胡修忠,刘 爽,向 敏,等. 地衣芽孢杆菌 JH41C 的抑菌特性及全基因组测序分析[J]. 江苏农业学报,2026,42(2):373-381.
doi:10.3969/j.issn.1000-4440.2026.02.016

地衣芽孢杆菌 JH41C 的抑菌特性及全基因组测序分析

胡修忠[1], 刘 爽[2], 向 敏[1], 李筱雯[2], 余 婕[1], 刘辰晖[1], 钟朱夏[1], 王定发[1], 程 蕾[1]
(1.武汉市农业科学院,湖北 武汉 430070; 2.湖北华大瑞尔科技有限公司,湖北 荆州 434008)

摘要: 本研究旨在对分离获得的地衣芽孢杆菌 JH41C 的抑菌特性及全基因组进行系统分析。体外抑菌试验结果表明,JH41C 菌株对产气荚膜梭菌、金黄色葡萄球菌具有明显的抑制作用,高效液相色谱试验结果证实,JH41C 菌株能合成杆菌肽。产酶性能分析结果显示,JH41C 菌株具有产生淀粉酶、纤维素酶的能力。全基因组测序结果显示,JH41C 基因组大小为4 450 351 bp,G+C 含量为 45.94%,预测到4 387个编码基因。分析结果表明,JH41C 菌株含有丰富的代谢相关基因及多种抗生素(如青霉素、头孢菌素等)合成相关基因。预测到 12 个次级代谢产物合成相关基因簇,其中包含 4 个非核糖体途径合成的基因簇。由研究结果可以看出,JH41C 在抑制病原菌、提高饲料利用率及替代抗生素的应用方面具有较大潜力,可为开发新型微生态制剂提供理论支持。

关键词: 地衣芽孢杆菌; 抑菌特性; 全基因组测序; 次级代谢产物; 杆菌肽; 纤维素酶
中图分类号: S852.65 **文献标识码:** A **文章编号:** 1000-4440(2026)02-0373-09

Antibacterial characteristics and genome sequencing analysis of *Bacillus licheniformis* JH41C

HU Xiuzhong[1], LIU Shuang[2], XIANG Min[1], LI Xiaowen[2], YU Jie[1], LIU Chenhui[1], ZHONG Zhuxia[1], WANG Dingfa[1], CHENG Lei[1]
(1.*Wuhan Academy of Agricultural Sciences*, *Wuhan* 430070, *China*; 2.*Hubei Huada Real Science & Technology Co.*, *Ltd.*, *Jingzhou* 434008, *China*)

Abstract: This study presents a comprehensive analysis of the antimicrobial characteristics and whole genome of *Bacillus licheniformis* strain JH41C. The results of *in vitro* antimicrobial tests demonstrated that JH41C strain exhibited significant inhibitory effects against *Clostridium perfringens* and *Staphylococcus aureus*. High-performance liquid chromatography analysis confirmed that the JH41C strain produced bacitracin. The strain also secreted amylase and cellulase. The 4 450 351 bp genome (G+C content 45.94%) contained 4 387 predicted protein-coding genes, including numerous metabolic genes and biosynthetic gene clusters for antibiotics such as penicillins and cephalosporins. Twelve secondary-metabolite clusters were identified, four of which correspond to non-ribosomal peptide synthetase pathways. These findings highlight the potential of JH41C for pathogen control, enhanced feed utilization, and antibiotic substitution, offering a theoretical basis for next-generation microecological agents.

Key words: *Bacillus licheniformis*; antibacterial properties; whole genome sequencing; secondary metabolites; bacitracin; cellulase

收稿日期:2025-02-28
基金项目:湖北省重点研发计划项目(2023DJC145)
作者简介:胡修忠(1980-),男,山东曹县人,博士,高级畜牧师,主要从事畜牧微生物的发掘与应用研究。(E-mail)hu_xiu_zhong@126.com
通讯作者:程 蕾,(E-mail)chenglei_011@126.com

目前,随着商品饲料中抗生素使用的限制增多,替代抗生素型产品(简称“替抗”产品)迎来了蓬勃发展的机会,微生态制剂便是“替抗”产品之一。地衣芽孢杆菌是一种养殖行业中常用的微生态制剂,可用于生产多种生物活性物质(多糖类、酶类、脂肽类生物表

面活性剂、杆菌肽和小分子活性物质等)[1],常被用在畜牧养殖[2-3]、水产养殖[4]、生物医药[5]、环境[6]等研究领域。地衣芽孢杆菌因其抗逆性出色、抑菌效果显著及易培养而备受研究者青睐。在地衣芽孢杆菌生长代谢过程中,产生的多种细菌素、抗菌肽和酶类,具有调节肠道菌群结构、维持肠道微生态平衡、增强机体免疫力、提高饲料营养价值、促进动物生长等多种益生作用,具有广泛的应用前景。

随着高通量测序技术的发展,地衣芽孢杆菌也在微生物基因组分析领域得到广泛应用。利用全基因组测序技术,研究者可以更好地挖掘菌株功能及其作用机制[7-11],对于促进菌株的应用推广具有重要意义。本课题组前期分离并获得 1 株细菌,经 16S rRNA 基因测序比对分析,发现与地衣芽孢杆菌序列的相似性最高,因此命名为地衣芽孢杆菌 JH41C。初步研究发现,该菌株具有很好的抑菌活性及较强的降解淀粉、纤维素的能力。为深入挖掘地衣芽孢杆菌 JH41C 可能具有的益生作用,本研究拟对其进行基因组测序,通过挖掘并分析基因组信息,推测地衣芽孢杆菌 JH41C 可能具有的益生作用机制,从而为该菌株在后续生产中的应用提供理论依据。

