

不同饲料精粗比对雅江雪牛生长性能、瘤胃发酵特性及血清代谢产物的影响

罗浩¹, 刘锁珠¹, 杨升², 郭琦琦¹, 陈哲¹, 钦尼多杰¹, 商振达^{1*}

1 西藏农牧大学 动物科学学院, 西藏 林芝

2 天津农学院 动物科学与动物医学学院, 天津

罗浩, 刘锁珠, 杨升, 郭琦琦, 陈哲, 钦尼多杰, 商振达. 不同饲料精粗比对雅江雪牛生长性能、瘤胃发酵特性及血清代谢产物的影响[J]. 微生物学报, 2026, 66(8): 3965-3980.

LUO Hao, LIU Suozhu, YANG Sheng, GUO Qiqi, CHEN Zhe, Duoje Qinni, SHANG Zhenda. Effects of diets with different concentrate to roughage ratios on production performance, rumen fermentation parameters, and serum metabolites of Yajiang snow cattle[J]. *Acta Microbiologica Sinica*, 2026, 66(8): 3965-3980.

摘要:【目的】探究不同饲料精粗比对雅江雪牛生长性能、瘤胃发酵特性及血清代谢产物的影响。【方法】选取 27 头月龄一致的雅江雪牛, 随机分为 3 组, 每组 9 头, 分别饲喂精粗比为 40:60 (C40 组)、50:50 (C50 组)和 60:40 (C60 组)的饲料。预饲期 7 d, 正试期 45 d。测定雅江雪牛的生长性能、营养物质消化率、瘤胃液挥发性脂肪酸含量和菌群结构及血清代谢产物含量。【结果】随着饲料精料比例的增加, 雅江雪牛的平均日增重和平均日采食量显著增加, 而粗蛋白质和酸性洗涤纤维的表观消化率显著降低($P<0.05$)。饲料精粗比的增加导致雅江雪牛瘤胃 pH 值、乙酸含量和乙酸/丙酸比值显著下降, 丙酸含量显著上升($P<0.05$)。不同精粗比饲料显著改变了雅江雪牛瘤胃液的菌群结构($P<0.05$ 或 $P<0.01$): C60 组拟杆菌门、疣微菌门、瘤胃球菌属、梭菌属、丁酸弧菌属、假丁酸弧菌属和比伯斯坦菌属的相对丰度显著低于 C40 组, 而芽孢杆菌门、普雷沃氏菌属、解琥珀酸菌属和月形单胞菌属的相对丰度显著高于 C40 组。此外, 不同精粗比饲料显著改变了雅江雪牛血清代谢产物的含量($P<0.05$ 或 $P<0.01$): C40 组 5,6-二氢尿苷、2-羟基丁酸和次氨基三乙酸含量显著高于 C50 组和 C60 组, 而 6-羟基-2-甲基吡啶、*N*-羟乙酰神经氨酸、2,6-二羟基苯甲酸和牛磺酸去氧胆酸含量显著低于 C50 组和 C60 组。【结论】在本试验条件下, 饲料不同精粗比对雅江雪牛的生产性能、瘤胃发酵参数及血清代谢产物均具有显著影响。与高粗料饲料相比, 高精料饲料显著提高了雅江雪牛的生产性能并促进了瘤胃发酵, 但同时也降低了瘤胃菌群的多样性。

资助项目: 西藏自治区重点研发计划(XZ202502ZY0058); 西藏农牧大学学科建设项目(YJSXK202604)

This work was supported by the Xizang Autonomous Region Key Research and Development Program (XZ202502ZY0058) and the Xizang Agricultural and Animal Husbandry University Discipline Construction Program (YJSXK202604).

