

赵佳福, 刘彬, 陆情梅, 等. 单、多羔贵州黑山羊脏器系数与瘤胃微生物组成的比较分析 [J]. 畜牧与兽医, 2025, 57 (11): 30-36.

ZHAO J F, LIU B, LU Q M, et al. Comparative analysis of organ coefficients and rumen microbial composition of Guizhou black goats with different fertilities [J]. Animal Husbandry & Veterinary Medicine, 2025, 57 (11): 30-36.

单、多羔贵州黑山羊脏器系数与瘤胃微生物组成的比较分析

赵佳福, 刘彬, 陆情梅, 张习录, 陈怡, 潘智仁, 肖洋

(贵州大学高原山地动物遗传育种与繁殖教育部重点实验室/贵州大学动物科学学院, 贵州 贵阳 550025)

摘要: 旨在探究贵州黑山羊不同繁殖力水平下脏器系数、瘤胃发酵参数及微生物区系的差异。选择生产系谱记录清晰、体况良好、无生殖疾病、体重 (32.50 ± 1.57) kg 的贵州黑山羊母羊 12 只, 分为 2 组, 其中连续 2 胎及以上产双羔的母羊为多羔组 (SG 组), 连续 2 胎及以上产单羔的母羊为单羔组 (DG 组), 每组各 6 只; 对 2 组母羊进行同期发情处理, 然后在第 2 个自然发情期 12 h 内进行屠宰测定, 称量各脏器及组织重量, 并计算脏器系数; 同时, 采集瘤胃内容物进行 16S rRNA 测序, 分析不同繁殖力水平母羊瘤胃微生物的差异。结果: SG 组瘤胃重量显著高于 DG 组 ($P < 0.05$), 且瘤胃脏器系数与小肠脏器系数也显著高于 DG 组 ($P < 0.05$), 但其余各脏器重量和脏器系数在组间并无显著性差异 ($P > 0.05$); 瘤胃发酵参数差异分析发现, DG 组乙酸和异戊酸含量显著高于 SG 组 ($P < 0.05$), 其余指标无显著差异 ($P > 0.05$); 瘤胃微生物菌群的多样性与组成分析发现, 贵州黑山羊 SG 组和 DG 组之间均存在差异, 其中在门水平上 SG 组放线杆菌门 (Actinobacteriota) 相对丰度极显著低于 DG 组 ($P < 0.01$)。结论: 瘤胃脏器系数、小肠脏器系数、瘤胃中乙酸含量、异戊酸含量及 Actinobacteriota 相对丰度等几个参数在贵州黑山羊不同繁殖力水平的母羊间存在显著差异, 相关结果为寻找调控贵州黑山羊繁殖性能的影响因素提供理论基础与新思路。

关键词: 贵州黑山羊; 单、多羔; 脏器系数; 瘤胃微生物; 差异分析

中图分类号: S814 文献标志码: A 文章编号: 0529-5130(2025)11-0030-07

Comparative analysis of organ coefficients and rumen microbial composition of Guizhou black goats with different fertilities

ZHAO Jiafu, LIU Bin, LU Qingmei, ZHANG Xilu, CHEN Yi, PAN Zhiren, XIAO Yang

(Key Laboratory of Genetic Breeding and Reproduction of Plateau Mountain Animals of Ministry of Education/
College of Animal Science, Guizhou University, Guiyang 550025, China)

Abstract: The aim of this study was to determine whether there were differences in organ coefficients, rumen fermentation parameters and microbiota in Guizhou black goats at different fertility levels. Twelve ewes of Guizhou black goats with clear production genealogy records, good body condition, no reproductive diseases, and uniform body weight (32.5 ± 1.57) kg were selected and divided into 2 groups. Among them, the ewes that had produced twin lambs for consecutive 2 or more parities were designated as the multiple-lamb group (SG group), and those that had produced single lambs for consecutive 2 or more parities were designated as the single-lamb group (DG group), with 6 ewes in each group. The ewes were subjected to simultaneous estrous treatment and were then sacrificed within 12 hours of the second natural estrous period. Then, the organs and tissues were weighed, and the organ coefficients were calculated. Next, samples of the rumen contents were collected for 16S rRNA sequencing to analyze the differences in rumen microorganisms of the ewes at varying levels of fertility. The results showed that, compared with the DG group, the rumen weight of the SG group was significantly higher ($P < 0.05$), and the coefficients of their rumen organs and small intestine organs were also significantly higher ($P < 0.05$), but the other organs and their coefficients of organs were not significantly different between single and multiple lambs groups ($P > 0.05$). The analysis of the differences in rumen fermentation parameters showed that the content of acetic acid and isovaleric acid in the DG group was significantly higher than that in the SG group ($P < 0.05$), with no significant effect observed on the other indicators ($P > 0.05$). The analysis of the diversity and composition of rumen microflora revealed that there were differences between the SG and DG groups in Guizhou black goats, where the relative abundance of the

收稿日期: 2024-09-15; 修回日期: 2025-09-01

基金项目: 贵州省科技计划项目 (黔科合支撑 [2022] 一般 089); 贵州省“生物育种先导性研究”项目 (黔科合支撑 [2022] 重点 033); 贵州省科技创新团队项目 (黔科合平台人才-CXTD [2023] 025)

第一作者: 赵佳福, 男, 博士, 高级实验师, 主要从事动物繁殖生理调控研究, E-mail: jfzhao@gzu.edu.cn.

