

DOI: 10.11829/j.issn.1001-0629.2019-0092

董春晓, 吕佳颖, 牛骁麟, 马万浩, 李飞, 李发弟. 粗饲料来源对育肥湖羊瘤胃微生物区系及肌肉脂肪酸组成的影响. 草业科学, 2019, 36(11): 2926-2936.

DONG C X, LYU J Y, NIU X L, MA W H, LI F, LI F D. Effects of dietary roughage sources on the rumen microflora and muscle fatty acids in finishing Hu lambs. Pratacultural Science, 2019, 36(11): 2926-2936.

## 粗饲料来源对育肥湖羊瘤胃微生物区系及肌肉脂肪酸组成的影响

董春晓<sup>1</sup>, 吕佳颖<sup>1</sup>, 牛骁麟<sup>1</sup>, 马万浩<sup>1</sup>, 李飞<sup>1</sup>, 李发弟<sup>1,2</sup>

(1. 兰州大学草地农业生态系统国家重点实验室 / 兰州大学农业农村部草牧业创新重点实验室 / 兰州大学草地农业科技学院,  
甘肃兰州 730020; 2. 甘肃省肉羊繁育生物技术工程实验室, 甘肃民勤 733300)

**摘要:** 为评价日粮粗饲料来源对育肥湖羊瘤胃发酵、瘤胃菌群结构及肌肉脂肪酸的影响, 选择2月龄健康湖羊公羔( $22.9 \pm 1.2$  kg)120只, 根据体重相近原则随机分成4组, 每组5个栏位, 每个栏位6只羊, 分别以玉米(*Zea mays*)秸秆(CS组)、玉米芯(CC组)、葵花籽壳(SH组)和油菜(*Brassica napus*)秸秆(RS组)作为粗饲料来源, 添加比例均为20%, 4组精料配比一致, 预试期7 d, 正试期70 d。正试期结束后每个栏位选择接近该栏平均体重的3只羊屠宰, 测定瘤胃发酵、瘤胃菌群结构和肌肉脂肪酸的相关指标。结果显示, 1) SH组和RS组湖羊瘤胃中戊酸和异戊酸的比例显著高于CS组和CC组( $P < 0.05$ ); CC组乙酸比例显著高于CS组和RS组( $P < 0.05$ )。2) RS组湖羊瘤胃细菌群落丰富度和多样性水平最高, 各组瘤胃菌群相似性较低; 4组试验羊均以厚壁菌门、拟杆菌门、螺旋菌门和纤维杆菌门等为瘤胃优势菌门, 其中RS组厚壁菌门相对丰度显著高于CC组( $P < 0.05$ ); CC组螺旋菌门相对丰度显著高于SH组和RS组( $P < 0.05$ ); RS组纤维杆菌门相对丰度显著低于其他3组( $P < 0.05$ )。3) SH组肌肉中多不饱和脂肪酸(PUFA)含量显著高于CS组( $P < 0.05$ ), 其他组间差异不显著( $P > 0.05$ )。研究得出, 玉米芯日粮会改变羔羊瘤胃发酵模式, 提高瘤胃中乙酸的比例, 有利于纤维分解菌的增殖, 适于作为湖羊粗饲料来源。

**关键词:** 粗饲料来源; 育肥湖羊; 瘤胃发酵; 瘤胃菌群; 肌肉脂肪酸

中图分类号: S816.5 文献标志码: A 文章编号: 1001-0629(2019)11-2926-11

## Effects of dietary roughage sources on the rumen microflora and muscle fatty acids in finishing Hu lambs

DONG Chunxiao<sup>1</sup>, LYU Jiaying<sup>1</sup>, NIU Xiaolin<sup>1</sup>, MA Wanhai<sup>1</sup>, LI Fei<sup>1</sup>, LI Fadi<sup>1,2</sup>

(1. State Key Laboratory of Grassland Agro-ecosystems / Key Laboratory of Grassland Livestock Industry Innovation, Ministry of Agriculture and Rural Affairs / College of Pastoral Agriculture Science and Technology, Lanzhou University, Lanzhou 730020, Gansu, China; 2. Engineering Laboratory of Mutton Sheep Breeding and Reproduction Biotechnology in Gansu Province, Minqin 733300, Gansu, China)

**Abstract:** The objective of the present study was to evaluate the effects of dietary roughage sources on the rumen microflora and muscle fatty acids in finishing Hu lambs. According to the principle of similar weight, 120 male Hu lambs ( $22.9 \pm 1.2$  kg) of age 60 days were randomly divided into four groups (each comprising of five fences of six lambs). Four dietary roughage sources of corn stalk (CS), corn cob (CC), sunflower seed hull (SH) and rapeseed straw (RS) were fed to the four

收稿日期: 2018-02-08 接受日期: 2019-06-17

基金项目: 公益性行业(农业)科研专项经费(201503134、2015-2019); 兰州大学中央高校基本科研业务费专项资金(lzujbky-2017-48)

第一作者: 董春晓(1993-), 女, 河南临颍人, 在读硕士生, 研究方向为反刍动物营养。E-mail: dongchx16@lzu.edu.cn

通信作者: 李飞(1985-), 男(满族), 辽宁沈阳人, 副教授, 博士, 研究方向为反刍动物营养。E-mail: lfei@lzu.edu.cn

groups. For all the four groups, the proportion of roughage was 20%, and the ingredient concentration was the same. The period of the pre-test was seven days, while the period of the formal test was 70 days. At the end of the trial period, from each fence, three sheep of average weight were selected for slaughter. The rumen fermentation, rumen flora structure, and muscle fatty acid-related indicators were determined. The results showed that: 1) the ratio of valerate and isovalerate in the rumen of the SH and RS groups was significantly higher than that of the CS and CC groups ( $P < 0.05$ ). The proportion of acetate in the CC group was significantly higher than that in the CS and the RS groups ( $P < 0.05$ ). 2) The abundance and diversity of the rumen bacterial community in the RS group were the highest, and the similarity of the rumen flora among each group was low. Firmicutes, Bacteroidetes, Spirochaetaes, and Fibrobacteres were the dominant bacteria in the rumen of all the four groups of sheep. The relative abundance of Firmicutes in the RS group was significantly higher than that in the CC group ( $P < 0.05$ ). The relative abundance of the Spirochaetae in the CC group was significantly higher than that in the SH and RS groups ( $P < 0.05$ ). The relative abundance of Fibrobacteres in the RS group was significantly lower than the other three groups ( $P < 0.05$ ). 3) The content of polyunsaturated fatty acids in the SH group was significantly higher than that in the CS group ( $P < 0.05$ ), and the difference between the other groups was not significant ( $P > 0.05$ ). The results showed that corn cob diet changes the rumen fermentation process of lambs and increases the proportion of acetate in the rumen. This is beneficial for the proliferation of cellulolytic bacteria and is also suitable as a source of roughage for Hu sheep.