*Corresponding author. E-mail: shangzhenda1988@163.com

Received: 2026-02-23; Accepted: 2026-03-20; Published online: 2026-04-07

关键词：雅江雪牛；饲料精粗比；生产性能；瘤胃发酵特性；血清代谢产物

Effects of diets with different concentrate to roughage ratios on production performance, rumen fermentation parameters, and serum metabolites of Yajiang snow cattle

LUO Hao¹, LIU Suozhu¹, YANG Sheng², GUO Qiqi¹, CHEN Zhe¹, Qinni Duojie¹, SHANG Zhenda^{1*}

¹ College of Animal Science, Xizang Agriculture and Animal Husbandry University, Linzhi, Xizang, China

² College of Animal Science and Veterinary Medicine, Tianjin Agricultural University, Tianjin, China

Abstract: [Objective] To investigate the effects of diets with different concentrate to roughage ratios on the growth performance, rumen fermentation parameters, and serum metabolites of Yajiang snow cattle. [Methods] Twenty-seven healthy individuals of Yajiang snow cattle with similar body weights were selected and randomized into three groups ($n=9$). Cattle in the three groups were fed diets with the concentrate to roughage ratios being 40:60 (C40 group), 50:50 (C50 group), and 60:40 (C60 group). The pre-experimental period lasted for 7 days, and the experimental period lasted for 45 days. The growth performance, nutrient digestibility, volatile fatty acid content and microbiota structure in the rumen fluid, and serum metabolite content of the Yajiang snow cattle were measured. [Results] With the increase in the dietary concentrate to roughage ratio, the average daily gain and average daily feed intake of Yajiang snow cattle increased, while the apparent digestibility of crude protein and acid detergent fiber decreased (all $P<0.05$). As the dietary concentrate to roughage ratio increased, the pH value, acetate content, and acetate/propionate ratio in the rumen fluid decreased, whereas the propionate content increased (all $P<0.05$). Different concentrate to roughage ratios altered the microbiota structure in the rumen fluid of Yajiang snow cattle ($P<0.05$ or $P<0.01$). Specifically, the C60 group had lower relative abundance of *Bacteroidota*, *Verrucomicrobia*, *Ruminococcus*, *Clostridium*, *Butyrivibrio*, *Pseudobutyrvibrio*, and *Bibersteinia* but higher relative abundance of *Bacillota*, *Prevotella*, *Succiniclasticum*, and *Selenomonas* than the C40 group. Furthermore, different concentrate to roughage ratios changed the serum metabolite content of Yajiang snow cattle ($P<0.05$ or $P<0.01$). Specifically, the C40 group had significantly higher content of 5, 6-dihydrouridine, 2-hydroxybutyric acid, and nitrilotriacetic acid but significantly lower content of 6-hydroxy-2-methylindole, *N*-acetylneuraminic acid, 2,6-dihydroxybenzoic acid, and taurodeoxycholic acid in the serum than the C50 and C60 groups. [Conclusion] Under the conditions of this experiment, different dietary concentrate to roughage ratios had significant effects on the production performance, rumen fermentation parameters, and serum metabolites of Yajiang snow cattle. Compared with the high roughage diet, the high concentrate diet significantly improved the production performance and promoted the rumen fermentation, while reducing the diversity of the rumen microbiota in Yajiang snow cattle.

Keywords: Yajiang snow cattle; dietary concentrate to roughage ratio; production performance; rumen fermentation parameters; serum metabolites

雅江雪牛是在青藏高原独特生态环境下,通过“牦牛+黄牛+安格斯牛”三元杂交技术培育而成的优质肉牛新品种^[1]。该品种融合了三大品种的优势基因,既保留了牦牛的高原适应性,又兼具黄牛的的生长速度和安格斯牛的优良肉质,具有生长快、产肉率高、肉质细腻且营养丰富等特点,对西藏自治区畜牧业高质量发展作出了重要贡献^[2-3]。然而,目前雅江雪牛的养殖技术仍有待完善,饲养管理不够精细化,导致其生产性能未能充分发挥。因此,研究雅江雪牛高效养殖技术对推动西藏肉牛产业高质量发展具有重要意义。

