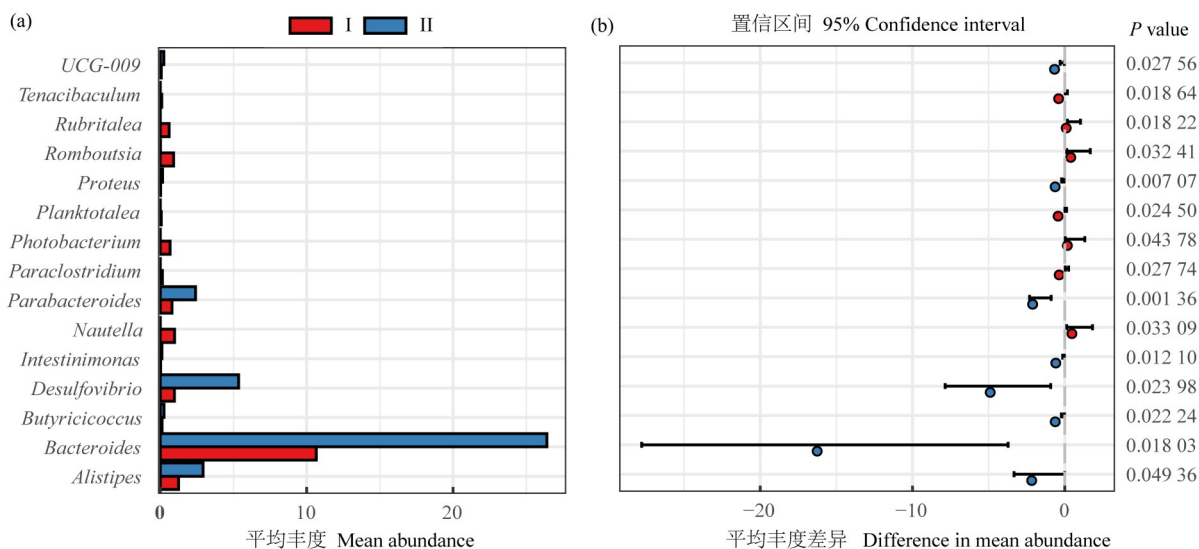


图5 不同鸡舍饲养环境下2组鸡肠道中微生物群落属水平的 t 检验

Fig. 5 Two sets of t -tests at the genus level were conducted on the microbial communities in the intestines of two groups of chickens under different chicken house rearing environments