Actinobacteriota in the SG group was significantly lower than that in the DG group at the phylum level ($P < 0.01$). The rumen viscera coefficient, intestinal viscera coefficient, acetic acid content, isovaleric acid content and the relative abundance of Actinobacteriota in the rumen showed significant differences among ewes at different fertility levels of the Guizhou black goats. The above results provided a theoretical basis and new ideas for finding the influencing factors to regulate the reproductive performance of Guizhou black goats.

Keywords: Guizhou black goat; monotocous and polytocous; organ coefficient; rumen microorganisms; analysis of variance

贵州黑山羊是贵州本地特有的山羊种质资源，主要分布在贵州省毕节市威宁彝族回族苗族自治县、赫章县、六盘水市水城区和盘州市等地，具有合群性好、采食性广、抗逆性强和肉质鲜美等特点，深受广大养殖户和消费者的喜爱^[1]。然而，贵州黑山羊繁殖率低、死亡率高、生长速度慢、出栏率低等一直是困扰贵州黑山羊产业发展的瓶颈问题，使其很难形成大规模的产业体系，目前主要以放牧和散养方式为主。最新的调查结果显示贵州黑山羊群体数量已经从2008年的158.86万只，锐减到2021年的62.15万只^[2]。因此，选育出生长速度快、繁殖力高、舍饲性能好的贵州黑山羊新品系，对贵州黑山羊产业的高质量发展至关重要。

脏器系数是用来了解动物功能状态和生长发育的主要依据，也是动物生命科学研究中的重要基础数据^[3]。首先，脏器对动物生长和繁殖性能有着至关重要的影响，如肝脏不仅会参与蛋白质、脂肪和碳水化合物的代谢，为动物生长提供能量和构建身体组织的物质基础，还会影响动物的生长发育，而且肝脏还可能通过影响激素代谢来影响动物的繁殖性能^[4]。肾脏对于动物的生长同样至关重要，因为它能确保体内环境的稳定，使其他器官能够正常发挥功能。如果肾脏功能受损，代谢废物在体内积累，会影响动物的食欲和生长速度^[5]。在繁殖性能方面，肾脏可以通过调节体内的电解质平衡来影响生殖器官的功能^[6]。因此，不同的脏器器官可以通过不同的作用机制影响动物的生长和繁殖性能，了解这些机制对于提高动物的生产性能和繁殖效率具有重要意义。其次，脏器重量及系数常被用来作为药物及饲料添加剂后续效果的观测指标，如殷帼英等^[7]通过在小鼠子宫内种的暴露来观察砷对子代小鼠脏器的重量和脏器系数影响；祝艳华等^[8]通过在山羊日粮中添加中药-益生菌复合制剂，来观察其对羔羊生长性能和脏器系数的影响。在鼠上，对繁殖性状与脏器系数间的研究发现，妊娠期北社鼠的肝、心、肺和肾的重量大于未妊娠鼠^[9]，雌性黑线仓鼠哺乳期摄食量显著增加，消化道重量及肝重也显著高于断乳后^[10]。然而在其他大动物上，关于繁殖性状与脏器系数的报道相对较少。因此，本文通过对比不同繁殖力水平下母羊脏器系数的差异来判断其是否可以作为贵州黑山羊繁殖性状高低选择的

一个标准。

瘤胃是反刍动物特有的消化器官，其中栖息着种类繁杂的微生物，与反刍动物的生长发育、生理状态和能量代谢息息相关，在各种生理过程中发挥着重要作用。有研究发现，在不同繁殖阶段反刍动物的瘤胃微生物菌群结构不同，在妊娠期和哺乳期，奶牛瘤胃微生物菌群结构存在显著差异^[11]。陈志刚等^[12]的研究也发现不同生产力山羊的瘤胃微生物菌群结构存在差异。王智博等^[13]发现不同产羔数和发情期湖羊的胃肠道菌群结构同样存在差异。种种迹象表明，繁殖力的差异与瘤胃微生物的组成和结构可能存在一定的联系。

综上，为了探究脏器系数、瘤胃微生物菌群结构在贵州黑山羊不同繁殖力群体间的差异，本文以贵州黑山羊作为研究对象，通过同期发情、屠宰测定及16S rRNA测序的方法，分析贵州黑山羊单、多羔母羊脏器系数及瘤胃微生物之间的差异，对进一步解析瘤胃微生物和脏器系数与贵州黑山羊产羔性能间的关系提供基础数据。