饲料精粗比是影响反刍动物生产性能、瘤胃发酵功能及健康水平的重要指标^[4-5]。高精料饲料能提供大量易发酵碳水化合物,显著提高瘤胃发酵速率和饲料转化效率,从而促进动物增重。然而,过高的精料比例会导致瘤胃 pH 值持续下降,易诱发瘤胃酸中毒。相比之下,高粗料饲料可提供充足的物理有效纤维,不仅能刺激反刍行为和唾液分泌,维持瘤胃 pH 值稳定,还能为纤维素分解菌营造适宜环境,有利于粗饲料的降解利用^[6-7]。然而,粗料比例过高会降低饲料能量浓度,导致动物增重缓慢且饲料转化效率下降^[8-9]。多项研究表明,饲料精粗比对反刍动物生长性能和瘤胃发酵功能具有显著影响。Jiang 等^[10]发现,提高饲料精料比例可显著增加犏牛的干物质采食量和平均日增重;Ma 等^[11]研究表明,当饲料精粗比从 40:60 调整至 60:40 时奶牛的乳脂和乳蛋白含量显著提高;Zhang 等^[12]指出,提高饲料精料比例会导致山羊瘤胃 pH 值显著下降;Liu 等^[13]证实,精料比例从 30% 增至 60% 可提高藏羊瘤胃丙酸含量,同时降低乙酸含量和乙酸/丙酸比值。因此,优化饲料精粗比的关键在于平衡能量供给效率与瘤胃内环境稳态,合理的精粗比是实现反刍动物

高效养殖的关键技术。

本研究以雅江雪牛为研究对象,探讨不同精粗比饲料对其生长性能、营养物质消化率、瘤胃发酵特性及血清代谢产物的影响,旨在确定育肥期雅江雪牛的适宜饲料精粗比,以实现短期育肥目标。

1 材料与方法

1.1 伦理声明

本研究所有动物实验获得西藏农牧大学动物科学学院实验动物伦理委员会批准,审批文号为 XZA-2024-128。试验过程中操作人员严格遵守伦理规范,并按照西藏农牧大学试验动物管理和使用伦理委员会制定的规章制度执行。

1.2 试验动物和饲养管理

本试验于 2024 年 10–12 月在西藏拉萨市曲水县的雅江雪牛养殖基地开展。选取 27 头健康、24 月龄、平均体重 326.90 kg 的雅江雪牛,随机分为 3 组,每组 9 头。各组分别饲喂精粗比为 40:60 (C40 组)、50:50 (C50 组) 和 60:40 (C60 组) 的试验饲料。试验期 52 d,其中含预饲期 7 d 和正试期 45 d。试验饲料配制参考《肉牛饲养标准》(NY/T 815—2004)^[14],粗饲料选用青贮玉米、苜蓿干草和燕麦干草,经粉草机揉搓加工为适宜长度的草段后,使用 TMR 卧式搅拌机(河南力欧畜牧装备科技有限公司)与精料均匀混合。试验饲料组成及营养水平详见表 1。试验牛采用单栏舍饲圈养方式。试验开始前对圈舍进行全面消毒,并对所有雅江雪牛进行统一编号和药浴驱虫: C40 组编号为 C40-1–C40-9, C50 组编号为 C50-1–C50-9, C60 组编号为 C60-1–C60-9。正式试验前,设置 7 d 预饲期,使试验牛适应试验饲料和饲养环境。试验期间每日 9:00 和 17:00 定时饲喂 2 次,保证自由采食与饮

表1 试验饲料组成及营养水平(干物质基础)

Table 1 Composition and nutrient levels of experimental diets (DM basis)

Items	Groups		
	C40	C50	C60
Ingredients/%			
Corn silage	30.00	30.00	30.00
Alfalfa hay	20.00	10.00	—
Oat hay	10.00	10.00	10.00
Corn	21.76	27.20	32.64
Wheat bran	4.00	5.00	6.00
Soybean meal	7.20	9.00	10.80
Rapeseed meal	4.80	6.00	7.20
Limestone	0.40	0.50	0.60
Dicalcium phosphate	0.80	1.00	1.20
Salt	0.40	0.50	0.60
Diatomaceous earth	0.24	0.30	0.36
Premix	0.40	0.50	0.60
Total	100.00	100.00	100.00
Nutrient levels			
GE/(MJ/kg)	12.33	12.27	12.21
CP/%	13.08	13.30	13.53
EE/%	2.67	2.77	2.86
CF/%	19.32	17.03	14.74
ADF/%	21.86	19.54	17.22
NDF/%	33.28	30.49	27.69
Ash/%	7.66	7.87	8.08

The premix provided the following per kg of diets: VA 100 kIU; VD3 50 kIU; VE 150 mg; VK3 45 mg; VB1 12.5 mg; VB2 37.5 mg; VB6 17.5 mg; VB12 0.125 mg; Nicotinamide 237.5 mg; Pantothenic acid 140 mg; Folic acid 140 mg; Choline chloride 2 500 mg; Cu 500 mg; Fe 1 050 mg; Zn 1 375 mg; Mn 875 mg; I 10.00 mg; Se 4.25 mg; Ca 10.0%; Total P 1.0%; Lysine 1.5%.