**Keywords:** roughage source; finishing Hu lamb; rumen fermentation; rumen flora; muscle fatty acid

**Corresponding author:** LI Fei E-mail: [lfei@lzu.edu.cn](mailto:lfei@lzu.edu.cn)

来源广泛、价格低廉的粗饲料是反刍家畜的主要基础饲料，通常占日粮组成的 60%~80%<sup>[1]</sup>。粗饲料中的纤维类物质被瘤胃微生物利用后可发酵产生挥发性脂肪酸 (volatile fatty acids, VFA)，为动物机体活动提供能量，同时也能为机体的蛋白质合成提供碳架和其他营养物质<sup>[2]</sup>。研究粗饲料对瘤胃微生物的影响可为其在畜牧业中的进一步开发利用提供重要依据。瘤胃微生物对饲料的发酵过程受日粮组成影响较大。高精料日粮中添加适量粗饲料能够有效维持瘤胃功能，保持瘤胃正常 pH，降低瘤胃酸中毒风险，促进动物咀嚼和反刍<sup>[3]</sup>。有研究报道，随着日粮精粗比的提高，肉牛瘤胃中乙酸含量显著降低，丙酸和丁酸的含量显著升高<sup>[4]</sup>；日粮粗饲料来源不同，则湖羊瘤胃发酵参数也有差异，花生 (*Arachis hypogaea*) 藤处理组湖羊瘤胃中丙酸、丁酸及总 VFA 含量均显著高于油菜 (*Brassica campestris*) 秆处理组<sup>[5]</sup>；日粮不同粗饲料组合可显著影响瘤胃微生物多样性<sup>[6]</sup>。对奶牛分别饲喂苜蓿 (*Medicago sativa*) + 玉米 (*Zea mays*) 青贮和秸秆两种不同粗饲料来源的日粮，苜蓿+玉米青贮处理组奶牛瘤胃中产琥珀酸丝状杆菌和白色瘤胃球菌的数量显著高于秸秆处理组<sup>[7]</sup>。李艺<sup>[8]</sup>将谷草和玉米黄贮以不同比例饲喂肉牛 (10:90、20:80 和 30:70)，谷草与玉米黄贮比例为 20:80 的处理组

肉牛瘤胃中拟杆菌门的相对丰度显著高于另两处理组。生产实践中为有效对反刍动物进行育肥，提高其肉用价值，常对其饲喂营养价值高并易发酵的高淀粉日粮，导致动物瘤胃 pH 值降低，瘤胃酸中毒风险提高<sup>[9]</sup>。研究表明，日粮添加粗饲料不仅有利于反刍动物生产性能的提高，还能减少瘤胃食糜粘附，维持瘤胃健康<sup>[10]</sup>。

甘肃河西地区拥有丰富的农副产品，其中，玉米秸秆、玉米芯、葵花籽壳和油菜秸秆来源广泛、纤维含量较高。目前，关于此类农副产品作为粗饲料时对育肥湖羊瘤胃健康的研究报道较少。本研究拟采用玉米秸秆、玉米芯、葵花籽壳和油菜秸秆分别作为湖羊日粮唯一粗饲料来源，探索其对育肥湖羊瘤胃发酵、瘤胃菌群结构及肌肉脂肪酸组成的营养作用，为进一步阐述其在反刍动物饲料应用中的可行性提供理论依据。

## 1 材料与方法

试验羊购自甘肃三洋金源农牧股份有限公司羊场，于 2016 年 9 月–12 月在甘肃省民勤县兰州大学试验基地进行饲养管理，各项常规指标在兰州大学草地农业科技学院反刍动物研究所进行测定。

### 1.1 试验设计

试验选用 120 只 2 月龄左右、平均体重为 22.9 ±

1.2 kg 的健康湖羊公羔为研究对象, 根据体重相近原则随机分成 4 组, 每组 5 个栏位, 每个栏位 6 只羊。4 组试验羊分别饲喂以玉米秸秆 (corn stalk, CS)、玉米芯 (corn cob, CC)、葵花籽壳 (sunflower seed hull, SH) 和油菜秸秆 (rapeseed straw, RS) 作为粗饲料唯一来源的日粮, 粗饲料配给比例均为 20%, 试验日粮配方及营养成分如表 1 所列。

## 1.2 饲养管理

试验开始前, 对所有羊只进行体内外驱虫, 并对羊舍进行全面消毒。整个试验持续 77 d, 预试期 7 d, 正试期 70 d。每日于 08:00 和 16:00 饲喂各试验饲粮, 精粗比为 80:20, 所有羊只自由采食及饮水。

## 1.3 样品采集

试验结束后, 每个栏位选择体重接近该栏平均

体重的 3 只羊进行屠宰, 共 60 只。禁食 24 h, 禁水 2 h 时, 颈动脉放血屠宰。屠宰后将湖羊瘤胃分离出来, 取出瘤胃内容物 2 份, 分装在 50 mL 冻存管, -20 °C 冷冻保存, 用于提取微生物 DNA; 将剩余内容物用 4 层纱布过滤, 收取瘤胃液置于 20 mL 冻存管, -20 °C 保存, 用于 VFA 的提取测定。取湖羊右侧倒数第 1 和 2 肋骨处背最长肌样品 200 g 左右, 真空包装, -20 °C 保存, 用于肌肉脂肪酸的提取。

## 1.4 测定指标及方法

### 1.4.1 瘤胃液 VFA 的测定

参照 Liang 等<sup>[1]</sup>的方法提取瘤胃液 VFA, 利用气相色谱 (Thermo Scientific, TRACE 1300, Milan, Italy) 测定其含量。测定条件: 色谱分析柱为 DB-FFAP

表 1 日粮配方及营养水平(饲喂基础)  
Table 1 Formula and nutritional value of diets (per feed basis)

