



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.

XU Junjie, WANG Ying, DING Ning, et al. Effects of dietary concentrate to roughage ratio on the structure of rumen bacterial flora, volatile fatty acids and the expression of their transport vectors in fattened yaks[J]. Journal of Nanjing Agricultural University, 2024,47(1):133-141.

## 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

徐俊杰<sup>1,2</sup>, 王莹<sup>3</sup>, 丁宁<sup>3</sup>, 马向花<sup>4</sup>, 刘塔<sup>4</sup>, 周天赐<sup>1,2</sup>, 李涛<sup>1,2</sup>, 袁朝海<sup>1,2</sup>, 张威<sup>1,2</sup>, 蔡亚非<sup>1,2\*</sup>

(1.南京农业大学动物科技学院,江苏 南京 210095;2.江苏省奶牛生产性能测定中心,江苏 南京 210095;

3.广州海关技术中心,广东 广州 510623;4.青海省海南州科技局,青海 海南 813000)

**摘要:** [目的] 本试验以舍饲育肥牦牛为研究对象,探究日粮精粗比对舍饲育肥牦牛瘤胃代谢的影响,期望为青海牦牛规模化、产业化和现代化养殖过程中日粮精粗比调控提供参考。[方法] 对 15 头试验牛群进行分组,分别饲喂精粗(质量)比为 3:7(A 组)、5:5(B 组)、7:3(C 组)的全混合日粮(total mixed ration, TMR)。饲喂 90 d 后于凌晨空腹屠宰,采集瘤胃液和瘤胃上皮组织,通过 16S 核糖体 RNA(16S ribosomal RNA, 16S rRNA)高通量测序、气相色谱、RT-qPCR 以及 Western blot 试验方法,探究不同精粗比日粮饲喂下,舍饲育肥牦牛瘤胃细菌菌群结构、瘤胃发酵参数以及瘤胃上皮中挥发性脂肪酸(VFA)转运载体表达量的变化。[结果] 日粮精粗比显著影响瘤胃细菌菌群结构,随着精料占比升高,在门水平上,拟杆菌门(Bacteroidetes)、螺旋体门(Spirochaetes)和黏胶球形菌门(Lentisphaerae)相对丰度显著上升( $P < 0.05$ ),厚壁菌门(Firmicutes)和软壁菌门(Tenericutes)相对丰度显著下降( $P < 0.05$ );属水平上,随着精料比例提高,理研菌科 RC9 肠道群(Rikenellaceae RC9 gut group)、克里斯滕森菌科 R7 群(Christensenellaceae R7 group)、Saccharofermentans、产琥珀酸菌属(Succinivibrionaceae)和 Lachnoclostridium 相对丰度显著升高( $P < 0.05$ ),C 组牦牛瘤胃球菌属(Ruminococcus)和拟杆菌属(Bacteroides)相对丰度显著低于 A 组( $P < 0.05$ ),B 组和 C 组牦牛普氏菌属(Prevotella)、假丁酸弧菌(Pseudobutyrvibrio)和密螺旋体属(Treponema)相对丰度显著高于 A 组( $P < 0.05$ )。日粮精粗比对瘤胃 pH 值及 VFA 产量影响显著,精粗比上升显著下调瘤胃内容物 pH 值( $P < 0.05$ ),乙酸浓度、乙酸浓度/丙酸浓度显著降低( $P < 0.05$ ),丙酸、戊酸和总 VFA 浓度显著升高( $P < 0.05$ ),与 A、B 组相比,C 组丁酸和异丁酸浓度显著升高( $P < 0.05$ )。日粮精粗比对瘤胃上皮 VFA 转运载体表达量影响显著。随着日粮精料比例升高,腺瘤下调蛋白基因(DRA)、假定阴离子转运载体 1 基因(PATI)、单羧酸转运载体 1 基因(MCT1)和单羧酸转运载体 4 基因(MCT4)在 mRNA 水平的相对表达量显著升高( $P < 0.05$ ),而阴离子交换蛋白 2 基因(AE2)在 mRNA 水平和蛋白水平的相对表达量则显著下降( $P < 0.05$ ),上述基因的蛋白表达趋势与 mRNA 的一致。随着日粮精粗比比例升高,牦牛的生产性能,即平均日增重、饲料转化率、屠宰率也随之提高,且具有显著差异( $P < 0.05$ )。[结论] 饲喂高精料日粮可提升牦牛瘤胃中非纤维素降解菌的相对丰度,使大量能量饲料和蛋白饲料快速转化为 VFA,为机体供能。激活瘤胃上皮细胞中 VFA 转运载体,提高其表达量,加快 VFA 转运入血的速度,以提高脂肪代谢底物,最终达到快速育肥的效果。

**关键词:** 舍饲牦牛;日粮精粗比;瘤胃细菌菌群;挥发性脂肪酸;挥发性脂肪酸转运载体;生产性能

中图分类号:S852.6

文献标志码:A

文章编号:1000-2030(2024)01-0133-09

## Effects of dietary concentrate to roughage ratio on the structure of rumen bacterial flora, volatile fatty acids and the expression of their transport vectors in fattened yaks

XU Junjie<sup>1,2</sup>, WANG Ying<sup>3</sup>, DING Ning<sup>3</sup>, MA Xianghua<sup>4</sup>, LIU Ta<sup>4</sup>, ZHOU Tianci<sup>1,2</sup>, LI Tao<sup>1,2</sup>,  
YUAN Chaohai<sup>1,2</sup>, ZHANG Wei<sup>1,2</sup>, CAI Yafei<sup>1,2\*</sup>

(1.College of Animal Science and Technology, Nanjing Agricultural University, Nanjing 210095, China;

2.Jiangsu Dairy Herd Improvement(DHI) Determination Center, Nanjing 210095, China;3.Guangzhou Customs Technical Center, Guangzhou 510623, China;4.Hainan Science and Technology Bureau of Qinghai Province, Hainan 813000, China)

**Abstract:** [Objectives] This experiment was based on the fattened yak as the research object, to explore different dietary concentrate to roughage ratio effect on the body metabolism of fattening yaks. It was expected to provide reference for the regulation and control of diet

收稿日期:2022-08-20

基金项目:青海省海南州科技计划项目(2022-KZ03-B, 2022-KH02-D, 2022-KT09-D)