水, 各组饲养管理条件保持一致。

1.3 样品处理

试验开始前 1 d 及结束后 1 d 分别采集饲料样品, 混匀后在 65 °C 下烘干至恒重, 经粉碎处理后装入自封袋, 置于 4 °C 保存, 用于测定饲料常规营养成分含量。在试验最后一周, 采用点收粪法连续 5 d 采集每头牛的粪样。每次收集

后将粪便充分混匀, 取约 1 kg 样品, 在 65 °C 下烘干至恒重并粉碎, 保存于 -20 °C 冰箱中, 用于测定粪便营养成分含量。试验最后 1 d 晨饲前 (即饲后 12 h), 通过胃管式采样器采集每头牛的瘤胃液约 100 mL, 立即测定 pH 值, 经 4 层纱布过滤后分装于冻存管, -80 °C 保存, 用于测定瘤胃液中挥发性脂肪酸含量和微生物多样性。试验结束时, 采用空腹颈静脉采血法采集血液样品约 20 mL, 静置 12 h 后, 4 °C、3 000 r/min 离心 10 min, 取 2 mL 血清置于冻存管中, -80 °C 保存, 用于测定血清代谢产物。

1.4 生长性能测定

试验期间每日记录投料量及次日余料量, 并于正式试验前 1 d 和最后 1 d 晨饲前对试验牛进行空腹称重。根据记录数据计算雅江雪牛的平均日增重、平均日采食量和料重比, 如公式(1)–(3)所示。

平均日增重=(试验末重-试验初重)/试验天数 (1)

平均日采食量=总采食量/试验天数 (2)

料重比=平均日采食量/平均日增重 (3)

1.5 营养物质表观消化率测定

采用内源指示剂法测定饲料营养物质表观消化率。通过在饲料中添加硅藻土以提高盐酸不溶灰分含量。参照中华人民共和国国家标准测定饲料及粪便样品中粗蛋白质(GB/T 6432—2018)^[15]、粗脂肪(GB/T 6433—2006)^[16]、粗纤维(GB/T 6434—2022)^[17]及盐酸不溶灰分(GB/T 23742—2009)^[18]的含量。中性洗涤纤维和酸性洗涤纤维含量使用 ANKOM 200 纤维分析仪 (ANKOM Technology 公司)测定, 具体操作参照 van Soest 等方法^[19]。饲料养分表观消化率计算如公式(4)所示。

饲料养分表观消化率=1-(饲料中指示剂含量/粪中指示剂含量)×(粪中养分含量/饲料中养分含量)×100% (4)

1.6 瘤胃发酵参数测定

瘤胃液 pH 值使用便携式 pH 测试仪(杭州陆恒生物科技有限公司)测定。挥发性脂肪酸含量

采用气相色谱-质谱联用仪(Agilent 公司)分析。测定时, 取 1 mL 过滤后的瘤胃液样品, 加入 2 mL 0.1% 稀盐酸, 低温下振荡混匀。样品经 12 000 r/min 高速离心 20 min 后, 收集上清液并过滤, 最后注入气相色谱仪, 通过标准曲线法定量。