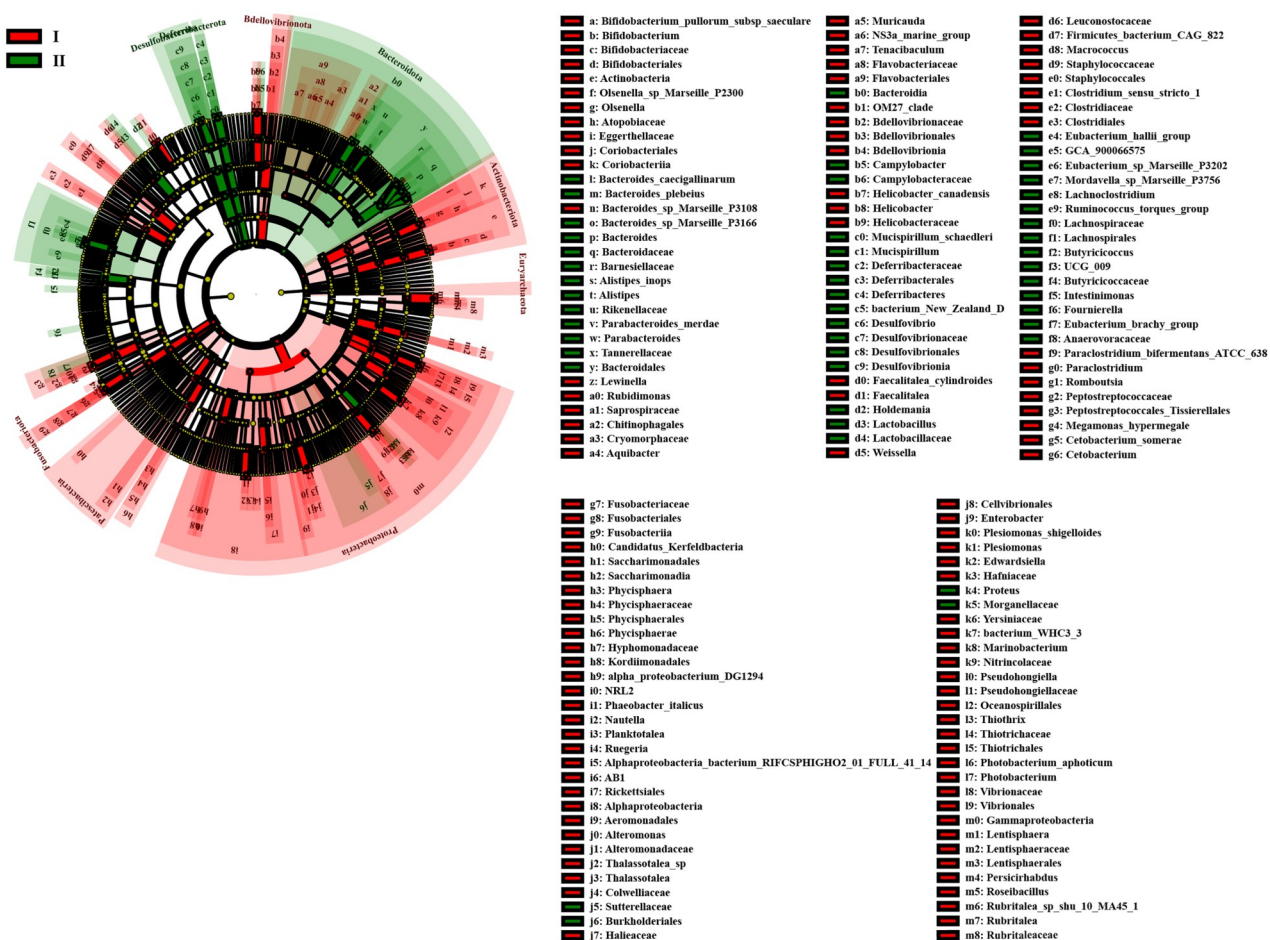


图6 不同鸡舍饲养环境下2组鸡肠道中微生物群落LEFSe差异分析图

Fig. 6 Analysis chart of LEFSe differences in the intestinal microbial communities of two groups of chickens under different chicken house rearing environments

3 讨论

3.1 不同鸡舍饲养环境参数下优质肉鸡饲料转化效率和肠道形态比较

作为家禽体内外环境交互屏障的关键防线,肠道组织的解剖学特征表明绒毛高度(VH)、隐窝深度(CD)及其两者比值(VH/CD)是评估优质肉鸡肠道吸收和代谢功能的核心形态指标^[16]。有研究表明增高的绒毛通过扩大表面积促进成熟上皮细胞增殖,使食糜与消化酶的接触效率提升20%~35%,从而改善肉鸡肠道健康^[17]。VH/CD比值作为综合指标,其升高意味着黏膜结构完整性得到优化,营养吸收效率提升12%~18%^[18]。本研究发现,密闭式养殖较半封闭式养殖模式下肉鸡肠段形态显著改善,十二指肠、空肠和回肠VH显著增加,CD显著降低,各肠段VH/CD值均显著增加,最终肉鸡各肠道组织绒毛表面积显著增加,从而显著提升饲料营养吸收效率,直接降低料肉比,本研究中,I组母鸡的料肉比较II组显著下降5.6%,这也从侧面表明了密闭式环控舱环控模式能够更加有效优化肠道组织结构和提升饲料利用效率。该结果也充分表明密闭式环控舱相较于普通半封闭式鸡舍,其环境参数的设置更有利于优质肉鸡的肠道健康发育,因此,应根据优质肉鸡不同日龄的肠道生理发育阶段,对舍内环境参数的具体需求给予合理科学的参数设置和精准调控。