\*通信作者:蔡亚非,教授,研究方向为奶牛遗传育种, E-mail:ycail@njau.edu.cn。

in Qinghai yaks in the process of large-scale, industrial and modern breeding. [Methods] 15 yaks had been randomly divided into 3 groups. The yaks had been fed with different concentrates to roughage ratios (group A: concentrate : roughage = 3 : 7, group B: concentrate : roughage = 5 : 5, group C: concentrate : roughage = 7 : 3). After regular feeding 90 days, these fasting yaks had been slaughtered during early morning. Then we collected the rumen fluid and the rumen epithelial tissue through 16S rRNA high-throughput sequencing, gas chromatography, RT-qPCR, and Western blot test methods to explore the changes of the structure of rumen bacterial flora, rumen fermentation parameters and the expression of volatile fatty acid (VFA) transport vector in rumen epithelium of house fed fattening yak in diets with different concentrate crude ratio. [Results] The ratio of concentrate to roughage significantly affected the structure of rumen bacterial flora. The results showed that the ratio of concentrate to roughage had significant effects on Firmicutes, Bacteroidetes, Spirochaetes, Lentisphaerae and Tenericutes in rumen bacteria of yaks. The relative abundances of Bacteroidetes, Spirochaetes and Lentisphaerae significantly increased with the increase of the proportion of concentrate ( $P < 0.05$ ). The relative abundances of Firmicutes and Tenericutes significantly decreased ( $P < 0.05$ ). On the level of the genus, with the increase of concentrate proportion, the relative abundance of *Rikenellaceae RC9 gut group*, *Christensenellaceae R7 group*, *Saccharofermentans*, *Succiniclaticum* and *Lachnospirillum* significantly increased ( $P < 0.05$ ). *Ruminococcus* and *Bacteroides* in group C had a relative abundance significantly lower than group A ( $P < 0.05$ ). *Prevotella*, *Pseudobutyriivibrio* and *Treponema* in group B and group C had a relative abundance significantly higher than group A ( $P < 0.05$ ). The rumen pH and VFA were significantly affected by different concentrate-to-forage ratio diets. With the increase of concentrate-to-forage ratio, the rumen pH value of yak decreased significantly ( $P < 0.05$ ). The concentration of propionic acid, valeric acid and total VFA significantly increased ( $P < 0.05$ ), while the concentration of acetic acid and acetic acid/propionic acid significantly decreased ( $P < 0.05$ ). The concentration of butyric acid and isobutyric acid in group C were significantly higher than those in group A and group B ( $P < 0.05$ ). The results showed that downregulated in adenoma gene (*DRA*), putative anion transporter 1 gene (*PATI*), monocarboxylate transporter 1 gene (*MCT1*) and monocarboxylate transporter 4 gene (*MCT4*), which were involved in the absorption and transport of VFA in the rumen epithelium increased significantly in mRNA level with the increase of the proportion of dietary concentrate ( $P < 0.05$ ). The anion exchanger 2 gene (*AE2*) significantly decreased ( $P < 0.05$ ). And the protein levels were consistent with mRNA. With the increase of the proportion of concentrate and roughage in the diet, the production performance of yaks, including the average daily gain, feed conversion ration and slaughter percentage also increased. And there was a significant difference among them ( $P < 0.05$ ). [Conclusions] High-concentrate diet could increase the relative abundance of non-cellulolytic bacteria in rumen of yak, and rapidly convert a large amount of energy feed and protein feed into VFA, which could provide energy for the body. VFA transporters in rumen epithelial cells are activated to increase their expression, and VFA transporters into the blood to enhance the lipid metabolism substrate, achieving the effect of rapid fattening ultimately.

**Keywords:** house-fed yaks; dietary concentrate to roughage ratio; rumen bacterial flora; volatile fatty acids (VFA); VFA transport carrier; production performance

牦牛作为多经济用途的高原特种牛种,其养殖业是青海省的特色优势产业。舍饲育肥是青海省在牦牛产业化养殖发展大环境下进行积极探索总结的技术。牛的瘤胃代谢对维持机体正常运转至关重要。作为与宿主互利共生的瘤胃微生物,它们帮助宿主消化降解粗纤维饲料、蛋白饲料、能量饲料和脂肪饲料,并为机体提供营养物质<sup>[1-2]</sup>。在反刍动物瘤胃中,各菌群之间相互依存又相互制约,维持瘤胃内环境的稳态。动物品种、年龄、性别、日粮结构和健康状况等都可影响动物瘤胃发酵状况,其中日粮结构作为稳定可控的因素一直是研究热点之一。研究表明,反刍动物瘤胃微生物菌群结构和瘤胃发酵类型受日粮结构因素调节,合适的日粮精粗(质量)比可改善动物机体瘤胃代谢水平,提高生产性能<sup>[3]</sup>。但由于牦牛特殊的日粮结构组成,目前舍饲育肥牦牛尚无专门化日粮饲喂体系。同时,舍饲条件下如何提高育肥牦牛日粮能量利用效率和优化瘤胃发酵的机制尚不明确。近年来调控日粮结构对舍饲育肥牦牛瘤胃代谢影响的相关研究较少,所以,本试验给舍饲育肥牦牛饲喂精粗比(质量比)为3:7、5:5、7:3的全混合日粮,通过测定瘤胃液细菌菌群结构、瘤胃液VFA含量、瘤胃上皮细胞中VFA转运载体表达量以及生产性能,探究适合舍饲育肥牦牛饲喂的日粮结构组成。

## 1 材料与方法

### 1.1 试验材料

**1.1.1 试验动物** 试验在青海省海南藏族自治州共和县下梅村兴隆牦牛养殖专业合作社(E100.62°, N36.28°, 平均海拔3 200 m)进行。预饲期为7 d,正式饲喂时间为90 d。试验选取15头健康阉牦牛,年龄2~3岁,平均体重约130.4 kg。

**1.1.2 饲养管理** 将牦牛分为A、B、C 3组,日粮精粗(质量)比分别为3:7、5:5、7:3,每组5头,每个试验

组牦牛饲养在不同的单独圈舍,自由饮水。依据预饲期牦牛采食规律,每日上午 10:00 饲喂 1 次,按照每头牛平均 5 kg 日粮进行饲喂,次日早上收集剩余料。

**1.1.3 试验日粮** 精料组成参照青海省地方标准《出栏牦牛适度补饲技术:DB 63/T 1787—2020》中“出栏牦牛适度补饲精料配方及养分含量”。精料组成及营养水平见表 1。粗料组成:短芒老麦芒、玉米秸秆和苜蓿草按 1:1:1(质量比)配制。

表 1 精饲料组成及营养水平

Table 1 Composition and nutritional level of concentrate

精饲料组成 Concentrate composition	水平/% Level	营养组成 Nutrient level	水平/% Level
玉米 Corn	71	代谢能 Metabolic energy (ME) <sup>②</sup>	13.14
豆粕 Soybean meal	10	干物质 Dry matter (DM)	90.45
菜粕 Rapeseed meal	5	粗蛋白 Crude protein (CP)	15.43
棉粕 Cottonseed meal	8	粗脂肪 Crude fat (CF)	3.51
菜籽油 Rapeseed oil	1	酸性洗涤纤维 Acid detergent fiber (ADF)	5.29
磷酸氢钠 Na <sub>2</sub> HPO <sub>4</sub>	1	中性洗涤纤维 Neutral detergent fiber (NDF)	13.33
石粉 Stone power	1	碳氢化合物 Hydrocarbon	8.04
食盐 Salt	1	粗灰分 Ash	6.08
膨润土 Swell soil	1	钙 Calcium	0.83
预混料 Premix <sup>①</sup>	1	磷 Phosphorus	0.42

注: ①每 kg 商品预混料:铁 9.0 g;铜 1.8 g;锰 6.0 g;锌 10.0 g;碘 100.0 mg;硒 25.0 mg;钴 25.0 mg。②代谢能的单位为 kJ·g<sup>-1</sup>。

Note: ①Premix per kg product:iron 9.0 g;copper 1.8 g;manganese 6.0 g;zinc 10.0 g;iodine 100.0 mg;selenium 25.0 mg;cobalt 25.0 mg。②The unit of metabolic energy is kJ·g<sup>-1</sup>.