1　材料与方法

1.1　材料与试剂

地衣芽孢杆菌 JH41C 分离于生物发酵床,用 -80 ℃甘油保存于本实验室中,并进行菌种保藏。金黄色葡萄球菌、霍乱弧菌 O139、大肠杆菌 O157、大肠杆菌 K88、大肠杆菌 K199、沙门氏菌、产气荚膜梭菌由本实验室保存。色谱柱(C18 柱)购自安捷伦公司。杆菌肽标准品购自上海源叶生物科技有限公司。

1.2　试验方法

1.2.1　*体外抑菌试验*　将地衣芽孢杆菌 JH41C 培养 24 h 后离心并收集上清液。体外抑菌试验的具体步骤参考笔者的前期研究[12]。

1.2.2　*高效液相色谱法测定杆菌肽*　(1)样品前处理。吸取 1 mL 初始菌悬液加入 100 mL 已灭菌的营养肉汤培养基中,在温度为 37 ℃、转速为 160 r/min 的摇床中培养 24 h。培养结束后,离心并取上清液,用 0.45 μm 有机滤膜过滤后备用。(2)液相色谱条件。采用 C18 色谱柱,填充料直径为 5 μm,柱尺寸为4.6 mm×250.0 mm;流动相为甲醇、乙腈、超纯水和磷酸盐缓冲液的混合液,体积比为1 170∶90∶555∶185;柱温为 40 ℃,检测波长为 254 nm,进样体积为 20 μL,流速为 1.0 mL/min。

1.2.3　*产酶定性试验*　地衣芽孢杆菌 JH41C 产生的蛋白酶、淀粉酶、纤维素酶的能力的检测方法如下:(1)将地衣芽孢杆菌接种到牛奶培养基平板上,37 ℃培养 72 h,测量透明圈直径,评估菌株产生蛋白酶的能力;(2)将地衣芽孢杆菌菌液接种到淀粉酶培养基平板上,37 ℃培养 72 h,加入碘液,测量透明圈直径,评估菌株产淀粉酶的能力;(3)将地衣芽孢杆菌菌液接种到羧甲基纤维素钠培养基平板上,37 ℃培养 72 h,先用 1 mg/mL刚果红染色 30 min,再用1 mol/L NaCl 洗脱 15 min,测量透明圈直径,评估菌株产生纤维素酶的能力。

1.2.4　*菌株 DNA 的提取*　本研究中菌株 DNA 的提取及菌株全基因测序委托武汉百易汇能生物科技有限公司完成。将地衣芽孢杆菌 JH41C 培养 24 h 后离心并收集菌体。用十二烷基硫酸钠(SDS)裂解液进行裂解(加入适量蛋白酶 K),离心后取上清液,用三氯甲烷/异戊醇抽提 2 次,再用 75%乙醇沉淀菌株 DNA 并晾干,随后加入适量溶解液溶解,并用纯化柱进行纯化,最后通过电泳进行质检。

1.2.5　*全基因组测序*　DNA 样本质检合格后,采用第三代 Nanopore 高通量测序平台及二代测序技术进行测序结果分析。

1.2.6　*基因组组装*　基于质控后的二代数据、三代数据,用 Unicycler 软件进行混合组装,并对测序数据进行矫正。在此基础上,使用软件对组装结果进行进一步矫正,得到最终组装结果。

1.2.7　*基因预测*　编码基因用 Prodial 软件进行预测,保留完整的编码序列(CDS);转运 RNA(tRNA)基因用 tRNAscan-SE 软件进行预测;核糖体 RNA(rRNA)基因用 RNAmmer 软件进行预测;其他非编码 RNA(ncRNA)用 Infernal 软件搜索 Rfam 数据库进行预测,以获得基因组中的 tRNA、rRNA 序列信息。

1.2.8　*基因功能分析*　预测的编码蛋白质序列用 Interproscan 进行注释后,提取 TIGRFAMs、Pfam 和 GO 数据库的注释信息;在 KEGG、refseq、SwissProt 和 COG 数据库中用 BLASTp 比对分析编码蛋白质的序列。

1.2.9　*次级代谢物基因簇的预测*　通过在线软件 AntiSMASH 对菌株 JH41C 全基因组中存在的次级代谢物基因簇进行预测分析。

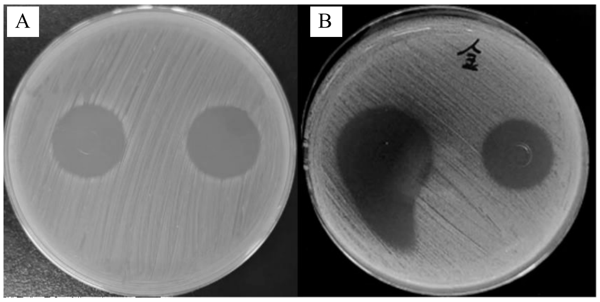
2 结果与分析

2.1 地衣芽孢杆菌 JH41C 的体外抑菌效果

本研究检测了地衣芽孢杆菌 JH41C 发酵上清液中的物质对金黄色葡萄球菌、霍乱弧菌 O139、大肠杆菌 O157、大肠杆菌 K88、大肠杆菌 K199、沙门氏菌和产气荚膜梭菌生长的抑制效果。体外抑菌试验结果显示,地衣芽孢杆菌 JH41C 发酵上清液对产气荚膜梭菌、金黄色葡萄球菌具有明显的抑制效果(图 1)。由于地衣芽孢杆菌 JH41C 发酵上清液对其他指示菌株没有明显抑制作用,因此未展示其结果。

