

DOI:10.11686/cyxb2025240

http://cyxb.magtech.com.cn

张剑搏, 王磊, 张强龙, 等. 不同能量水平精补料对生长期舍饲牦牛生产性能、血液生化指标及瘤胃微生物群落的影响. 草业学报, 2026, 35(6): 190—201.

ZHANG Jian-bo, WANG Lei, ZHANG Qiang-long, *et al.* Effects of supplemental feeds with different energy contents on the productive performance, blood biochemical indices, and ruminal microbial community of growing yaks. *Acta Prataculturae Sinica*, 2026, 35(6): 190—201.

## 不同能量水平精补料对生长期舍饲牦牛生产性能、血液生化指标及瘤胃微生物群落的影响

张剑搏<sup>1</sup>, 王磊<sup>1,2\*</sup>, 张强龙<sup>1</sup>, 叶培麟<sup>3</sup>, 黄伟华<sup>1</sup>, 张福年<sup>4</sup>, 李荣<sup>4</sup>, 石勇<sup>5</sup>

(1. 青海大学畜牧兽医科学院, 青海 西宁 810016; 2. 青海省高原家畜遗传资源保护与创新利用重点实验室, 青海 西宁 810016; 3. 海东市动物疫病预防控制中心, 青海 海东 810600; 4. 民和回族土族自治县畜牧兽医站, 青海 民和 810800; 5. 民和回族土族自治县北山乡畜牧兽医站, 青海 民和 810800)

**摘要:**为探究不同能量水平精补料对生长期舍饲牦牛生产性能、血液生化指标及其瘤胃微生物群落的影响, 选初始体重相近的27头1周岁牦牛作为试验动物, 随机分为3组, 每组9头, 分别饲喂低(LG)、中(MG)、高(HG)3个能量水平的精补料, 其中试验预饲期7 d, 正饲期110 d。结果表明: 1) 试验末期, LG、MG和HG组牦牛终末体重、平均日增重和平均日采食量均无显著差异( $P>0.05$ ), 但与初始体重相比, 终末体重分别提高了79.91%、82.27%和86.16%。2) 随着精补料能量水平的升高, HG组牦牛血清中生长激素、胰岛素样生长因子1和胰岛素样生长因子2浓度显著高于LG组( $P<0.05$ ), 但LG组牦牛血清总抗氧化能力显著高于HG组( $P<0.05$ ), 其他血清生化指标有升高趋势但无显著差异( $P>0.05$ )。3) 各组间牦牛瘤胃微生物群落的Alpha和Beta多样性无显著差异, 但奇异菌属、UCG-005菌属、毛螺旋菌科UCG-008菌属、真/优杆菌属等菌属在HG组牦牛瘤胃中显著富集( $P<0.05$ ), 而梭菌纲UCG-014未定名菌属、普雷沃氏菌科UCG-001菌属的微生物群落在LG组牦牛瘤胃中显著富集( $P<0.05$ )。4) Mantel检验进一步发现瘤胃解琥珀酸菌属与宿主血液中的总胆固醇(TC)和高密度脂蛋白胆固醇(HDL)浓度呈显著负相关( $P<0.05$ ), *Xylanibacter*与宿主血液中的游离脂肪酸(NEFA)浓度呈显著负相关( $P<0.05$ )。综上, 对生长期舍饲牦牛饲喂高能量水平的精补料可提高牦牛血液中与生长相关的激素水平, 增加瘤胃微生物群落多样性, 进而提升牦牛生产性能。

**关键词:** 生长期; 舍饲牦牛; 精补料; 生产性能; 瘤胃微生物

## Effects of supplemental feeds with different energy contents on the productive performance, blood biochemical indices, and ruminal microbial community of growing yaks

ZHANG Jian-bo<sup>1</sup>, WANG Lei<sup>1,2\*</sup>, ZHANG Qiang-long<sup>1</sup>, YE Pei-lin<sup>3</sup>, HUANG Wei-hua<sup>1</sup>, ZHANG Fu-nian<sup>4</sup>, LI Rong<sup>4</sup>, SHI Yong<sup>5</sup>

1. College of Animal Science and Veterinary Medicine, Qinghai University, Xining 810016, China; 2. Qinghai Plateau Key Laboratory of Livestock Genetic Resources Conservation and Innovative Utilization, Xining 810016, China; 3. Haidong City Animal Disease Prevention and Control Center, Haidong 810600, China; 4. Animal Husbandry and Veterinary Station of Minhe Hui and Tu Autonomous County, Minhe 810800, China; 5. Beishan Township Animal Husbandry and Veterinary Station of Minhe Hui and Tu

收稿日期: 2025-06-16; 改回日期: 2025-09-09

基金项目: 青藏高原大型珍稀野生食草动物胃肠道益生菌资源的挖掘与利用项目(2025-NK-130)和青海省果洛州玛沁县特色养殖业提质增效关键技术集成与示范项目(2022YFD1602312)资助。

作者简介: 张剑搏(1991—), 男, 甘肃通渭人, 助理研究员, 博士。E-mail: zhangjb9122@163.com

\* 通信作者 Corresponding author. E-mail: 277036818@qq.com

Autonomous County, Minhe 810800, China

**Abstract:** This study aimed to investigate the effects of supplemental feeds with different energy levels on the growth rate of yaks. A total of 27 one-year-old yaks with similar initial body weights were randomly divided into three groups, with nine yaks per group. The three groups were fed concentrate feeds with low (LG), medium (MG), and high (HG) energy levels. The pre-feeding period lasted for 7 days, followed by a formal feeding period of 110 days. The production performance, blood biochemical indices, and rumen microbial communities of growing yaks were measured during the growth period. The results show that: 1) At the end of the trial, there were no significant differences in final body weight, average daily gain, and average daily feed intake among the LG, MG, and HG groups ( $P > 0.05$ ). However, compared with the initial body weight, the final body weight of yaks in the LG, MG, and HG groups was increased by 79.91%, 82.27%, and 86.16%, respectively. 2) The concentrations of growth hormone, insulin-like growth factor 1, and insulin-like growth factor 2 in serum were significantly higher in the HG group than in the LG group ( $P < 0.05$ ), whereas the total antioxidant capacity in serum was significantly lower in the HG group than in the LG group ( $P < 0.05$ ). Other serum biochemical indicators tended to increase with increasing energy levels in the diet but the differences among the three groups were not significant ( $P > 0.05$ ). 3) There was no significant difference in the alpha and beta diversity of rumen microbial communities among the three groups. However, taxa such as *Atopobium*, *UCG-005*, *Lachnospiraceae\_UCG-008*, and *Eubacterium* were significantly enriched in the rumen of the HG group ( $P < 0.05$ ), and microbial communities dominated by *norank\_o\_Clostridia\_UCG-014* and *Prevotellaceae\_UCG-001* were significantly enriched in the rumen of the LG group ( $P < 0.05$ ). 4) Mantel tests revealed that the abundance of *Succinivlasticum* in the rumen was significantly negatively correlated with the total cholesterol and high-density lipoprotein cholesterol levels in the blood ( $P < 0.05$ ), and the abundance of *Xylanibacter* was significantly negatively correlated with the non-esterified fatty acid concentration in the blood ( $P < 0.05$ ). The results of this study indicate that increasing the energy level of concentrated feed can increase the levels of hormones such as growth hormone and enhance the diversity of rumen microbial communities, thereby improving the growth rate of yaks.

