

酶菌混合处理荞麦秸秆和苜蓿干草对滩羊生长性能、屠宰性能、瘤胃细菌多样性和碳水化合物活性酶类的影响

姜碧薇^{1,2} 王甜¹ 周玉香^{1*} 李斐¹

(1.宁夏大学农学院,银川 750021;2.宁夏职业技术学院,银川 750021)

摘要: 本试验旨在研究酶菌混合处理荞麦秸秆和苜蓿干草对滩羊生长性能、屠宰性能、肉品质、瘤胃细菌多样性和碳水化合物活性酶类(CAZY)的影响。选择体重相近、健康状况良好的3月龄断奶宁夏滩羊20只,随机分为2组,每组10只。对照组以未经处理的荞麦秸秆和苜蓿干草(荞麦秸秆和苜蓿干草的比例为20:80)作为粗饲料,试验组以纤维素酶(活性 $\geq 10\ 000$ U/g)与复合益生菌(主要成分为酵母菌、枯草芽孢杆菌和乳酸菌)混合处理的荞麦秸秆和苜蓿干草(荞麦秸秆和苜蓿干草的比例为20:80)作为粗饲料,2组饲粮精料相同,精粗比均为30:70。预试期15 d,正试期60 d。饲养试验结束当天早晨,空腹口腔采集瘤胃液并提取DNA用于瘤胃细菌多样性和宏基因组分析,采集瘤胃液后每组选择5只体重接近平均体重的羊只禁食24 h、禁水2 h后屠宰,进行屠宰性能和肉品质指标检测。结果显示:1)试验组的总增重和平均日增重极显著高于对照组($P<0.01$),料重比极显著低于对照组($P<0.01$)。2)试验组各项屠宰性能、肉品质指标和羊肉营养成分含量与对照组相比均无显著差异($P>0.05$)。3)试验组Chao指数和ACE指数极显著低于对照组($P<0.01$);在门水平上,试验组厚壁菌门的丰度显著高于对照组($P<0.05$),拟杆菌门和Kiritimatiellaeota的丰度极显著低于对照组($P<0.01$)。在属水平上,试验组普雷沃菌属1和库特氏菌属的丰度极显著高于对照组($P<0.01$)。4)CAZY注释结果显示,在A层级中,试验组与对照组的主要家族均为糖苷水解酶(GH)、糖基转移酶(GT)和碳水化合物结合模块(CBM);在B层级中,与对照组相比,试验组丰度显著上调的基因有12个($P<0.05$),显著下调的基因有3个($P<0.05$)。综上所述,用酶菌混合处理的荞麦秸秆和苜蓿干草饲喂滩羊,能够提高滩羊的生长性能,有改善滩羊肉色和肉品质的趋势,同时有益于滩羊瘤胃内纤维降解菌的形成,并影响了滩羊瘤胃细菌多样性和部分CAZY基因的丰度。本试验条件下,酶菌混合处理的荞麦秸秆和苜蓿干草饲喂滩羊效果较佳,益于滩羊养殖,可推广使用。

关键词: 纤维素酶;复合益生菌;滩羊;生长性能;屠宰性能;肉品质;瘤胃细菌

中图分类号:S816

文献标识码:A

文章编号:1006-267X(2021)04-2335-12

纤维素酶是由葡聚糖内切酶、葡聚糖外切酶和 β -葡聚糖苷酶组成的,能够将纤维素降解为葡萄糖的一类酶的总称^[1]。饲粮中添加纤维素酶能

够有效破解植物细胞壁,提高秸秆的降解率和营养成分含量^[2-3],从而提高反刍动物的生长性能和屠宰性能^[4-5]。益生菌是一种对宿主有益的活性

收稿日期:2020-09-02

基金项目:农业部公益性行业(农业)(201503134)

作者简介:姜碧薇(1989—),女,宁夏银川人,博士研究生,动物生产系统与工程专业。E-mail: 642548386@qq.com

*通信作者:周玉香,教授,博士生导师,E-mail: zhyxzhww@163.com

微生物,适宜的添加量不仅能够抑制宿主肠道的病原微生物增殖,还可以维持胃肠道的菌群平衡,提高动物的生产性能^[6]。复合益生菌剂适应瘤胃的复杂性,能够弥补单一菌剂的局限性,因此更适用于反刍动物使用。目前,复合益生菌发酵粗饲料的处理方法是秸秆饲用化与开发利用研究热点。研究显示酿酒酵母+枯草芽孢杆菌+乳酸菌组合具有良好的协同促进作用^[7]。

荞麦秸秆属蓼科双子叶植物^[8],是宁夏南部及中部干旱区常见的作物秸秆,具有较高营养价值,可应用于反刍动物养殖^[9]。苜蓿是牧草之王,不仅蛋白质含量高,且品质优。对粗饲料进行加工处理是提高其饲用品质的有效方法。本试验在课题组成员王萌^[10]筛选出组合效应值较高的荞麦秸秆和苜蓿干草适宜比例(20:80)的基础上,采用纤维素酶和复合益生菌(由乳酸菌、酵母菌、枯草芽孢杆菌等组成)混合处理宁夏地区常见的2种粗饲料荞麦秸秆和苜蓿干草,在饲粮精粗比为30:70的条件下,研究酶菌混合处理荞麦秸秆和苜蓿干草对滩羊生长性能、屠宰性能、肉品质、瘤胃细菌多样性和碳水化合物活性酶类(carbohydrate-active enzymes, CAZy)的影响,以期对秸秆饲料资源的开发利用及其在滩羊生产实践中的科学应用提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 酶菌混合处理荞麦秸秆与苜蓿干草的制备

取适量荞麦秸秆和苜蓿干草,用粉碎机粉碎至3~5 cm备用。按照配制比例准确称取纤维素酶(活性 $\geq 10\ 000$ U/g;添加量为0.1%)、复合益生菌[主要成分为酵母菌(活菌数 $\geq 1.0 \times 10^8$ CFU/g)、乳酸菌(活菌数 $\geq 1.0 \times 10^7$ CFU/g)和枯草芽孢杆菌(活菌数 $\geq 5.0 \times 10^7$ CFU/g),添加量为2 kg/t)和麦麸(按照待处理粗饲料的1%称取)后,加入适量的水,充分搅拌,混合均匀后采取喷淋的方式,边喷洒边搅拌,使水溶液与待处理粗饲料充分混合并将含水量调至70%左右,最后利用青贮裹包机直接打捆包膜密封保存30 d。荞麦秸秆和苜蓿干草处理前后分别测定其营养物质含量,其中干物质含量参照GB/T 6435—2006《饲料水分的测定方法》测定,粗蛋白质(CP)含量参照GB/T 6435—2006《饲料中粗蛋白测定方法》测定,中性洗涤纤维(NDF)和酸性洗涤纤维(ADF)含量参照Van Soest等^[11]的方法进行测定,粗灰分含量参照GB/T 6435—2006《饲料中粗灰分的测定方法》测定,钙(Ca)含量采用高锰酸钾法测定,磷(P)含量采用钼黄比色法测定。处理前后荞麦秸秆和苜蓿干草营养成分含量见表1。