项目 Item	组别 Group			
	CS	CC	SH	RS
<b>饲料配方 Dietary formula</b>				
玉米秸秆 Corn stalk (CS)	20	0	0	0
玉米芯 Corn cob (CC)	0	20	0	0
葵花籽壳 Sunflower seed hull (SH)	0	0	20	0
油菜秸秆 Rape straw (RS)	0	0	0	20
玉米 Corn	40	40	40	40
蛋白质补充料 Protein supplement	39	39	39	39
预混料 Premix	1	1	1	1
<b>营养水平 Nutritional level</b>				
干物质 Dry matter (DM)/%	90.82	90.89	90.01	90.99
有机物质 Organic matter (OM)/%	91.61	93.23	92.97	91.44
粗蛋白 Crude protein (CP)/%	17.11	17.04	17.12	18.15
酸性洗涤纤维 Acid detergent fiber (ADF)/%	16.09	14.40	18.27	16.51
中性洗涤纤维 Neutral detergent fiber (NDF)/%	29.10	28.32	28.65	27.92
C16:0/(mg·g <sup>-1</sup> )	3.13	2.60	2.89	2.50
cis-C18:1n-9/(mg·g <sup>-1</sup> )	2.05	1.63	2.53	1.37
cis-10c,trans-15C18:1/(mg·g <sup>-1</sup> )	1.17	1.21	1.42	1.64
C18:2n-6/(mg·g <sup>-1</sup> )	1.66	2.61	4.44	1.65

矿物质维生素预混料组: 铁 69.63 mg·kg<sup>-1</sup>; 铜 7.41 mg·kg<sup>-1</sup>; 锰 23.7 mg·kg<sup>-1</sup>; 锌 55 mg·kg<sup>-1</sup>; 碘 0.67 mg·kg<sup>-1</sup>; 硒 0.3; 钴 0.3 mg·kg<sup>-1</sup>; 维生素 A 2 500 IU; 维生素 E 23 IU。CS: 玉米秸秆; CC, 玉米芯; SH, 葵花籽壳; RS, 油菜秸秆。下同。

Mineral and vitamin premix: Fe, 69.63 mg·kg<sup>-1</sup>; Cu, 7.41 mg·kg<sup>-1</sup>; Mn, 23.7 mg·kg<sup>-1</sup>; Zn, 55 mg·kg<sup>-1</sup>; I, 0.67 mg·kg<sup>-1</sup>; Co, 0.3; VA, 2 500 IU; and VE, 23 IU. CS, corn stalk; CC, corn cob; SH, sunflower seed hull; RS, rapeseed straw; similarly for the following tables and figures.

毛细管色谱柱, 进样量为 1  $\mu\text{L}$ , 分流比为 50 : 1, 进样口和检测器温度均为 240  $^{\circ}\text{C}$ , 氢气流率为 35  $\text{mL}\cdot\text{min}^{-1}$ , 空气流率为 350  $\text{mL}\cdot\text{min}^{-1}$ , 载气 ( $\text{N}_2$ ) 流率为 20  $\text{mL}\cdot\text{min}^{-1}$ , 温度设置为以 25  $^{\circ}\text{C}\cdot\text{min}^{-1}$  的速率将温度从 50  $^{\circ}\text{C}$  升高到 190  $^{\circ}\text{C}$  保留 2 min, 再以 10  $^{\circ}\text{C}\cdot\text{min}^{-1}$  的升温速率升高到 200  $^{\circ}\text{C}$  保留 5 min, 最后以 10  $^{\circ}\text{C}\cdot\text{min}^{-1}$  的升温速率升高到 220  $^{\circ}\text{C}$  保留 5 min。

#### 1.4.2 微生物 DNA 的提取及分析

使用 EZNA Stool DNA 试剂盒 (Omega Bio-tek, Norcross, GA, USA) 提取微生物基因组 DNA, 方法参考说明书。每组选择 5 只试验羊的微生物 DNA 样品通过 Illumina Hiseq 2500 平台进行测序分析 (百迈克生物科技有限公司, 北京)。

#### 1.4.3 肌肉脂肪酸的提取及分析

肌肉样品带回实验室后利用冷冻干燥机 (新芝生物, SCIENTZ-10ND, 宁波) 脱水, 参考田华勤<sup>[12]</sup>的方法提取肌肉脂肪酸, 利用气相色谱 (Thermo Scientific, TRACE 1300, Milan, Italy) 测定含量。测定条件: 色谱分析柱为 HP-88 毛细管色谱柱, 进样量为 1  $\mu\text{L}$ , 分流比为 50 : 1, 进样口温度为 240  $^{\circ}\text{C}$ , 检测器温度为 250  $^{\circ}\text{C}$ , 氢气流率为 40  $\text{mL}\cdot\text{min}^{-1}$ , 空气流率为 400  $\text{mL}\cdot\text{min}^{-1}$ , 载气 ( $\text{N}_2$ ) 流率为 20  $\text{mL}\cdot\text{min}^{-1}$ , 初始温度为 50  $^{\circ}\text{C}$ , 维持 4 min, 随后以 13  $^{\circ}\text{C}\cdot\text{min}^{-1}$  的速度升至 175  $^{\circ}\text{C}$  维持 27 min, 再以 3  $^{\circ}\text{C}\cdot\text{min}^{-1}$  的

速度升至 215  $^{\circ}\text{C}$  维持 27 min。37 种标准脂肪酸甲基酯样品均购于 Sigma 公司, 用十九烷酸甲酯作为内标进行定量分析。

#### 1.5 数据处理及统计方法

使用 Excel 2013 整理初始数据, 采用 SPSS 18.0 统计分析软件进行单因素方差分析 (ANOVA), 检测各组间差异的显著性, 利用 Duncan 法进行多重比较。其中  $P < 0.05$  表示结果差异显著,  $P > 0.05$  表示结果差异不显著。

### 2 结果

#### 2.1 不同粗饲料来源日粮处理中育肥湖羊瘤胃 VFA 的含量

不同粗饲料来源的日粮处理对育肥湖羊瘤胃中总挥发性脂肪酸 (total volatile fatty acid, TVFA) 浓度和单个 VFA 比例的影响如表 2 所列。CC 组 TVFA 浓度显著高于 RS 组 ( $P < 0.05$ ); CC 组乙酸的比例显著高于 CS 组和 RS 组 ( $P < 0.05$ ), 后两组间差异不显著 ( $P > 0.05$ ), 且此 3 组乙酸的比例均显著高于 SH 组 ( $P < 0.05$ ); RS 组丙酸的比例显著低于其他 3 组 ( $P < 0.05$ ); RS 组乙酸/丙酸显著高于 CS 组和 SH 组 ( $P < 0.05$ ); RS 组异丁酸的比例显著高于 CS 组和 SH 组 ( $P < 0.05$ ), 后两组间差异不显著 ( $P >$

表 2 不同粗饲料来源对育肥湖羊瘤胃 VFA 比例的影响  
Table 2 Effect of roughage sources on rumen VFA proportion of finishing Hu lamb

指标 Parameter	处理 Treatment				标准误 SEM	$P$
	CS	CC	SH	RS		
总挥发性脂肪酸 TVFA/(mmol·L <sup>-1</sup> )	18.11ab	22.73a	19.55ab	15.29b	1.01	0.008
乙酸 Acetate/%	61.72b	65.45a	55.25c	59.59b	0.93	<0.001
丙酸 Propionate/%	24.98a	24.03a	23.15a	19.52b	0.71	0.019
乙酸/丙酸 Acetate/Propionate	2.47b	2.77ab	2.40b	2.98a	0.08	0.044
异丁酸 Isobutyrate/%	2.72b	1.52c	3.49b	4.69a	0.29	<0.001
丁酸 Butyrate/%	6.08bc	5.24c	9.20a	8.27ab	0.57	0.033
异戊酸 Isovalerate/%	3.50c	1.72d	6.23b	7.58a	0.56	<0.001
戊酸 Valerate/%	1.15b	0.87b	1.90a	1.84a	0.11	<0.001

同行不同小写字母表示处理间差异显著 ( $P < 0.05$ ); 下表同。

Different lowercase letters within the same row indicate significant difference between different treatments at the 0.05 level; similarly for the following tables.