3.2 不同鸡舍饲养环境下鸡肠道表型、舍内环境及微生物群落关联性分析

本研究将家禽肠道形态学指标(VH、CD、VH/CD)与微生物群落结构纳入同一分析框架,揭示I组密闭式环控舱通过优化肠-菌轴协同提升饲料转化效率的作用机制。I组肉鸡各肠段VH较II组平均提高10%左右,CD降低6%左右,这对应了I组Actinobacteriota(放线菌门)与Verrucomicrobiota(疣微菌门)的高富集。这一发现与Kogut等^[12]提出的“绒毛形态-菌群互作模型”相吻合,其研究指出放线菌门代谢产生的丁酸盐可通过激活Wnt/ β -catenin信号通路促进隐窝干细胞增殖,进而收缩肠道CD并提升VH/CD值。聚类热图分析表明,I组微生物群落以Actinobacteriota与Verrucomicrobiota为核心构建共现网络,而II组则形成以Bacteroidota(拟杆菌门)、Desulfobacterota(脱硫杆菌门)为主导的互作模

块,这一生态位分异现象可能与环控模式差异密切相关。I组菌群Actinobacteriota携带的GH18家族几丁质酶基因通过分解饲料中难消化多糖生成寡糖,为Verrucomicrobiota(如Akkermansia muciniphila)提供代谢底物,形成交叉喂养链(Cross-feeding chain)。该过程产生的丙酸盐可通过激活肠上皮FFAR3受体,促进绒毛顶端成熟肠细胞分化^[19]。这与本研究中I组肠道VH增加结果高度一致。尽管II组菌群Bacteroidota具有高效降解膳食纤维的能力,但II组中Desulfobacterota的增殖导致H₂S生成量较I组增加,过量H₂S已被证实可抑制线粒体细胞色素c氧化酶活性,阻碍肠上皮能量代谢^[20],这可能是II组CD深度增加及VH/CD比值下降的关键诱因。本研究验证了特定环境参数组合可通过调节肠道微生物的群落平衡,驱动宿主营养吸收效率与免疫激活状态的适应性改变^[21]。

密闭式鸡舍通过智能环控系统精准调控通风、温度与湿度,可有效维持鸡舍内NH₃、H₂S及CO₂浓度在安全阈值内,而半封闭式鸡舍受自然通风条件限制,尤其在极端天气下易出现有害气体蓄积。研究表明,氨气浓度超过20 μ mol/mol时鸡群承受临界点时,会破坏鸡肠道黏膜屏障的紧密连接结构,导致肠道通透性增加,为致病菌定植创造条件^[22]。硫化氢则通过抑制肠道上皮细胞线粒体功能,削弱黏膜修复能力^[23]。这种物理屏障的损伤会直接改变肠道微生物环境,促使条件致病菌丰度上升,有益菌比例下降。II组鸡舍中,Barnesiellaceae的富集可能与H₂S暴露直接相关:硫化氢通过抑制肠上皮细胞线粒体呼吸链复合体IV活性,导致能量代谢障碍,而Barnesiellaceae可能通过硫酸盐还原途径参与硫化氢的生成或利用,形成“高硫化氢环境-菌群代谢适应”的恶性循环^[24]。此外,该科细菌与II组中富集的Alistipes菌属的共现网络分析显示,二者可能协同抑制短链脂肪酸(SCFA)合成关键酶如丁酸激酶的表达,削弱肠道能量供应^[18]。密闭式鸡舍的环控优势在此过程中体现为双重机制,通过维持低浓度有害气体环境,减少对肠道机械屏障的直接损伤,从而保护肠道微生物的“物理定植基质”;此外稳定的环境参数降低了鸡群应激反应,避免应激诱导的激素分泌抑制肠道相关物质分泌,进而维持免疫屏障对微生物群落的调控作用,菌群结构更接近肠道稳态特征^[25]。