表1 处理前后荞麦秸秆和苜蓿干草营养成分含量(干物质基础)

Table 1 Nutrient contents of buckwheat straw and alfalfa hay before and after treatment (DM basis) %

项目 Items	干物质 DM	粗蛋白质 CP	钙 Ca	磷 P	中性洗涤纤维 NDF	酸性洗涤纤维 ADF
未处理荞麦秸秆 Untreated buckwheat straw	91.82	5.66	0.38	0.01	58.58	40.64
处理后荞麦秸秆 Treated buckwheat straw	27.76	6.36	0.40	0.01	29.09	20.42
未处理苜蓿干草 Untreated alfalfa hay	90.71	12.81	0.84	0.01	53.74	42.50
处理后苜蓿干草 Treated alfalfa hay	28.87	15.38	0.88	0.01	31.59	15.54

1.2 饲养试验

饲养试验于2019年7月至2019年9月在宁夏农垦贺兰山牛羊产业集团有限公司进行。选择体重 $[(31.99 \pm 2.10)$ kg]相近、健康状况良好、断奶后的3月龄滩羊(公羊)20只,随机分为2组(对照组和试验组),每组10只。对照组饲粮以未经处理的荞麦秸秆和苜蓿干草(二者比例为20:80)作为粗饲料,试验组饲粮以酶菌混合处理

荞麦秸秆和苜蓿干草(二者比例为20:80)作为粗饲料,2组饲粮精料相同,精粗比均为30:70。试验饲粮参照农业行业标准NY/T 816—2004《肉羊饲养标准》和生产实践配制,其组成及营养水平见表2。

参试羊在试验前进行驱虫和防疫,定期对圈舍进行消毒与清扫。预试期15 d,正试期60 d,每日分早晚(06:30和18:00)等量饲喂,自由饮水。

表 2 试验饲粮组成及营养水平(干物质基础)

Table 2 Composition and nutrient levels of experimental diets (DM basis)

%

项目 Items	对照组 Control group	试验组 Trial group
原料 Ingredients		
苜蓿干草 Alfalfa hay	56	56
荞麦秸秆 Buckwheat straw	14	14
玉米 Corn	15	15
豆粕 Soybean meal	10	10
麸皮 Wheat bran	1	1
胡麻饼 Jute cake	2	2
食盐 NaCl	1	1
预混料 Premix ¹⁾	1	1
合计 Total	100	100
营养水平 Nutrient levels ²⁾		
代谢能 ME/(MJ/kg)	9.39	9.83
粗蛋白质 CP	11.81	12.02
钙 Ca	0.92	0.97
磷 P	0.24	0.24
中性洗涤纤维 NDF	29.49	21.76
酸性洗涤纤维 ADF	13.89	11.64

1) 每千克预混料中含有 Contained the following per kg of premix: VA 200 000~400 000 IU, VE 500~2 000 IU, VD₃ 30 000~80 000 IU, Cu 400~600 mg, Mn 800~1 600 mg, Zn 1 200~2 400 mg, I 6~80 mg, Co 5~40 mg, Se 10~25 mg, Ca 20~300 g, P 20~150 g。

2) 代谢能为计算值,其他均为实测值。ME was a calculated value, while the others were measured values.

1.3 样品采集与指标测定

1.3.1 生长性能的测定

从正试期开始,每日准确记录羊只的给料量与剩料量,计算干物质采食量。在试验开始当天早晨空腹称取参试羊的体重作为初始体重,在试验结束当天称取参试羊的体重作为结束体重。计算每只羊 60 d 的总增重、平均日增重(ADG)和料重比(F/G)。

1.3.2 屠宰性能指标的测定

饲养试验结束后,每组选择 5 只体重接近平均体重的羊只禁食 24 h、禁水 2 h 后屠宰,进行屠宰性能相关指标测定。

宰前活重:屠宰前禁食 24 h、禁水 2 h 后所称取的重量。

胴体重:屠宰放血后,剥去毛皮,去头、蹄、内脏后整个躯体(保留肾脏及其周围脂肪)静置 30 min 后称取的重量。

净肉重和骨重:胴体在温热情况下去除肾脏及其周围脂肪,骨头被精细剔除后余下的重量为净肉重,剔除骨头的重量为骨重。

胴体脂肪重:在温热情况下将胴体的脂肪与

肌肉精细剔除后,称取脂肪的重量。

尾部脂肪重:在温热情况下将脂肪精细剔除后,称取尾部脂肪的重量。

屠宰率:胴体重占宰前活重的百分比。

骨肉比:胴体骨重与净肉重的比率。

眼肌面积:测量胴体第 12~13 肋骨脊柱上方背最长肌的横切面积。

GR 值:用游标卡尺准确量取胴体第 12~13 肋骨间,距背脊中线 11 cm 处的组织厚度。

1.3.3 肉质及营养成分含量的测定

屠宰后取肩、股、背部肉样,用嫩度测定仪(RH-N50,广州润湖仪器有限公司)、系水力测定仪(RH-1000,广州润湖仪器有限公司)进行肉质指标测定,具体操作参考侯鹏霞^[12]的测定方法。羊肉营养成分含量参考 AOAC(1990)^[13]中的方法测定。

1.3.4 瘤胃液的采集、DNA 提取及建库测序

于屠宰当天清晨空腹采集瘤胃液,每组选择 3 只参试羊,采用负压采集器,经导管通过口腔食道,深入到瘤胃中部,采集瘤胃液约 100 mL,每个瘤胃液样品通过 4 层薄纱布过滤,液氮冷冻保存。

将瘤胃液样品送至广州基迪奥生物科技有限公司进行 V3+V4 区扩增并进行 Illumina HiSeq 平台基因组测序。

1.4 数据统计与分析

生长性能、屠宰性能、肉品质、羊肉营养成分含量和瘤胃细菌多样性数据用 Excel 2007 记录并作简单处理后,采用 SAS 8.2 软件进行方差分析,利用 LSD 法进行多重比较,以 $P<0.05$ 作为差异显著的判断标准, $P<0.01$ 作为差异极显著的判断标准。宏基因组数据基于 dbCAN 数据库采用谱隐马尔可夫模型,分析 CAZy 基因相似性。基于原始 reads 数,采用 DESeq2 (V1.10.1) 进行差异分