## 1.2 样品采集

正式试验结束,将试验牦牛禁食 12 h 后进行屠宰。瘤胃液采集:取出瘤胃切口,持灭菌的一次性 10 mL 注射器吸取瘤胃液若干,置于 10 mL 灭菌离心管中,迅速放入液氮冻存,转移至-80 °C 冰箱保存备用。瘤胃液细菌菌群结构测定:将 10 mL 离心管中瘤胃液 4 °C、12 000 r·min<sup>-1</sup>离心 5 min,将上清液分装转移至新的 5 mL 离心管中,-80 °C 保存,用于测定瘤胃发酵参数。

瘤胃上皮组织采集:打开瘤胃,剪取瘤胃上皮(背囊、腹囊、背盲囊和腹盲囊)若干,用 1×PBS 将组织冲洗干净,撕去肌肉层,将瘤胃上皮修剪为大约 4 cm<sup>2</sup> 块状并放入 2 mL 冻存管中,立即置于液氮中速冻,保存在-80 °C 冰箱中,用于 RNA 和蛋白提取。

## 1.3 试剂与方法

**1.3.1 瘤胃菌群测定** 细菌 DNA 的提取参照 D4015 粪便 DNA 提取试剂盒(D4015 Stool DNA Kit)进行。采用 ABI GeneAmp<sup>®</sup> 9700 型 PCR 仪进行 PCR 试验。设计 16S v3-v4 区特定引物扩增特异区域,引物名称 341F: 5'-CCTACGGGNGGCWGCAG-3'/806R: 5'-GGACTACHVGGGTWTCTAAT-3'。PCR 采用 2×Phanta Master Mix,30 μL 反应体系:2×Phanta Master Mix 15 μL、Bar-PCR primer F(10 μmol·L<sup>-1</sup>)1 μL、Primer R(10 μmol·L<sup>-1</sup>)1 μL、Genomic DNA 10~20 ng,补 ddH<sub>2</sub>O 至 30 μL。PCR 反应参数:95 °C 预变性 5 min;27 个循环:95 °C 30 s,55 °C 30 s,72 °C 45 s;熔解曲线:72 °C 10 s,10 °C ∞。电泳验证并进行引入 Illumina 桥式 PCR 兼容引物的扩增。扩增结束后对产物进行琼脂糖电泳检测。检测参数:胶浓度 20 g·L<sup>-1</sup>、电压 80 V、电泳时间 40 min。剪切并回收目的条带,使用 Thermo Scientific 公司 GeneJET 胶回收试剂盒回收纯化产物。样品的 16S rDNA 检测由南京集思慧远生物科技有限公司完成。

**1.3.2 瘤胃发酵参数测定** 瘤胃 pH 值测定:取出舍饲育肥牦牛瘤胃液,纱布过滤后收集到 5 mL 试管中,用 pH 计(赛多利斯,型号:PB-10)测定。取出低温保存的瘤胃液样品,放到 4 °C 冰箱缓慢解冻,解冻后 8 000 r·min<sup>-1</sup>离心 10 min。量取 10 mL 瘤胃液上清液,倒入离心管中,加入 3 mL 体积比为 1:1 的 25% 偏磷酸去蛋白溶液和 0.6% 2-乙基丁酸混合液,放入-20 °C 冰箱中,以备 VFA 含量测定。VFA 含量参照曹庆云等<sup>[4]</sup>的方法测定,气相色谱仪使用岛津 GC-2014。

**1.3.3 瘤胃上皮 VFA 转运载体基因表达量测定** 利用 Trizol 裂解组织、氯仿分相、异丙醇沉淀、乙醇洗涤,得到纯净的总 RNA。采用 TaKaRa 反转录试剂盒进行 cDNA 的合成,所得 cDNA 保存于-20 °C 冰箱。RT-qPCR 引物均购自上海生工生物工程有限公司,引物序列见表 2。利用 ChamQ Universal SYBR qPCR Master Mix 检测挥发性脂肪酸转运载体基因 mRNA 的表达水平,反应产物经熔解曲线检测特异性。以 GAPDH 为内参并以 A 组为对照组采用 2<sup>-ΔΔC<sub>T</sub></sup>法计算目的基因 mRNA 相对表达水平。

表 2 实时荧光定量 PCR 的引物序列

Table 2 Primer sequence of real-time fluorescent quantitative PCR

目的基因 Target gene	引物序列 Primer sequence(5'→3')	登录号 Login ID	产物大小/bp Product size
<i>DRA</i>	F:TTGTGCCGCTGTCT/R:CACTGAGGAGCCATTC	BC134586.1	103
<i>PAT1</i>	F:CCAGTGCTTCCCTGTGAG/R:CGCCTTGGGTAGGTCTTG	BC123616.1	151
<i>AE2</i>	F:CCAAGTCGGCTCAGGAT/R:CGGAAGTCGCTTAGGTAGTG	NM_001205664.1	148
<i>MCT1</i>	F:CTGGCAGCACCTTTATC/R:GGTCCATCAGCGTTTC	HM061149.1	109
<i>MCT4</i>	F:TGTGTGTGAATCGCTTTGGC/R:CCAAACCCAAAGCCAGTAAGGA	NM_001034034	141
<i>GAPDH</i>	F:CAAAGTGGACATCGTCGCCA/R:TGACGAGCTTCCCGTTCTCT	XM_005887322.2	150

注:*DRA*:腺瘤下调蛋白基因 Downregulated in adenoma gene;*AE2*:阴离子交换蛋白 2 基因 Anion exchanger 2 gene;*PAT1*:假定阴离子转运载体 1 基因 Putative anion transporter 1 gene;*MCT1*:单羧酸转运载体 1 基因 Monocarboxylic acid transporter 1 gene;*MCT4*:单羧酸转运载体 4 基因 Monocarboxylic acid transporter 4 gene. 下同。The same below.

**1.3.4 瘤胃上皮 VFA 转运载体蛋白表达量测定** 使用蛋白抽提试剂盒提取各组牦牛肝脏组织总蛋白,蛋白提取过程中按 1% 比例加入蛋白酶抑制剂 PMSF 和磷酸酶抑制剂。测定提取的蛋白浓度(碧云天 BCA 试剂盒)。均一化蛋白浓度后经变性转到 PVDF 膜上,50 g·L<sup>-1</sup> BSA 封闭 1.5 h,添加一抗 4 ℃ 摇床孵育过夜,再用 TBST 洗 3 次,每次 15 min,加二抗孵育 1.5 h,TBST 洗 3 次,每次 10 min,用 ECL 化学发光试剂盒进行显影。所用抗体稀释比例见表 3。

表 3 抗体稀释比例

Table 3 Antibody dilution ratio

目的蛋白 Target protein	一抗稀释比 Dilute ratio of first antibody	二抗 Second antibody	二抗稀释比 Dilute ratio of second antibody
DRA(Proteintech, Ag3816)	1:1 000	山羊抗兔	1:4 000
PAT1(Proteintech, 24775-1-AP)	1:1 000	山羊抗兔	1:4 000
AE2(Proteintech, 26332-1-AP)	1:1 000	山羊抗兔	1:4 000
MCT1(Proteintech, 20139-1-AP)	1:5 000	山羊抗兔	1:4 000
MCT4(Proteintech, 22787-1-AP)	1:5 000	山羊抗兔	1:4 000
GAPDH(Proteintech, 10494-1-AP)	1:5 000	山羊抗兔	1:4 000