0.05), 且此3组异丁酸的比例均显著高于CC组( $P < 0.05$ ); SH组丁酸的比例显著高于CS组和CC组( $P < 0.05$ ), RS组丁酸比例显著高于CC组( $P < 0.05$ ); RS组异戊酸的比例最高, CS组异戊酸的比例最低, 各组间差异显著( $P < 0.05$ ); SH组和RS组戊酸的比例显著高于CS组和CC组( $P < 0.05$ ); 其他组间差异不显著( $P > 0.05$ )。

## 2.2 不同粗饲料来源日粮处理中育肥湖羊瘤胃微生物多样性

在97%的相似度水平下, 各处理组 $\alpha$ 多样性

指数各异(表3)。通过 Illumina Hiseq 高通量测序得出, RS组湖羊瘤胃微生物DNA序列的分类操作单元(operational taxonomic unit, OTU)数目、物种丰富度指数Chao1和Ace均显著高于其他3组( $P < 0.05$ ); CS组物种多样性指数Simpson显著高于SH组( $P < 0.05$ ); SH组和RS组物种多样性指数Shannon显著高于CS组和CC组( $P < 0.05$ ); 其他组间差异不显著( $P > 0.05$ )。而 $\beta$ 多样性主坐标分析(principal coordinates analysis, PCoA)结果显示(图1), 各试验组湖羊瘤胃菌群多样性的相似性较低。

表3 不同粗饲料来源对育肥湖羊瘤胃微生物 $\alpha$ 多样性的影响  
Table 3 Effect of roughage sources on alpha diversity of the rumen microbes in finishing Hu lamb

指标 Parameter	处理 Treatment				标准误 SEM	$P$
	CS	CC	SH	RS		
分类操作单元数目 Operational taxonomic unit	640.400b	613.800b	604.000b	721.000a	14.380	0.005
物种丰富度指数 Ace index	709.179b	687.612b	658.263b	783.081a	15.016	0.010
物种丰富度指数 Chao1 index	722.884b	708.071b	665.878b	803.469a	16.041	0.009
辛普森指数 Simpson index	0.037a	0.034ab	0.022b	0.029ab	0.002	0.027
香农指数 Shannon index	4.278b	4.313b	4.705a	4.674a	0.065	0.013

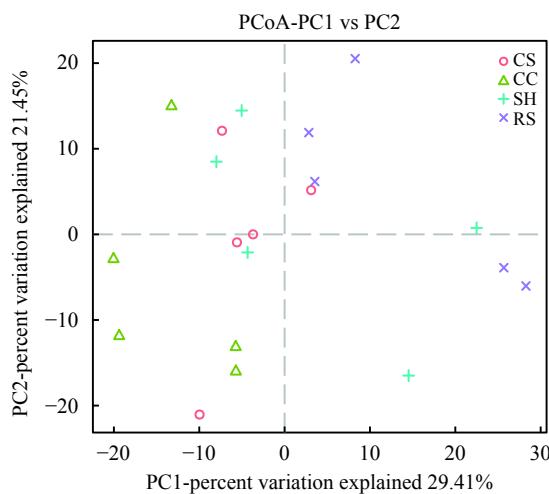


图1 不同粗饲料来源组湖羊瘤胃群落PCoA分析图

Figure 1 PCoA analysis of the rumen community in Hu lamb following disposition to different forms of roughage

将OTU的代表序列与微生物参考数据库进行比对可得到每个OTU对应的物种分类信息, 进而统计各水平上的样品群落组成。在门水平上统计比例占序列总数的1%以上的菌门, 结果如表4所列, 各组中厚壁菌门和拟杆菌门均为含量最丰富的菌门。RS组湖羊瘤胃厚壁菌门的相对丰度显

著高于CC组( $P < 0.05$ ); CS组和CC组螺旋菌门的相对丰度显著高于RS组( $P < 0.05$ ), CC组螺旋菌门的相对丰度显著高于SH组和RS组( $P < 0.05$ ); RS组湖羊瘤胃纤维杆菌门的相对丰度显著低于其他3组( $P < 0.05$ ); 其他组间差异不显著( $P > 0.05$ )。

在属水平上统计比例占序列总数1%以上的菌属(表5)显示, RS组湖羊瘤胃*Prevotella\_1*的相对丰度显著高于SH组( $P < 0.05$ ); CC组*Treponema\_2*的相对丰度显著高于SH组和RS组( $P < 0.05$ ), CS组显著高于RS组( $P < 0.05$ ); CC组*Ruminococcus\_1*的相对丰度显著高于SH组和RS组( $P < 0.05$ ); RS组*Christensenellaceae\_R-7*、*Ruminococcaceae\_NK4A214*和*Candidatus\_Saccharimonas*的相对丰度均显著高于CC组( $P < 0.05$ ); RS组*Fibrobacter*的相对丰度显著低于其他3组( $P < 0.05$ ); SH组*Bacterium*的相对丰度显著高于RS组( $P < 0.05$ ); CC组*Olsenella*的相对丰度显著高于RS组( $P < 0.05$ ); CS组和CC组*Roseburia*的相对丰度显著高于RS组( $P < 0.05$ ); 其他组间差异不显著( $P > 0.05$ )。

表 4 粗饲料来源对育肥湖羊瘤胃中主要菌门(相对丰度&gt;1%)水平的影响

Table 4 Effect of roughage sources on the main phyla (relative abundance of &gt; 1%) of rumen microbial in finishing Hu lamb