**Key words:** growth period; confined yaks; supplemental feed; productive performance; rumen microbiota

牦牛(*Bos grunniens*)作为青藏高原特有的反刍动物,经过长期自然选择和人工驯化已形成独特的高寒适应性,其不仅是高原生态系统的重要组成部分,更是维系当地牧民经济生活的关键畜种<sup>[1-2]</sup>。然而,受限于高寒草地生产系统季节性波动,冷季牧草供给在数量和质量上的急剧下降,导致传统放牧模式下牦牛长期陷入“夏壮—秋肥—冬瘦—春乏”的生长恶性循环<sup>[1,3]</sup>。这种周期性营养不良不仅造成个体增重效率低下,更使牧民面临严重的经济损失,故探索发展牦牛舍饲育肥技术对保障牧民财产安全至关重要。

反刍动物营养学研究揭示,瘤胃微生物群落可通过发酵植物纤维生成挥发性脂肪酸、维生素、微生物蛋白等微生物代谢产物,其中挥发性脂肪酸可为宿主提供约70%以上的日常代谢能量<sup>[4-5]</sup>。牦牛在冷季自然放牧条件下体重呈负增长<sup>[6]</sup>,而在完全舍饲条件下适当增加精补料的供给可显著提高牦牛生产性能<sup>[7]</sup>。研究发现,牦牛瘤胃菌群结构与饲粮能量水平呈显著相关,当饲粮综合净能从3.72提升至5.32 MJ·kg<sup>-1</sup>时,舍饲牦牛平均日增重呈2.7倍增长,且伴随瘤胃上皮挥发性脂肪酸转运载体基因的显著上调<sup>[8]</sup>,这提示通过精准调控饲粮能量水平改善微生物代谢活性,可能会成为突破牦牛冷季舍饲生产瓶颈的有效途径。同时,有研究表明通过饲喂高精料饲粮可提高牦牛瘤胃优势菌群的丰度,增强碳水化合物代谢途径,进而提高牦牛生产性能<sup>[9]</sup>。

基于此,本研究以27头1周岁龄健康牦牛为对象,设置低、中、高3个能量梯度的精补料组,系统探究不同能量水平精补料对生长期舍饲牦牛生长性能、血液生化指标和瘤胃微生物群落结构等的影响,为后期研究建立不同时期舍饲牦牛的能量—微生物—生长性能调控模型以及优化高寒地区牦牛育肥方案提供理论依据。

## 1 材料与方 法

### 1.1 试验设计

饲养试验于2024年4—8月在青海省果洛州玛沁县青海众磊生物科技有限公司内进行。选择健康、年龄相近的1周岁左右牦牛27头,平均体重为(93.74±2.35) kg,将其随机分为3组,每组3栏,每栏3头牛。依据精补料能量水平不同,分为低能量组(low energy group, LG)、中能量组(medium energy group, MG)和高能量组(high energy group, HG)。粗饲料为燕麦(*Avena sativa*)青干草,精料补充料按照精粗比50:50的比例添加。试验牛每天饲喂两次(早上7:00,下午16:00),圈舍饲喂,自由采食与饮水,定期打扫卫生,保持圈舍通风。预饲期7 d,正饲期110 d。

### 1.2 试验饲料设计

精料补充料的配置参照中国肉牛饲养标准(NY/T 815—2004)<sup>[10]</sup>中推荐的肉牛营养推荐值设计,以玉米(*Zea mays*)、玉米胚芽粕、小麦(*Triticum aestivum*)次粉、玉米全干酒糟(distillers dried grains with solubles, DDGS)、大豆(*Glycine max*)粕、棉籽粕、菜籽粕、硫酸钙、添加剂预混料等组成。原料成分和能量水平见表1。

### 1.3 生长性能测定

正式试验开始前,根据试验设计选取27头体重相近的1岁牦牛空腹测定初始体重(initial body weight, IBW);正饲期110 d后测定终末体重(final body weight, FBW),计算每头牛平均日增重(average daily weight gain, ADG)。计算公式为:ADG=(FBW-IBW)/试验天数。

试验期间,每月记录1次各分组牦牛总的青干草饲喂量和精补料饲喂量,记录每组牦牛每月精补料和粗饲料的总采食量,用以计算日平均干物质采食量(average dry matter intake, ADMI)。计算公式为:ADMI=试验期内总干物质采食量/试验天数;料重比(feed/gain, F/G)=ADMI/ADG。

### 1.4 样品采集

试验期结束后,在晨饲前对各试验组牦牛进行颈静脉采血10 mL,室温静置凝固后,4℃、3500 r·min<sup>-1</sup>离心15 min,将上清液转移至离心管中,放至-20℃冰箱保存,用于后续血清生化指标及激素含量的分析。同时,在晨饲前对各试验组牦牛使用瘤

表1 不同能量水平精补料组成及营养水平(干物质基础)

Table 1 Composition and nutritional levels of concentrated feed at different energy levels (based on dry matter)

项目 Items	低能量组 LG group	中能量组 MG group	高能量组 HG group
原料配比 Ingredient ratio			
玉米 Corn (%)	35.20	34.90	42.90
玉米胚芽粕 Corn germ meal (%)	18.00	20.70	13.37
小麦次粉 Wheat middlings (%)	15.80	10.87	13.00
玉米全干酒糟 Corn distillers dried grains with solubles (%)	10.57	10.50	10.00
稻壳粉 Rice hull powder (%)	6.00	8.00	5.50
大豆粕 Soybean meal (%)	4.40	5.00	5.20
棉籽粕 Cottonseed meal (%)	3.00	3.00	3.00
菜籽粕 Rapeseed meal (%)	3.00	3.00	3.00
石粉 Mountain flour (%)	1.38	1.38	1.38
硫酸钙 Calcium sulfate (%)	1.00	1.00	1.00
食盐 Salt (%)	1.00	1.00	1.00
蒙脱石 Montmorillonite (%)	0.20	0.20	0.20
复合微量元素 Complex trace elements <sup>1)</sup> (%)	0.20	0.20	0.20
防霉剂 Mold inhibitor (%)	0.08	0.08	0.08
氯化胆碱 Choline chloride (%)	0.06	0.06	0.06
复合酶制剂 Composite enzyme preparation (%)	0.03	0.03	0.03
地衣芽孢杆菌 <i>Bacillus licheniformis</i> (%)	0.03	0.03	0.03
抗氧化剂 Antioxidant (%)	0.02	0.02	0.02
甜菜碱 Betaine (%)	0.02	0.02	0.02
复合维生素 Multivitamin <sup>2)</sup> (%)	0.02	0.02	0.02
枯草芽孢杆菌 <i>Bacillus cereus</i> (%)	0.01	0.01	0.01
营养水平 Nutritional level <sup>3)</sup>			
干物质 Dry matter (%)	89.86	89.05	88.36
粗蛋白 Crude protein (%)	15.30	16.06	17.71
粗纤维 Crude fiber (%)	20.74	14.68	8.28
粗脂肪 Ether extract (%)	4.27	4.34	4.36
钙 Calcium (%)	1.02	1.01	1.00
总磷 Phosphorus (%)	0.46	0.45	0.48
消化能 Digestibility coefficient (MJ·kg <sup>-1</sup> )	2.66	3.02	3.38

<sup>1)</sup>复合微量元素 Compound trace elements: 铜(Cu)28.43 mg·kg<sup>-1</sup>, 铁(Fe)267.15 mg·kg<sup>-1</sup>, 锰(Mn)92.95 mg·kg<sup>-1</sup>, 锌(Zn)152.27 mg·kg<sup>-1</sup>, 碘(I)1.09 mg·kg<sup>-1</sup>, 钴(Co)0.69 mg·kg<sup>-1</sup>, 硒(Se)0.28 mg·kg<sup>-1</sup>。<sup>2)</sup>复合维生素 Multivitamin: 维生素A(V<sub>A</sub>)6.49 KIU·kg<sup>-1</sup>, 维生素D3(V<sub>D3</sub>)0.53 KIU·kg<sup>-1</sup>, 维生素E(V<sub>E</sub>)67.31 mg·kg<sup>-1</sup>, β胡萝卜素(β carotene)3.22 mg·kg<sup>-1</sup>。<sup>3)</sup>消化能为计算值,其余为实测值。Digestibility coefficient was a calculated value, while the others were measured values.