## 1.4 数据统计与分析

本试验数据通过 Excel 2019 软件初步整理并计算,用 SPSS 20.0 软件对数据进行单因素方差分析和 LSD 法多重比较。数据用“ $\bar{x} \pm SE$ ”表示, $P < 0.05$  表示差异显著。用 ImageJ 软件对蛋白条带进行灰度分析及数据采集,统计分析结果用 GraphPad Prism 8.0 软件绘图。

## 2 结果与分析

### 2.1 日粮精粗比对牦牛瘤胃微生物多样性的影响

**2.1.1 牦牛瘤胃微生物 16S rRNA 测序基本数据** 如表 4 所示:A 组测序产生的可见物种数量略高于 B 组和 C 组。随着日粮精料比例升高,舍饲育肥牦牛瘤胃微生物 Chao1、ACE、Shannon 和 Simpson 多样性指数均有升高趋势( $P > 0.05$ );C 组细菌覆盖率略高于 A 组和 B 组。

表 4 牦牛瘤胃微生物 16S rRNA 测序基本数据

Table 4 Basic data of 16S rRNA sequencing of yak rumen microorganisms

Alpha 多样性指数 Alpha diversity index	A 组 Group A	B 组 Group B	C 组 Group C
可见物种数 Observed species	1 836.67±10.23	1 731.64±12.02	1 713.25±9.83
Chao1 指数 Chao1 index	1 875.65±11.32	1 885.36±12.25	1 984.77±14.13
ACE 指数 ACE index	1 807.56±13.30	1 823.58±11.27	1 897.24±13.35
香浓指数 Shannon index	8.24±0.02	8.29±0.04	8.34±0.03
辛普森指数 Simpson index	0.99±<0.001	0.99±<0.001	0.99±<0.001
覆盖率/% Coverage	99.57±0.08	99.68±0.06	99.82±0.04

注:A、B、C 组饲料精粗比分别为 3:7、5:5、7:3(质量比)。下同。

Note:The ratio of concentrate to roughage in groups A, B and C is 3:7, 5:5, 7:3(weight ratio), respectively. The same below.

由图 1 可知,3 组共有 OTU 个数为 2 032。其中 A 组和 B 组之间共有 239 个 OTU,A 组和 C 组之间共有 198 个,B 组和 C 组间共有 213 个。A、B、C 3 组特有的 OTU 个数分别为 619、195、149。

**2.1.2 日粮精粗比对牦牛瘤胃细菌相对丰度(门、属水平)的影响** 由表 5 可知,日粮精粗比显著影响舍

饲育肥牦牛瘤胃细菌菌群在门和属水平的组成。在门水平上的舍饲育肥牦牛瘤胃细菌中, Firmicutes 和 Bacteroidetes 相对丰度之和比例达 80%~90%, 是绝对优势菌群。日粮精粗比水平对牦牛瘤胃细菌中 Firmicutes、Bacteroidetes、Spirochaetes、Tenericutes 和 Lentisphaerae 影响显著 ( $P < 0.05$ )。随着精料比例升高, Bacteroidetes、Spirochaetes 和 Lentisphaerae 相对丰度显著上升 ( $P < 0.05$ ), Firmicutes 和 Tenericutes 相对丰度显著下降 ( $P < 0.05$ )。在属水平上, *Prevotella*、*Rikenellaceae RC9 gut group* 和 *Christensenellaceae R7 group* 相对丰度较高。随着精料比例升高, 瘤胃中相对丰度前 10 的菌属除了 *Ruminococcus*、*Pseudobutyrvibrio* 和 *Bacteroides* 下降外, 其余均升高。

表 5 日粮精粗比对牦牛瘤胃细菌门和属水平组成的影响

Table 5 Effect of dietary concentrate to roughage ratio on rumen bacterial composition of yak in phylum and genus level

分类 Category	A 组 Group A	B 组 Group B	C 组 Group C
门 Phylum			
厚壁菌门 Firmicutes	50.69±0.56 <sup>a</sup>	45.84±0.50 <sup>b</sup>	42.62±0.77 <sup>c</sup>
拟杆菌门 Bacteroidetes	38.34±0.50 <sup>c</sup>	40.43±0.75 <sup>b</sup>	42.15±0.45 <sup>a</sup>
变形菌门 Proteobacteria	3.45±0.28	3.49±0.16	3.58±0.16
螺旋菌门 Spirochaetes	1.84±0.12 <sup>c</sup>	2.80±0.23 <sup>b</sup>	3.95±0.10 <sup>a</sup>
浮霉菌门 Planctomycetes	1.27±0.08	1.31±0.04	1.34±0.07
黏胶球菌门 Lentisphaerae	0.52±0.06 <sup>c</sup>	0.87±0.05 <sup>b</sup>	1.18±0.07 <sup>a</sup>
放线菌门 Actinobacteria	0.76±0.05	0.68±0.06	0.57±0.08
软壁菌门 Tenericutes	0.86±0.06 <sup>a</sup>	0.52±0.02	0.40±0.01
纤维杆菌门 Fibrobacteres	0.45±0.05	0.40±0.07	0.32±0.05
互养菌门 Synergistetes	0.36±0.05	0.21±0.03	0.19±0.02
属 Genus			
普氏菌属 <i>Prevotella</i>	14.04±0.80 <sup>b</sup>	18.574±0.64 <sup>a</sup>	20.53±0.48 <sup>a</sup>
理研菌科 RC9 肠道群 <i>Rikenellaceae RC9 gut group</i>	9.78±0.55 <sup>c</sup>	12.17±0.51 <sup>b</sup>	14.38±0.42 <sup>a</sup>
克里斯滕森菌科 R7 群 <i>Christensenellaceae R7 group</i>	8.81±0.50 <sup>c</sup>	10.92±0.36 <sup>b</sup>	12.96±0.36 <sup>a</sup>
<i>Saccharofermentans</i>	5.70±0.19 <sup>c</sup>	7.75±0.33 <sup>b</sup>	9.82±0.25 <sup>a</sup>
瘤胃球菌属 <i>Ruminococcus</i>	8.31±0.18 <sup>a</sup>	7.29±0.38 <sup>ab</sup>	5.89±0.57 <sup>b</sup>
假丁酸弧菌 <i>Pseudobutyrvibrio</i>	5.91±0.26 <sup>a</sup>	5.65±0.29 <sup>a</sup>	4.70±0.39 <sup>b</sup>
产琥珀酸菌属 <i>Succinivibrio</i>	3.48±0.28 <sup>c</sup>	4.47±0.25 <sup>b</sup>	6.03±0.17 <sup>a</sup>
拟杆菌属 <i>Bacteroides</i>	5.57±0.32 <sup>a</sup>	4.38±0.40 <sup>ab</sup>	3.40±0.29 <sup>b</sup>
拉氏旋毛虫 <i>Lachnoclostridium</i>	2.78±0.14 <sup>c</sup>	3.92±0.15 <sup>b</sup>	4.81±0.24 <sup>a</sup>
密螺旋体属 <i>Treponema</i>	1.53±0.15 <sup>b</sup>	1.94±0.12 <sup>a</sup>	2.03±0.16 <sup>a</sup>

注:同行不同字母表示差异显著 ( $P < 0.05$ )。下同。

Note: Values with different letter superscripts mean significant difference ( $P < 0.05$ ). The same below.