门 Phylum	处理 Treatment				标准误 SEM	P	%
	CS	CC	SH	RS			
厚壁菌门 Firmicutes	45.87ab	43.32b	48.24ab	53.14a	1.49	0.020	
拟杆菌门 Bacteroidetes	33.88	34.11	35.39	33.59	1.34	0.694	
Firmicute:Bacteroidetes	1.37	1.30	1.46	1.65	0.09	0.549	
螺旋菌门 Spirochaetae	10.16ab	14.13a	7.46bc	2.97c	1.24	0.003	
放线菌门 Actinobacteria	1.59	2.29	2.21	1.81	0.26	0.424	
纤维杆菌门 Fibrobacteres	2.33a	2.44a	3.53a	0.52b	0.33	0.004	
软壁菌门 Tenericutes	1.04	1.19	1.33	2.00	0.23	0.196	
变形菌门 Proteobacteria	3.92	1.82	0.69	4.05	0.65	0.089	

表 5 粗饲料来源对育肥湖羊瘤胃中主要菌属(相对丰度&gt;1%)水平的影响

Table 5 Effect of roughage sources on the main genus (relative abundance of &gt; 1%) of rumen microbial in finishing Hu lamb

属 Genus	处理 Treatment				标准误 SEM	P	%
	CS	CC	SH	RS			
<i>Prevotella_1</i>	17.03ab	15.02ab	11.63b	18.16a	1.02	0.036	
<i>Treponema_2</i>	9.82ab	13.96a	7.32bc	2.77c	1.26	0.007	
<i>Ruminococcaceae_UCG-014</i>	8.36	8.98	4.96	6.37	0.99	0.174	
<i>Rumen_bacterium</i>	4.62	3.23	6.90	4.91	0.78	0.146	
<i>Saccharofermentans</i>	6.53	4.98	3.97	3.54	0.80	0.255	
<i>Prevotella_7</i>	3.72	5.31	4.49	3.27	0.89	0.496	
<i>Ruminococcus_1</i>	3.96ab	7.50a	2.86b	1.83b	0.75	0.005	
<i>Rikenellaceae_RC9</i>	3.27	3.06	4.93	3.76	0.59	0.340	
<i>Christensenellaceae_R-7</i>	2.25ab	1.29b	5.06ab	5.82a	0.73	0.023	
<i>Lachnospiraceae_NK3A20</i>	3.32	2.00	3.05	2.48	0.48	0.415	
<i>Fibrobacter</i>	2.33a	2.44a	3.53a	0.52b	0.33	0.004	
<i>Ruminococcaceae_NK4A214</i>	1.60ab	1.00b	2.43ab	3.22a	0.35	0.026	
<i>Succinilasticum</i>	1.86	1.68	1.85	2.63	0.40	0.475	
<i>Bacterium</i>	1.28ab	1.89ab	3.10a	1.07b	0.32	0.026	
<i>Eubacterium</i>	2.15	1.99	0.65	1.02	0.28	0.078	
<i>Olsenella</i>	1.31ab	1.90a	1.15ab	0.83b	0.17	0.027	
<i>Roseburia</i>	1.69a	1.59a	0.90ab	0.59b	0.18	0.021	
<i>Candidatus_Saccharimonas</i>	1.04ab	0.31b	0.78ab	1.58a	0.19	0.015	

### 2.3 不同粗饲料来源日粮处理中育肥湖羊肌肉脂肪酸的含量

不同粗饲料来源的日粮对育肥湖羊肌肉脂肪酸含量的影响(表6)显示,SH组湖羊肌肉中C10:0和C22:1n-9的含量显著高于CC组( $P < 0.05$ );SH组C18:2n-6的含量和多不饱和脂肪酸(polyunsaturated fatty acid, PUFA)的总量显著高于CS组( $P < 0.05$ );其他组间差异不显著( $P > 0.05$ )。

### 3 讨论

#### 3.1 不同粗饲料来源的日粮处理对育肥湖羊瘤胃VFA的影响

反刍动物瘤胃微生物发酵可产生大量VFA,能为机体活动提供能量并维持瘤胃功能<sup>[13]</sup>。本研究中,4组试验羊瘤胃中的TVFA浓度范围为15.29~22.73 mmol·L<sup>-1</sup>;该结果与刘婷等<sup>[14]</sup>以茴香(*Foeniculum vulgare*)秸秆为粗饲料来源测得的58.99~62.69

表6 粗饲料来源对育肥湖羊肌肉脂肪酸含量的影响

Table 6 Effect of roughage sources on muscle fatty acids quantity in finishing Hu lamb

脂肪酸 Fatty acids	处理 Treatment				标准误 SEM	$\text{mg} \cdot \text{g}^{-1}$ <i>P</i>
	CS	CC	SH	RS		
C10:0	0.12ab	0.11b	0.16a	0.14ab	0.01	0.032
C12:0	0.50	0.51	0.47	0.44	0.02	0.259
iso-C14:0	0.23	0.24	0.22	0.20	0.01	0.308
C14:0	2.22	2.23	2.62	2.96	0.17	0.168
C16:0	22.36	22.60	22.84	26.06	1.29	0.377
anteiso-C17:0	2.86	3.10	2.96	3.40	0.18	0.359
C17:0	1.31	1.23	1.16	1.45	0.08	0.241
iso-C18:0	0.13	0.14	0.16	0.18	0.02	0.426
C17:1	0.77	0.76	0.71	0.83	0.04	0.396
C18:0	12.14	12.08	11.85	14.19	0.62	0.243
cis-13c,trans-14C18:1	0.13	0.13	0.13	0.11	0.01	0.204
C18:1n-9	2.69	3.21	3.53	3.61	0.20	0.139
cis-C18:1n-9	36.68	38.91	35.38	39.21	1.98	0.554
cis-10c,trans-15C18:1	1.67	1.76	1.53	1.71	0.07	0.337
cis-9,trans-13CLA	0.14	0.13	0.15	0.15	0.01	0.405
cis-9,trans-12CLA	0.14	0.12	0.14	0.14	0.01	0.380
cis-12,trans-9CLA	0.09	0.09	0.12	0.10	0.01	0.141
C18:2n-6	7.40b	8.31ab	9.62a	8.71ab	0.33	0.025
C22:1n-9	4.11ab	3.67b	4.66a	4.16ab	0.15	0.026
饱和脂肪酸 SFA	41.87	42.27	42.46	49.01	2.27	0.330
单不饱和脂肪酸 MUFA	46.04	48.43	45.93	49.63	2.29	0.622
多不饱和脂肪酸 PUFA	7.77b	8.67ab	10.04a	9.10ab	0.33	0.010
共轭亚油酸 CLA	0.37	0.36	0.42	0.39	0.02	0.415

mmol·L<sup>-1</sup>, 以及与沈美英<sup>[15]</sup>探究含 70%~80% 粗饲料来源测得的 50.77~59.85 mmol·L<sup>-1</sup> 的绵羊瘤胃浓度范围有所不同。这可能是由于采样时间和方法的差异所致, 研究发现, 绵羊采食后瘤胃内 TVFA 浓度呈先上升后下降的变化趋势, 这主要是因为随时间的延长, 动物瘤胃内发酵产生的 VFA 被瘤胃微生物利用, 以及被瘤胃上皮吸收, 从而导致 TVFA 浓度的降低<sup>[16]</sup>。本研究中, 羔羊经过数小时禁食, 瘤胃内的 VFA 大都被瘤胃上皮吸收, 因此浓度偏低。RS 组的瘤胃 TVFA 浓度显著低于其他组别, 可能是由于该组羔羊采食量较低, 不能够为瘤胃发酵提供充足的营养底物。