1 材料与方法

1.1 试验动物

该研究在贵州省畜牧兽医研究所麦坪黑山羊养殖基地进行。选择生产系谱记录清晰、体况良好、无生殖疾病、体重 (32.50 ± 1.57) kg的贵州黑山羊母羊12只。试验分为2组，其中连续2胎及以上产双羔记录的母羊为多羔组(SG组)，连续2胎及以上产单羔记录的母羊为单羔组(DG组)，每组各6只。本研究中贵州黑山羊的屠宰测定遵循动物福利伦理学的原则，并得到贵州大学实验动物伦理委员会的批准(编号：EAE GZU-2023-T077，贵阳，2023年3月12日)。

1.2 同期发情

放栓第0天向12只母羊阴道放置孕酮栓(四通畜牧科技有限公司，郑州)，放栓第11天9:00向每只母羊颈部注射1 mL PG(宁波第二激素厂，浙江)，第12天下午5:00撤栓。通过公羊试情法，每天3次监测母羊的发情状况。本次试验所有母羊均发情，但不配种，等待下一轮发情期到来后进行屠宰测定。

1.3 样品采集

在母羊第2次自然发情12 h内按照DB22/T

2740—2017《羊屠宰操作规程》进行放血并屠宰，采集心脏、肝脏、脾脏、肺脏、肾脏、大肠、小肠、瘤胃、网胃、瓣胃、皱胃等脏器，并对上述脏器及四肢、皮、头部、胴体进行称重，计算脏器系数，脏器系数=器官重/体重。瘤胃样品分别采集每头母羊瘤胃液与食糜各 50 mL，迅速置于 50 mL 离心管中放于液氮中冷冻保存。

1.4 瘤胃液发酵参数的测定

瘤胃液 pH 值采用便携式电子 pH 计测量；挥发性脂肪酸（VFA）使用液相质谱联用仪（AB SCIEX, QTRAP 6500+）测定乙酸、丙酸、丁酸、戊酸、异丁酸和异戊酸含量。

1.5 瘤胃微生物的测定

运用试剂盒提取所采集样本的基因组 DNA，利用 1% 琼脂糖凝胶电泳和微量紫外分光光度计（Thermo Nandrop 2000）检测 DNA 的纯度和浓度，取适量的样品置于离心管中，用无菌水稀释样品至 1 ng/μL。将稀释后的基因组 DNA 作为模板，使用细菌通用引物对瘤胃液 DNA 序列可变区的 V3+V4 区进行 PCR 扩增。根据 PCR 得到的产物进行等量混样，

混匀后使用 1×TAE 2% 浓度的琼脂糖凝胶电泳纯化 PCR 产物，对目的条带使用 Universal DNA 纯化回收试剂盒 [天根生化科技（北京）有限公司] 进行回收。然后用纯化后的扩增片段构建 Miseq PE 2×300 的文库，采用 Illumina MiSeq 平台由上海美吉生物医药科技有限公司进行测序。

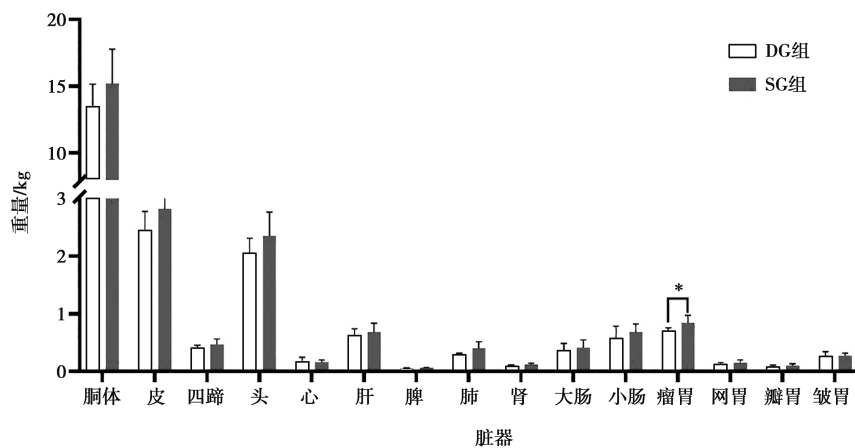
1.6 数据统计与分析

数据处理采用 Excel 2019 和 SPSS 26.0 软件进行分析。2 组间采用独立样本 *t* 检验进行统计学分析，其中 $P < 0.05$ 表示差异显著， $P < 0.01$ 表示差异极显著。数据图表采用 Prism 9.5 中文版制作。微生物丰度部分数据分析采用 Wilcoxon 秩和检验方法进行差异分析。试验结果采用“平均值±标准差”表示。