## 2.2 日粮精粗比对牦牛瘤胃发酵参数的影响

如表 6 所示, 随日粮精料比例升高瘤胃 pH 值显著下调 ( $P < 0.05$ ), 乙酸浓度和乙酸浓度/丙酸浓度值显著下降 ( $P < 0.05$ ), 丙酸、戊酸和总 VFA 浓度显著增加 ( $P < 0.05$ ), 异戊酸浓度有上升趋势 ( $P > 0.05$ )。C 组丁酸和异丁酸浓度显著高于 A、B 组 ( $P < 0.05$ )。

表 6 日粮精粗比对牦牛瘤胃 VFA 含量的影响

Table 6 Effect of dietary concentrate to roughage ratio on rumen VFA content of yak

指标 Index	A 组 Group A	B 组 Group B	C 组 Group C
pH 值 pH value	6.90±0.06 <sup>a</sup>	6.56±0.06 <sup>b</sup>	6.20±0.04 <sup>c</sup>
乙酸浓度/(mmol·L <sup>-1</sup> ) Acetate concentration	53.35±1.55 <sup>a</sup>	48.54±1.48 <sup>b</sup>	42.58±1.41 <sup>c</sup>
丙酸浓度/(mmol·L <sup>-1</sup> ) Propionate concentration	8.98±0.42 <sup>c</sup>	10.59±0.31 <sup>b</sup>	12.61±0.22 <sup>a</sup>
丁酸浓度/(mmol·L <sup>-1</sup> ) Butyrate concentration	3.82±0.32 <sup>b</sup>	4.29±0.39 <sup>b</sup>	6.34±0.19 <sup>a</sup>
异丁酸浓度/(mmol·L <sup>-1</sup> ) Isobutyrate concentration	0.29±0.02 <sup>b</sup>	0.34±0.03 <sup>b</sup>	0.43±0.02 <sup>a</sup>
戊酸浓度/(mmol·L <sup>-1</sup> ) Valerate concentration	0.26±0.01 <sup>c</sup>	0.35±0.02 <sup>b</sup>	0.54±0.01 <sup>a</sup>
异戊酸浓度/(mmol·L <sup>-1</sup> ) Isovalerate concentration	0.63±0.02	0.64±0.01	0.65±0.01
总 VFA 浓度/(mmol·L <sup>-1</sup> ) Total VFA concentration	48.56±2.02 <sup>c</sup>	64.75±2.23 <sup>b</sup>	78.92±2.75 <sup>a</sup>
乙酸浓度/丙酸浓度 Acetate concentration/propionate concentration	5.94±0.10 <sup>a</sup>	4.58±0.12 <sup>b</sup>	3.38±0.14 <sup>c</sup>

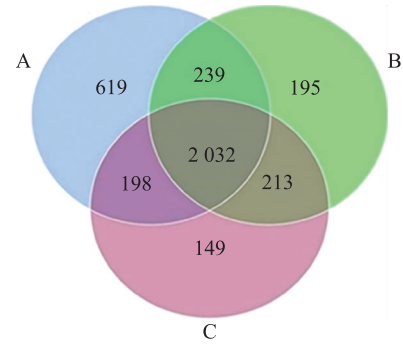


图 1 3 组牦牛瘤胃微生物 OTU 聚类分析  
Fig. 1 OTU cluster analysis of yak rumen microorganisms in three groups

### 2.3 日粮精粗比对牦牛瘤胃上皮 VFA 转运载体基因表达的影响

如图 2 所示,日粮精粗比显著影响舍饲育肥牦牛瘤胃上皮 VFA 转运载体 mRNA 表达量,其中 *DRA*、*PAT1*、*MCT1* 表达量显著上升( $P<0.05$ ),A 组 *MCT4* mRNA 表达量显著低于 B 组和 C 组( $P<0.05$ ),而 *AE2* 表达量显著降低( $P<0.05$ )。

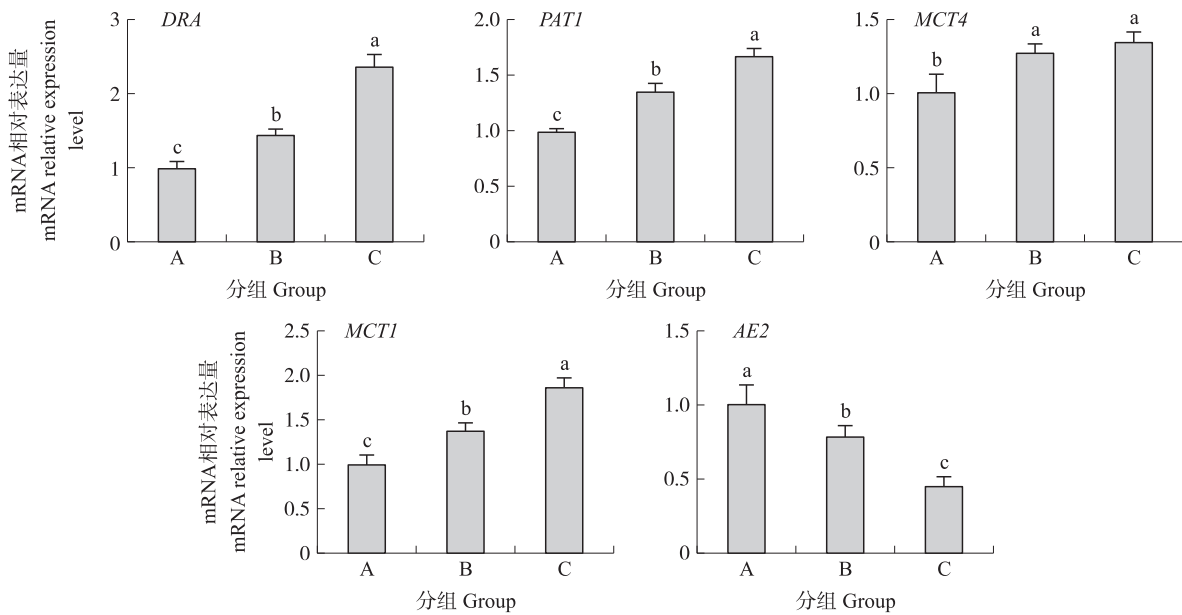


图 2 日粮精粗比对牦牛瘤胃上皮 VFA 转运载体 mRNA 相对表达量的影响

Fig. 2 Effect of dietary concentrate to roughage ratio on relative mRNA expression level of volatile fatty acid transporter in yak rumen epithelium

不同字母表示差异显著( $P<0.05$ )。下同。

Values with different letter mean significant difference( $P<0.05$ ). The same below.