前人研究表明, VFA 很大程度上受日粮类型的影响, 如 Corley 和 Murphy<sup>[17]</sup>通过体外发酵试验发现, 高精料日粮发酵产生的丙酸和丁酸显著高于高粗料日粮, 而高粗料日粮发酵产生的乙酸、异丁酸、异戊酸和戊酸显著高于高精料组; 华金玲等<sup>[18]</sup>研究发现, 相比精粗比为 4:6 和 5:5 的日粮, 精粗比为 3:7 的日粮组黄淮白山羊瘤胃中乙酸比例更高 ( $P < 0.05$ ), 而精粗比为 5:5 的日粮组山羊瘤胃中丙酸比例显著高于其他两组。本研究中, CC 组试验羊瘤胃中乙酸的比例显著高于其他 3 组, 且除 RS 组外其余组别的丙酸比例无差异, 这与刘大程等<sup>[19]</sup>研究不同品质粗饲料日粮对蒙古绵羊瘤胃发酵的结论一致, 可能是由于玉米芯木质化程度较低, 湖羊对该处理组饲粮中性洗涤纤维 (neutral detergent fiber, NDF) 的消化率较高, 使瘤胃 pH 升高, 有利于纤维分解菌产生乙酸。瘤胃内的戊酸和异戊酸比例是亚急性瘤胃酸中毒 (subacute ruminal acidosis, SARA) 的重要指标<sup>[20-21]</sup>。本研究中, SH 组和 RS 组瘤胃戊酸和异戊酸比例显著高于 CS 组和 CC 组, 说明饲喂葵花籽壳和油菜秸秆时, 湖羊发生 SARA 的风险更高。另有研究指出, 瘤胃中纤维分解菌的数量和戊酸利用率之间呈正相关关系<sup>[22]</sup>, 说明 CS 组和 CC 组试验羊瘤胃内纤维分解菌的数量相对较高。

### 3.2 不同粗饲料来源的日粮处理对育肥湖羊瘤胃微生物区系的影响

瘤胃微生物群落的多样性受反刍动物品种、年龄和摄入日粮组成等多方面影响。其中, 日粮成分越复杂, 瘤胃微生物多样性越高<sup>[23]</sup>。本研究中,

RS 组的 OTU 数目、微生物群落丰度和多样性指数 Chao1 和 Ace 均显著高于其他 3 组, 说明油菜秸秆成分的复杂性可能更高。此外, PCoA 图分析结果显示 CC 和 CS 组瘤胃群落与 RS 组瘤胃菌群有着较为明显的差别, 这表明试验羊喂以油菜秸秆时, 对其瘤胃微生物组成有较大影响。对于优势菌群观测发现, 4 组试验羊瘤胃中相对丰度最高的菌群均为厚壁菌门, 其次为拟杆菌门。这与 Kim 等<sup>[24]</sup>利用 16S rRNA 基因测序技术研究发现反刍动物瘤胃菌群中厚壁菌门 (57.8%) 和拟杆菌门 (26.7%) 在数量上占主导地位的结论相一致。由于油菜秸秆组饲粮 NDF 水平更低, 可能导致了油菜秸秆组厚壁菌门的相对丰度显著高于玉米芯组。厚壁菌门主要分解纤维, 该菌门下梭菌纲占比最大, 其中丁酸弧菌属、醋酸弧菌属和瘤胃球菌属占有很大比例<sup>[25]</sup>。虽然本研究 CC 组瘤胃球菌属的相对丰度显著高于 SH 组和 RS 组, 但可能因为厚壁菌门中其他菌属如淀粉分解菌等的影响使 CC 组该菌门的相对丰度显著降低。拟杆菌门是瘤胃中非纤维植物多糖和蛋白质的主要分解者, 其相对丰度与饲粮 NDF 水平呈负相关关系<sup>[26]</sup>, 该菌门中的普雷沃氏菌属在反刍动物瘤胃中含量最高<sup>[27]</sup>, 本研究结果与该结论一致。油菜秸秆组的普雷沃氏菌属 1 的相对丰度显著高于葵花籽壳组, 但是普雷沃氏菌属 7 的丰度较低, 且该菌属在不同组别的绵羊瘤胃中并未呈现规律性变化。该现象可能是由于不同种类的普雷沃氏菌在绵羊瘤胃中分别作用于饲料中的多糖、半纤维素及淀粉等成分, 从而导致各组绵羊瘤胃中不同普雷沃氏菌属的丰度有所差异。本研究 CC 组螺旋菌门相对丰度显著高于 SH 和 RS 组, 且与该菌门下密螺旋菌属相对丰度的结果一致。研究指出密螺旋菌属与果胶降解密切相关, 相比淀粉, 以果胶为唯一发酵底物时该菌属的相对丰度增加了 5 倍<sup>[28]</sup>, 且能够与纤维分解菌互作而参与纤维素的降解<sup>[29]</sup>。因此, CC 组饲粮可能为湖羊瘤胃中的密螺旋菌提供了较适宜的瘤胃环境, 使其丰度增加。纤维杆菌属是纤维杆菌门下的唯一菌属<sup>[30]</sup>, RS 组纤维杆菌的丰度显著低于其余 3 组, 表明在油菜秸秆日粮饲喂条件下, 羔羊的瘤胃环境不利于纤维杆菌的生长。

### 3.3 不同粗饲料来源的日粮处理对育肥湖羊肌肉脂肪酸的影响

羊肉风味、嫩度和多汁性等主要受肌肉脂肪酸的组成和含量的影响。研究表明，随着绵羊体脂中C10:0含量的增加，其羊肉的膻味会随之加重<sup>[31]</sup>。本研究中SH组试验羊的肌肉内C10:0含量显著高于CS和CC组，表明以葵花籽壳为粗饲料来源的日粮可能会导致羊肉膻味的增强。各组试验羊中，SH组试验羊肌肉中C18:2n-6含量最高，是由于该组日粮中C18:2n-6的含量最高，其被动物采食后沉积在肌肉中。PUFA可降低人类血样脂蛋白中的胆固醇含量，以提高心脑血管疾病的抵抗能力<sup>[32]</sup>。本研究中，SH组试验羊肉中PUFA的含量显著高于CS组，可能与瘤胃微生物的生物