2 结果与分析

2.1 单、多羔贵州黑山羊不同脏器重量的比较

通过对贵州黑山羊 DG 组和 SG 组不同脏器重量进行比较发现，SG 组瘤胃重显著高于 DG 组 ($P < 0.05$)，其余 14 个指标均无显著性差异 ($P > 0.05$) (图 1)。



* 表示差异显著 ($P < 0.05$)。

图 1 单、多羔贵州黑山羊不同部位脏器重量比较

2.2 单、多羔贵州黑山羊脏器系数差异分析

通过对贵州黑山羊 DG 组、SG 组不同器官脏器系数的对比发现，SG 组瘤胃脏器系数与小肠脏器系数明显高于 DG 组 ($P < 0.05$)，其余指标无明显差异 ($P > 0.05$) (表 1)。

2.3 单、多羔贵州黑山羊瘤胃发酵参数差异分析

通过对单、多羔贵州黑山羊瘤胃发酵参数进行对比 (表 2)，结果发现 DG 组乙酸和异戊酸含量显著高于 SG 组 ($P < 0.05$)，乙酸/丙酸的比例也极显著高于 SG 组 ($P < 0.01$)，其余指标无显著差异 ($P >$

0.05)。

2.4 单、多羔贵州黑山羊瘤胃菌群多样性分析

2.4.1 Venn 图分析

对 12 个样本序列进行操作分类单元 (OTU) 聚类分析。结果发现，12 个样本共得到 2 333 个 OTU，其中 DG 组有 1 930 个，SG 组有 1 974 个，2 组共同的 OTU 个数有 1 571 个，DG 组特有 359 个，SG 组特有 403 个。2 组特有 OTU 数分别占总 OTU 数的 15.4% 和 17.3%，说明 2 组 OTU 数差异较大 (图 2)。

表1 单、多羔贵州黑山羊不同器官的脏器系数比较

脏器系数	DG组	SG组
心脏	0.59±0.14	0.48±0.04
肝脏	2.09±0.27	1.96±0.24
脾脏	0.17±0.01	0.17±0.04
肺脏	1.00±0.13	1.15±0.24
肾脏	0.34±0.03	0.34±0.03
瘤胃	2.08±0.20	2.54±0.31*
网胃	0.44±0.05	0.44±0.13
瓣胃	0.28±0.06	0.29±0.07
皱胃	0.90±0.31	0.80±0.11
大肠	1.23±0.44	1.20±0.22
小肠	1.71±0.51	2.17±0.25*

注：组间比较，*表示差异显著 ($P<0.05$)。下同。

表2 单、多羔贵州黑山羊瘤胃发酵参数比较

参数	DG组	SG组
pH值	6.48±0.25	6.29±0.23
乙酸/%	42.89±5.32	39.16±3.91**
丙酸/%	19.70±0.77	21.77±0.83
丁酸/%	19.24±1.96	21.26±2.43
戊酸/%	5.28±1.02	5.57±2.12
己酸/%	1.46±0.92	1.64±0.82
异丁酸/%	5.23±0.56	4.52±0.33
异戊酸/%	5.30±0.91	4.85±0.40*
乙酸/丙酸	2.18±0.03	1.79±0.02**

注：组间比较，**表示差异极显著 ($P<0.01$)。下同。

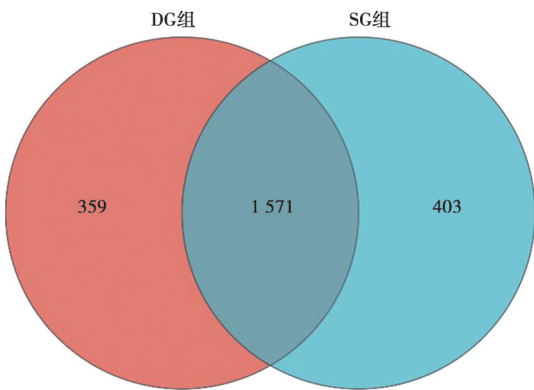


图2 单、多羔贵州黑山羊瘤胃微生物 OTU 数的 Venn 图分析

2.4.2 Alpha 多样性分析

由表3可知，SG组与DG组各样品文库的覆盖率 (Coverage) 均接近于1，说明测序深度足够，未

被检测到的物种 (或低丰度物种) 对群落整体结构的影响极小，数据可靠性高。DG组物种丰富度估计值 (Ace 指数)、Chao1 算法丰富度估计值 (Chao 指数)、香农-威纳多样性指数 (Shannon 指数) 高于 SG 组，SG 组辛普森多样性指数 (Simpson 指数)、观察物种数量 (Sobs 指数) 高于 DG 组，但总体分析均无显著差异 ($P>0.05$)。这表明单羔和多羔黑山羊群体之间菌群多样性差异不显著。