通过 LEFSe 分析发现的 155 个差异标志物种中, I 组富集的 *Bifidobacterium* (双歧杆菌属) 和 *Actinobacteria* (放线菌门) 等菌群, 已被证实具有促进短链脂肪酸生成、增强肠道屏障功能等益生特性^[26]。特别是 *Coriobacteriales* (红螯菌目) 的显著富集, 可能与其特有的胆盐水解酶活性相关, 这种酶系统能有效提高脂类物质的消化吸收率^[27], 从而对应了 I 组更优的肠道形态和消化利用率。而 II 组优势菌群 *Bacteroides* (拟杆菌属) 和 *Desulfovibrio* (脱硫弧菌属) 的过度增殖, 可能引发硫代谢失衡和肠黏膜氧化应激, 这与 Mandakovic 等^[28] 在环境应激研究中观察到的微生物紊乱模式高度一致。本研究发现 *Barnesiellaceae* (巴氏菌科) 与 *UCG-009* 菌群在常规鸡舍环境中的特异性富集, 其丰度与隐窝深度相关, 提示这些菌群可能通过干扰隐窝干细胞分化影响肠道上皮更新, 间接导致 II 组的 VH/CD 值大大降低。从环境调控策略角度, 该结果支持了“动态适配”理论——即环境参数设置需与肠道生理发育阶段精准匹配。本研究将肠道形态计量学、微生物组学与环境科学进行多学科片段交叉分析后不仅验证了 I 组密闭式环控系统在维持肠道稳态方面的优势, 更揭示了“环境参数-微生物群落-肠道形态”的功能级联效应。当前研究尚未明确特定环境因子 (如光照周期、CO₂ 浓度梯度等) 与特定菌群定殖的因果关系, 相比于 I 组密闭式鸡舍, II 组半封闭式鸡舍夹杂了部分自然光, 光照的波源、强度和颜色等也会发生变化, 这将是后续研究的重要方向。未来将采用响应曲面法建立多参数耦合模型^[29], 以精准解析环境变量对关键功能菌群的剂量效应关系。

4 结 论

本研究通过多维度数据整合, 证实了密闭式环控模式通过“环境参数-微生物群落-肠道形态”的功能级联效应提升家禽肠道健康的科学机制, 为不同鸡舍养殖环境调控提供了可量化的生物标志物体系, 从而为深入探讨不同环控模式下肉鸡肠道健康生长及微生物菌群研究提供了借鉴。

参考文献 References

[1] Kuhnraj A, Kuhnraj L K, MASHORI S B. The smart coop: Revolutionizing chicken care with automation[J]. *Progress in Engineering Application and Technology*, 2024, 5(2): 9-19

[2] Suprianto D, Pristiya E, Prasetyo A. Smart chicken coop ecosystem for optimal growth of broiler chickens using fuzzy on IoT[J]. *Inform: Jurnal Ilmiah Bidang Teknologi Informasi Dan Komunikasi*, 2022, 7(1): 16-23

[3] Adler C, Schmuthausen A J, Trimbom M, Heitmann S, Spindler B, Tiemann I, Kemper N, Büscher W. Effects of a partially perforated flooring system on ammonia emissions in broiler housing: Conflict of objectives between animal welfare and environment[J]. *Animals*, 2021, 11(3): 707

[4] Jing Y, Yuan Y Q, Monson M, Wang P, Mu F, Zhang Q, Na W, Zhang K, Wang Y X, Leng L, Li Y M, Luan P, Wang N, Guo R J, Lamont S J, Li H, Yuan H. Multi-omics association reveals the effects of intestinal microbiome - host interactions on fat deposition in broilers[J]. *Frontiers in Microbiology*, 2022, 12: 815538

[5] Grabacka M, Płonka P M, Pierzchalska M. The PPAR α regulation of the gut physiology in regard to interaction with microbiota, intestinal immunity, metabolism, and permeability[J]. *International Journal of Molecular Sciences*, 2022, 23(22): 14156

[6] Mookiah S, Siew C C, Ramasamy K, Abdullah N, Ho Y W. Effects of dietary prebiotics, probiotic and synbiotics on performance, caecal bacterial populations and caecal fermentation concentrations of broiler chickens[J]. *Journal of the Science of Food and Agriculture*, 2014, 94(2): 341-348

[7] Schretter C E. Links between the gut microbiota, metabolism, and host behavior[J]. *Gut Microbes*, 2020, 11(2): 245-248