析,绘制 CAZy 基因丰度差异散点图。

2 结果与分析

2.1 酶菌混合处理荞麦秸秆和苜蓿干草对滩羊生长性能的影响

由表 3 可知,试验组总增重和平均日增重极显著高于对照组 ($P<0.01$),分别比对照组提高了 40.33% 和 40.32%;试验组料重比极显著低于对照组 ($P<0.01$),比对照组降低了 28.43%;其余各项生长性能指标试验组与对照组之间差异不显著 ($P>0.05$)。上述结果说明用酶菌混合处理的荞麦秸秆和苜蓿干草饲喂滩羊,提高了滩羊的增重。

表 3 酶菌混合处理荞麦秸秆和苜蓿干草对滩羊生长性能的影响

Table 3 Effects of buckwheat straw and alfalfa hay treated by enzyme and bacteria on growth performance of *Tan* sheep

项目 Items	对照组 Control group	试验组 Trial group	P 值 P-value
初始体重 Initial body weight/kg	33.34±1.85	32.12±1.65	0.352
结束体重 Final body weight/kg	39.49±2.58	40.75±1.36	0.437
总增重 Total gain/kg	6.15±1.23 ^B	8.63±1.43 ^A	0.004
平均日增重 ADG/(g/d)	102.50±0.02 ^B	143.83±0.03 ^A	0.002
干物质采食量 DMI/(g/d)	815.06±0.93	818.32±0.02	0.543
料重比 F/G	7.95±3.50 ^A	5.69±1.89 ^B	0.006

同行数据肩标相同字母或无字母表示差异不显著 ($P>0.05$),不同小写字母表示差异显著 ($P<0.05$),不同大写字母表示差异极显著 ($P<0.01$)。下表同。

In the same row, values with no letter or the same letter superscripts mean no significant difference ($P>0.05$), while with different small letter superscripts mean significant difference ($P<0.05$), and with different capital letter superscripts mean significant difference ($P<0.01$). The same as below.

2.2 酶菌混合处理荞麦秸秆和苜蓿干草对滩羊屠宰性能的影响

由表 4 可知,试验组与对照组之间各项屠宰性能指标均无显著差异 ($P>0.05$),但试验组的胴

体重、屠宰率和净肉重分别比对照组提高了 2.56%、2.23% 和 3.22%。上述结果说明用酶菌混合处理的荞麦秸秆和苜蓿干草饲喂滩羊,有提高滩羊胴体重、屠宰率和净肉重的趋势。

表 4 酶菌混合处理荞麦秸秆和苜蓿干草对滩羊屠宰性能的影响

Table 4 Effects of buckwheat straw and alfalfa hay treated by enzyme and bacteria on slaughter performance of *Tan* sheep

项目 Items	对照组 Control groups	试验组 Trial group	P 值 P-value
宰前活重 Live weight/kg	35.98±2.29	36.10±1.33	0.739
胴体重 Carcass weight/kg	14.04±1.36	14.40±0.94	0.808
屠宰率 Dressing percentage/%	39.02±2.44	39.89±1.89	0.242
净肉重 Net meat weight/kg	8.38±0.23	8.65±0.59	0.473
骨重 Bones weight/kg	3.08±0.32	2.88±0.26	0.075
胴体脂肪重 Carcass fat weight/kg	1.13±0.13	1.03±0.23	0.969
尾部脂肪重 Tail fat weight/kg	0.75±0.23	0.93±0.36	0.384
GR 值 GR value/cm	0.83±0.21	0.76±0.18	0.472
眼肌面积 Loin eye area/cm ²	26.51±6.03	26.07±0.41	0.879
骨肉比 Bone to meat ratio/%	36.53±5.36	34.40±5.59	0.843

2.3 酶菌混合处理荞麦秸秆和苜蓿干草对滩羊肉品质和营养成分含量的影响

由表 5 可知,试验组与对照组羊肉各部位 pH 介于 6.67~6.91,试验组失水率、剪切力和滴水损失分别比对照组降低了 7.25%、1.79% 和 15.13%,熟肉率以及肉色红度 (a^*)、黄度 (b^*) 和亮度

(L^*) 值分别比对照组提高了 5.64%、3.63%、5.12% 和 0.71%,但试验组与对照组相比各项肉品质指标均无显著差异 ($P>0.05$)。上述结果说明用酶菌混合处理的荞麦秸秆和苜蓿干草饲喂滩羊,具有改善滩羊肉色和肉品质的趋势。

表 5 酶菌混合处理荞麦秸秆和苜蓿干草对滩羊肉品质的影响

Table 5 Effects of buckwheat straw and alfalfa hay treated by enzyme and bacteria on meat quality of *Tan* sheep

项目 Items	对照组 Control group	试验组 Trial group	P 值 P-value
肩部 pH pH of shoulder	6.91±0.07	6.67±0.28	0.245
股部 pH pH of thigh	6.67±0.19	6.70±0.16	0.561
背部 pH pH of back	6.74±0.18	6.72±0.13	0.459
失水率 Water loss rate/%	44.85±2.89	41.60±3.88	0.834
熟肉率 Cooked meat rate/%	46.26±2.53	48.87±5.80	0.081
剪切力 Shear force/N	32.90±3.18	32.31±1.86	0.673
滴水损失 Drip loss/%	1.19±0.52	1.01±0.16	0.238
红度 a^*	17.63±0.38	18.27±1.66	0.524
黄度 b^*	5.47±0.79	5.75±0.29	0.583
亮度 L^*	36.41±1.51	36.67±2.55	0.356
大理石花纹评分 Marbling score	2.00±0.00	2.00±0.00	0.201

由表 6 可知,试验组与对照组羊肉各营养成分含量均无显著差异 ($P>0.05$),但试验组粗脂肪含量比对照组降低了 9.25%,粗蛋白质含量比对

照组提高了 4.31%。上述结果说明用酶菌混合处理的荞麦秸秆和苜蓿干草饲喂滩羊,有降低滩羊肉脂肪含量、提高滩羊肉蛋白质含量的趋势。

表 6 酶菌混合处理荞麦秸秆和苜蓿干草对滩羊肉营养成分含量的影响

Table 6 Effects of buckwheat straw and alfalfa hay treated by enzyme and bacteria on nutrient contents of *Tan* mutton

项目 Items	对照组 Control group	试验组 Trial group	P 值 P-value
水分 Moisture	75.59±0.96	74.87±1.39	0.957
粗脂肪 EE	2.92±0.26	2.65±0.59	0.073
粗蛋白质 CP	19.27±1.40	20.10±0.26	0.796
粗灰分 Ash	2.33±0.47	3.86±0.84	0.238

2.4 酶菌混合处理荞麦秸秆和苜蓿干草对滩羊瘤胃细菌多样性的影响

2.4.1 对滩羊瘤胃细菌操作分类单元 (OTU) 数目的影响

对照组的 3 个平行样本共获得 reads 114 683 920 个,试验组 3 个平行样本共获得 reads 138 106 628 个。由表 7 可知,对照组与试验组覆盖度均大于 0.98,能够准确反映滩羊瘤胃内的细菌组成情况;试验组 OTU 数目比对照组降低了 3.76%,但差异不显著 ($P>0.05$)。上述结果说明