氢化作用有关。瘤胃中发挥生物氢化作用的微生物主要是纤维分解菌，研究表明，PUFA对纤维分解菌的增殖有抑制作用<sup>[33]</sup>，CS组羔羊肌肉中PUFA含量较低，说明该组羔羊瘤胃中纤维分解菌的数量可能相对较高。

## 4 结论

本研究结果表明，相比玉米秸秆日粮，玉米芯日粮显著提高湖羊瘤胃中乙酸的比例，改善瘤胃环境，有利于纤维分解菌的增殖；葵花籽壳日粮显著提高湖羊瘤胃中丙酸和戊酸的比例，湖羊发生SARA的风险更高，且该饲粮提高湖羊肌肉中C10:0的含量，会导致羊肉膻味的增强；油菜秸秆日粮显著提高湖羊瘤胃微生物的物种丰富度和多样性。

## 参考文献 References:

- [1] 吴天佑, 赵睿, 罗阳, 王洪荣. 不同粗饲料来源饲粮对湖羊生长性能、瘤胃发酵及血清生化指标的影响. *动物营养学报*, 2016, 28(6): 1907-1915.  
WU T Y, ZHAO R, LUO Y, WANG H R. Effects of different dietary sources of roughage on performance, ruminal fermentation and serum biochemical parameters of Hu sheep. *Chinese Journal of Animal Nutrition*, 2016, 28(6): 1907-1915.
- [2] 刁其玉, 国春艳. 提高粗饲料利用率的途径. *粮食与饲料工业*, 2005, 10(10): 34-36.  
DIAO Q Y, GUO C Y. Ways to improve utilization rate of coarse feeds. *Cereal and Feed Industry*, 2005, 10(10): 34-36.
- [3] PENNER G B, STEELE M A, ASCHENBACH J R, MCBRIDE B W. Ruminant nutrition symposium: Molecular adaptation of ruminal epithelia to highly fermentable diets. *Journal of Animal Science*, 2011, 89(4): 1108-1119.
- [4] 张莹莹, 王聪, 刘强, 白元生, 师周戈, 刘晓妮, 高书文. 不同精粗比饲粮对晋南牛瘤胃发酵特性和养分消化代谢的影响. *动物营养学报*, 2014, 26(8): 2365-2372.  
ZHANG Y Y, WANG C, LIU Q, BAI Y S, SHI Z G, LIU X N, GAO S W. Effects of different roughage to concentrate ratios on ruminal fermentation characteristics, nutrients digestion and metabolism of Jinnan cattle. *Chinese Journal of Animal Nutrition*, 2014, 26(8): 2365-2372.
- [5] 张勇, 郭海明, 汤志宏, 曹凯, 王雁坡, 叶均安. 油菜秆颗粒料对湖羊生产性能、瘤胃发酵参数及血液生化指标的影响. *草业学报*, 2016, 25(10): 171-179.  
ZHANG Y, GUO H M, TANG Z H, CAO K, WANG Y P, YE J A. Effects of pelleted rape straw feed on productive performance, rumen fermentation parameters, and blood biochemical indexes of Hu sheep. *Acta Prataculturae Sinica*, 2016, 25(10): 171-179.
- [6] PITTA D W, PINCHAK W E, DOWD S E, OSTERSTOCK J, GONTCHAROVA V, YOUN E, DORTON K, YOON I, MIN B R, FULFORD J D, WICKERSHAM T A, MALINOWSKI D P. Rumen bacterial diversity dynamics associated with changing from bermudagrass hay to grazed winter wheat diets. *Microbial Ecology*, 2010, 59(3): 511-522.
- [7] 胡小丽. 不同粗饲料和蛋白质类型日粮对奶牛瘤胃功能细菌数量的影响. 北京: 中国农业科学院硕士学位论文, 2013.  
HU X L. Effects of different forage and protein sources of diet on the quantity of functional bacteria in the rumen of dairy cows. Master Thesis. Beijing: Chinese Academy of Agricultural Sciences, 2013.
- [8] 李艺. 不同比例的谷草与玉米秸秆黄贮日粮对肉牛育肥性能、瘤胃发酵及微生物菌群影响的研究. 保定: 河北农业大学硕士