### 2.4 日粮精粗比对牦牛瘤胃上皮 VFA 转运载体蛋白表达的影响

如图 3 所示,随着日粮精料比例增加,牦牛瘤胃上皮 VFA 转运载体蛋白 *DRA*、*PAT1*、*MCT1*、*MCT4* 表达量显著升高( $P<0.05$ ),*AE2* 的表达量显著降低( $P<0.05$ )。蛋白表达趋势与 mRNA 的一致。

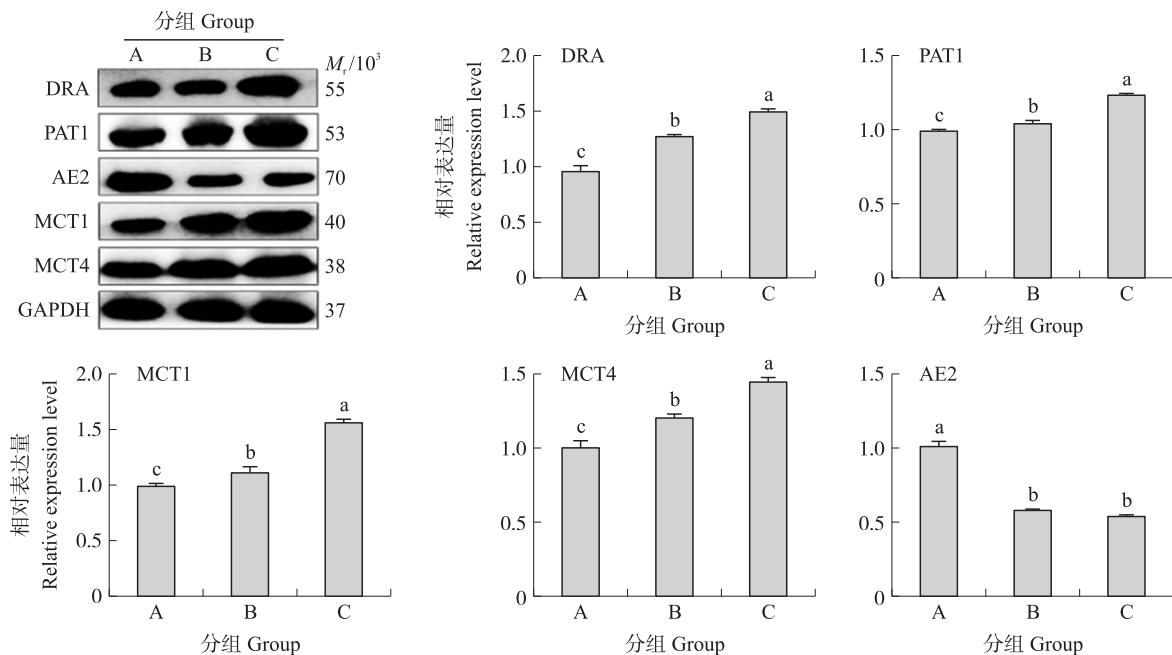


图 3 日粮精粗比对牦牛瘤胃上皮 VFA 转运载体蛋白相对表达量的影响

Fig. 3 Effect of dietary concentrate to roughage ratio on relative expression of volatile fatty acid transporter protein in yak rumen epithelium

## 2.5 日粮精粗比对牦牛生产性能的影响

如图 4 所示,随着日粮精料比升高牦牛的平均日增重、饲料转化率与屠宰率显著提高,且 A、B、C 组间差异显著( $P<0.05$ )。

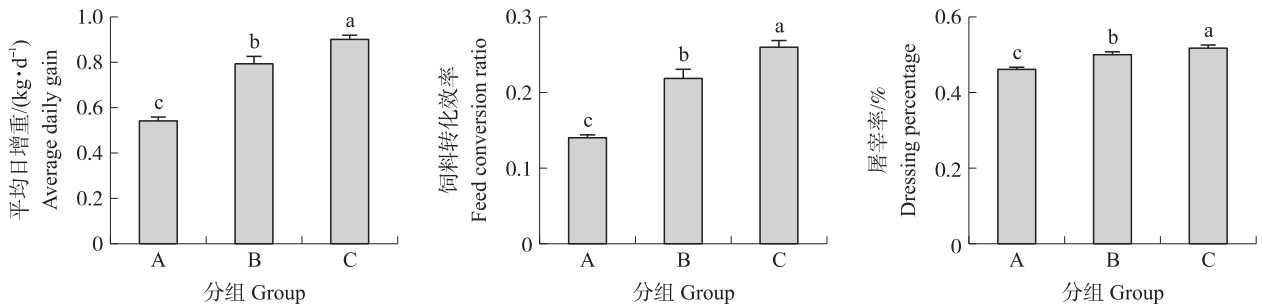


图 4 日粮精粗比对牦牛生产性能的影响

Fig. 4 The effect of dietary concentrate to roughage ratio on the production performance of yaks

## 3 讨论

### 3.1 日粮精粗比对牦牛瘤胃微生物多样性的影响

影响瘤胃微生物区系的因素很多,日粮作为稳定可控的因素被广泛研究。瘤胃优势菌群随日粮结构变动而改变,当粗料比例较高时,纤维降解菌丰度增加;精料比例较高时,淀粉降解菌丰度增加<sup>[5]</sup>。随着湖羊精料比例下降,湖羊瘤胃菌群的香浓指数和辛普森指数显著降低,ACE 和 Chao1 指数也有下降趋势<sup>[6]</sup>。本研究中,随着日粮精料水平的增加,瘤胃菌群多样性 Chao1、ACE、香浓指数以及辛普森指数趋于升高,菌群检测覆盖率也升高,与上述研究结果一致。日粮中添加精料会导致犊牦牛 Firmicutes 和 Bacteroidetes 相对丰度降低,Proteobacteria 相对丰度升高<sup>[7]</sup>。本试验中,精料比例升高会导致 Bacteroidetes 相对丰度升高,推测是因为年龄或日粮结构不同所致。研究发现,随着日粮能量水平的提高,舍饲牦牛的 Spirochaetes 相对丰度显著提高<sup>[8]</sup>;荷斯坦奶牛瘤胃 Lentisphaerae 的 16S rRNA 相对丰度随日粮中蛋白和能量水平的升高而升高,且受异丁酸、戊酸和异戊酸的影响显著<sup>[9]</sup>;随着日粮中能量饲料的升高,肉牛瘤胃 Tenericutes 的相对丰度显著降低<sup>[10]</sup>。本试验中,随着日粮精料比例升高,舍饲育肥牦牛瘤胃内 Firmicutes 和 Tenericutes 相对丰度显著降低,Bacteroidetes、Spirochaetes 和 Lentisphaerae 的相对丰度显著升高,与上述研究结论相一致。

本试验中舍饲育肥牦牛瘤胃 *Prevotella*、*Rikenellaceae RC9 gut group* 和 *Christensenellaceae R7 group* 相对丰度占前三。*Prevotella* 是一种具有多种代谢功能的菌,随着日粮含氮化合物水平的提高,黄牛瘤胃 *Prevotella* 所占比例显著增加<sup>[11]</sup>。本试验中,随着精料比例升高,*Prevotella* 相对丰度显著升高,*Rikenellaceae RC9 gut group* 和 *Christensenellaceae R7 group* 在 3 组牦牛瘤胃中都占整个细菌菌属 5%~10%。研究表明,*Succinivibrionaceae* 对淀粉和糖类的降解具有重要作用<sup>[12-13]</sup>;瘤胃中可溶性碳水化合物可被 *Treponema* 降解<sup>[14]</sup>。本试验中,随着日粮精料比例升高,C 组牦牛瘤胃中 *Rikenellaceae RC9 gut group*、*Christensenellaceae R7 group*、*Saccharofermentans*、*Succinivibrionaceae*、*Treponema* 相对丰度显著高于 A 组。研究表明,*Bacteroides* 和 *Ruminococcus* 的主要功能是降解日粮中的半纤维素和纤维素<sup>[15]</sup>,*Pseudobutyribrio* 的主要功能是降解碳水化合物<sup>[16]</sup>。本试验中,C 组舍饲育肥牦牛瘤胃中 *Bacteroides*、*Pseudobutyribrio* 和 *Ruminococcus* 相对丰度显著低于 A 组,与上述文献结论一致。