表3 单、多羔贵州黑山羊瘤胃微生物 Alpha 指数比较

指数	DG组	SG组
Ace	1 207.10±66.73	1 191.99±84.51
Chao	1 186.53±57.49	1 171.78±81.14
Coverage	0.99±0.01	0.99±0.01
Shannon	5.12±0.18	5.05±1.91
Simpson	0.16±0.01	0.18±0.01
Sobs	1 047.40±69.09	1 048.80±69.96

2.4.3 Beta 多样性分析

由图3可知，主坐标1 (PC1) 的贡献率为13.17%，主坐标2 (PC2) 的贡献率为11.55%，2组间相对聚拢，表明不同繁殖力的贵州黑山羊母羊瘤胃细菌群落结构不存在明显差异。

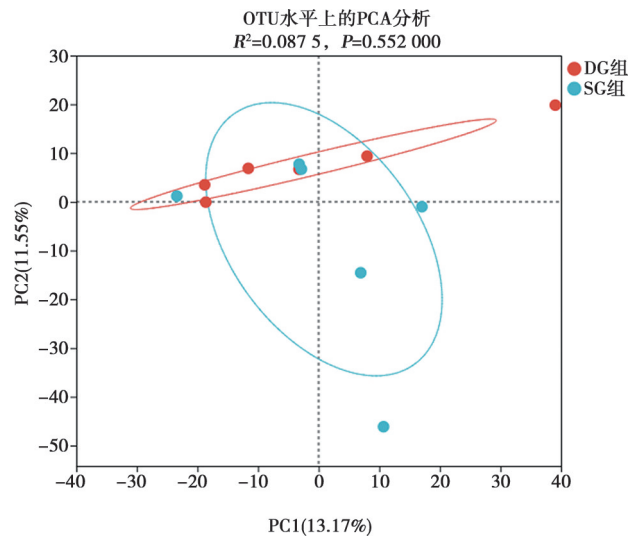


图3 单、多羔贵州黑山羊瘤胃菌落结构主成分分析

2.5 单、多羔瘤胃微生物组成分析

2.5.1 单、多羔瘤胃微生物门水平差异分析

从门水平上分析各组的菌群组成结构，结合图4和表4可知，2组羊前5种优势菌门分别为厚壁菌门 (Firmicutes)、拟杆菌门 (Bacteroidota)、放线杆菌门 (Actinobacteriota)、髌骨细菌门 (Patescibacteria) 和协同菌门 (Synergistota)，其中厚壁菌门和拟杆菌门

为最主要的 2 个菌门，相对丰度占比高达 90% 以上。SG 组厚壁菌门和拟杆菌门相对丰度均高于 DG 组，

但差异不显著 ($P>0.05$)，SG 组放线杆菌门相对丰度极显著低于 DG 组 ($P<0.01$)。

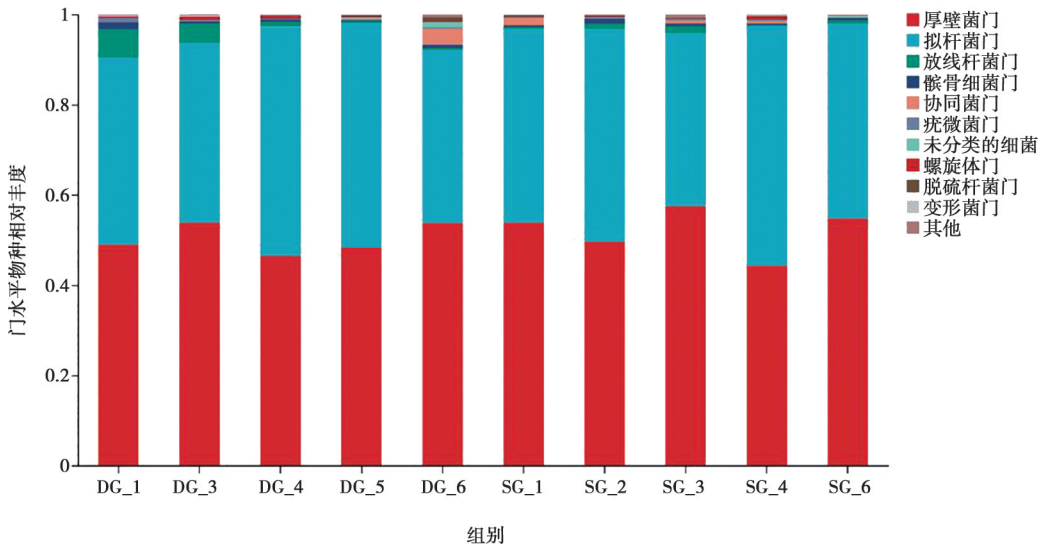


图 4 单、多羔贵州黑山羊瘤胃菌群门水平相对丰度

表 4 单、多羔贵州黑山羊瘤胃微生物门水平 (前 5) 相对丰度比较

类别	DG 组	SG 组
厚壁菌门	50.27±4.25	51.96±5.41
拟杆菌门	44.03±3.68	45.02±4.25
放线杆菌门	2.49±3.6	0.74±0.34**
骸骨细菌门	1.23±0.36	1.18±0.41
协同菌门	0.71±1.11	0.68±0.59