- 学位论文, 2018.
- LI Y. The effects of different ratios of millet straw and corn straw silage diets on fattening performance, rumen fermentation and rumen microbial flora in beef cattle. Master Thesis. Baoding: Hebei Agricultural University, 2018.
- [9] 李峩捷, 成述儒, 刁其玉, 屠焰. 日粮碳水化合物对幼龄反刍动物生长发育的影响. 畜牧与兽医, 2017, 49(12): 145-149.
- LI L J, CHENG S R, DIAO Q Y, TU Y. Effect of dietary carbohydrate on growth and development of young ruminant animals. Animal Husbandry and Veterinary Medicine, 2017, 49(12): 145-149.
- [10] IMANI M, MIRZAEI M, BAGHBANZADEHNOBARI B, GHAFFARI M H. Effects of forage provision to dairy calves on growth performance and rumen fermentation: A meta-analysis and meta-regression. *Journal of Dairy Science*, 2017, 100(2): 1136-1150.
- [11] LIANG Y S, LI G Z, LI X Y, LYU J Y, LI F D, TANG D F, DENG Y, ZHANG H, WANG Z L, WENG X X. Growth performance, rumen fermentation, bacteria composition, and gene expressions involved in intracellular pH regulation of rumen epithelium in finishing Hu lambs differing in residual feed intake phenotype. *Journal of Animal Science*, 2017, 95(4): 1727-1738.
- [12] 田华勤. 葡萄渣提取物和亚麻籽油对湖羊羔羊生产性能和养分消化代谢的影响. 兰州: 甘肃农业大学硕士学位论文, 2016.
- TIAN H Q. Effects of grape pomace extract and linseed oil on growth performance and nutrient digestibility of Hu lambs. Master Thesis. Lanzhou: Gansu Agricultural University, 2016.
- [13] 李旺. 瘤胃挥发性脂肪酸的作用及影响因素. *中国畜牧杂志*, 2012, 48(7): 63-66.
- LI W. Effects of betaine and rumen-protected fat on finishing production performance and regulation of digestion and metabolism in Hu sheep. *Pratacultural Science*, 2012, 48(7): 63-66.
- [14] 刘婷, 郑琛, 李发弟, 马友记, 袁玖, 汪晓娟, 郭江鹏, 郝正里, 李冲. 茴香秸秆和茴香秕壳对绵羊营养价值的评定. *草业学报*, 2012, 21(5): 55-62.
- LIU T, ZHENG C, LI F D, MA Y J, YUAN J, WANG X J, GUO J P, HAO Z L, LI C. Nutritional evaluation of fennel straw and shell on sheep. *Acta Prataculturae Sinica*, 2012, 21(5): 55-62.
- [15] 沈美英. 日粮内不同粗饲料品质对绵羊瘤胃发酵功能和微生物区系的影响. 呼和浩特: 内蒙古农业大学硕士学位论文, 2006.
- SHEN M Y. The effect of different forage quality on rumen fermentation and microflora of sheep. Master Thesis. Huhhot: Inner Mongolia Agricultural University, 2006.
- [16] 张毕阳, 赵桂琴, 焦婷, 苟智强, 许兴泽, 闫车太. 燕麦干草与全株玉米青贮不同组合对绵羊瘤胃发酵的影响. *动物营养学报*, 2017, 29(10): 3563-3573.
- ZHANG B Y, ZHAO G Q, JIAO T, GOU Z Q, XU X Z, YAN C T. Effects of different combinations of oat hay and whole corn silage on ruminal fermentation of sheep. *Chinese Journal of Animal Nutrition*, 2017, 29(10): 3563-3573.
- [17] LII R N C, MURPHY M R. An *in vitro* technique for measuring the production rate of volatile fatty acids in the rumen under dynamic conditions. *Small Ruminant Research*, 2004, 54(3): 219-225.
- [18] 华金玲, 郭亮, 王立克, 戴四发. 不同精粗比日粮对黄淮白山羊瘤胃挥发性脂肪酸影响. *东北农业大学学报*, 2013, 44(6): 58-62.
- HUA J L, GUO L, WANG L K, DAI S F. Effect of different forage to concentrate ratios on VFA of Huanghuai white goat. *Journal of Northeast Agricultural University*, 2013, 44(6): 58-62.
- [19] 刘大程, 卢德勋, 侯先志, 高民, 孙海洲. 不同品质粗饲料日粮对瘤胃发酵及主要纤维分解菌的影响. *中国农业科学*, 2008, 41(4): 1199-1206.
- LIU D C, LU D X, HOU X Z, GAO M, SUN H Z. Effect of dietary forage of different qualities on rumen fermentation and predominant fibrolytic bacterial populations. *Scientia Agricultura Sinica*, 2008, 41(4): 1199-1206.
- [20] NASROLLAHI S M, ZALI A, GHORBANI G R, SHAHRBABAK M M, ABADI H S. Variability in susceptibility to acidosis among high producing mid-lactation dairy cows is associated with rumen pH, fermentation, feed intake, sorting activity, and milk fat percentage. *Animal Feed Science and Technology*, 2017, 228: 72-82.
- [21] FERNANDO S C, PURVIS H T, NAJAR F Z, SUKHARNIKOV L O, KREHBIEL C R, NAGARAJA T G, ROE B A, DESILVA U. Rumen microbial population dynamics during adaptation to a high-grain diet. *Applied and Environmental Microbiology*, 2010, 76(22): 7482-7490.

- [22] CLINE J H, HERSHBERGER T V, BENTLEY O G. Utilization and/or synthesis of valeric acid during the digestion of glucose, starch and cellulose by rumen micro-organisms. *Journal of Animal Science*, 1958, 2(17): 284-292.
- [23] ALEXADRE B, DE M, EVA L, MICHAEL D, BRENDAN F O, NICHOLAS C, EVELYN M D. Microbiome analysis of dairy cows fed pasture or total mixed ration diets. *Fems Microbiology Ecology*, 2011, 78(2): 256-265.
- [24] KIM M, MORRISON M, YU Z. Status of the phylogenetic diversity census of ruminal microbiomes. *Fems Microbiology Ecology*, 2011, 76(1): 49-63.
- [25] 刘开朗, 王加启, 卜登攀. 2008-2009年反刍动物营养研究进展 I. 瘤胃微生物多样性与功能. *中国畜牧兽医*, 2010, 37(2): 5-14.  
LIU K L, WANG J Q, BU D P. Annual review of ruminant nutrition in 2008-2009 I . diversity and functionality of rumen microflora. *China Animal Husbandry & Veterinary Medicine*, 2010, 37(2): 5-14.
- [26] PITTA D W, PINCHAK W E, DOWS S, DORTON K, YOON I, MIN B R, FULFORD J D, WICKERSHAM T A, MALINOWSKI D P. Longitudinal shifts in bacterial diversity and fermentation pattern in the rumen of steers grazing wheat pasture. *Anaerobe*, 2014, 30: 11-17.
- [27] MEYER M, STENZEL U, HOFREITER M. Parallel tagged sequencing on the 454 platform. *Nature Protocols*, 2008, 3(2): 267-278.
- [28] 刘晶. 饲料果胶对瘤胃微生物菌群结构和微生物蛋白合成影响的研究. 杭州: 浙江大学博士学位论文, 2014.  
LIU J. Effects of dietary pectin on microbial structure and microbial protein synthesis in the rumen. PhD Thesis. Hangzhou: Zhejiang University, 2014.
- [29] STANTON T B, CANALEPAROLA E. *Treponema bryantii* sp. nov. a rumen spirochete that interacts with cellulolytic bacteria. *Archives of Microbiology*, 1980, 127(2): 145-156.
- [30] CUNHA I S, BARRETO C C, COSTA O Y, BOMFIM M A, CASTRO A P, KRUGER R H, QUIRINO B F. *Bacteria and Archaea* community structure in the rumen microbiome of goats (*Capra hircus*) from the semiarid region of brazil. *Anaerobe*, 2011, 17(3): 118-124.
- [31] 双金, 敖力格日玛, 敖长金. 苏尼特羊体脂脂肪酸组成的研究. *畜牧兽医学报*, 2015, 46(8): 1363-1374.  
Shuangjin, AOLIGERIMA, AOCHANGJIN. Study on composition of sunit sheep body fatty acid. *Acta Veterinaria Et Zootechnica Sinica*, 2015, 46(8): 1363-1374.
- [32] RAES K, SMET S D, DEMEYER D. Effect of dietary fatty acids on incorporation of long chain polyunsaturated fatty acids and conjugated linoleic acid in lamb, beef and pork meat: A review. *Animal Feed Science and Technology*, 2004, 113(1/4): 199-221.
- [33] MAIA M R, CHAUDHARY L C, WALLACE R. Metabolism of polyunsaturated fatty acids and their toxicity to the microflora of the rumen. *Antonie Van Leeuwenhoek*, 2007, 91(4): 303-314.

(责任编辑 王芳)