1.7 瘤胃菌群结构测定

取 200 μ L 解冻后的瘤胃液, 使用 QIAamp Fast DNA Stool Mini 试剂盒(Qiagen 公司), 按照说明书操作步骤提取瘤胃液总 DNA。以提取的 DNA 为模板, 使用正向引物 338F (5'-ACTCCTACGGGAGGCAGCAGG-3')和反向引物 806R (5'-GGACTACHVGGGTWTCTAAT-3')对细菌 16S rRNA 基因 V3-V4 区进行 PCR 扩增。PCR 反应体系 (25 μ L): 5 $\times$ Reaction buffer 5 μ L, 5 $\times$ G+C buffer 5 μ L, dNTPs (2.5 mmol/L) 2 μ L, 上、下游引物 (10 μ mol/L) 各 1 μ L, DNA 模板 2 μ L, Q5 DNA Polymerase 0.25 μ L, ddH₂O 8.75 μ L。PCR 反应条件: 98 $^{\circ}$ C 预变性 2 min; 98 $^{\circ}$ C 变性 15 s, 55 $^{\circ}$ C 退火 30 s, 72 $^{\circ}$ C 延伸 1 min, 共 33 个循环; 72 $^{\circ}$ C 终延伸 5 min。扩增产物经 2% 琼脂糖凝胶电泳检测后, 切胶回收目标片段。使用 TruSeq Nano DNA LT Library Prep Kit (Illumina 公司)构建测序文库, 并通过 Agilent High Sensitivity DNA Kit (安捷伦科技有限公司)进行质控。合格文库在 Illumina MiSeq 平台(上海派森诺生物科技股份有限公司)进行 2 $\times$ 300 bp 双端测序。

1.8 血清代谢产物测定

取 100 μ L 血清样品, 加入 500 μ L 预冷的 70% 甲醇溶液, 涡旋混匀后于冰上孵育 15 min。随后在 4 $^{\circ}$ C、12 000 r/min 离心 20 min, 取 300 μ L 上清液备用。向沉淀中加入乙酸乙酯/甲醇混合溶液, 重复提取步骤后合并 2 次上清液。合并后的溶液经甲醇复溶、超声处理, 并在 4 $^{\circ}$ C、12 000 r/min 离心 10 min, 取 60 μ L 上清液用于进样分析。采用 Vanquish UHPLC 系统联

用 Orbitrap Exploris 120 质谱仪进行检测。色谱分离使用 Hypersil Gold 色谱柱 (100 mm $\times$ 2.1 mm, 1.9 μ m)。质谱分析在正负离子模式下进行, 参数设置如下: 喷雾电压 3.5 kV, 毛细管温度 320 $^{\circ}$ C, 辅助气流速 10 L/min, 加热器温度 350 $^{\circ}$ C。

1.9 数据分析

微生物多样性测序数据采用 UCLUST 软件, 以 97% 的序列相似度阈值进行操作分类单元 (operational taxonomic units, OTU) 聚类。随后, 通过将 OTU 代表序列与 Greengenes 数据库进行比对, 获取分类学信息, 进而解析各分类水平上的微生物群落组成。微生物群落的 α 多样性 (包括丰富度、多样性和均匀度) 通过 Chao1、Shannon、Simpson、Faith_pd、Pielou_e 和 Observed_species 6 种指数进行评估。代谢组学数据分析方面, 采用非靶向代谢组学策略进行数据采集。代谢物的鉴定通过与公开数据库 (HMDB、KEGG、LIPID MAPS 等) 及测试公司 (上海派森诺生物科技股份有限公司) 自建的标准品二级图谱库进行匹配比对, 并采用 MetDNA 算法进行高置信度代谢物鉴定。整体代谢谱的分布特征通过主成分分析 (principal component analysis, PCA) 呈现, 组间差异代谢物则通过正交偏最小二乘判别分析 (orthogonal partial least squares discriminant analysis, OPLS-DA) 筛选。所有统计学分析均以生物学重复为单位, 使用 GraphPad Prism 8 软件进行, 采用方差分析 (analysis of variance, ANOVA) 后进行 Duncan 多重比较检验。显著性水平设定为 $P < 0.05$, 极显著性水平为 $P < 0.01$ 。

2 结果与分析

2.1 不同精粗比饲料对雅江雪牛生长性能的影响

由表 2 可知, 3 个试验组雅江雪牛的初始体重和终末体重差异不显著 ($P > 0.05$)。C60 组的总增重和平均日增重显著高于 C50 组和 C40 组 ($P <$

0.05)。C40 组的平均日采食量显著低于 C60 组 ($P<0.05$)，但与 C50 组差异不显著 ($P>0.05$)。此外，3 个试验组的料重比无显著差异 ($P>0.05$)。