2.2 杆菌肽的液相色谱测定结果

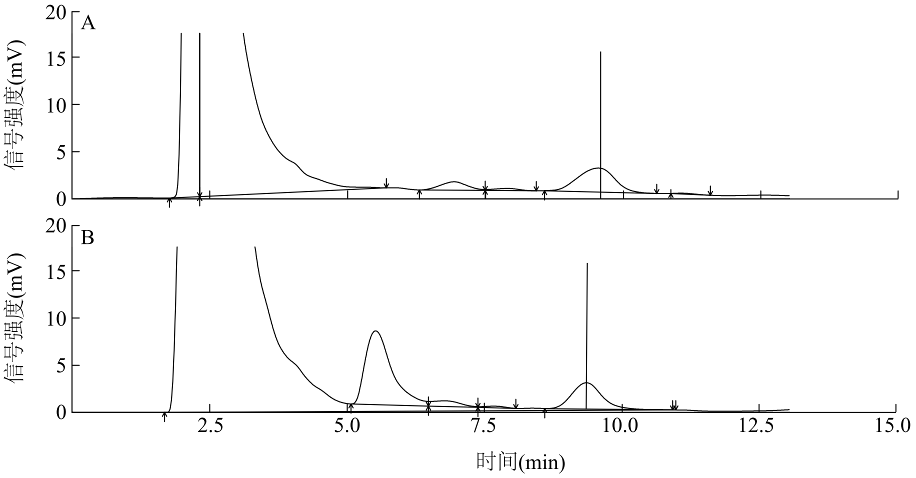
在方法 1.2.2 的色谱条件下,杆菌肽(标准品)的保留时间为 9.6 min(图 2A),地衣芽孢杆菌 JH41C 发酵上清液在 9.6 min 处有明显的峰(图 2B),表明该菌株具有产杆菌肽的能力。



A:产气荚膜梭菌;B:金黄色葡萄球菌。

图 1 地衣芽孢杆菌 JH41C 菌株体外抑菌试验结果

Fig.1 *In vitro* antimicrobial activity of *Bacillus licheniformis* strain JH41C



A:杆菌肽标准溶液;B:地衣芽孢杆菌 JH41C 样品溶液。

图 2 杆菌肽的色谱检测结果

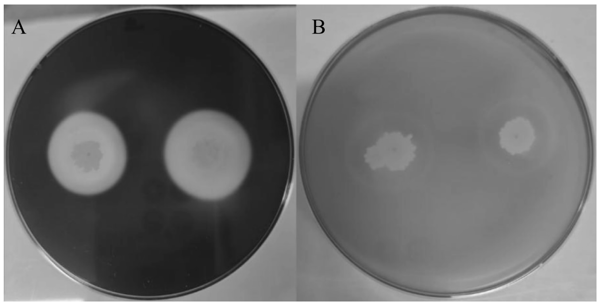
Fig.2 Chromatograms of solutions of bacitracin

2.3 产生消化酶能力的鉴定

对地衣芽孢杆菌 JH41C 菌株降解淀粉、蛋白质及纤维素的能力进行了鉴定。如图 3 所示,地衣芽孢杆菌 JH41C 菌株能产生淀粉酶、纤维素酶。但是,地衣芽孢杆菌 JH41C 不具备产生蛋白酶的能力。

2.4 地衣芽孢杆菌 JH41C 全基因组概况

地衣芽孢杆菌 JH41C 的基因组为 1 条环状闭合 DNA,大小为4 450 351 bp,G+C 含量为 45.94%,基因组圈见图 4。本研究共预测到4 387个完整的 CDS、82 个 tRNA 基因、24 个 rRNA 基因、1 个 CRISPR 序列、4 个基因组岛(Genomic island)、1 个原噬菌体(Prophage),没有检测到质粒。



A:淀粉培养基平板;B:羧甲基纤维素钠培养基平板。

图 3 地衣芽孢杆菌 JH41C 产消化酶性能的鉴定结果

Fig.3 Identification of digestive enzyme production performance of *Bacillus licheniformis* JH41C