胃液采集管经口腔插入瘤胃采集瘤胃液,将最初采集的丢弃,收集最后采集的瘤胃液置于 5 mL 冻存管,经液氮冻存后置于 $-80^{\circ}\text{C}$ 超低温保存,用于测定瘤胃微生物群落组成。

### 1.5 血液生化指标检测

宿主血液代谢物主要检测血清中的血糖(glucose, GLU)、甘油三酯(triacylglycerols, TG)、总胆固醇(total cholesterol, TC)、低密度脂蛋白胆固醇(low density lipoprotein cholesterol, LDL)、高密度脂蛋白胆固醇(high density lipoprotein cholesterol, HDL)浓度,使用迈瑞 BS-240VET 全自动血液生化仪(迈瑞公司,中国深圳)进行检测。血清中游离脂肪酸(non-esterified fatty acid, NEFA)和丙二醛(malondialdehyde, MDA)浓度,总抗氧化能力(total antioxidant capacity, T-AOC)和谷胱甘肽过氧化酶(glutathione peroxidase, GSH-Px)活性按照试剂盒(南京建成,中国江苏)的检测说明进行测定。血清中的生长激素(growth hormone, GH)、胰岛素(insulin, INS)、胰岛素样生长因子 1(insulin-like growth factor 1, IGF-1)、胰岛素样生长因子 2(insulin-like growth factor 2, IGF-2)使用酶联免疫吸附试验(enzyme-linked immunosorbent assay, ELISA)试剂盒(上海茁彩,中国上海)测定。

### 1.6 瘤胃微生物群落多样性检测

采用十六烷基三甲基溴化铵(cetyltrimethylammonium bromide, CTAB)法提取瘤胃液微生物基因组 DNA。采用 NANODROP LITE 分光光度计(Thermo Scientific, 美国)评估 DNA 含量和质量。使用通用引物对(341F 和 806R)扩增 16S rRNA 基因 V3—V4 区域。PCR 反应条件如下: $98^{\circ}\text{C}$  预变性 1 min, 随后进行 30 个循环: $98^{\circ}\text{C}$  变性 10 s,  $50^{\circ}\text{C}$  退火 30 s,  $72^{\circ}\text{C}$  延伸 30 s, 最后  $72^{\circ}\text{C}$  延伸 5 min。PCR 产物使用 Qiagen 凝胶提取试剂盒(Qiagen, 德国)进行富集和纯化。使用 Illumina TruSeq® DNA PCR-Free 样本制备试剂盒(Illumina, 美国)根据制造商推荐的协议制备测序文库。在检测库质量后,使用 Illumina NovaSeq 平台进行测序,采用 250 bp 配对末端测序模式,将原始双端序列导入 QIIME2(版本 2022.2),使用默认流程进行质控、拼接、产生扩增子序列变异体(amplicon sequence variants, ASVs),使用 Silva 数据库(<https://www.arb-silva.de>)对细菌进行分类注释。利用 QIIME 估算物种丰富度 Chao 1 和 Shannon 等 Alpha 多样性指数。采用非参数 Kruskal-Wallis 检验分析不同能量水平精补料对舍饲生长期牦牛瘤胃微生物群落的 Alpha 多样性的影响<sup>[11]</sup>。利用 Bray-Curtis 距离矩阵进行非度量多维尺度分析(non-metric multidimensional scaling, NMDS),分析瘤胃微生物群落的 Beta 多样性,并利用相似性分析(analysis of similarities, ANOSIM)检验各组差异。利用 Circos 软件对各组间牦牛瘤胃微生物群落组成进行可视化分析<sup>[12]</sup>。采用 Kruskal-Wallis 秩和检验来确定不同组间瘤胃微生物群落结构是否随精补料能量水平变化。基于 Mantel 检验对不同组间牦牛瘤胃微生物群落与其血液生化指标间的相关性进行分析。

### 1.7 统计分析

采用 Excel 2016 整理试验数据,利用 R(version 4.3.1)软件的 aov 函数对试验数据进行单因素方差分析,结合 LSD.test 函数进行各组间的多重比较检验,结果用平均值±标准误(standard error of mean, SEM)表示。\*或  $P < 0.05$  为差异显著,\*\*或  $P < 0.01$  为差异极显著, $P > 0.05$  为差异不显著。

## 2 结果与分析

### 2.1 不同能量水平精补料对生长期牦牛生产性能及血液代谢物的影响

随着精补料能量水平的升高,生长期舍饲牦牛 FBW、ADG 均呈升高趋势,但各组间无显著差异(表 2,  $P > 0.05$ )。低能量组、中能量组和高能量组的 FBW 较 IBW 分别提高了 79.91%、82.27% 和 86.16%。随着精补料能量水平的升高,各组牦牛 ADMI 逐渐降低,且料重比差异不显著( $P > 0.05$ )。同时,高能量组的生长期舍饲牦牛血清中 GH、IGF-1 和 IGF-2 浓度显著高于低能量组( $P < 0.05$ ),但与中能量组无显著差异( $P > 0.05$ )。与低能量组相比,高能量组牦牛血清中 T-AOC 显著降低( $P < 0.05$ ),中能量组牦牛血清中 INS 浓度显著升高( $P < 0.05$ ),而其他血清生化指标有升高趋势但各组间无显著差异( $P > 0.05$ )。

### 2.2 不同能量水平精补料对生长期牦牛瘤胃微生物群落多样性的影响

与 LG 组相比, HG 和 MG 组的生长期牦牛瘤胃微生物群落的物种丰富度 Chao 1 指数和物种多样性 Shannon 指数呈增加趋势,但各组间无显著差异(图 1A, B,  $P > 0.05$ )。为进一步评估饲喂不同能量水平精补料对生长期

表2 不同能量水平精补料对生长期牦牛生产性能及血液代谢物的影响

Table 2 Effects of different energy concentrate supplement on production performance and blood metabolites of growing yaks

项目 Items	低能量组 LG group	中能量组 MG group	高能量组 HG group	均值标准误 SEM	P值 P-value
生产性能指标 Index of production performance					
初始体重 IBW (kg)	93.72a	93.94a	93.56a	2.35	0.998
终末体重 FBW (kg)	168.61a	171.22a	174.17a	3.17	0.787
平均日增重 ADG (kg·d <sup>-1</sup> )	0.62a	0.64a	0.67a	0.02	0.507
平均采食量 ADMI (kg·d <sup>-1</sup> )	3.80a	3.71a	3.75a	0.07	0.887
料重比 F/G	6.20a	5.79a	5.64a	0.15	0.310
血清生化指标 Biochemical indices of blood					
血糖 GLU (mmol·L <sup>-1</sup> )	2.54a	2.48a	2.74a	0.14	0.763
甘油三酯 TG (mmol·L <sup>-1</sup> )	0.36a	0.37a	0.35a	0.02	0.948
总胆固醇 TC (mmol·L <sup>-1</sup> )	1.33a	1.26a	1.34a	0.09	0.922
高密度脂蛋白胆固醇 HDL (mmol·L <sup>-1</sup> )	0.87a	0.80a	0.88a	0.06	0.848
低密度脂蛋白胆固醇 LDL (mmol·L <sup>-1</sup> )	0.33a	0.35a	0.34a	0.02	0.928
游离脂肪酸 NEFA (mmol·L <sup>-1</sup> )	0.052a	0.097a	0.073a	0.02	0.580
总抗氧化能力 T-AOC (U·mL <sup>-1</sup> )	3.40a	2.40ab	1.41b	0.27	0.006**
丙二醛 MDA (nmol·mL <sup>-1</sup> )	1.96a	1.70a	1.50a	0.19	0.615
谷胱甘肽过氧化物酶 GSH-Px (U·mL <sup>-1</sup> )	62.39a	45.95a	68.59a	5.15	0.199
生长激素 GH (ng·mL <sup>-1</sup> )	1.86b	2.73a	2.84a	0.16	0.015*
胰岛素 INS (mIU·L <sup>-1</sup> )	2.77b	4.17a	3.02b	0.20	0.006**
胰岛素样生长因子1 IGF-1 (ng·mL <sup>-1</sup> )	30.61b	54.97a	53.09a	3.42	0.002**
胰岛素样生长因子2 IGF-2 (ng·mL <sup>-1</sup> )	5.29b	7.22a	7.60a	0.39	0.027*

同行不同小写字母表示差异显著 ( $P < 0.05$ )。\*代表  $P < 0.05$ ; \*\*代表  $P < 0.01$ 。Different lowercase letters in the same row indicate significant difference ( $P < 0.05$ ). \*:  $P < 0.05$ ; \*\*:  $P < 0.01$ . LG: Low energy group. MG: Medium energy group. HG: High energy group.