2.2 不同精粗比饲料对雅江雪牛营养物质表观消化率的影响

由表 3 可知，随着饲料精粗比的增加，粗蛋白质和酸性洗涤纤维的表观消化率逐渐降低。其中，C60 组粗蛋白质的消化率显著低于 C40 组和 C50 组，而 C60 组和 C50 组酸性洗涤纤维的消化率显著低于 C40 组 ($P<0.05$)。然而，各组间粗脂肪、粗纤维和中性洗涤纤维的表观消化率均无显著差异 ($P>0.05$)。

2.3 不同精粗比饲料对雅江雪牛瘤胃发酵参数的影响

由表 4 可知，随着饲料精粗比的增加，瘤

胃液 pH 值逐渐降低。C60 组的瘤胃液 pH 值显著低于 C40 组和 C50 组 ($P<0.05$)。C40 组的乙酸含量显著高于 C60 组 ($P<0.05$)，但与 C50 组差异不显著 ($P>0.05$)。C60 组的丙酸含量显著高于 C40 组 ($P<0.05$)，但与 C50 组差异不显著 ($P>0.05$)。相应地，C40 组的乙酸/丙酸比值显著高于 C50 组和 C60 组 ($P<0.05$)。此外，异丁酸、丁酸、异戊酸、戊酸及总挥发性脂肪酸的含量在 3 组间均无显著差异 ($P>0.05$)。

2.4 不同精粗比饲料对雅江雪牛瘤胃液菌群结构的影响

由表 5 可知，随着饲料精料比例的增加，雅江雪牛瘤胃液的微生物多样性显著下降。6 种多样性指数(包括 Chao1、Faith_pd、Observed_species、Pielou_e、Shannon 和 Simpson)在 C60

表2 不同精粗比饲料对雅江雪牛生长性能的影响

Table 2 Effects of diets with different concentrate-to-roughage ratios on growth performance of Yajiang snow cattle

Items	Groups			SEM	P-value
	C40	C50	C60		
Initial body weight/kg	306.70±64.67	346.30±70.13	327.80±35.07	14.67	0.580
Final body weight/kg	359.50±65.17	400.00±69.84	388.80±31.67	14.63	0.534
Total weight gain/kg	52.80±1.64a	54.20±5.26a	61.00±5.24b	5.31	0.027
Average daily gain/(kg/d)	1.14±0.03a	1.17±0.11a	1.32±0.11b	0.03	0.027
Average daily feed intake/(kg/d)	10.82±0.54a	11.30±0.43ab	11.78±0.71b	0.17	0.065
F/G	9.43±0.49	9.54±0.65	8.89±0.84	0.27	0.256

In the same row, values with no letter mean no significant difference ($P>0.05$), while with different lowercase letters superscripts mean significant difference ($P<0.05$). The same below.

表3 不同精粗比饲料对雅江雪牛营养物质表观消化率的影响

Table 3 Effects of diets with different concentrate-to-roughage ratios on nutrient apparent digestibilities of Yajiang snow cattle

Items	Groups			SEM	P-value
	C40	C50	C60		
Crude protein/%	71.05±3.39b	69.64±2.54b	64.43±3.62a	0.81	0.001
Ether extract/%	55.81±2.33	53.68±2.75	53.93±2.54	0.50	0.175
Crude fiber/%	63.49±4.12	63.01±1.59	61.13±3.97	0.66	0.324
Acid detergent fiber/%	65.21±2.39b	60.66±3.03a	58.49±5.16a	0.88	0.003
Neutral detergent fiber/%	61.05±3.08	58.51±3.35	56.46±5.05	0.81	0.064

表4 不同精粗比饲粮对雅江雪牛瘤胃发酵参数的影响

Table 4 Effects of diets with different concentrate-to-roughage ratios on rumen fermentation of Yajiang snow cattle