用酶菌混合处理的荞麦秸秆和苜蓿干草饲喂滩羊,对滩羊瘤胃细菌 OTU 数目的影响不大。

2.4.2 对滩羊瘤胃细菌 Alpha 多样性的影响

由表 8 可知,试验组的 Chao 指数和 ACE 指数极显著低于对照组 ($P<0.01$),Shannon 指数和 Simpson 指数也低于对照组,但差异不显著 ($P>0.05$)。上述结果说明用酶菌混合处理的荞麦秸秆和苜蓿干草饲喂滩羊,降低了其瘤胃细菌的 Chao 指数和 ACE 指数,对瘤胃细菌的 Alpha 多样性有一定影响。

表 7 瘤胃细菌 OTU 数目

Table 7 Number of OTU of rumen bacteria

项目 Items	对照组 Control group	试验组 Trial group	P 值 P-value
覆盖度 Coverage	0.99±0.00 ^B	0.99±0.00 ^A	0.004
OTU 数目 OTU number	1 722.00±86.42	1 657.33±146.00	0.367

表 8 16S rDNA 检测 Alpha 多样性

Table 8 Alpha diversity detected by 16S rDNA

项目 Items	对照组 Control group	试验组 Trial group	P 值 P-value
Chao 指数 Chao index	2 787.80±138.34 ^A	2 457.44±188.74 ^B	0.006
Ace 指数 Ace index	2 898.43±94.54 ^A	2 543.55±202.80 ^B	0.002
Shannon 指数 Shannon index	5.90±0.48	5.81±0.45	0.831
Simpson 指数 Simpson index	0.93±0.02	0.92±0.02	0.859

2.4.3 对滩羊瘤胃细菌 Beta 多样性的影响

图 1 为所测样本瘤胃微生物群落的主坐标分析 (PCoA)。由图 1 可知,主坐标成分 1 (PCo1) 和主坐标成分 2 (PCo2) 对样本间变异的贡献度分别为 70.44% 和 14.45%,能够充分解释样本间的变异;PCoA 显示,同组内样本距离较近,说明同组内物种多样性差异较小,对照组与试验组之间样本距离较远,说明对照组与试验组之间瘤胃细菌多样性有所差异。

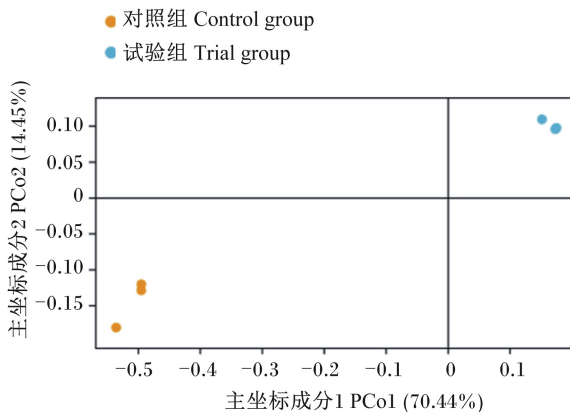


图 1 瘤胃细菌 OTU 数目主坐标分析

Fig.1 Principal coordinate analysis of OTU number of rumen bacteria

2.4.4 对滩羊瘤胃细菌优势群及差异物种的影响

由表 9 可知,在门水平上,对照组与试验组的优势菌门均为变形菌门、厚壁菌门、拟杆菌门和

Kiritimatiellaeota,其总量占总菌门的 95% 以上。其中,试验组厚壁菌门的丰度显著高于对照组 ($P < 0.05$),拟杆菌门和 Kiritimatiellaeota 的丰度极显著低于对照组 ($P < 0.01$),变形菌门的丰度与对照组差异不显著 ($P > 0.05$)。上述结果说明用酶菌混合处理的荞麦秸秆和苜蓿干草饲喂滩羊,降低了其瘤胃细菌内拟杆菌门和 Kiritimatiellaeota 的数量,提高了厚壁菌门的数量。

由表 10 可知,在属水平上,对照组与试验组的优势菌属为丛毛单胞菌属 (*Comamonas*)、普雷沃氏菌属 1 (*Prevotella_1*)、不动杆菌属 (*Acinetobacter*)、赖氨酸芽孢杆菌属 (*Lysinibacillus*)、库特氏菌属 (*Kurthia*)、克里斯滕森菌科 R-7 群 (*Christensenellaceae_R-7_group*)、理研菌科 RC9 肠道群 (*Rikenellaceae_RC9_gut_group*)、鲁梅尔芽孢杆菌属 (*Solibacillus*) 和瘤胃球菌科 NK4A214 群 (*Ruminococcaceae_NK4A214_group*)。其中,试验组 *Prevotella_1*、*Kurthia*、*Christensenellaceae_R-7_group* 和 *Solibacillus* 的丰度极显著高于对照组 ($P < 0.01$), *Comamonas*、*Acinetobacter*、*Lysinibacillus*、*Rikenellaceae_RC9_gut_group* 和 *Ruminococcaceae_NK4A214_group* 的丰度与对照组差异不显著 ($P > 0.05$)。上述结果说明用酶菌混合处理的荞麦秸秆和苜蓿干草饲喂滩羊,提高了其瘤胃内 *Prevotella_1*、*Kurthia*、*Christensenellaceae_R-7_group* 和 *Solibacillus* 的数量。

表 9 全样本优势菌门丰度

Table 9 Abundances of dominant bacteria at phylum level in whole sample

%

项目 Items	对照组 Control group	试验组 Trial group	P 值 P-value
变形菌门 Proteobacteria	34.02±2.07	31.72±6.00	0.078
厚壁菌门 Firmicutes	35.87±4.01 ^b	53.19±0.07 ^a	0.043
拟杆菌门 Bacteroidetes	26.59±5.21 ^A	12.99±5.18 ^B	0.005
Kiritimatiellaeota	1.05±0.37 ^A	0.42±0.26 ^B	0.007