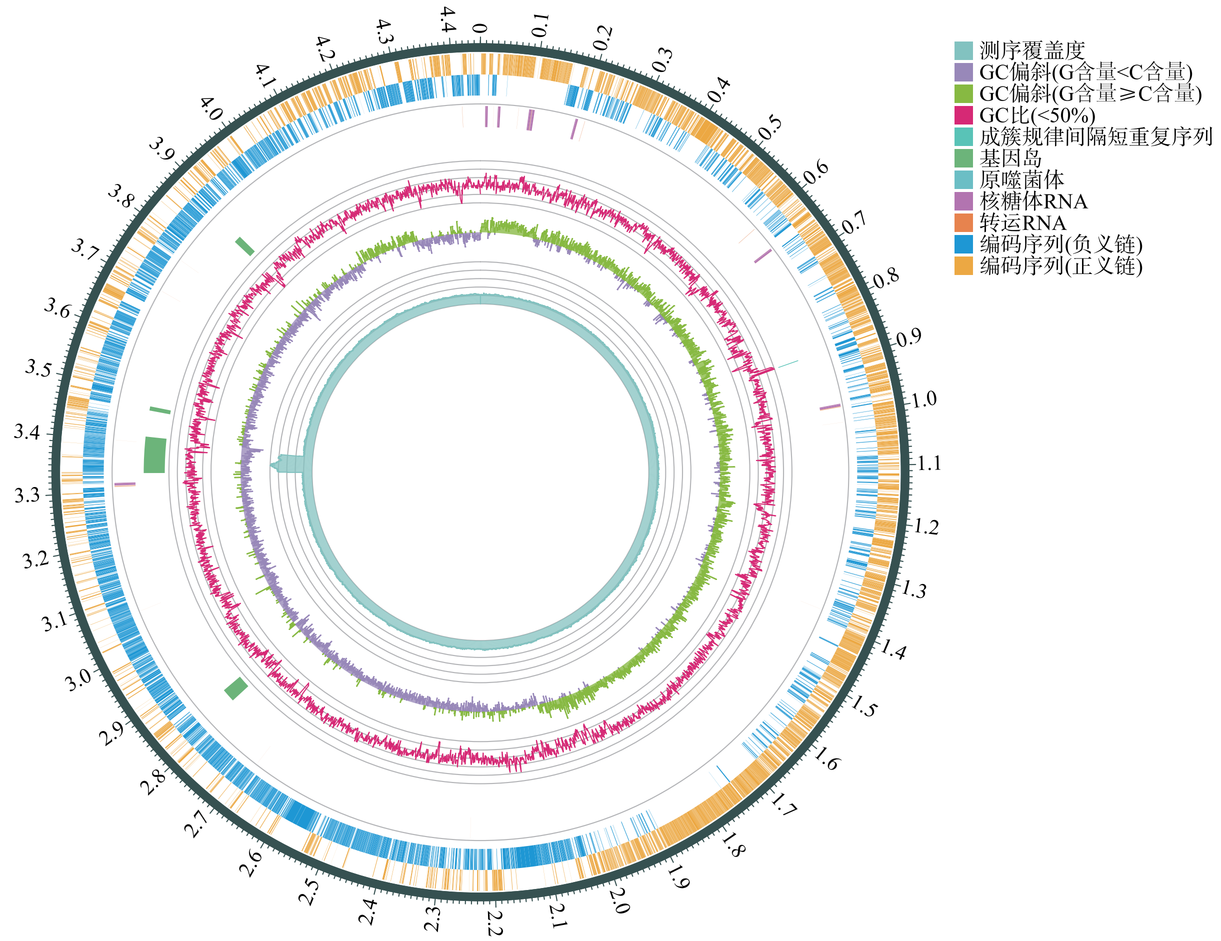


图 4　菌株 JH41C 的基因组圈

Fig.4　Complete genome mapping of strain JH41C

通过全基因组测序获得地衣芽孢杆菌 JH41C 菌株的 16S rRNA 基因序列,在美国国立生物技术信息中心(NCBI)网站上进行同源序列比对发现, JH41C 菌株与地衣芽孢杆菌 DSM 13 菌株的一致性达 99.36%。本研究构建的 1 个包含 JH41C 菌株和其他相关菌株的 16S rRNA 基因序列的系统发育树见图 5。

2.5　基因组功能注释

2.5.1　GO 功能注释　对地衣芽孢杆菌 JH41C 进行 GO 分析发现,总计有2 519个基因得到了注释,涵盖了分子功能(2 280个)、生物过程(4 821个)以及细胞成分(1 517个)这 3 大类功能注释,涉及 34 种不同的功能。在分子功能这一类别中,具有催化活性(1 153 个)的基因数量占据首位,其次是具有结合活性(807 个)的基因。而在生物过程的分类中,数量最多的基因分别属于代谢过程(1 217个)、细胞过程(1 178个)和单一组织过程(820 个),详见图 6。

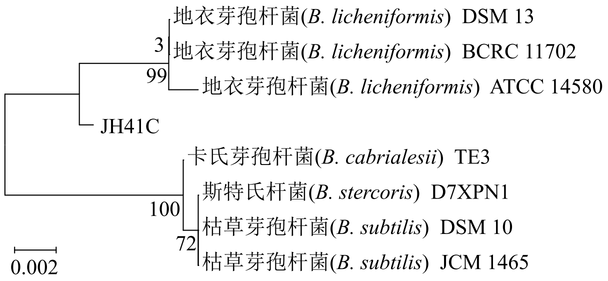


图 5　地衣芽孢杆菌 JH41C 菌株的系统进化树

Fig.5　Phylogenetic tree of *Bacillus licheniformis* strain JH41C

2.5.2　COG 功能注释　经过 COG 功能注释后,地衣芽孢杆菌 JH41C 菌株的4 031个基因被分为多个类别,其中转录预测的数量最高(375 个),数量较高的还有碳水化合物转运和代谢(369 个)、氨基酸转运和代谢(350 个)、仅一般功能预测(300 个),而在染色质结构和动力学、核酸结构方面则没有基因分布(图 7)。

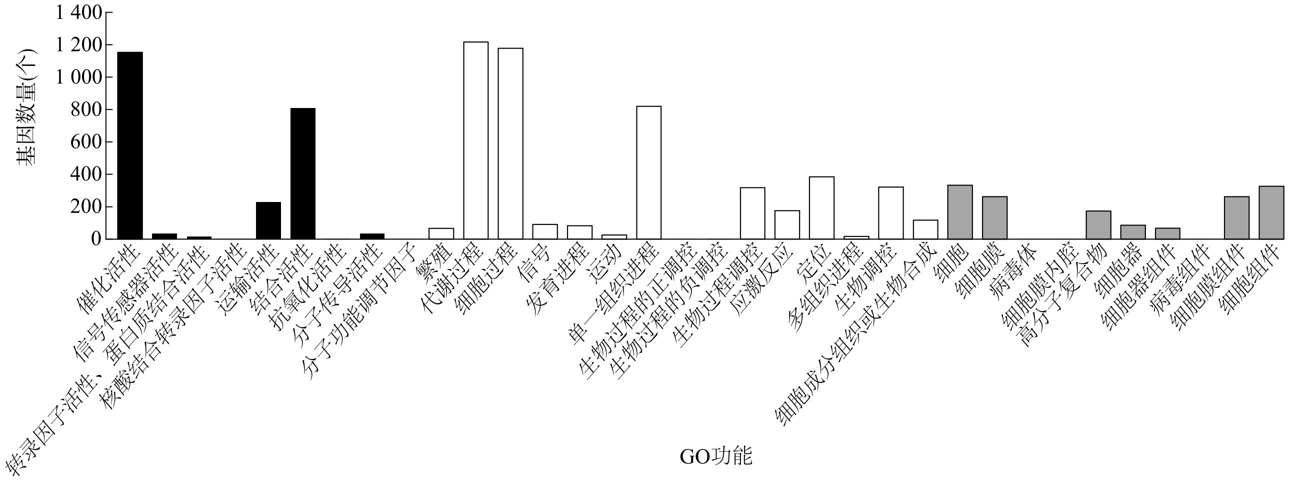


图 6　地衣芽孢杆菌 JH41C 菌株的 GO 功能注释分类统计结果

Fig.6　Statistical results of GO functional annotation classification for *Bacillus licheniformis* strain JH41C