牦牛瘤胃微生物群落结构的影响,基于 Bray-Curtis 距离的 NMDS 比较了 LG、MG 和 HG 组的牦牛瘤胃微生物群落结构,发现饲喂不同能量水平精补料对生长期牦牛瘤胃微生物群落结构的影响差异显著(图 1C,  $P = 0.025$ ),且 HG 组牦牛瘤胃样本相对于其他两组样本比较集中。基于零和模型发现 LG 组牦牛微生物群落的组成主要受随机性过程的扩散限制、漂变和其他生态过程的影响;MG 组牦牛微生物群落的组成不仅受随机性过程的扩散限制、漂变和其他生态过程的影响,还受确定性过程的同质化选择过程的影响;HG 组牦牛微生物群落的组成不仅受随机性过程的扩散限制、漂变和其他生态过程的影响,还受确定性过程的异质化选择过程的影响(图 1D)。

### 2.3 不同能量水平精补料对生长期牦牛瘤胃微生物群落组成的影响

基于 Upset 聚类分析,发现 LG、MG 和 HG 组生长期牦牛瘤胃分别注释到 6998、6942 和 6931 个 ASVs,其中 LG、MG 和 HG 组共有的 ASVs 有 1380 个,而 LG 组特有的 ASVs 有 4615 个,MG 组特有的 ASVs 有 4529 个,HG 组特有的 ASVs 有 4615 个(图 2A)。在门水平,不同组间生长期牦牛瘤胃微生物群落组成主要为芽孢杆菌门(Bacillota)、拟杆菌门(Bacteroidota)、放线菌门(Actinomycetota)和酸杆菌门(Patescibacteria),约占 95% 以上(图 2B)。如图 2C 所示,不同组间牦牛瘤胃微生物群落组成在科水平上的优势菌群主要为普雷沃氏菌科(Prevotellaceae)、毛螺菌科(Lachnospiraceae)、理研菌科(Rikenellaceae)、颤螺旋菌科(Oscillospiraceae)、瘤胃菌科(Ruminococcaceae)和克里斯滕森菌科(Christensenellaceae);而 *Xylanibacter*、理研菌科 RC9 肠菌属(*Rikenellaceae\_RC9\_gut\_group*)、克里斯滕森菌科 R-7 菌属(*Christensenellaceae\_R-7\_group*)、瘤胃球菌属(*Ruminococcus*)等为不同组间牦牛瘤胃微生物群落组成在属水平上的优势菌群(图 2D)。

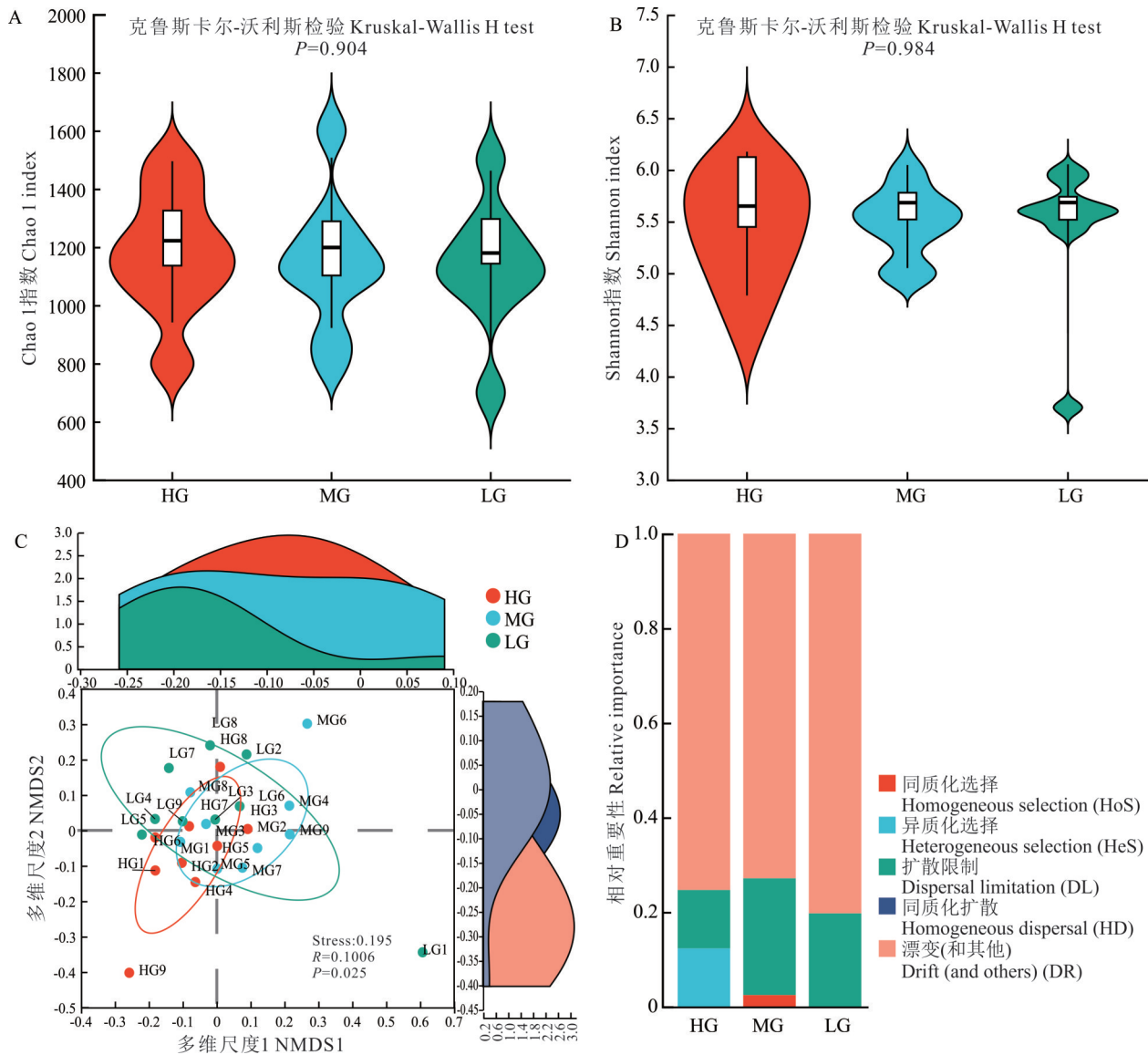


图 1 不同能量水平精补料对生长期牦牛瘤胃微生物群落多样性的影响

Fig. 1 Effects of different energy supplements on rumen microbial community diversity in growing yaks

A、B 分别为瘤胃微生物群落 Alpha 多样性的 Chao 1 指数和 Shannon 指数；C 为瘤胃微生物群落 Beta 多样性的 NMDS 图；D 为零和模型解释各组间牦牛瘤胃微生物群落组成的影响因素。LG：低能量组；MG：中能量组；HG：高能量组，下同。A and B represent the Chao 1 index and Shannon index of the rumen microbial community Alpha diversity, respectively; C is the NMDS plot of the rumen microbial community Beta diversity; D shows the influencing factors of the rumen microbial community composition in yaks among the groups. LG: Low energy group; MG: Medium energy group; HG: High energy group, the same below.

2.4 不同能量水平精补料对生长期牦牛瘤胃微生物群落影响差异分析

为进一步确定不同能量水平精补料对生长期牦牛瘤胃微生物群落的影响，采用线性判别分析效应大小 (linear discriminant analysis effect size, LEfSe) 分析来确定不同组间瘤胃微生物群落结构是否随精补料能量水平变化 (图 3)。在科水平，放线菌科 (Anaerovoracaceae)、PeH15 在 HG 组生长期牦牛瘤胃微生物群落中显著富集 ( $P < 0.05$ )，而拟杆菌目 BS11 肠菌科 (Bacteroidales\_BS11\_gut\_group)、立克次氏体目未定名菌科 (norank\_o\_Rickettsiales) 等在 MG 组生长期牦牛瘤胃微生物群落中显著富集 ( $P < 0.05$ )，梭菌纲 UCG-014 未定名菌科 (norank\_o\_Clostridia\_UCG-014) 在 LG 组生长期牦牛瘤胃微生物群落中显著富集 ( $P < 0.05$ )。在属水平，奇异菌属 (*Atopobium*)、UCG-005、毛螺旋菌科 UCG-008 菌属 (*Lachnospiraceae\_UCG-008*)、真/优杆菌属 (*Eubacterium*) 等在 HG 组生长期牦牛瘤胃微生物群落中显著富集 ( $P < 0.05$ )，而奎因氏菌属 (*Quinella*)、拟杆菌