普雷沃氏菌属 (*Prevotella*)、奎恩氏菌属 (*Quinella*)、未命名菌属 (*norank_f_F082*) 和理研菌科 RC9 肠道群 (*Rikenellaceae_RC9_gut_group*) 为贵州黑山羊母羊瘤胃前 5 种优势菌属。由表 5 可知，前 5 的菌属组间均未出现显著差异 ($P>0.05$)，但 SG 组的未命名菌属 (*norank_f_UCG-011*)、罗斯伯氏菌属 (*Roseburia*)、假丁酸弧菌属 (*Pseudobutyrvibrio*) 和乳头杆菌属 (*Papillibacter*) 显著高于 DG 组 ($P<0.05$)。

2.5.2 单、多羔瘤胃微生物属水平差异分析

从图 5 可知，属水平上，拟杆菌属 (*Bacteroides*)、

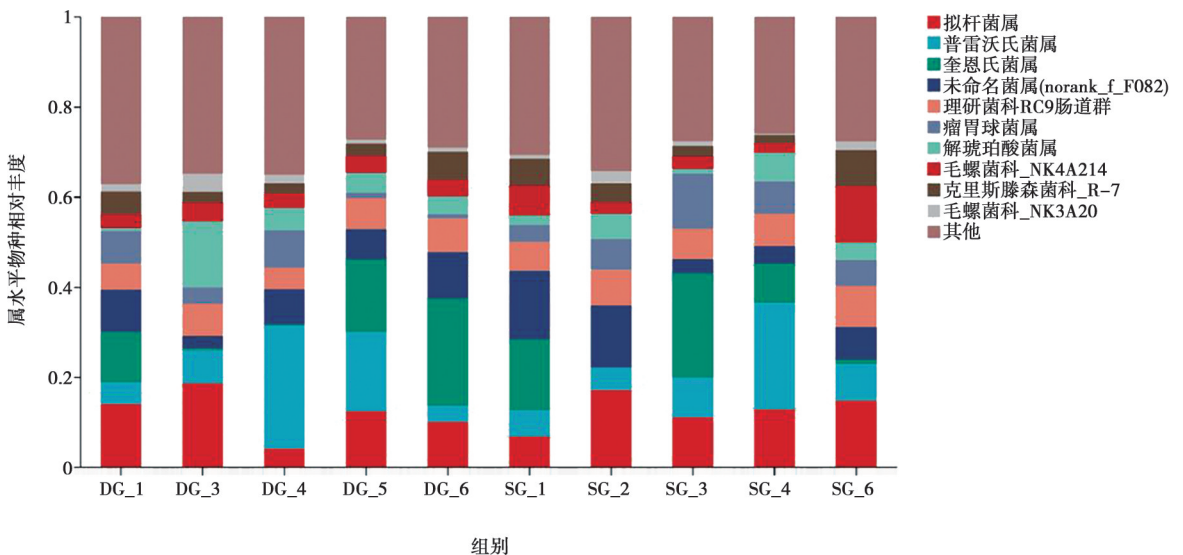


图 5 单、多羔贵州黑山羊瘤胃菌群属水平相对丰度

表 5 单、多羔贵州黑山羊瘤胃微生物属水平相对丰度比较

类别	DG 组	SG 组
拟杆菌属	11.88±2.74	12.54±1.83
普雷沃氏菌属	12.06±1.06	10.13±2.11
奎恩氏菌属	10.39±1.87	9.7±1.29
未命名菌属(norank_f_F082)	8.42±0.85	9.52±1.43
理研菌科 RC9 肠道群	6.34±0.85	6.87±0.57
未命名菌属(norank_f_UCG-011)	0.92±0.51	1.54±0.49*
罗斯伯氏菌属	0.08±0.03	0.26±0.21**
假丁酸弧菌属	0.02±0.02	0.27±0.39*
乳头杆菌属	0.01±0.01	0.05±0.02**

3 讨论

内脏器官是动物体内的重要组成部分,各器官的良好发育能够促进动物生长。器官指数可以评估动物各器官的生长状况、新陈代谢和功能,从而反映动物器官的发育程度以及动物生理状况。例如,心脏指数增加,提示机体的血液循环功能增强,有利于营养物质的吸收与利用^[14];脾脏指数升高,表明机体免疫功能增强,有利于机体维持健康^[15];消化道指数增加,表示机体的消化代谢能力增强等^[16]。虽然不同的器官功能各不相同,但是各器官之间又紧密联系,协同作用于机体。在本研究中,发现 SG 组瘤胃与小肠指数均高于 DG 组,这表明在各器官中,影响繁殖力水平的主要以消化器官为主。产多羔母羊与产单羔母羊相比,首先为了维持多个胎儿的生长需要,多羔母羊对能量需求更甚;其次由于胎儿生长机械性挤压瘤胃空间,会导致母羊瘤胃空间变小,进而导致采食量下降。因此,我们推断 SG 组的瘤胃与小肠系数均高于 DG 组,是因为要克服采食量降低但能量需求却更多的逆差,需提升相关消化器官机能,以维持机体稳态。