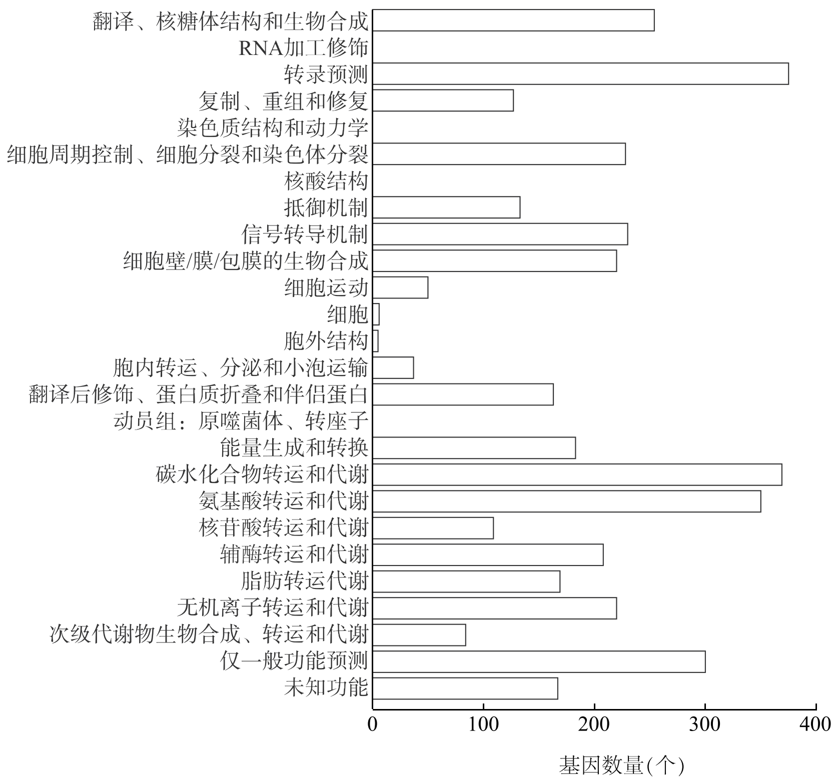


图 7　地衣芽孢杆菌 JH41C 菌株的 COG 功能注释分类统计结果

Fig.7　Statistical results of COG functional annotation classification for *Bacillus licheniformis* strain JH41C

2.5.3　KEGG 功能注释　地衣芽孢杆菌 JH41C 菌株中共有 2 606 个基因在 KEGG 途径中富集,涉及代谢、遗传信息处理、环境信息处理、细胞过程、有机系统、人类疾病等 6 大功能领域(图 8)。在这些功能领域中,新陈代谢相关的基因数量最多,有 877 个,与环境信息处理、碳水化合物代谢遗传信息处理、细胞过程、人类疾病和有机系统相关的基因数量依次减少。由表 1 可 以看出,JH41C 菌株中与抗生素生物合成

相关的通路有 ko00261(单内酰胺生物合成)、ko00311(青霉素和头孢菌素生物合成)、ko00332(碳青霉烯生物合成)、ko00333(灵菌红素生物合成)、ko00401(新生霉素生物合成)、ko00521(链霉素生物合成)、ko00524(新霉素、卡那霉素和庆大霉素生物合成)、ko01051(安莎霉素生物合成),与生物催化剂、免疫调控相关的通路有 ko00980(细胞色素 P450 对外源物质的代谢)、ko00982(药物代谢-细胞色素 P450)、ko02010(ABC 转运蛋白)、ko03320(氧化物酶体增殖物激活受体信号通路)。