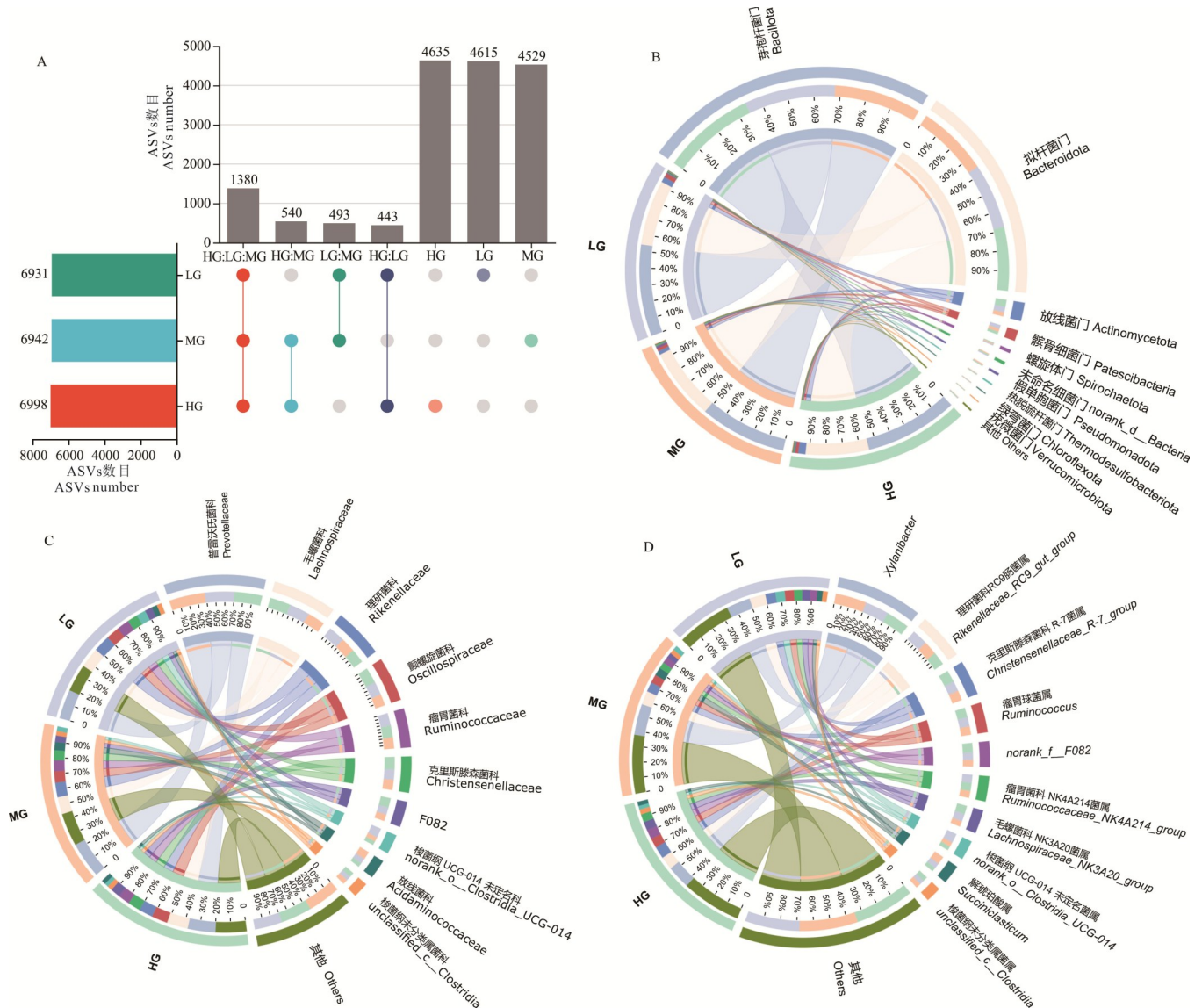


图2 不同能量水平精补料对生长期牦牛瘤胃微生物群落组成的影响

Fig. 2 The effect of different energy levels of supplementary feed on the composition of the rumen microbial community in growing yaks

A为不同组间牦牛瘤胃微生物的Upset分析;B为门水平瘤胃微生物群落组成;C为科水平瘤胃微生物群落组成;D为属水平瘤胃微生物群落组成。A represents the Upset analysis of rumen microbial communities among different groups; B represents the rumen microbial community composition at phylum level; C represents the rumen microbial community composition at family level; D represents the rumen microbial community composition at genus level.

目BS11肠菌科未定名菌属(*norank\_f\_\_Bacteroidales\_BS11\_gut\_group*)等在MG组生长期牦牛瘤胃微生物群落中显著富集( $P < 0.05$ ),梭菌纲UCG-014未定名菌属(*norank\_o\_\_Clostridia\_UCG-014*)、普雷沃菌科UCG-001菌属(*Prevotellaceae\_UCG-001*)等在LG组生长期牦牛瘤胃微生物群落中显著富集( $P < 0.05$ )。

### 2.5 影响生长期牦牛瘤胃微生物群落结构变化的因素分析

基于Mantel检验进一步确定不同能量水平精补料对生长期牦牛瘤胃微生物群落在属水平的物种组成与宿主血液代谢物间的关系,发现宿主血液GLU、TG、TC与HDL、LDL浓度呈显著正相关( $P < 0.05$ ),且GH与INS、IGF-1和IGF-2浓度呈显著正相关( $P < 0.05$ ),而INS与TG、TC和HDL浓度呈显著负相关( $P < 0.05$ );同时,LG组牦牛瘤胃微生物群落在属水平的物种组成与其宿主血液中的T-AOC和IGF-2呈显著正相关(图4A,  $P < 0.05$ )。同时,解琥珀酸菌属(*Succinivibrio*)与宿主血液中的TC和HDL呈显著负相关( $P < 0.05$ ),

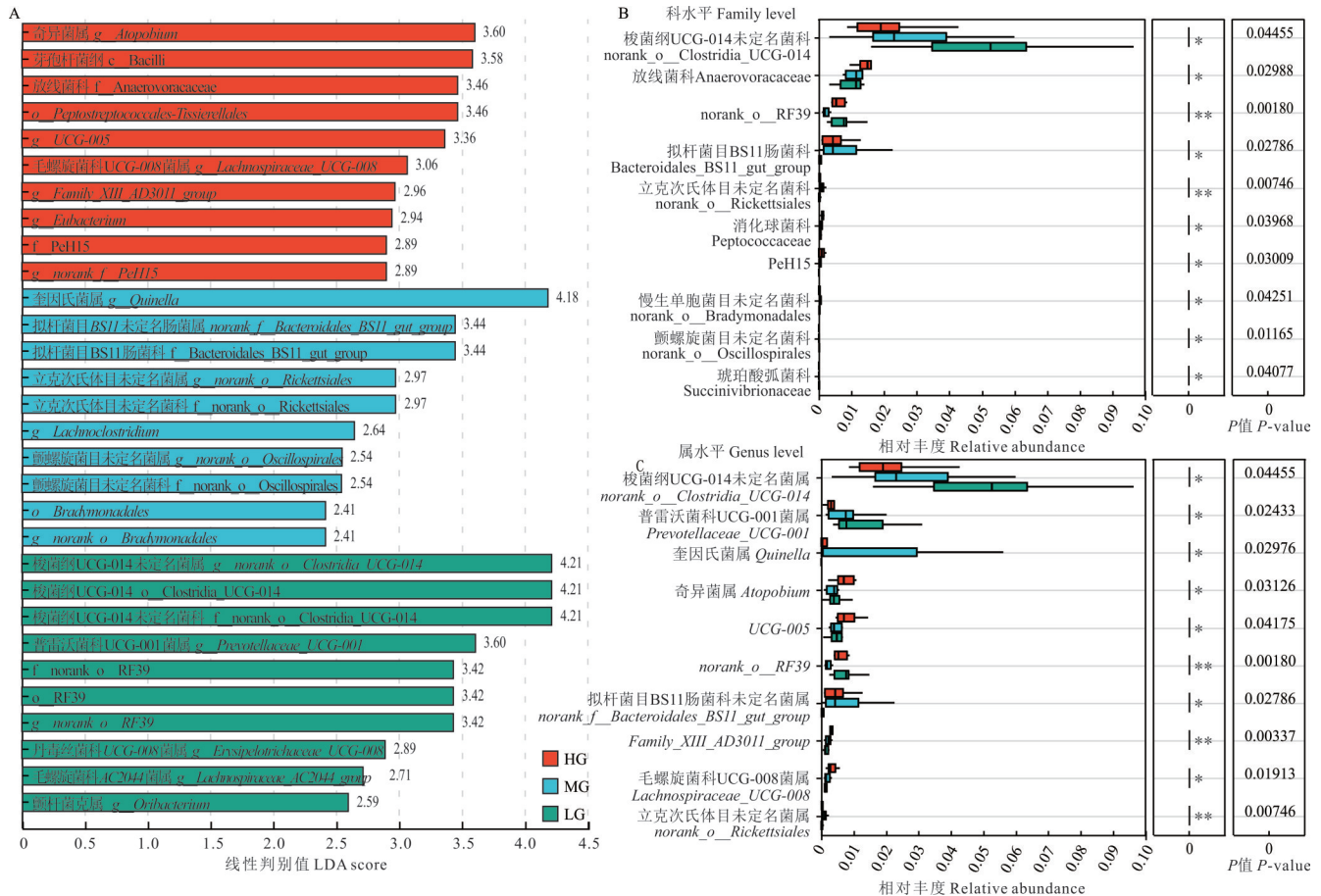


图 3 不同能量水平精补料对生长期牦牛瘤胃微生物群落影响差异分析

Fig. 3 Analysis of differences in rumen microbial communities of yaks during growth periods under different energy levels of supplementary feed