瘤胃 pH 值可综合反映瘤胃微生物代谢和有机酸产生、吸收、排出及中和等状况。本研究中单、多羔贵州黑山羊母羊瘤胃 pH 值无显著变化,均处于正常生理范围(6.29~6.48)。研究发现,当反刍动物瘤胃 pH 值在 6.2~6.8 时发酵纤维物质的微生物活性最高^[17]。这一结果与当时试验母羊主食为青干草相符合。VFA 是瘤胃内碳水化合物发酵的主要产物,是反刍动物主要的能量来源,乙酸、丙酸和丁酸约占到 95%,其余以短链脂肪酸和支链脂肪酸为主,其浓度对动物的肠道健康也会产生影响。研究发现,乙酸是乳脂合成的主要前体,在动物生产中丙酸比例越高或乙酸/丙酸越低,表明可以给机体提供更多的能量^[18]。在本研究中发现 DG 组乙酸和异戊酸含量显

著高于 SG 组,SG 组乙酸/丙酸的比值显著降低,说明产多羔母羊妊娠时相比产单羔母羊需要更多的能量来支持机体,这与前文中 SG 瘤胃与小肠脏器系数高于 DG 组相佐证。

反刍动物生殖与胃肠道微生物密切相关,各菌群之间相互依存又相互制约,维持瘤胃内环境的稳态^[19]。大量关于胃肠道微生物的研究发现,它们不仅可以调控宿主营养吸收、能量供应和疾病的发生与发展,还影响着动物的情绪、行为、生理状态等,而且一些微生物菌属还被报道与动物生殖生理密切相关,可能会影响到动物的繁殖性能。Raza 等^[20]在最新的研究中发现,帕拉普氏菌属(*Paraprevotella*)的相对丰度与产仔数呈正相关,而霍华德氏菌属(*Howardella*)的相对丰度往往与窝产仔数呈负相关。这在猪上也有相似的结果,他们发现瘤胃球菌科(*Ruminococcaceae*_UCG-010)在不同窝产仔数和妊娠阶段的母猪之间的丰度存在显著差异^[21]。这些结果都表明不同繁殖力母畜的瘤胃微生物均存在差异。本研究发现 SG 组与 DG 组瘤胃优势菌门均为厚壁菌门和拟杆菌门,但 SG 组相对丰度较高,二者在瘤胃发酵过程中起到至关重要的作用,也是反刍动物中最主要的优势菌群。厚壁菌门和拟杆菌门的组成和比例能影响反刍动物对能量和脂肪的吸收。本研究还发现 SG 组放线杆菌门相对丰度显著低于 DG 组,而未命名菌属(norank_f_UCG-011)、罗斯伯氏菌属、假丁酸弧菌属和乳头杆菌属显著高于 DG 组。在以往的报道中发现,放线杆菌门的增加可能会损害瘤胃健康,未命名菌属(norank_f_UCG-011)和假丁酸弧菌属有助于维持肠道黏膜的完整性和正常功能,还具有抗炎和调节免疫作用^[22];罗斯伯氏菌属对肠道蠕动有一定的调节作用,可以改善肠道的消化功能,提高食物的消化率^[23];乳头杆菌属则具有抗炎和改善肥胖的效果,间接影响肠道健康^[24]。这些有益菌与瘤胃内的其他微生物存在着复杂的相互作用,共同促进瘤胃健康。以上结果说明 SG 组母羊瘤胃相比于 DG 组母羊可能会促进一些有益菌的生成,减少有害菌的含量。

4 结论

本试验通过对单、多羔母羊脏器系数、瘤胃发酵参数以及瘤胃菌群结构的测定与分析,发现瘤胃脏器系数、小肠脏器系数、瘤胃中乙酸含量、异戊酸含量及放线杆菌门(*Actinobacteriota*)相对丰度 5 个参数,在贵州黑山羊不同繁殖力水平的母羊间存在显著差异,表明贵州黑山羊繁殖性能与脏器系数及瘤胃微生物变化可能存在一定的相关性,但具体的调控机制还

有待进一步研究。

参考文献:

- [1] 李丽娟, 周大荣, 彭华, 等. 贵州黑山羊生长曲线的拟合与分析 [J]. 贵州工程应用技术学院学报, 2019, 37 (3): 84-89.
- [2] 宋章会. 贵州地方山羊品种 (类群) 资源调查及保护与利用对策探讨 [D]. 贵阳: 贵州大学, 2008.
- [3] 郑继奎, 宋世钧, 杨永良. 长爪沙鼠早期驯育及主要脏器测定 [J]. 黑龙江畜牧兽医, 2000 (2): 30.
- [4] 郑智勇. 皖西白鹅肝脏和肌肉生长调节机制及与朗德鹅的比较研究 [D]. 合肥: 安徽农业大学, 2008.
- [5] 黎洁. 肾脏健康, 别忘了早防早干预 [J]. 健康生活, 2020 (7): 34-35.
- [6] MARIC-BILKAN C, POLLOCK J S. Data diuresis: research “to go” from the Water and Electrolyte Homeostasis Section [J]. Am J Physiol Regul Integr Comp Physiol, 2013, 305 (2): R87-R88.
- [7] 殷帼英, 刘娟, 曹德庆, 等. 宫内神暴露对小鼠脏器重量和脏器系数的跨代遗传影响 [J]. 环境与健康杂志, 2017, 34 (10): 861-864.
- [8] 祝艳华, 陈颖, 车清明, 等. 中药-益生菌复合制剂对羔羊生长性能及脏器系数的影响 [J]. 中国草食动物科学, 2018, 38 (5): 68-69.
- [9] 张美文, 王勇, 李波, 等. 洞庭湖区社鼠脏器重量的比较 [J]. 动物学杂志, 2006, 41 (1): 113-117.
- [10] 余静欣, 邓光敏, 鲍雨帆, 等. 黑线仓鼠断乳后能量代谢和脂肪累积的适应性调节 [J]. 兽类学报, 2020, 40 (6): 595-605.
- [11] BACH A, LÓPEZ-GARCÍA A, GONZÁLEZ-RECIO O, et al. Changes in the rumen and colon microbiota and effects of live yeast dietary supplementation during the transition from the dry period to lactation of dairy cows [J]. J Dairy Sci, 2019, 102 (7): 6180-6198.
- [12] 陈志刚, 邓颖, 李飞, 等. 湖羊及其杂种生产性能和瘤胃微生物差异研究 [J]. 中国饲料, 2022 (5): 37-42.
- [13] 王智博, 姚晓磊, 张红琳, 等. 不同产羔数和发情时期湖羊代谢产物及肠道菌群结构的差异分析研究 [J]. 南京农业大学学报, 2021, 44 (3): 548-553.
- [14] 石炳钊, 范佳俊, 古殿超, 等. 不同来源铁添加剂对断奶仔猪血清生化指标和器官指数的影响 [J]. 中国畜牧杂志, 2023, 59 (8): 339-344.
- [15] 李雄. 复合益生菌制剂对断奶仔猪生长性能、腹泻率及免疫功能的影响 [J]. 中国饲料, 2023 (6): 53-56.
- [16] ZHU Q, AZAD M A K, DONG H, et al. Sow-offspring diets supplemented with probiotics and synbiotics are associated with offspring's growth performance and meat quality [J]. Int J Mol Sci, 2023, 24 (8): 7668.
- [17] 曾钰, 游茵洁, 高彦华, 等. 发酵杂粕型饲料中添加小肽对肉牛瘤胃发酵参数及微生物区系的影响 [J]. 动物营养学报, 2024, 36 (8): 5094-5106.
- [18] 李旺. 瘤胃挥发性脂肪酸的作用及影响因素 [J]. 中国畜牧杂志, 2012, 48 (7): 63-66.
- [19] 徐俊杰, 王莹, 丁宁, 等. 日粮精粗比对舍饲育肥牦牛瘤胃菌群结构、挥发性脂肪酸及其转运载体表达量的影响 [J]. 南京农业大学学报, 2024, 47 (1): 133-141.
- [20] RAZA S H A, KHAN M, NI X, et al. Association of litter size with the ruminal microbiome structure and metabolomic profile in goats [J]. Sci Rep, 2024, 14 (1): 15476.
- [21] CHEN J, LI F, YANG W, et al. Comparison of gut microbiota and metabolic status of sows with different litter sizes during pregnancy [J]. Front Vet Sci, 2021, 8: 793174.
- [22] 刘纯铭, 黄慧, 李燕舞, 等. 桑叶水提物对大肠杆菌攻毒肉鸡生长性能、抗氧化能力和肠道健康的影响 [J]. 动物营养学报, 2023, 35 (8): 5069-5084.
- [23] KOPEČNÝ J, ZOREC M, MRÁZEK J, et al. *Butyrivibrio hungatei* sp. nov. and *Pseudobutyrvibrio xylanivorans* sp. nov., butyrate-producing bacteria from the rumen [J]. Int J Syst Evol Microbiol, 2003, 53 (1): 201-209.
- [24] PARK M, JAISWAL V, KIM K, et al. Mulberry leaf supplements effecting anti-inflammatory genes and improving obesity in elderly overweight dogs [J]. Int J Mol Sci, 2022, 23 (23): 15215.