### 3.2 日粮精粗比对牦牛瘤胃发酵参数的影响

崔安等<sup>[17]</sup>研究发现,随着日粮精料比例升高,秦川肉牛公牛、阉牛和母牛的瘤胃液 pH 值为 6.22~6.80,且 pH 值随日粮精粗比的提高显著下降。孙光明等<sup>[20]</sup>研究报道,分别给西藏牦牛饲喂低精料(精粗比为 40:60)和高精料(精粗比为 60:40)日粮,各组瘤胃液的 pH 值为 6.0~6.3,略低于正常区间,推测可能是因为日粮精料过高所致。本试验中,舍饲育肥牦牛瘤胃 pH 值为 6.20~6.90,处于正常区间,说明日粮精粗比对舍饲育肥牦牛瘤胃发酵环境没有负面影响,且 pH 值随着精料比例提高显著下降。

VFA 为机体生长发育提供底物,乙酸/丙酸值可反映瘤胃发酵状况<sup>[19]</sup>。反刍动物日粮中精料比例高,瘤胃发酵倾向丙酸发酵,反之则倾向乙酸发酵<sup>[20]</sup>。郭盼盼等<sup>[21]</sup>对延边黄牛的研究结果表明,随着精料比

例升高,黄牛瘤胃中乙酸和乙酸/丙酸比值显著下降,丙酸和 TVFA 浓度显著上升,本研究结果与之一致。孙光明等<sup>[18]</sup>研究发现,提高西藏牦牛日粮精料水平瘤胃 TVFA 含量显著增加,但异丁酸和异戊酸在 TVFA 的比例显著降低,乙酸、丙酸、丁酸、戊酸比例不受日粮精粗比影响。本试验中,增加精料比例,丁酸和异丁酸含量提高,但异戊酸含量对日粮精粗比变化没有响应,这与前人研究结果不一致,推测可能与海拔和日粮组成差异有关。

### 3.3 日粮精粗比对牦牛瘤胃上皮 VFA 转运载体表达量的影响

对反刍动物瘤胃上皮在高谷物日粮饲喂中的适应机制研究发现,提高日粮精料水平,瘤胃上皮 *DRA* 和 *MCT1* mRNA 及其蛋白表达量成倍增加<sup>[22-23]</sup>,藏绵羊瘤胃上皮 *DRA* 和 *MCT1* 的 mRNA 表达量显著提高<sup>[24]</sup>;高能组奶牛瘤胃上皮的 *DRA* mRNA 表达量相比低能组提高了约 60%,而 *AE2* 表达量则下降了 30%<sup>[25]</sup>;饲喂 35%精料组山羊瘤胃上皮的 *DRA*、*PAT1*、*AE2*、*MCT1* 和 *MCT4* mRNA 表达量均显著高于饲喂 10%精料组<sup>[26]</sup>;奶牛瘤胃液 pH 值降低时,瘤胃上皮 *MCT1* 表达量上升,而 *AE2* 表达量下降<sup>[27]</sup>。本试验中,随着日粮精料比例的升高,舍饲育肥牦牛瘤胃上皮 *DRA*、*PAT1*、*MCT1* 和 *MCT4* 的基因和蛋白表达量均显著上升,*AE2* 表达量显著下降。随着饲料中精料的比例增加,总 VFA 含量升高,其相应的 VFA 转运载体表达发生变化,与 VFA 的变化趋向一致。

### 3.4 日粮精粗比对牦牛生产性能的影响

随着日粮中精料比例逐渐增加,其对于牦牛的生产性能有显著影响。赵占强等<sup>[28]</sup>研究表明,饲喂精粗比为 67.1:32.9 的饲料,牛育肥效果优于精粗比为 57.0:43.0 和 45.7:54.3,日增重显著升高。杨超<sup>[8]</sup>研究结果表明,当牦牛日粮能量水平升高时,饲料转化率也随之升高。本试验结果证明牦牛在日粮精粗比为 7:3 时平均日增重和饲料转化率最高,这与前人研究结果一致。本试验中,随着精料比例升高,育肥牦牛的屠宰率也显著升高,与姚延琴等<sup>[29]</sup>对黑山羊屠宰性能的研究结果相一致。

综上所述,在本试验条件下,当精粗比为 7:3 时,牦牛生产性能提高,瘤胃产生的挥发性脂肪酸含量最高,瘤胃上皮组织中挥发性脂肪酸转运载体表达量最高,可以最大程度将挥发性脂肪酸转运入血液,为下一步机体的脂肪沉积提供底物,即育肥效果更好。

#### 参考文献 References:

- [1] Akin D E, Borneman W S, Lyon C E. Degradation of leaf blades and stems by monocentric and polycentric isolates of ruminal fungi[J]. *Animal Feed Science and Technology*, 1990, 31(3/4):205-221.
- [2] 张红涛. 不同玉米青贮水平对荷斯坦后备牛瘤胃液微生物组及其代谢组的影响[D]. 北京:中国农业大学,2017.  
Zhang H T. Effects of different corn silage levels on rumen fluid microflora and metabolomics of Holstein reserve cattle[D]. Beijing: China Agricultural University, 2017 (in Chinese with English abstract).
- [3] 苗建军, 彭志利, 高彦华, 等. 青稞替代玉米对育肥牦牛生产性能和肉品质的影响[J]. *草业学报*, 2019, 28(1):95-107.  
Miao J J, Peng Z L, Gao Y H, et al. Effects on production performance, slaughter performance, apparent digestibility of nutrients and meat quality of partial substitution of corn concentrate with highland barley in a yak fattening system[J]. *Acta Prataculturae Sinica*, 2019, 28(1):95-107 (in Chinese with English abstract).
- [4] 曹庆云, 周武艺, 朱贵钊, 等. 气相色谱测定羊瘤胃液中挥发性脂肪酸方法研究[J]. *中国饲料*, 2006(24):26-28.  
Cao Q Y, Zhou W Y, Zhu G Z, et al. Study on the methods of determination of volatile fatty acid in the rumen liquid of lambs by gas chromatograph[J]. *China Feed*, 2006(24):26-28 (in Chinese with English abstract).
- [5] Jiao J Z, Li X P, Beauchemin K A, et al. Rumen development process in goats as affected by supplemental feeding v. grazing: age-related anatomic development, functional achievement and microbial colonisation[J]. *The British Journal of Nutrition*, 2015, 113(6):888-900.
- [6] 占今舜, 杨群, 胡耀, 等. 日粮精粗比对湖羊瘤胃发酵和菌群结构的影响[J]. *草业学报*, 2020, 29(7):122-130.  
Zhan J S, Yang Q, Hu Y, et al. Effects of dietary concentration:roughage ratio on rumen fermentation and flora population structure in Hu sheep[J]. *Acta Prataculturae Sinica*, 2020, 29(7):122-130 (in Chinese with English abstract).
- [7] 沈芳, 杨美魁, 王迅, 等. 不同饲养方式对牦牛犊牛生长性能、瘤胃发酵及菌群结构的影响[J]. *动物营养学报*, 2022, 34(9):5931-5941.  
Shen F, Yang Y K, Wang X, et al. Effects of different feeding methods on growth performance, rumen fermentation and microflora structure of yak calves[J]. *Chinese Journal of Animal Nutrition*, 2022, 34(9):5931-5941 (in Chinese with English abstract).
- [8] 杨超. 牦牛脂肪代谢对饲粮能量水平响应的分子机制研究[D]. 兰州:兰州大学,2018.  
Yang C. The response of molecular mechanism of adipose metabolism in yak to different dietary energy levels[D]. Lanzhou:Lanzhou University, 2018 (in Chinese with English abstract).
- [9] Mao S Y, Zhang R Y, Wang D S, et al. The diversity of the fecal bacterial community and its relationship with the concentration of volatile fatty acids in the feces during subacute rumen acidosis in dairy cows[J]. *BMC Veterinary Research*, 2012, 8:237.