表 10 全样本优势菌属丰度

Table 10 Abundances of dominant bacteria at genus level in whole sample

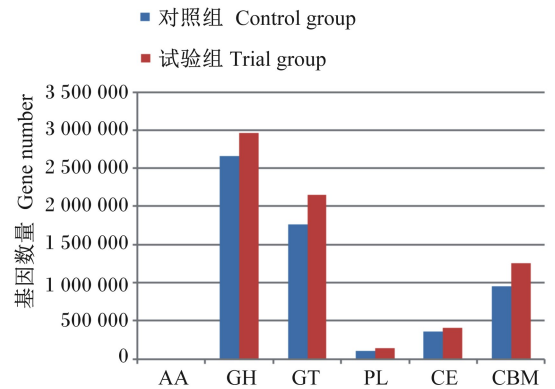
%

项目 Items	对照组 Control group	试验组 Trial group	P 值 P-value
丛毛单胞菌属 <i>Comamonas</i>	15.44±8.38	20.95±7.72	0.075
普雷沃氏菌属 1 <i>Prevotella_1</i>	7.73±3.77 ^B	19.65±3.81 ^A	0.003
不动杆菌属 <i>Acinetobacter</i>	14.37±7.74	9.24±3.05	0.058
赖氨酸芽孢杆菌属 <i>Lysinibacillus</i>	12.39±1.71	7.24±3.75	0.067
库特氏菌属 <i>Kurthia</i>	12.63±3.64 ^B	26.04±9.26 ^A	0.002
克里斯滕森菌科 R-7 群 <i>Christensenellaceae_R-7_group</i>	2.47±0.29 ^B	4.33±1.17 ^A	0.005
理研菌科 RC9 肠道群 <i>Rikenellaceae_RC9_gut_group</i>	1.63±0.20	1.66±0.77	0.073
鲁梅尔芽孢杆菌属 <i>Solibacillus</i>	1.18±0.44 ^B	6.23±2.12 ^A	0.003
瘤胃球菌科 NK4A214 群 <i>Ruminococcaceae_NK4A214_group</i>	0.91±0.17	1.09±0.43	0.089

2.5 酶菌混合处理荞麦秸秆和苜蓿干草对滩羊瘤胃内CAZy 的影响

本试验中,对照组 3 个平行样本共获得基因 5 569 976 个,试验组 3 个平行样共获得基因 5 921 304 个。与 CAZy 数据库对比可得各样品 CAZy 注释图(图 2)。由图 2 可知,在 A 层级中,试验组与对照组 CAZy 的基因数量由高到低排序均为糖苷水解酶(GH)>糖基转移酶(GT)>碳水化合物结合模块(CBM)>糖类酯解酶(CE)>多糖裂解酶(PL)>辅助氧化还原酶(AA)。该结果表明,用酶菌混合处理荞麦秸秆和苜蓿干草作为粗饲料饲喂滩羊,其瘤胃内降解植物纤维素的 CAZy 主要是 GH、GT 和 CBM。在 B 层级中,丰度排名前 5 的见表 11。由表 11 可知,试验组与对照组 CAZy 较高丰度家族基因 reads 数目排名一致,且均无显著差异($P>0.05$)。基于 DESeq2 差异分析,绘制基因散点图(图 3),图中红色表示丰度显著上调的基因($P<0.05$),绿色表示丰度显著下调的基因($P<0.05$),灰色表示丰度无显著变化基因($P>0.05$)。由图 3 可知,用酶菌混合处理后的荞麦秸秆和苜蓿干草饲喂滩羊,可引起滩羊瘤胃部分基因丰度上调或下调。由表 12 可知,与对照组相

比,试验组丰度上调的有 *CBM83*、*CBM60* 等 12 个基因($P<0.05$),丰度下调的有 *AA1*、*GH126* 和 *AA12* 共 3 个基因($P<0.05$)。



AA: 辅助氧化还原酶 auxiliary oxidoreductase; GH: 糖苷水解酶 glycoside hydrolase; GT: 糖基转移酶 glycosyl-transferase; PL: 多糖裂解酶 polysaccharide lyase; CE: 糖类酯解酶 carbohydrate esterase; CBM: 碳水化合物结合模块 carbohydrate binding module。

图 2 全样本 CAZy 注释图(A 层级)

Fig. 2 CAZy annotation map of whole sample (level A)

表 11 CAZy 较高丰度家族基因 reads 数目 (B 层级)

Table 11 Number of reads of CAZy high abundance family genes (level B)

A 层级 Level A	B 层级 Level B	对照组 Control group	试验组 Trial group	P 值 P-value
糖苷水解酶 GH	GH13	234 522.33±38 501.27	298 726.33±44 494.17	0.859
	GH43	206 457.00±33 966.33	205 827.67±30 207.29	0.673
	GH35	213 555.67±37 592.17	160 965.67±26 533.15	0.752
	GH3	158 770.33±22 828.70	200 406.00±29 957.74	0.838
	GH2	168 750.67±26 648.80	185 595.00±27 565.72	0.431
糖基转移酶 GT	GT2	2 161 276.00±2 500 701.36	1 056 991.33±160 265.16	0.289
	GT4	1 050 591.75±1 249 907.22	548 267.67±80 354.93	0.597
	GT51	256 062.00±303 796.92	132 761.33±19 784.53	0.383
	GT0	167 363.00±194 928.96	83 135.33±12 818.98	0.268
	GT68	150 532.00±177 063.56	76 488.67±10 768.53	0.569
碳水化合物结合模块 CBM	CBM50	258 514.33±42 836.47	318 397.67±47 961.44	0.741
	CBM13	99 698.00±16 243.93	117 958.00±17 240.03	0.623
	CBM32	81 680.33±13 184.67	107 784.00±17 255.26	0.808
	CBM6	75 331.33±11 870.31	92 017.00±14 040.68	0.724
	CBM2	59 042.33±9 750.56	72 814.33±11 243.32	0.357

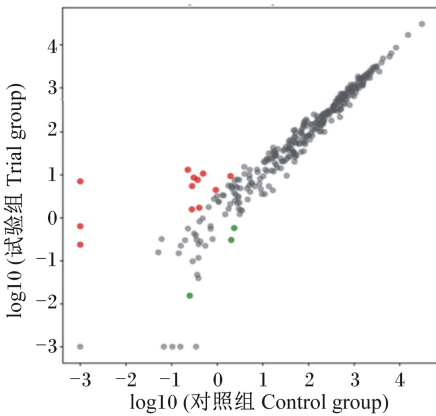


图 3 对照组与试验组 CAZy 丰度的 DESeq2 差异分析图
Fig.3 DESeq2 difference analysis map of CAZy abundance between control group and trial group

3 讨论

3.1 酶菌混合处理荞麦秸秆和苜蓿干草对滩羊生长性能的影响

用纤维素酶处理粗饲料后饲喂反刍动物,能够有效地提高反刍动物的生长性能。张芹等^[14]研究发现,外源酶促进了反刍动物对饲料的消化和利用,提高了日增重和产奶量,这与本试验结果一致。益生菌发酵饲料对于羔羊补饲和成年羊育肥的作用效果十分显著^[15]。有研究学者给羔羊饲喂

布氏乳杆菌 11A44 发酵的野豌豆饲料,结果表明,羔羊的日增重为 184 g,显著高于对照组,生张性能得到了明显的改善^[16],这与本试验结果一致。本试验用酶菌混合处理的荞麦秸秆和苜蓿干草饲喂滩羊,显著提高了滩羊的总增重、平均日增重,降低了料重比,说明该处理方法促进了滩羊对饲料中营养物质的吸收,提高了滩羊的生长性能。