A: 基于 LEfSe 分析不同组间牦牛瘤胃微生物群落组成差异; B: 基于 Kruskal-Willis 秩和检验分析不同组间瘤胃微生物群落在科水平的差异; C: 基于 Kruskal-Willis 秩和检验分析不同组间瘤胃微生物群落在属水平的差异。\*代表  $P < 0.05$ ; \*\*代表  $P < 0.01$ 。A: Based on LEfSe analysis, the differences in rumen microbial community composition among different groups were examined; B: Based on Kruskal-Willis rank sum test, the differences in rumen microbial communities at the family level among different groups were analyzed; C: Based on Kruskal-Willis rank sum test, the differences in rumen microbial communities at the genus level among different groups were analyzed. \*:  $P < 0.05$ ; \*\*:  $P < 0.01$ .

*Xylanibacter* 与宿主血液中的 NEFA 浓度呈显著负相关 ( $P < 0.05$ )。此外, 研究发现宿主血液 NEFA 浓度与瘤胃 *norank\_f\_F082* 和 *norank\_f\_[Eubacterium]\_coprostanoligenes\_group* 呈显著正相关 ( $P < 0.05$ ), 且 GSH-Px 与 *norank\_f\_Muribaculaceae* 和理研菌科 RC9 肠菌属呈显著正相关 ( $P < 0.05$ ), 而 IGF-1 与聚乙酸菌属 (*Acetitomaculum*) 呈显著正相关 (图 4B,  $P < 0.05$ )。

### 3 讨论

牦牛作为青藏高原特有的反刍动物, 其独特的生理适应性与季节性营养匮乏的矛盾, 一直是高原畜牧业研究的核心问题, 故探索发展牦牛舍饲育肥技术对保障牧民财产安全至关重要。以往研究多聚焦于牦牛基础日粮的粗纤维供给或冷季放牧补饲策略等方面, 但对于生长期舍饲牦牛的不同能量水平精补料如何调控瘤胃微生物群落进而影响其生产性能的研究鲜有系统探讨。本研究将生产性能、血液代谢指标与瘤胃微生物组学整合分析, 揭示了不同能量水平精补料对牦牛暖季舍饲生长阶段生产性能提升的响应机理。

#### 3.1 不同能量水平精补料对舍饲生长期牦牛生产性能及血液代谢的影响

为了改善现有的传统饲养管理模式, 提高牦牛的生产性能和出栏率, 本研究探讨了不同能量水平的精补料对

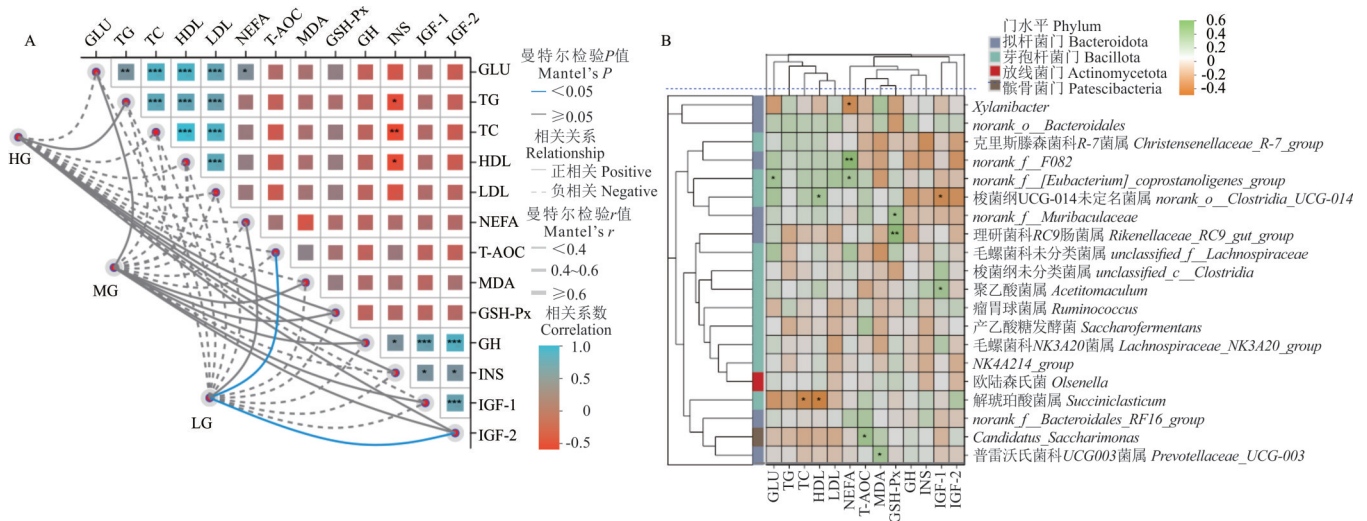


图4 影响生长期牦牛瘤胃微生物群落结构变化的因素分析

Fig. 4 Analysis of factors influencing the changes in rumen microbial community structure of yaks during the growth period

A: 不同组间牦牛瘤胃微生物在属水平上的群落组成与宿主血液生化指标间的相关性; B: 瘤胃微生物群落在属水平物种相对丰度前20的物种与宿主血液生化指标间的 Spearman 相关性分析。GLU: 血糖; TG: 甘油三酯; TC: 总胆固醇; LDL: 低密度脂蛋白胆固醇; HDL: 高密度脂蛋白胆固醇; NEFA: 游离脂肪酸; MDA: 丙二醛; T-AOC: 总抗氧化能力; GSH-Px: 谷胱甘肽过氧化酶; GH: 生长激素; INS: 胰岛素; IGF-1: 胰岛素样生长因子1; IGF-2: 胰岛素样生长因子2。A: The correlation between the community composition of yak rumen microbiota at the genus level and the host's blood biochemical indicators among different groups; B: The Spearman correlation analysis between the top 20 species in the rumen microbiota at the genus level and the host's blood biochemical indicators. GLU: glucose; TG: triacylglycerols; TC: total cholesterol; LDL: low density lipoprotein cholesterol; HDL: high density lipoprotein cholesterol; NEFA: non-esterified fatty acid; MDA: malondialdehyde; T-AOC: total antioxidant capacity; GSH-Px: glutathione peroxidase; GH: growth hormone; INS: insulin; IGF-1: insulin-like growth factor 1; IGF-2: insulin-like growth factor 2.

牦牛暖季时舍饲育肥中生产效益的提升情况。在传统放牧模式下,因冷季牧草短缺、营养供应不足等条件导致牦牛在整个漫长的冬天都处于营养不良状态,故冷季结束时其体重会出现大幅下降<sup>[1]</sup>。本研究发现,试验末期LG、MG和HG组的牦牛终末体重与试验初期相比均分别提高了79.91%、82.27%和86.16%,且低、中、高能量组牦牛的ADG分别达到0.62、0.64和0.67 kg·d<sup>-1</sup>,而与低、中能量组牦牛相比,高能量组牦牛的ADG增加更快,表明在暖季时期提高精补料能量水平对提升生长期舍饲牦牛的生产需要,改善生产性能具有促进作用。研究表明,在完全舍饲条件下适当增加精补料的供给可显著提高牦牛的日增重<sup>[13]</sup>,本研究结果与之相似。此外,在冷季条件下,通过对牦牛进行舍饲可显著提升其生长性能、营养代谢,优化血清生化指标,增加了牦牛的养殖效益<sup>[14-15]</sup>。上述结果表明,在舍饲过程中提高精补料的能量水平可提升牦牛生产性能。