- [10] Petri R M, Schwaiger T, Penner G B, et al. Changes in the rumen epimural bacterial diversity of beef cattle as affected by diet and induced ruminal acidosis[J]. Applied and Environmental Microbiology, 2013, 79(12): 3744–3755.
- [11] Petri R M, Schwaiger T, Penner G B, et al. Characterization of the core rumen microbiome in cattle during transition from forage to concentrate as well as during and after an acidotic challenge[J]. PLoS One, 2013, 8(12): e83424.
- [12] Huws S A, Edwards J E, Creevey C J, et al. Temporal dynamics of the metabolically active rumen bacteria colonizing fresh perennial ryegrass[J]. FEMS Microbiology Ecology, 2016, 92(1): fiv137.
- [13] Sun B H, Wang X, Bernstein S, et al. Marked variation between winter and spring gut microbiota in free-ranging Tibetan Macaques (*Macaca thibetana*) [J]. Scientific Reports, 2016, 6: 26035.
- [14] Stanton T B, Canale-Parola E. *Treponema bryantii* sp. nov., a rumen spirochete that interacts with cellulolytic bacteria [J]. Archives of Microbiology, 1980, 127(2): 145–156.
- [15] Thomas F, Hehemann J H, Rebuffet E, et al. Environmental and gut bacteroidetes; the food connection [J]. Frontiers in Microbiology, 2011, 2: 93.
- [16] Van Gylswyk N O, Hippe H, Rainey F A. *Pseudobutyribrio ruminis* gen. nov., sp. nov., a butyrate-producing bacterium from the rumen that closely resembles *Butyribrio fibrisolvens* in phenotype [J]. International Journal of Systematic Bacteriology, 1996, 46(2): 559–563.
- [17] 崔安, 李振, 曹阳春, 等. 不同精粗比日粮对秦川肉牛甲烷产量和瘤胃发酵的影响[J]. 家畜生态学报, 2016, 37(9): 35–40.  
Cui A, Li Z, Cao Y C, et al. Effect of different concentrate to forage ratio of diet on methane emission and rumen fermentation for Qinchuan beef cattle [J]. Journal of Domestic Animal Ecology, 2016, 37(9): 35–40 (in Chinese with English abstract).
- [18] 孙光明, 朱彦宾, 平措占堆, 等. 不同精粗比饲料对牦牛瘤胃内环境的影响[J]. 畜牧与兽医, 2022, 54(1): 31–34.  
Sun G M, Zhu Y B, Pingcuozhandui, et al. Effects of feeds at different roughage to concentrate ratios on the rumen environment of yak [J]. Animal Husbandry & Veterinary Medicine, 2022, 54(1): 31–34 (in Chinese with English abstract).
- [19] 杨宏波, 刘红, 占今舜, 等. 不同精粗比颗粒饲料对断奶公犏牛瘤胃发酵参数和微生物的影响[J]. 草业学报, 2015, 24(12): 131–138.  
Yang H B, Liu H, Zhan J S, et al. Effects of diet pellets with different concentrate-roughage ratios on rumen fermentation parameters and microorganism abundance in weaned bull calves [J]. Acta Prataculturae Sinica, 2015, 24(12): 131–138 (in Chinese with English abstract).
- [20] Nocek J E, Tamminga S. Site of digestion of starch in the gastrointestinal tract of dairy cows and its effect on milk yield and composition [J]. Journal of Dairy Science, 1991, 74(10): 3598–3629.
- [21] 郭盼盼, 严昌国, 高青山, 等. 日粮精粗比对延边黄牛瘤胃发酵特性及微生物区系的影响[J]. 饲料研究, 2015(21): 36–41.  
Guo P P, Yan C G, Gao Q S, et al. Effect of concentrate-roughage ratio on rumen fermentation characteristics and microbial flora of Yanbian yellow cattle [J]. Feed Research, 2015(21): 36–41 (in Chinese).
- [22] Kuzinski J, Röntgen M. The mRNA and protein expression of ruminal MCT1 is increased by feeding a mixed hay/concentrate diet compared with hay ad libitum diet (Short Communication) [J]. Archives Animal Breeding, 2011, 54(3): 280–286.
- [23] Connor E E, Li R W, Baldwin R L, et al. Gene expression in the digestive tissues of ruminants and their relationships with feeding and digestive processes [J]. Animal, 2010, 4(7): 993–1007.
- [24] 景小平. 冷季补饲对藏绵羊母羊生长性能、胃肠道及繁殖器官发育的影响[D]. 雅安: 四川农业大学, 2016.  
Jing X P. Effects of supplementation on the growth performance and the development of gastrointestinal tract and reproductive organ of Tibetan sheep ewes in cold season [D]. Ya'an: Sichuan Agricultural University, 2016 (in Chinese with English abstract).
- [25] 闫磊. 日粮精料水平对瘤胃上皮 SCFA 吸收相关载体表达的影响及其机理研究[D]. 南京: 南京农业大学, 2014.  
Yan L. Effects of dietary concentrate level on expression of several transporters involved in SCFA absorption in rumen epithelium and its underlying mechanism [D]. Nanjing: Nanjing Agricultural University, 2014 (in Chinese with English abstract).
- [26] Yan L, Zhang B, Shen Z M. Dietary modulation of the expression of genes involved in short-chain fatty acid absorption in the rumen epithelium is related to short-chain fatty acid concentration and pH in the rumen of goats [J]. Journal of Dairy Science, 2014, 97(9): 5668–5675.
- [27] Lu Z Y, Yao L, Jiang Z Q, et al. Acidic pH and short-chain fatty acids activate  $\text{Na}^+$  transport but differentially modulate expression of  $\text{Na}^+/\text{H}^+$  exchanger isoforms 1, 2, and 3 in omasal epithelium [J]. Journal of Dairy Science, 2016, 99(1): 733–745.
- [28] 赵占强, 张振伟, 叶勇, 等. 不同精粗比日粮对安格斯杂交阉牛生产性能的影响[J]. 中国牛业科学, 2013, 39(3): 19–21, 42.  
Zhao Z Q, Zhang Z W, Ye Y, et al. Effect of different dietary ratios of concentrate to roughage on production performance of Angus hybrid bullock [J]. China Cattle Science, 2013, 39(3): 19–21, 42 (in Chinese with English abstract).
- [29] 姚延琴, 陈朋刚, 黄兴铭. 不同类型油脂对黑山羊生长、屠宰性能及胴体品质的影响[J]. 中国饲料, 2019(2): 77–80.  
Yao Y Q, Chen P G, Huang X M. Effects of different oil sources on growth and slaughter performance, and carcass traits of black goats [J]. China Feed, 2019(2): 77–80 (in Chinese with English abstract).