3.2 酶菌混合处理荞麦秸秆和苜蓿干草对滩羊屠宰性能的影响

屠宰性能可以反映出动物的生长情况。屠宰率、净肉重和胴体重等指标与动物产肉力的好坏直接相关,并影响经济效益。本试验中,试验组与对照组的各项屠宰性能指标差异均不显著,但试验组胴体重、屠宰率和净肉重与对照组相比均有上升趋势,这与 Kim 等^[17]的试验报道相似。Zobell 等^[18]报道,纤维素酶制剂对育肥牛的眼肌面积无显著影响,这与本试验结果一致。

3.3 酶菌混合处理荞麦秸秆和苜蓿干草对滩羊肉品质和营养成分含量的影响

羊肉 pH 决定了肉品质的优劣。本试验中对对照组与试验组羊肉 pH 介于 6.67~6.91,均属于正常范围。熟肉率与烹煮损失有密切关系,数值越高则烹煮损失越小。试验组的熟肉率比对照组有所增加,说明用酶菌混合处理荞麦秸秆和苜蓿干

草饲喂滩羊,有改善滩羊肉品质的作用。有报道称,芽孢杆菌可以提高育肥猪的胴体品质^[19],本试验结果与此一致。试验组的肉色与对照组相比有

提高的趋势,说明酶菌混合处理荞麦秸秆和苜蓿干草能够改善滩羊的肉色。

表 12 对照组与试验组 CAZy 丰度 DESeq2 差异分析表

Table 12 DESeq2 difference analysis table of CAZy abundance between control group and trial group

变化 Change	试验组 vs. 对照组 Trial group vs. control group
上调 Up	CBM83、CBM60、PL15、GH52、PL24、GH152、CBM53、GT95、CBM8、GT97、GH124、GT72 ($P < 0.05$)
下调 Down	AA1、GH126、AA12 ($P < 0.05$)

肌肉的常规营养成分含量可以直观反映肉品质。有研究报道,滩羊肉的水分含量为 77% 左右^[20],这与本试验结果一致。肌肉中的脂肪可以有效改善滩羊肉的风味并满足人们对肉质口感的要求,但羊肉脂肪含量过高则会使人摄入过多的胆固醇,提高心血管的发病概率。本试验中试验组与对照组羊肉的粗脂肪含量均在正常范围内,但试验组粗脂肪含量低于对照组,说明用酶菌混合处理的荞麦秸秆和苜蓿干草饲喂滩羊,有降低滩羊肉粗脂肪含量的趋势,有助于减少人体胆固醇的摄入量。据王思飞^[21]报道,7 月龄滩羊的羊肉中粗蛋白质含量为 16.05%,低于本试验结果,分析原因可能与参试羊年龄有关,本试验选择的羊只为 3 月龄断奶羔羊,其生长以肌肉生长为主。

3.4 酶菌混合处理荞麦秸秆和苜蓿干草对滩羊瘤胃细菌多样性的影响

16S rDNA 高通量测序技术可用作分析不同菌种中序列的多样性和鉴定菌种的类别^[22],是不用分离培养微生物而进行鉴定的一种方法,被广泛利用。Kong 等^[23]研究了不同粗饲料对奶牛瘤胃细菌多样性及结构的影响,结果发现,厚壁菌门和拟杆菌门占整个细菌门水平的比例较大,这与本试验结果一致。在门水平上,厚壁菌门是反刍动物瘤胃纤维降解菌中十分重要的菌群;在属水平上,普雷沃氏菌属是瘤胃数量最多的一类细菌^[24],能够促进瘤胃纤维物质的降解,是瘤胃中的优势菌群^[25],这与本试验结果一致。试验组厚壁菌门的丰度显著高于对照组,Prevotella_1 的丰度显著高于对照组,说明用酶菌混合处理的荞麦秸秆和苜蓿干草饲喂滩羊,提高了滩羊瘤胃内部分纤维降解菌的数量,促进了滩羊瘤胃对粗饲料的

消化和吸收;此外,试验组的 Chao 指数和 ACE 指数极显著低于对照组,用酶菌混合处理的荞麦秸秆和苜蓿干草饲喂滩羊,对滩羊瘤胃细菌多样性也产生了一定影响。

3.5 酶菌混合处理荞麦秸秆和苜蓿干草对滩羊瘤胃 CAZy 的影响

CAZy 数据库是专门研究 CAZy 的数据库。反刍动物可通过瘤胃内的部分微生物分泌的降解酶对其进行降解并为机体供能。因此,许多学者通过研究瘤胃液的木质纤维素降解机制挖掘未知的 CAZy^[26]。CAZy 共分为 6 大功能类,其中 GH、CE 和 PL 能够协同作用降解木质纤维素物质^[27-28]。本试验结果表明,对照组与试验组 GH 家族基因丰度均最高,其次是 GT 和 CBM, PL 和 CE 丰度较低,这与胡丹丹^[29]的研究结果一致。Lynd 等^[30]研究表明,CBM 是纤维素酶的重要组成部分,同时具有催化作用,能促进酶与纤维物质结合,从而促进纤维物质的降解。目前 CBM 包含 84 个家族成员。有研究通过 CAZy 预测功能表明,CBM6 是纤维素降解酶,能够促进纤维素的降解^[31],本试验中,CBM6 基因丰度较高,说明该处理方式提高了滩羊瘤胃内部分纤维降解酶的活性,提示滩羊对纤维素降解作用较好。CBM50 具有与细胞壁降解的相关基因^[32],且从 CAZy 数据库中发现与拟杆菌门有关。本试验中,试验组拟杆菌门的丰度显著低于对照组,但 CBM50 基因 reads 数目与对照组无显著差异,分析原因可能是滩羊瘤胃内其他细菌数量也与 CBM50 基因有关。试验组部分基因的丰度与对照组相比有显著上调或下调情况,但这些基因都不是丰度较高的基因,这可能与滩羊饲喂酶菌混合处理的荞麦秸秆和苜蓿干草有关,但具体作用机理有待进一步研究。

4 结论

① 用酶菌混合处理后的荞麦秸秆和苜蓿干草饲喂滩羊,可以提高滩羊的平均日增重,降低料重比,提高滩羊的生长性能。

② 用酶菌混合处理的荞麦秸秆和苜蓿干草饲喂滩羊,有提高滩羊胴体重、屠宰率和净肉重的趋势,同时有改善滩羊肉色和肉品质的趋势。

③ 用酶菌混合处理的荞麦秸秆和苜蓿干草饲喂滩羊,提高了滩羊瘤胃内部分纤维降解菌和部分碳水化合物功能酶的基因数量,促进了滩羊瘤胃对粗饲料的消化和吸收,并对滩羊瘤胃细菌多样性产生了一定影响。