血清生化指标是衡量动物生理机能和健康状况的重要指标<sup>[16]</sup>。GH对机体的新陈代谢过程具有重要的调控作用,如增加肝脏中糖异生作用,减少脂肪组织中脂肪生成并促进脂肪水解,加速蛋白质的生物合成过程,而IGF-1和IGF-2的释放则会协助GH发挥作用<sup>[17-18]</sup>。本研究发现,随着精补料能量水平的升高提高了牦牛血清生化指标的浓度,其中高能量组生长期舍饲牦牛血清中GH、IGF-1和IGF-2浓度显著高于低能量组( $P < 0.05$ ),而其他血清生化指标有升高趋势但各组间无显著差异,这也进一步表明了暖季牦牛舍饲生长阶段高营养精补料可提高牦牛生产性能,带来更高的经济效益。有研究也发现,随着饲料能量水平增加可使牦牛血清中INS、IGF-1浓度上升<sup>[19]</sup>,本试验结果与此一致。同样,有研究发现暖季补饲牦牛血清INS浓度随着摄入能量的增加而显著上升<sup>[20]</sup>。Zhang等<sup>[21]</sup>在黄牛中也发现随饲料能量水平的升高其血液中GLU、TG、GH(生长激素)、HDL和LDL浓度也呈升高趋势,本试验结果与此一致。然而,随着日粮能量水平的升高,冷季舍饲状态的牦牛血清能量代谢指标和脂肪代谢指标均显著升高,且其生产性能也随之提高<sup>[22]</sup>。本研究发现,与LG组相比,HG组牦牛血清中T-AOC显著降低( $P < 0.05$ ),这也间接表明在暖季牦牛舍饲生长阶段提高精补料能量水平可提高牦牛抗氧化能力进而改善其生产性能。

### 3.2 不同能量水平精补料对舍饲生长期牦牛瘤胃微生物群落的影响

反刍动物瘤胃微生物群落通过发酵植物纤维生成挥发性脂肪酸、维生素、微生物蛋白等微生物代谢产物,其中挥发性脂肪酸可为宿主提供约 70% 以上的日常代谢能量<sup>[4-5,23-25]</sup>。厚壁菌门能将胃肠道内的纤维类物质分解为短链脂肪酸供宿主利用,而拟杆菌门主要降解碳水化合物并促进胃肠道免疫系统的发育<sup>[26-28]</sup>。本研究发现生长期牦牛瘤胃微生物群落在门水平上以芽孢杆菌门(原名厚壁菌门)、拟杆菌门为主,这与反刍动物瘤胃菌群的典型特征一致<sup>[29-31]</sup>。随着精补料能量水平的升高,LG、MG 和 HG 组的舍饲生长期牦牛瘤胃微生物群落 Alpha 多样性呈增加的趋势但各组间无显著差异( $P>0.05$ ),而各组间牦牛瘤胃微生物群落 Beta 多样性有显著差异( $P<0.05$ ),且 LG 组牦牛瘤胃微生物群落组成主要受随机性过程影响,而 MG 和 HG 组牦牛瘤胃微生物群落组成主要受随机性过程和确定性过程的影响。研究表明,瘤胃球菌科和毛螺菌科是厚壁菌门的重要组成部分,是产生丁酸的细菌,通过将植物细胞壁中的膳食纤维消化为短链脂肪酸为宿主提供能量<sup>[32-33]</sup>。本研究发现,奇异菌属、UCG-005、毛螺旋菌科 UCG-008 菌属、真/优杆菌属等在 HG 组生长期牦牛瘤胃微生物群落中显著富集,奎因氏菌属、拟杆菌目 BS11 肠菌科未定名菌属等在 MG 组生长期牦牛瘤胃微生物群落中显著富集,普雷沃菌科 UCG-001 菌属在 LG 组生长期牦牛瘤胃微生物群落中显著富集。研究表明,理研菌科可能与初级和次级碳水化合物的降解有关<sup>[34]</sup>,而拟杆菌科(Bacteroidaceae)可以降解不同的植物多糖,但对人体的研究表明,它们对纤维补充物无有效反应<sup>[35]</sup>。日粮中低发酵纤维和高能高蛋白饲料有利于拟杆菌科细菌的生长<sup>[36]</sup>。最近的一项研究表明瘤胃球菌科、理研菌科、拟杆菌科和毛螺菌科与肠道健康相关<sup>[37]</sup>。这些发现提示,高能量水平的精补料可能通过选择性富集功能菌群,重塑宿主能量代谢与氧化还原平衡的调控网络。同时,Mantel 检验也进一步确定了不同能量水平精补料对生长期牦牛瘤胃微生物群落在属水平的物种组成与宿主血液代谢物间的关系,发现 LG、MG 和 HG 组舍饲生长期牦牛瘤胃微生物群落在属水平的物种组成分别与其宿主血液中的 GLU、TG、TC 与 HDL、LDL 浓度呈显著正相关,且 GH 与 INS、IGF1 和 IGF2 浓度呈显著正相关,而 INS 与 TG、TC 和 HDL 浓度呈显著负相关。同时,发现琥珀酸菌属与宿主血液中的 TC 和 HDL 呈显著负相关,*Xylanibacter* 与宿主血液中的 NEFA 浓度呈显著负相关。研究发现,琥珀酸菌属的主要代谢产物主要为琥珀酸和乙酸<sup>[38-39]</sup>,可将琥珀酸专性代谢为丙酸<sup>[40]</sup>,而丙酸不仅是重要的能量底物,还能通过激活肝脏过氧化物酶体增殖物激活受体增强抗氧化酶表达<sup>[23]</sup>。值得注意的是,*Xylanibacter* 可以水解纤维素和木聚糖,增加肠道内的短链脂肪酸的浓度<sup>[25]</sup>。尽管本研究受样本量较少、未监测瘤胃挥发性脂肪酸浓度和瘤胃微生物代谢组数据影响,但本研究结果仍提示暖季高寒地区舍饲牦牛生长阶段提高精补料能量水平可显著提高牦牛生产性能。

## 4 结论

本研究探究了不同能量水平精补料对暖季舍饲生长期牦牛生产性能、抗氧化能力及瘤胃微生物群落的复杂影响,发现随着精补料能量水平的升高,可提高暖季舍饲生长阶段牦牛的终末体重和平均日增重,可显著提高牦牛血清中 GH、IGF-1 和 IGF-2 浓度,增加牦牛瘤胃微生物群落多样性和物种丰度,进而提高暖季舍饲生长阶段牦牛的生产性能。

## 参考文献 References:

- [1] Long R J, Ding L M, Shang Z H, *et al.* The yak grazing system on the Qinghai-Tibetan Plateau and its status. *The Rangeland Journal*, 2008, 30(2): 241-246.
- [2] Gu Z L, Zhao X B, Li N, *et al.* Complete sequence of the yak (*Bos grunniens*) mitochondrial genome and its evolutionary relationship with other ruminants. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 2007, 42(1): 248-255.
- [3] Guo W, Zhou M, Ma T, *et al.* Survey of rumen microbiota of domestic grazing yak during different growth stages revealed novel maturation patterns of four key microbial groups and their dynamic interactions. *Animal Microbiome*, 2020, 2(1): 23.
- [4] Eisler M C, Lee M R, Tarlton J F, *et al.* Agriculture: Steps to sustainable livestock. *Nature*, 2014, 507(7490): 32-34.
- [5] Yeoman C J, White B A. Gastrointestinal tract microbiota and probiotics in production animals. *Annual Review of Animal Biosciences*, 2014, 2: 469-486.