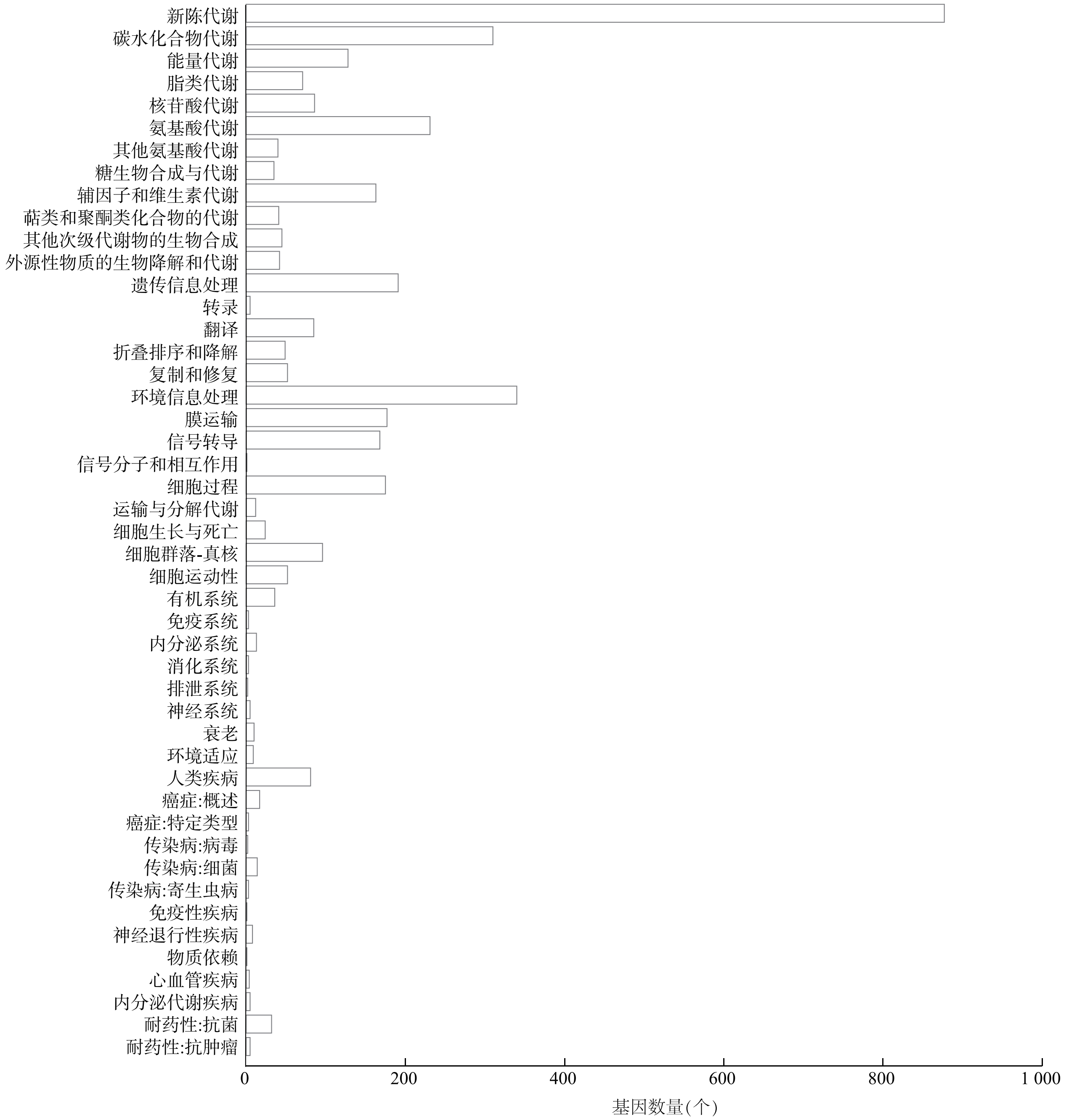


图 8 菌株 JH41C 的 KEGG 注释分类统计结果

Fig.8 Classification statistics of KEGG annotation pathway of strain JH41C

2.5.4 纤维素代谢 KEGG 通路注释结果揭示,涉及碳水化合物代谢的基因共有 310 个,编码的酶包括内切葡聚糖酶(编号:EC3.2.1.4)和葡聚糖苷酶(编号:EC3.2.1.20、EC3.2.1.21),它们参与了纤维素的分解过程。

表 1 地衣芽孢杆菌 JH41C 菌株中抗菌、免疫调控通路相关基因

Table 1 The genes related to antibacterial and immune regulatory pathways in *Bacillus licheniformis* strain JH41C

编号	KEGG 通路编号(ID)	功能	基因 ID	KEGG 基因 ID
1	ko00261	单内酰胺生物合成	JH41C_02406、JH41C_03689、JH41C_01757、JH41C_01876、JH41C_01877、JH41C_01875、JH41C_03837、JH41C_00494、JH41C_04044、JH41C_03080	K00133、K05375、K00958、K00215、K01714、K00928
2	ko00311	青霉素和头孢菌素生物合成	JH41C_00414、JH41C_00316	K01060、K17836
3	ko00332	碳青霉烯生物合成	JH41C_02155、JH41C_02156、JH41C_01500、JH41C_01501	K00147、K00931
4	ko00333	灵菌红素生物合成	JH41C_01886、JH41C_03683、JH41C_03166、JH41C_00356、JH41C_01586、JH41C_01346、JH41C_01787、JH41C_02854、JH41C_02179、JH41C_01788、JH41C_02863	K00645、K00059、K00208
5	ko00401	新生霉素生物合成	JH41C_02419、JH41C_02418、JH41C_02394	K00812、K04517、K00817
6	ko00521	链霉素生物合成	JH41C_04371、JH41C_01664、JH41C_02680、JH41C_01059	K01835、K00010、K01092、K00845
7	ko00524	新霉素、卡那霉素和庆大霉素生物合成	JH41C_02680	K00845
8	ko01051	安莎霉素生物合成	JH41C_02032、JH41C_00527、JH41C_00526	K00615
9	ko00982	药物代谢-细胞色素 P450	JH41C_01915、JH41C_03971	K00274、K00121
10	ko00980	细胞色素 P450 对外源物质的代谢	JH41C_03971	K00121
11	ko03320	氧化物酶体增殖物激活受体信号通路	JH41C_00338、JH41C_01057、JH41C_01175、JH41C_03087	K01897、K00864
12	ko02010	ABC 转运蛋白	JH41C_01184 等 118 个基因	K23059 等

2.5.5 次级代谢产物合成相关基因簇 用 antiSMASH 在线工具对地衣芽孢杆菌 JH41C 菌株的基因组进行次级代谢产物分析,共预测出 12 个次级代谢产物合成相关基因簇,详见表 2。在这些基因簇中,有 4 个与已知基因簇有较高相似度(相似度为93%~100%);3 个与已知基因簇的相似度为60%~86%;另外 1 个基因簇虽然能与已知基因簇匹配,但相似度只有 7%;剩余的 4 个基因簇则未能找到匹配的已知基因簇。具有抑菌活性的物质如丰原素(Fengycin)、地衣素(Lichenysin)、杆菌肽(Bacitracin)和儿茶酚型嗜铁素(Bacillibactin)是通过非核糖体途径(NRPS)合成的。此外,还存在丁酰苷菌素、普切明酸、Amyloliquecidin GF610 等抑菌活性物质相关基因簇。

3 讨 论

地衣芽孢杆菌作为一种广泛应用于畜牧、水产、生物医药和环境等领域的益生菌,具有合成多种生物活性物质(如多糖类、酶类、脂肽类生物表面活性剂等)的能力。本研究通过对地衣芽孢杆菌 JH41C 菌株的抑菌特性及全基因组的测序分析,揭示了该菌株在益生作用方面的潜在应用价值。