④ 本试验条件下,酶菌混合处理的荞麦秸秆和苜蓿干草饲喂滩羊效果较佳,有利于滩羊瘤胃分解纤维素的优势菌群的形成,益于滩羊养殖,可推广使用。

参考文献:

- [1] 张丹.纤维素酶的研究进展及其展望[J].青海畜牧兽医杂志,2017,47(3):49-52.
ZHANG D. Research progress and prospect of cellulase[J]. Qinghai Journal of Animal Husbandry and Veterinary Medicine, 2017, 47(3): 49-52. (in Chinese)
- [2] WANG P, LIU C Q, CHANG J, et al. Effect of physicochemical pretreatments plus enzymatic hydrolysis on the composition and morphologic structure of corn straw[J]. Renewable Energy, 2019, 138: 502-508.
- [3] RINNE M, WINQUIST E, PIHLAJANIEMI V, et al. Fibrolytic enzyme treatment prior to ensiling increased press-juice and crude protein yield from grass silage[J]. Bioresource Technology, 2020, 299: 122572.
- [4] ABDEL HAMEED A A, FEDEL E L, SEED A M, et al. Growth performance and rumen fermentation of lambs fed untreated or urea treated groundnut hull with different protein sources[J]. Journal of Animal Production Advances, 2013, 3(3): 86-96.
- [5] ABD EL TAWAB A M, KHATTAB M S A, EL-ZAIAT H M, et al. Effect of cellulase and tannase enzymes supplementation on the productive performance of lactating buffaloes fed diets contain date palm fronds[J]. Asian Journal of Animal Sciences, 2016, 10(6): 307-312.
- [6] SUN P, LI J N, BU D P, et al. Effects of *Bacillus subtilis* natto and different components in culture on rumen fermentation and rumen functional bacteria *in vitro*[J]. Current Microbiology, 2016, 72(5): 589-

595.

- [7] 刘俊阳,高爱武,陈立新,等.复合微生态制剂对犊牛生长性能、粪样微生物和血液指标的影响[J].畜牧与饲料科学,2019,40(4):21-25,64.
LIU J Y, GAO A W, CHEN L X, et al. Effects of compound probiotics on growth performance, fecal microorganisms and blood indexes of calves[J]. Animal Husbandry and Feed Science, 2019, 40(4): 21-25, 64. (in Chinese)
- [8] 秦培友.我国主要荞麦品种资源品质评价及加工处理对荞麦成分和活性的影响[D].博士学位论文.北京:中国农业科学院,2012.
QIN P Y. Quality evaluation of main buckwheat varieties in China and effects of processing on buckwheat composition and activity[D]. Ph. D. Thesis. Beijing: Chinese Academy of Agricultural Sciences, 2012. (in Chinese)
- [9] 杨蕾.黄酮类化合物在反刍动物营养上的研究进展[J].家畜生态学报,2019,40(2):8-12.
YANG L. Research progress of flavonoids in ruminant nutrition[J]. Journal of Livestock Ecology, 2019, 40(2): 8-12. (in Chinese)
- [10] 王萌.秸秆日粮添加过瘤胃蛋氨酸对滩羊生产性能的影响[D].硕士学位论文.银川:宁夏大学,2017.
WANG M. Effects of rumen fed methionine supplementation on performance of *Tan* sheep[D]. Master's Thesis. Yinchuan: Ningxia University, 2017. (in Chinese)
- [11] VAN SOEST P J, ROBERTSON J B, LEWIS B A. Methods for dietary fiber, neutral detergent fiber, and nonstarch polysaccharides in relation to animal nutrition[J]. Journal of Dairy Science, 1991, 74(10): 3583-3597.
- [12] 侯鹏霞.滩羊羔羊早期补饲以及不同体重阶段羊肉品质的研究[D].硕士学位论文.银川:宁夏大学,2014.
HOU P X. Study on early supplementary feeding and mutton quality of *Tan* lamb at different weight stages[D]. Master's Thesis. Yinchuan: Ningxia University, 2014. (in Chinese)
- [13] AOAC. Official methods of analysis of the Association of Official Analytical Chemists[S]. Washington, D. C.: Association of Official Analytical Chemists, 1990
- [14] 张芹,毛胜勇,朱伟云.外源酶在反刍动物生产中的应用及作用机制[J].畜牧与兽医,2007,39(5):55-58.
ZHANG Q, MAO S Y, ZHU W Y. Application and mechanism of exogenous enzymes in ruminant production[J]. Animal husbandry and veterinary, 2007, 39(5): 55-58. (in Chinese)
- [15] 刘国仕.微生态制剂对羔羊育肥和屠宰性能的影响及羊肉和羊粪中某些有害物含量的测定[D].硕士学位论文.乌鲁木齐:新疆农业大学,2008.