- [6] Ding X Z, Long R J, Kreuzer M, *et al.* Methane emissions from yak (*Bos grunniens*) steers grazing or kept indoors and fed diets with varying forage: Concentrate ratio during the cold season on the Qinghai-Tibetan Plateau. *Animal Feed Science & Technology*, 2010, 162(3/4): 91-98.
- [7] Ma X M, Guo X, La Y F, *et al.* Integrative analysis of proteomics and transcriptomics of longissimus dorsi with different feeding systems in yaks. *Foods*, 2023, 12(2): 257.
- [8] Ahmad A A, Yang C, Zhang J B, *et al.* Effects of dietary energy levels on rumen fermentation, microbial diversity, and feed efficiency of yaks (*Bos grunniens*). *Frontiers in Microbiology*, 2020, 11: 625.
- [9] Shen D, Zeng Z M, Pang K Y, *et al.* Effects of low-concentrate and high-concentrate diets on yak growth performance and rumen microbiota structure. *Acta Prataculturae Sinica*, 2024, 33(5): 155-165.  
申迪, 曾子铭, 庞凯悦, 等. 低精料日粮和高精料日粮对牦牛生长性能和瘤胃菌群结构的影响. *草业学报*, 2024, 33(5): 155-165.
- [10] Ministry of Agriculture of the People's Republic of China. Feeding standard of beef cattle: NY/T 815-2004. Beijing: China Agricultural Press, 2004.  
中华人民共和国农业部. 肉牛饲养标准: NY/T 815-2004. 北京: 中国农业出版社, 2004.
- [11] Dexter F. Wilcoxon-Mann-Whitney test used for data that are not normally distributed. *Anesthesia and Analgesia*, 2013, 117(3): 537-538.
- [12] Krzywinski M, Schein J, Birol I, *et al.* Circos: An information aesthetic for comparative genomics. *Genome Research*, 2009, 19(9): 1639-1645.
- [13] Gao Y D, Zhuang W L, Wang X, *et al.* Meta-analysis of effects of concentrate supplementation in warm and cold seasons on growth performance and rumen fermentation of grazing yaks. *Pratacultural Science*, 2025, 42(4): 1067-1081.  
高一丹, 庄万兰, 王旭, 等. 冷暖季精料补饲对放牧牦牛生长性能和瘤胃发酵影响的Meta分析. *草业科学*, 2025, 42(4): 1067-1081.
- [14] Deng Y F, Wang J, Hou W F, *et al.* Comparison of growth performance and economic benefits between winter-spring stall feeding and grazing of Tibetan yaks. *Chinese Journal of Animal Science*, 2013, 49(17): 77-81.  
邓由飞, 王建, 侯文峰, 等. 斯布牦牛冬春季舍饲肥育与放牧饲养的生长性能和经济效益比较. *中国畜牧杂志*, 2013, 49(17): 77-81.
- [15] Jin S W, Han Y C, Sun Y G, *et al.* Effects of different feeding methods on growth performance and blood physiological and biochemical indexes of yaks. *Acta Prataculturae Sinica*, 2025, 34(1): 215-225.  
靳生伟, 韩银仓, 孙永刚, *et al.* 冷季不同饲养方式对牦牛生长性能及血液生理生化指标的影响. *草业学报*, 2025, 34(1): 215-225.
- [16] Nemmar A. Passage of inhaled particles into the blood circulation in humans. *Circulation*, 2002, 105(4): 411-414.
- [17] Ayuk J, Sheppard M C. Growth hormone and its disorders. *Postgraduate Medical Journal*, 2006, 82(963): 24-30.
- [18] Renaville R, Hammadi M, Portetelle D. Role of the somatotrophic axis in the mammalian metabolism. *Domestic Animal Endocrinology*, 2002, 23(1/2): 351-360.
- [19] Wang H Z. Effects of dietary energy concentration on performance, rumen fermentation and intramuscular fat metabolism in yaks fed indoors. Chengdu: Sichuan Agricultural University, 2015.  
王鸿泽. 日粮能量水平对舍饲育肥牦牛生产性能、瘤胃发酵及肌内脂肪代谢的影响. 成都: 四川农业大学, 2015.
- [20] Zhang J X. Mechanism of the effects of seasonal supplementation on yak performance. Chengdu: Sichuan Agricultural University, 2013.  
张建勋. 不同季节牦牛补饲效果及其机理研究. 成都: 四川农业大学, 2013.
- [21] Zhang H B, Zhang X F, Wang Z S, *et al.* Effects of dietary energy level on lipid metabolism-related gene expression in subcutaneous adipose tissue of Yellow breed × Simmental cattle. *Animal Science Journal*, 2015, 86(4): 392-400.
- [22] Yang C. The response of molecular mechanism of adipose metabolism in yak to different dietary energy levels. Lanzhou: Lanzhou University, 2018.  
杨超. 牦牛脂肪代谢对饲粮能量水平响应的分子机制研究. 兰州: 兰州大学, 2018.
- [23] Dalile B, Van Oudenhove L, Vervliet B, *et al.* The role of short-chain fatty acids in microbiota-gut-brain communication. *Nature Reviews Gastroenterology & Hepatology*, 2019, 16(8): 461-478.
- [24] Dehority B A. Rumen microbiology. United Kingdom: Nottingham University Press, 2003.
- [25] Tannock G W. Modulating the gut microbiota of humans by dietary intervention with plant glycans. *Applied and Environmental*

- Microbiology, 2021, 26; 87(6): e02757-20. doi: 10.1128/AEM.02757-20. PMID: 33355114; PMCID: PMC8105012.
- [26] Nuriel-Ohayon M, Neuman H, Koren O. Microbial changes during pregnancy, birth, and infancy. *Frontiers in Microbiology*, 2016, 7: 1031.
- [27] Fernando S C, Purvis H T, Najjar F Z, *et al.* Rumen microbial population dynamics during adaptation to a high-grain diet. *Applied and Environmental Microbiology*, 2010, 76(22): 7482–7490.
- [28] Hu X, Liu G, Shafer A B A, *et al.* Comparative analysis of the gut microbial communities in forest and alpine musk deer using high-throughput sequencing. *Frontiers in Microbiology*, 2017, 8: 572.
- [29] Oikonomou G, Teixeira A G, Foditsch C, *et al.* Fecal microbial diversity in pre-weaned dairy calves as described by pyrosequencing of metagenomic 16S rDNA. Associations of *Faecalibacterium* species with health and growth. *PLoS One*, 2013, 8(4): e63157.
- [30] Malmuthuge N, Griebel P J, Guan L L. Taxonomic identification of commensal bacteria associated with the mucosa and digesta throughout the gastrointestinal tracts of preweaned calves. *Applied and Environmental Microbiology*, 2014, 80(6): 2021–2028.
- [31] Yeoman C J, Ishaq S L, Bichi E, *et al.* Biogeographical differences in the influence of maternal microbial sources on the early successional development of the bovine neonatal gastrointestinal tract. *Scientific Reports*, 2018, 8(1): 3197.
- [32] Palevich N, Kelly W J, Ganesh S, *et al.* *Butyrivibrio hungatei* MB2003 competes effectively for soluble sugars released by *Butyrivibrio proteoclasticus* B316(T) during growth on xylan or pectin. *Applied and Environmental Microbiology*, 2019, 23; 85(3): e02056-18. doi: 10.1128/AEM.02056-18. PMID: 30478228; PMCID: PMC6344614.
- [33] Ogata T, Makino H, Ishizuka N, *et al.* Long-term high-grain diet altered the ruminal pH, fermentation, and composition and functions of the rumen bacterial community, leading to enhanced lactic acid production in Japanese black beef cattle during fattening. *PLoS One*, 2019, 14(11): e0225448.
- [34] Pitta D W, Pinchak E, Dowd S E, *et al.* Rumen bacterial diversity dynamics associated with changing from bermudagrass hay to grazed winter wheat diets. *Microbial Ecology*, 2010, 59(3): 511–522.
- [35] El Kaoutari A, Armougom F, Gordon J I, *et al.* The abundance and variety of carbohydrate-active enzymes in the human gut microbiota. *Nature Reviews: Microbiology*, 2013, 11(7): 497–504.
- [36] Korpela K. Diet, microbiota, and metabolic health: Trade-off between saccharolytic and proteolytic fermentation. *Annual Review of Food Science and Technology*, 2018, 9: 65–84.
- [37] Hildebrand F, Nguyen T L, Brinkman B, *et al.* Inflammation-associated enterotypes, host genotype, cage and inter-individual effects drive gut microbiota variation in common laboratory mice. *Genome Biology*, 2013, 14(1): R4. doi: 10.1186/gb-2013-14-1-r4. PMID: 23347395; PMCID: PMC4053703.
- [38] An D, Dong X, Dong Z. Prokaryote diversity in the rumen of yak (*Bos grunniens*) and Jinnan cattle (*Bos taurus*) estimated by 16S rDNA homology analyses. *Anaerobe*, 2005, 11(4): 207–215.
- [39] Zhao Y P, Xu H J, Wang M M, *et al.* Effects of rumen-protected amylase on performance, rumen fermentation parameters and flora composition of mid-lactating dairy cows. *Chinese Journal of Animal Nutrition*, 2024, 36(10): 6409–6421.  
赵玉萍, 徐宏建, 王美美, *et al.* 过瘤胃淀粉酶对泌乳中期奶牛生产性能、瘤胃发酵参数和菌群组成的影响. *动物营养学报*, 2024, 36(10): 6409–6421.
- [40] Gylswyk N O V. *Succiniclasticum ruminis* gen. nov., sp. nov., a ruminal bacterium converting succinate to propionate as the sole energy-yielding mechanism. *International Journal of Systematic Bacteriology*, 1995, 45(2): 297–300.