表 2 地衣芽孢杆菌 JH41C 菌株次级代谢产物合成相关基因簇

Table 2 Gene clusters related to secondary metabolite biosynthesis in *Bacillus licheniformis* strain JH41C

基因簇编号	类型	最相似的已知基因簇	相似度(%)	基因数量(个)
1	羊毛硫肽Ⅱ	Amyloliquecidin GF610	93	26
2	非核糖体多肽	地衣素	100	42
3	硫肽类抗生素	丁酰苷菌素	7	44
4	镍铁载体	Schizokinen	60	29
5	非核糖体多肽	丰原素	86	41
6	萜烯	-	-	17
7	第 3 类聚酮合酶	-	-	50
8	非核糖体多肽	杆菌肽	100	43
9	核糖体肽类似酶	-	-	14
10	环二肽合酶	普切明酸	66	21
11	非核糖体多肽	儿茶酚型嗜铁素	100	46
12	套索肽	-	-	20

-表示不存在已知的相似基因簇,相似性无从比较。Amyloliquecidin GF610、Schizokinen 暂无统一的中文名。

3.1 抑菌特性分析

地衣芽孢杆菌 JH41C 的体外抑菌试验结果表

明,其对产气荚膜梭菌、金黄色葡萄球菌具有明显的抑制作用。产气荚膜梭菌是引起动物肠道疾病的重要病原菌之一,地衣芽孢杆菌发酵上清液中的脂肽类活性成分对产气荚膜梭菌的生长具有很强的抑制作用[13],肉鸡饲养试验结果表明,在饲料中添加地衣芽孢杆菌可以改善由产气荚膜梭菌引起的肠炎[14],维持鸡的肠道健康。金黄色葡萄球菌是引起动物疾病的常见细菌,能够导致动物发生多种感染,给畜牧业带来严重危害[15]。JH41C 菌株对上述病原菌的抑制作用表明其具有潜在的益生功能,尤其表现在畜牧养殖中,能够通过抑制病原菌的生长来维持动物肠道的微生态平衡,减少疾病发生。

此外,本研究通过高效液相色谱法检测发现,JH41C 菌株能够产生杆菌肽,这是一种广谱抗菌肽,能够抑制多种革兰氏阳性菌的生长,其在兽医临床上具有一定的应用价值[16]。杆菌肽的产生进一步增强了 JH41C 菌株的抑菌能力,为其在饲料添加剂领域的应用提供了理论基础。

3.2 产酶性能分析

JH41C 菌株具有较强的产生淀粉酶、纤维素酶的能力,尤其表现在纤维素降解方面,表明该菌株能够有效分解饲料中的纤维素,提高饲料的消化利用率,对于反刍动物、水产养殖中的饲料利用具有重要意义,能够通过提高饲料利用效率促进动物生长。

降解纤维素的微生物及纤维素酶一直是研究的热点,并且研究者已经在具有纤维素降解功能菌株的筛选及功能发掘等方面取得了一定进展。已有研究者从多种材料中分离出具有分解纤维素能力的地衣芽孢杆菌,并对其性能及发酵产酶工艺进行了研究[17-19]。此外,随着全基因测序技术的发展和应用,纤维素酶降解基因的发掘及菌株功能的研究也在深入开展[8, 20-21]。在饲料中添加纤维素酶可以提高羔羊断奶前后的饲料消化率,改善羔羊断奶前瘤胃的发酵效果,促进生长性能的提升[22]。添加外源性纤维素酶则能明显促进犊牛生长[23],并能提高泌乳中期奶牛的饲料利用率和产奶量[24]。上述结果表明,纤维素酶在动物生产应用领域拥有广泛的空间。

3.3 全基因组分析

本研究通过对 JH41C 菌株进行全基因组测序发现,其基因组大小为4 450 351 bp,G+C 含量为45.94%,共预测到4 387个编码基因。基因组功能注释结果显示,JH41C 菌株具有丰富的代谢途径,与碳水化合物转运和代谢、氨基酸转运和代谢相关的基因数量较多,这与其在淀粉、纤维素降解方面的能力相符。此外,通过 KEGG 通路注释,发现 JH41C 菌株众多基因富集在与抗生素生物合成相关的通路中,如单内酰胺、青霉素、头孢菌素、碳青霉烯等抗生素的生物合成通路。这些基因的存在进一步证实了 JH41C 菌株在抗菌物质合成方面的潜力。

3.4 次级代谢产物合成相关基因簇分析

通过 antiSMASH 软件对 JH41C 菌株的次级代谢产物合成基因簇进行分析,我们预测到 12 个次级代谢产物合成相关基因簇,其中 4 个基因簇(地衣素、丰原素、杆菌肽和儿茶酚型嗜铁素)通过非核糖体途径合成。这些物质具有广谱抗菌活性,能够有效抑制多种病原菌的生长,尤其是在动物肠道中发挥了重要作用。

4 结 论

综上所述,地衣芽孢杆菌 JH41C 菌株对产气荚膜梭菌、金黄色葡萄球菌具有明显的抑制作用,且具有合成杆菌肽的能力。由全基因组测序和功能注释结果可以看出,JH41C 菌株具有丰富的代谢途径和次级代谢产物合成相关基因簇。

未来的研究可以进一步优化 JH41C 菌株的产酶能力,以增强其在饲料添加剂中的应用效果。此外,可以通过基因工程手段进一步挖掘和优化 JH41C 菌株的次级代谢产物合成途径,开发出更具应用价值的益生菌制剂,为畜牧养殖业的健康发展提供新的解决方案。

参考文献:

[1] 任文义,程雨辰,何金童,等. 地衣芽孢杆菌的生物学功能及其作为青贮饲料添加剂的应用潜力[J]. 动物营养学报,2023,35(10):6269-6276.