[8] Hu Y, Wang L D, Shao D, Wang Q, Wu Y Y, Han Y M, Shi S R. Selected and reshaped early dominant microbial community in the cecum with similar proportions and better homogenization and species diversity due to organic acids as AGP alternatives mediate their effects on broilers growth[J]. *Frontiers in Microbiology*, 2020, 10: 2948

[9] Song Z H, Cheng K, Zheng X C, Ahmad H, Zhang L L, Wang T. Effects of dietary supplementation with enzymatically treated *Artemisia annua* on growth performance, intestinal morphology, digestive enzyme activities, immunity, and antioxidant capacity of heat-stressed broilers[J]. *Poultry Science*, 2018, 97(2): 430-437

[10] Ferreira J C, Campos A T, Ferraz P F P, Bahuti M, Junior T Y, da Silva J P, Ferreira S C. Dynamics of the thermal environment in climate-controlled poultry houses for broiler chickens[J]. *AgriEngineering*, 2024, 6(4): 3891-3911

[11] 李春梅, 李明阳, 沈丹, 李延森, 韩国锋. 舍内关键环境因子对畜禽健康影响的研究进展[J]. *中国家禽*, 2020, 42(3): 1-7

Li C M, Li M Y, Shen D, Li Y S, Han G F. Research progress of the effects of environmental key factors on animal health in livestock houses[J]. *China Poultry*, 2020, 42(3): 1-7 (in Chinese)

[12] Kogut M H, Lee A, Santin E. Microbiome and pathogen interaction with the immune system[J]. *Poultry Science*, 2020, 99(4): 1906-1913

[13] Lv J L, Niu Y D, Yuan R Q, Wang S Q. Different responses of bacterial and archaeal communities in river sediments to water diversion and seasonal changes[J]. *Microorganisms*, 2021, 9(4): 782

[14] NY/T 1871—2010. 黄羽肉鸡饲养管理技术规程[S]. 北京: 中国农业出版社, 2010

NY/T 1871—2010. Technical regulations for the rearing and management of yellow-feathered broilers [S]. Beijing: China Agricultural Press, 2010 (in Chinese)

[15] NY/T 828—2025. 肉鸡生产性能测定技术规范[S]. 北京: 中国农业出版社, 2025

NY/T 828-2025. Technical specification for meat chicken production performance measurement[S]. Beijing: China Agricultural Press, 2025 (in Chinese)