Items	Groups			SEM	P-value
	C40	C50	C60		
pH	6.59±0.07c	6.45±0.06b	6.33±0.05a	0.03	<0.001
Acetic acid/(mg/L)	1 223.63±155.72b	1 087.47±169.94ab	998.17±148.03a	41.61	0.035
Propionic acid/(mg/L)	277.33±56.41a	328.41±54.05ab	376.54±54.05b	15.72	0.024
Isobutyric acid/(mg/L)	48.43±6.49	53.14±6.13	52.25±7.60	1.57	0.461
Butyric acid/(mg/L)	248.61±18.75	253.83±19.58	266.01±14.42	4.30	0.250
Isovaleric acid/(mg/L)	382.14±25.33	387.96±27.04	390.47±26.44	5.88	0.855
Valeric acid/(mg/L)	151.96±15.22	150.98±15.81	159.45±14.63	3.49	0.582
Total volatile fatty acids/(mg/L)	2 332.13±137.71	2 261.80±201.27	2 242.91±120.22	35.98	0.595
Acetic acid/Propionic acid	4.63±1.40b	3.35±0.51a	2.71±0.59a	0.28	0.009

表5 不同精粗比饲粮对雅江雪牛瘤胃菌群 α 多样性的影响

Table 5 Effects of diets with different concentrate-to-roughage ratios on alpha diversity of rumen microbial community of Yajiang snow cattle

Items	Groups			SEM	P-value
	C40	C50	C60		
Chao1 index	2 705.88±304.77b	2 501.31±305.94b	1 651.74±199.65a	126.30	<0.001
Faith_pd index	163.78±12.95b	160.10±13.91b	121.16±12.10a	5.49	<0.001
Observed_species index	2 557.97±246.65b	2 375.15±258.74b	1 577.78±214.41a	116.16	<0.001
Pielou_e index	0.89±0.01b	0.88±0.02b	0.78±0.05a	0.01	<0.001
Shannon index	10.07±0.16b	9.87±0.28b	8.34±0.69a	0.21	<0.001
Simpson index	0.99±0.00b	0.99±0.00b	0.98±0.01a	0.00	0.003

组中均显著低于 C40 组和 C50 组($P<0.05$)。在门分类水平上(图 1), 27 个雅江雪牛瘤胃液样品中共鉴定出 14 个菌门, 其中有 5 个菌门的相对丰度大于 1.00%, 依次为拟杆菌门(*Bacteroidota*)、芽孢杆菌门(*Bacillota*)、假单胞菌门(*Pseudomonadota*)、疣微菌门(*Verrucomicrobiota*)和放线菌门(*Actinomycetota*)。其中, 拟杆菌门和芽孢杆菌门为所有样品中的优势菌群(平均相对丰度分别为 54.96% 和 36.22%)。在属分类水平上(图 2), 雅江雪牛瘤胃液中的优势菌属依次为普雷沃氏菌属(*Prevotella*)、解琥珀酸菌属(*Succinivibrio*)、月形单胞菌属(*Selenomonas*)、瘤胃球菌属(*Ruminococcus*)、梭菌属(*Clostridium*)、丁酸弧菌属(*Butyrivibrio*)、密螺

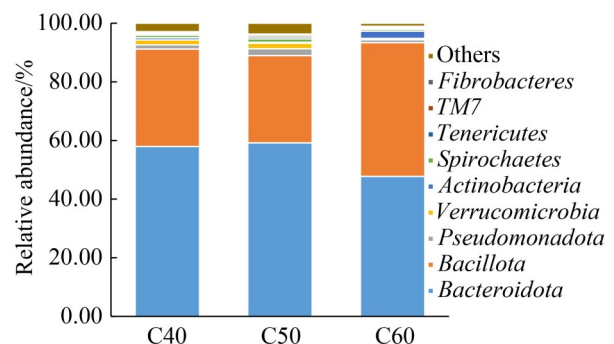


图1 不同试验组雅江雪牛瘤胃液菌群门分类水平物种组成

Figure 1 Composition of the rumen fluid microbiota in different groups of Yajiang snow cattle at phylum level.