- LIU G S. Effect of probiotics on fattening and slaughter performance of lambs and determination of some harmful substances in mutton and feces [D]. Master's Thesis. Urumqi: Xinjiang Agricultural University, 2008. (in Chinese)
- [16] KELES G, DEMIRCI U. The effect of homofermentative and heterofermentative lactic acid bacteria on conservation characteristics of baled triticale-Hungarian vetch silage and lamb performance [J]. *Animal Feed Science and Technology*, 2011, 164(1/2): 21-28.
- [17] KIM W H, KANG S N, ARASU M V, et al. Profile of hanwoo steer carcass characteristics, meat quality and fatty acid composition after feeding Italian ryegrass silage [J]. *Korean Journal for Food Science of Animal Resources*, 2015, 35(3): 299-306.
- [18] ZOBELL D R, WIEDMEIER R D, OLSON K C, et al. The effect of an exogenous enzyme treatment on production and carcass characteristics of growing and finishing steers [J]. *Animal Feed Science and Technology*, 2000, 87(3/4): 279-285.
- [19] 林建和, 张娟, 陈张华. 芽孢杆菌对育肥猪生长性能和肉品质的影响 [J]. *中国饲料*, 2019(16): 55-59.
- LIN J H, ZHANG J, CHEN Z H. Effects of *Bacillus* on growth performance and meat quality of finishing pigs [J]. *Chinese Feed*, 2019(16): 55-59. (in Chinese)
- [20] 杨树猛, 郭淑珍, 格桂花, 等. 甘南藏羊与滩羊等羊羊肉营养成分分析 [J]. *中国草食动物*, 2009, 29(2): 61-62.
- YANG S M, GUO S Z, GE G H, et al. Analysis of nutritional components in mutton of Gannan Tibetan sheep and *Tan* sheep [J]. *Chinese Herbivores*, 2009, 29(2): 61-62. (in Chinese)
- [21] 王思飞. 日粮精粗比对滩羊肉品质以及体脂和肌肉 CLA 调控的影响 [D]. 硕士学位论文. 银川: 宁夏大学, 2018.
- WANG S F. Effects of dietary concentrate to roughage ratio on meat quality and regulation of body fat and muscle CLA [D]. Master's Thesis. Yinchuan: Ningxia University, 2018. (in Chinese)
- [22] RAJENDHRAN J, GUNASEKARAN P. Microbial phylogeny and diversity: small subunit ribosomal RNA sequence analysis and beyond [J]. *Microbiological Research*, 2011, 166(2): 99-110.
- [23] KONG Y H, TEATHER R, FORSTER R. Composition, spatial distribution, and diversity of the bacterial communities in the rumen of cows fed different forages [J]. *FEMS Microbiology Ecology*, 2010, 74(3): 612-622.
- [24] SHARMA A, PRASAD S, SINGH Y, et al. Effect of polyherbal preparation supplementation on immunity and udder health of periparturient Karan-Fries crossbred dairy cows [J]. *Journal of Applied Animal Research*, 2014, 42(2): 217-221.
- [25] JAMI E, MIZRAHI I. Composition and similarity of bovine rumen microbiota across individual animals [J]. *PLoS One*, 2012, 7(3): e33306.
- [26] PATEL D D, PATEL A K, PARMAR N R, et al. Microbial and carbohydrate active enzyme profile of buffalo rumen metagenome and their alteration in response to variation in the diet [J]. *Gene*, 2014, 545(1): 88-94.
- [27] FLINT H J, SCOTT K P, DUNCAN S H, et al. Microbial degradation of complex carbohydrates in the gut [J]. *Gut Microbes*, 2012, 3(4): 289-306.
- [28] YOUSSEF N H, COUGER M B, STRUCHTEMEYER C G, et al. The genome of the anaerobic fungus *Orpinomyces* sp. strain CIA reveals the unique evolutionary history of a remarkable plant biomass degrader [J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2013, 79(15): 4620-4634.
- [29] 胡丹丹. 不同精粗比日粮下奶牛瘤胃发酵与菌群结构及血清生化指标变化的研究 [D]. 硕士学位论文. 银川: 宁夏大学, 2019.
- HU D D. Study on rumen fermentation, microbial community structure and changes of serum biochemical indexes in dairy cows fed diets with different concentrate to roughage ratios [D]. Master's Thesis. Yinchuan: Ningxia University, 2014. (in Chinese)
- [30] LYND L R, WEIMER P J, VAN ZYL W H, et al. Microbial cellulose utilization: fundamentals and biotechnology [J]. *Microbiology and Molecular Biology Reviews*, 2002, 66(3): 506-577.
- [31] PITTA D W, INDUGU N, KUMAR S, et al. Metagenomic assessment of the functional potential of the rumen microbiome in Holstein dairy cows [J]. *Anaerobe*, 2016, 38: 50-60.
- [32] LOWE R G T, CASSIN A, GRANDAUBERT J, et al. Genomes and transcriptomes of partners in plant-fungal-interactions between canola (*Brassica napus*) and two *Leptosphaeria* species [J]. *PLoS One*, 2014, 9(7): e103098.

Effects of Buckwheat Straw and Alfalfa Hay Treated by Enzyme and Bacteria on Growth Performance, Slaughter Performance, Rumen Bacterial Diversity and Carbohydrate-Active Enzymes of *Tan* Sheep

JIANG Biwei^{1,2} WANG Tian¹ ZHOU Yuxiang^{1*} LI Fei¹

(1. College of Agriculture, Ningxia University, Yinchuan 750021, China; 2. Ningxia Vocational and Technical College, Yinchuan 750021, China)

Abstract: This experiment was conducted to study the effects of buckwheat straw and alfalfa hay treated by enzyme and bacteria on growth performance, slaughter performance, rumen bacterial diversity and carbohydrate-active enzymes (CAZy) of *Tan* sheep. Twenty 3-month-old *Ningxia Tan* sheep with similar body weight and good health condition were randomly divided into 2 groups with 10 sheep in each group. Control group and trial group had the same concentrate, and the ratio of concentrate to roughage was 30:70, but the control group used untreated buckwheat straw and alfalfa hay (the ratio of straw to alfalfa was 20:80) as roughage, and the trial group used buckwheat straw and alfalfa hay which treated by compound probiotics (main components were yeast, *Bacillus subtilis* and lactic acid bacteria) and cellulase (activity $\geq 10\ 000$ U/g). The pre feeding period was 15 days and the normal feeding period was 60 days. In the morning of the end of feeding experiment, rumen fluid was collected from fasting oral cavity and DNA was extracted for rumen bacterial diversity and metagenome analysis. After rumen fluid was collected, five sheep in each group with body weight closed to the average body weight were fasted for 24 h, and slaughtered after water deprivation for 2 h. Slaughtering performance and meat quality indexes were measured. The results showed as follows: 1) the total gain and average daily gain of *Tan* sheep in the trial group were significantly higher than those in the control group ($P < 0.01$), and the feed/gain was significantly lower than that in the control group ($P < 0.01$). 2) There were no significant differences in slaughter performance, meat quality indexes and mutton nutrient contents between the trial group and the control group ($P > 0.05$). 3) The Chao index and ACE index in the trial group were significantly lower than those in the control group ($P < 0.01$); at the phylum level, the abundance of *Firmicum* in the trial group was significantly higher than that in the control group ($P < 0.05$), and the abundances of *Bacteroides* and *Kiritimatiella* were significantly lower than those in the control group ($P < 0.01$). At the genus level, the abundances of *Prevotella_1* and *Kurthia* in the trial group was significantly higher than that in the control group ($P < 0.01$). 4) The result of CAZy annotation showed that, in level A, the main families of experimental group and control group were glycoside hydrolase (GH), glycosyltransferase (GT) and carbohydrate binding module (CBM); in level B, the abundances of 12 genes were significantly up-regulated ($P < 0.05$), and the abundances of 3 genes were down regulated ($P < 0.05$). It is concluded that feeding *Tan* sheep with buckwheat straw and alfalfa hay treated by enzyme and bacteria can improve the growth performance, and tend to improve the meat color and meat quality, at the same time, it is beneficial to the formation of fiber degrading bacteria in the rumen, and affect the microbial diversity of rumen and the gene abundances of some CAZy of *Tan* sheep. Under the condition of this experiment, the feeding effect of buckwheat straw and alfalfa hay treated by enzyme and bacteria is better, which is beneficial to *Tan* sheep breeding, can popularize use. [*Chinese Journal of Animal Nutrition*, 2021, 33(4):2335-2346]

Key words: cellulose; compound probiotics; *Tan* sheep; growth performance; slaughter performance; meat quality; rumen bacteria