- [16] Lv J L, Niu Y D, Yuan R Q, Wang S Q. Different responses of bacterial and archaeal communities in river sediments to water diversion and seasonal changes[J]. *Microorganisms*, 2021, 9(4): 782
- [17] Lei X J, Piao X S, Ru Y J, Zhang H Y, Péron A, Zhang H F. Effect of *Bacillus amyloliquefaciens*-based direct-fed microbial on performance, nutrient utilization, intestinal morphology and cecal microflora in broiler chickens[J]. *Asian-Australasian Journal of Animal Sciences*, 2015, 28(2): 239-246
- [18] Ahmed I, Qaisrani S N, Azam F, Pasha T N, Bibi F, Naveed S, Murtaza S. Interactive effects of threonine levels and protein source on growth performance and carcass traits, gut morphology, ileal digestibility of protein and amino acids, and immunity in broilers[J]. *Poultry Science*, 2020, 99(1): 280-289
- [19] Zhang X L, Akhtar M, Chen Y, Ma Z Y, Liang Y Y, Shi D S, Cheng R R, Cui L, Hu Y F, Nafady A A, Ansari A R, Abdel-Kafy E M, Liu H Z. Chicken jejunal microbiota improves growth performance by mitigating intestinal inflammation[J]. *Microbiome*, 2022, 10(1): 107
- [20] Nicholls P, Marshall D C, Cooper C E, Wilson M T. Sulfide inhibition of and metabolism by cytochrome oxidase [J]. *Biochemical Society Transactions*, 2013, 41(5): 1312-1316
- [21] Zhao Q R, Li S, Krall L, Li Q Y, Sun R Y, Yin Y Q, Fu J Y, Zhang X, Wang Y H, Yang M. Deciphering cellular complexity: Advances and future directions in single-cell protein analysis[J]. *Frontiers in Bioengineering and Biotechnology*, 2025, 12: 1507460
- [22] Wang G J, Liu Q X, Zhou Y, Feng J H, Zhang M H. Effects of different ammonia concentrations on pulmonary microbial flora, lung tissue mucosal morphology, inflammatory cytokines, and neurotransmitters of broilers[J]. *Animals*, 2022, 12(3): 261
- [23] Mallardi D, Chimienti G, Maqoud F, Orlando A, Drago S, Malerba E, De Virgilio C, Akbarali H I, Russo F. The dual role of exogenous hydrogen sulfide (H₂S) in intestinal barrier mitochondrial function: Insights into cytoprotection and cytotoxicity under non-stressed conditions [J]. *Antioxidants*, 2025, 14(4): 384
- [24] Blachier F, Andriamihaja M, Larraufie P, Ahn E, Lan A, Kim E. Production of hydrogen sulfide by the intestinal microbiota and epithelial cells and consequences for the colonic and rectal mucosa[J]. *American Journal of Physiology Gastrointestinal and Liver Physiology*, 2021, 320(2): G125-G135
- [25] Chen K Y, Wang H, Yang Y Y, Tang C, Sun X W, Zhou J, Liu S X, Li Q W, Zhao L H, Gao Z Z. Common mechanisms of Gut microbe-based strategies for the treatment of intestine-related diseases: Based on multi-target interactions with the intestinal barrier[J]. *Cell Communication and Signaling*, 2025, 23(1): 288
- [26] Zhang M H, Li D P, Yang X Y, Wei F X, Wen Q, Feng Y Q, Jin X L, Liu D, Guo Y M, Hu Y F. Integrated multi-omics reveals the roles of cecal microbiota and its derived bacterial consortium in promoting chicken growth [J]. *mSystems*, 2023, 8(6): e00844-23
- [27] Jin M, Cui J H, Ning H J, Wang M J, Liu W W, Yao K Y, Yuan J, Zhong X M. Alterations in gut microbiota and metabolite profiles in patients with infantile cholestasis[J]. *BMC Microbiology*, 2023, 23(1): 357
- [28] Mandakovic D, Rojas C, Maldonado J, Latorre M, Travisany D, Delage E, Bihouée A, Jean G, Díaz F P, Fernández-Gómez B, Cabrera P, Gaete A, Latorre C, Gutiérrez R A, Maass A, Cambiazo V, Navarrete S A, Eveillard D, González M. Structure and co-occurrence patterns in microbial communities under acute environmental stress reveal ecological factors fostering resilience[J]. *Scientific Reports*, 2018, 8: 5875
- [29] Wang Y X, Liu X T, Su C, Ding Y J, Pan L Q. Process optimization for fermented siwu decoction by multi-index-response surface method and exploration of the effects of fermented siwu decoction on the growth, immune response and resistance to *Vibrio harveyi* of Pacific white shrimp (*Litopenaeus vannamei*)[J]. *Fish & Shellfish Immunology*, 2022, 120: 633-647

责任编辑:秦梅



第一作者简介:王钱保,江苏省家禽科学研究所副研究员,获得2022年度江苏省第六期“333工程”高层次人才称号,主持扬州市基金面上项目1项,参加国家现代农业产业(肉鸡)技术体系、国家自然科学基金、江苏省现代农业技术体系、江苏省农业创新等项目20余项。以主要完成人获省科技进步奖二等奖2项,以第一作者制定市标准1项,发表论文30余篇,SCI 2篇,授权国家发明专利2项,实用新型专利2项。



通讯作者简介:赵振华,博士,研究员,江苏省家禽科学研究所肉鸡育种与生产科主任,主要研究方向为优质鸡新品种(系)选育、养殖技术研究及推广工作;先后主持及参与省部级科研项目20余项,第一作者在 *Genetics and Molecular Research*、*3 biotec*、《中国兽医学报》等核心以上期刊发表论文50多篇;第一发明人获发明专利8项,主编参编出版专业书籍8部,获省部级二等奖1次(第2完成人)、省部级三等奖1次。