[2] 丁红霞,潘朝阳,孟凡丛,等. 地衣芽孢杆菌 HDTN 对 817 肉鸡生长性能及肠道菌群的影响[J]. 微生物学报,2024,64(7):2479-2492.

[3] LIN E R, CHENG Y H, HSIAO F S, et al. Optimization of solid-state fermentation conditions of *Bacillus licheniformis* and its effects on *Clostridium perfringens*-induced necrotic enteritis in broilers[J]. Revista Brasileira de Zootecnia,2019,48:e20170298.

[4] 纪 霜,李 慷,靳锡辰,等. 地衣芽孢杆菌对草鱼生长性能、肌肉品质及土腥味防控的影响[J]. 南方农业学报,2025,56(1):334-342.

[5] RAMIREZ-OLEA H, REYES-BALLESTEROS B, CHAVEZ-SANTOSCOY R A. Potential application of the probiotic *Bacillus licheniformis* as an adjuvant in the treatment of diseases in humans and animals: a systematic review[J]. Frontiers in Microbiology, 2022, 13: 993451.
[6] HE H H, ZHANG Y P, SHI G Y, et al. Recent biotechnological advances and future prospective of *Bacillus licheniformis* as microbial cell factories[J]. Systems Microbiology and Biomanufacturing, 2023, 3(4): 521-532.
[7] 李铭晗,赵 权. 鸡源地衣芽孢杆菌的分离鉴定及全基因组分析[J]. 吉林农业大学学报,2022,44(5):613-623.
[8] 周 魏,余金凤,TAKRIFF M S,等. 一株产低温蛋白酶地衣芽胞杆菌 NWMCC0046 全基因组测序及分析[J]. 微生物学杂志,2023,43(6):42-53.
[9] DINDHORIA K, KUMAR S, BALIYAN N, et al. *Bacillus licheniformis* MCC 2514 genome sequencing and functional annotation for providing genetic evidence for probiotic gut adhesion properties and its applicability as a bio-preservative agent[J]. Gene, 2022, 840: 146744.
[10] MUSSAKHMETOV A, KIRIBAYEVA A, DANIYAROV A, et al. Genome sequence and assembly of the amylolytic *Bacillus licheniformis* T5 strain isolated from Kazakhstan soil[J]. BMC Genomic Data, 2024, 25(1): 3.
[11] RAPHEL S, HALAMI P M. Genome mining of *Bacillus licheniformis* MCC2514 for the identification of lasso peptide biosynthetic gene cluster and its characterization[J]. Archives of Microbiology, 2024, 206(4): 143.
[12] 胡修忠,凌明湖,王定发,等. 牛 *SPAG11D* 基因的原核表达及其抑菌活性研究[J]. 湖北农业科学,2015,54(5):1135-1138.
[13] HORNG Y B, YU Y H, DYBUS A, et al. Antibacterial activity of *Bacillus* species-derived surfactin on *Brachyspira hyodysenteriae* and *Clostridium perfringens*[J]. AMB Express, 2019, 9(1): 188.
[14] VAN DER VEKEN W, HAUTEKIET V, KIMMINAU E A, et al. Efficacy of probiotic *Bacillus licheniformis* DSM 28710 on performance and the mitigation of *Clostridium perfringens*-induced necrotic enteritis in broiler chickens[J]. Journal of Applied Animal Nutrition, 2021, 9(1): 1-8.
[15] SONG M D, TANG Q, DING Y K, et al. *Staphylococcus aureus* and biofilms: transmission, threats, and promising strategies in animal husbandry[J]. Journal of Animal Science and Biotechnology, 2024, 15(1): 44.
[16] 王育丹,霍美霞,刘海燕,等. 杆菌肽在兽医临床的研究进展[J]. 中国兽医杂志,2024,60(2):83-88.
[17] 姜立春,付丹阳,赵欣悦,等. 麦洼牦牛粪便纤维素降解菌的筛选、鉴定及产酶条件优化[J]. 江苏农业科学,2024,52(7):223-230.
[18] 王文凡,刘银秀,谢晓杰,等. 牛粪堆肥中纤维素高效降解菌的筛选与产酶条件优化[J]. 微生物学通报,2023,50(11):4796-4811.
[19] 张 慧,赵 恪,林陈强,等. 纤维素降解菌的分离筛选及产酶条件优化[J]. 福建农业学报,2023,38(9):1117-1123.
[20] 张 智,王蒙爱,冯丽荣,等. 纤维素酶产生菌的筛选及功能菌 NF-101 的全基因分析与产酶工艺优化[J]. 现代食品科技,2024,40(11):107-118.
[21] ELSABABTY Z E, ABDEL-AZIZ S H, IBRAHIM A M, et al. Purification, biochemical characterization, and molecular cloning of cellulase from *Bacillus licheniformis* strain Z9 isolated from soil[J]. Journal, Genetic Engineering & Biotechnology, 2022, 20(1): 34.
[22] 尹鹏飞,王继卿,郝志云,等. 开食料中添加纤维素酶对羔羊生长性能、瘤胃发酵和血清生化指标的影响[J]. 动物营养学报,2024,36(5):3170-3182.
[23] KHADEMI A R, HASHEMZADEH F, KHORVASH M, et al. Use of exogenous fibrolytic enzymes and probiotic in finely ground starters to improve calf performance[J]. Scientific Reports, 2022, 12(1): 11942.
[24] SO S, WANAPAT M, CHERDTHONG A. Effect of sugarcane bagasse as industrial by-products treated with *Lactobacillus casei* TH14, cellulase and molasses on feed utilization, ruminal ecology and milk production of mid-lactating Holstein Friesian cows[J]. Journal of the Science of Food and Agriculture, 2021, 101(11): 4481-4489.

(责任编辑:徐 艳)