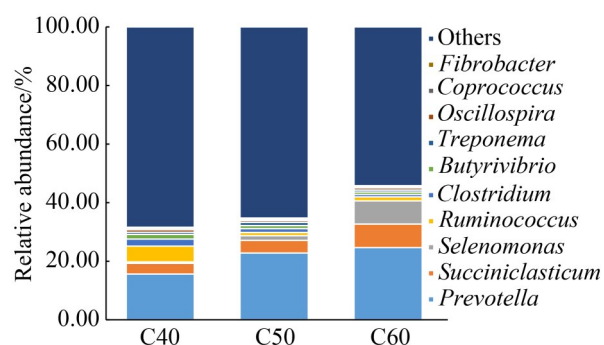


图2 不同试验组雅江雪牛瘤胃液菌群属分类水平物种组成

Figure 2 Composition of the rumen fluid microbiota in different groups of Yajiang snow cattle at genus level.

旋体属(*Treponema*)、颤螺菌属(*Oscillospira*)、粪球菌属(*Coprococcus*)和丝状杆菌属(*Fibrobacter*)。

对不同试验组雅江雪牛瘤胃液中优势细菌的相对丰度进行差异性分析,结果如图3所示。在门分类水平上,C40组和C50组的拟杆菌门和疣微菌门相对丰度显著高于C60组,而芽孢杆菌门的相对丰度显著低于C60组($P<0.05$ 或 $P<0.01$)。在属分类水平上,C60组的解琥珀酸菌属和月形单胞菌属相对丰度显著高于C40组和C50组($P<0.01$ 或 $P<0.05$),但C40组与C50组之间无显著差异($P>0.05$)。此外,C40组的普雷沃氏菌属相对丰度显著低于C50组和C60组,而瘤胃球菌属和梭菌属的相对丰度显著高于C50组和C60组($P<0.01$)。C40组的丁酸弧菌属、假丁酸弧菌属(*Pseudobutyrvibrio*)和比贝尔施泰因氏菌属(*Bibersteinia*)相对丰度显著高于C60组($P<0.05$),但与C50组无显著差异($P>0.05$)。

2.5 不同精粗比饲料对雅江雪牛血清代谢产物的影响

对不同试验组雅江雪牛血清差异代谢产物进行分析,结果如图4所示。由图4可知,C40组和C50组之间存在100个差异代谢产物,与C40组相比,C50组中有75个代谢产物上调,

25个代谢产物下调;C40组和C60组之间存在223个差异代谢产物,与C40组相比,C60组中有165个代谢产物上调,58个代谢产物下调;C50组和C60组之间存在310个差异代谢产物,与C50组相比,C60组中有204个代谢产物上调,106个代谢产物下调。

根据各差异代谢物的变量投影重要性(variable importance in the projection, VIP),筛选出VIP值较高的差异代谢物进行分析,结果如图5所示。由图5可知,C40组中5,6-二氢尿苷(5,6-dihydrouridine)、2-羟基丁酸(2-hydroxybutyric acid)和次氨基三乙酸(nitrilotriacetic acid)的含量显著高于C50组和C60组($P<0.05$ 或 $P<0.01$)。谷氨酸(glutamate)和4-羟基异亮氨酸(4-hydroxyisoleucine)的含量显著高于C60组($P<0.05$),但与C50组无显著差异($P>0.05$)。此外,C40组中6-羟基-2-甲基吲哚(6-hydroxy-2-methylindole)、N-羟乙酰神经氨酸(*N*-glycolylneuraminic acid)、2,6-二羟基苯甲酸(2,6-dihydroxybenzoic acid)和牛磺酸去氧胆酸(taurohyodeoxycholic acid)的含量显著低于C50组和C60组。C60组中氧化脯氨酸(pyroglutamic acid)的含量显著高于C50组和C40组($P<0.05$)。C50组中丁酰肉碱(butyrylcarnitine)的含量显著高于C60组,而十六烷基二酸(hexadecanedioic acid)的含量显著高于C40组和C60组($P<0.05$ 或 $P<0.01$)。

2.6 生产性能与瘤胃微生物及血清差异代谢产物的相关性分析

对雅江雪牛的平均日增重和平均日采食量与瘤胃微生物及血清差异代谢产物进行相关性分析,结果如图6所示。由图6可知,雅江雪牛的平均日增重与瘤胃液pH值及血清十六烷基二酸含量呈显著负相关($P<0.05$ 或 $P<0.01$),而与瘤胃芽孢杆菌门、月形单胞菌属的丰度及血清氧化脯氨酸含量呈显著正相关($P<0.05$ 或 $P<$

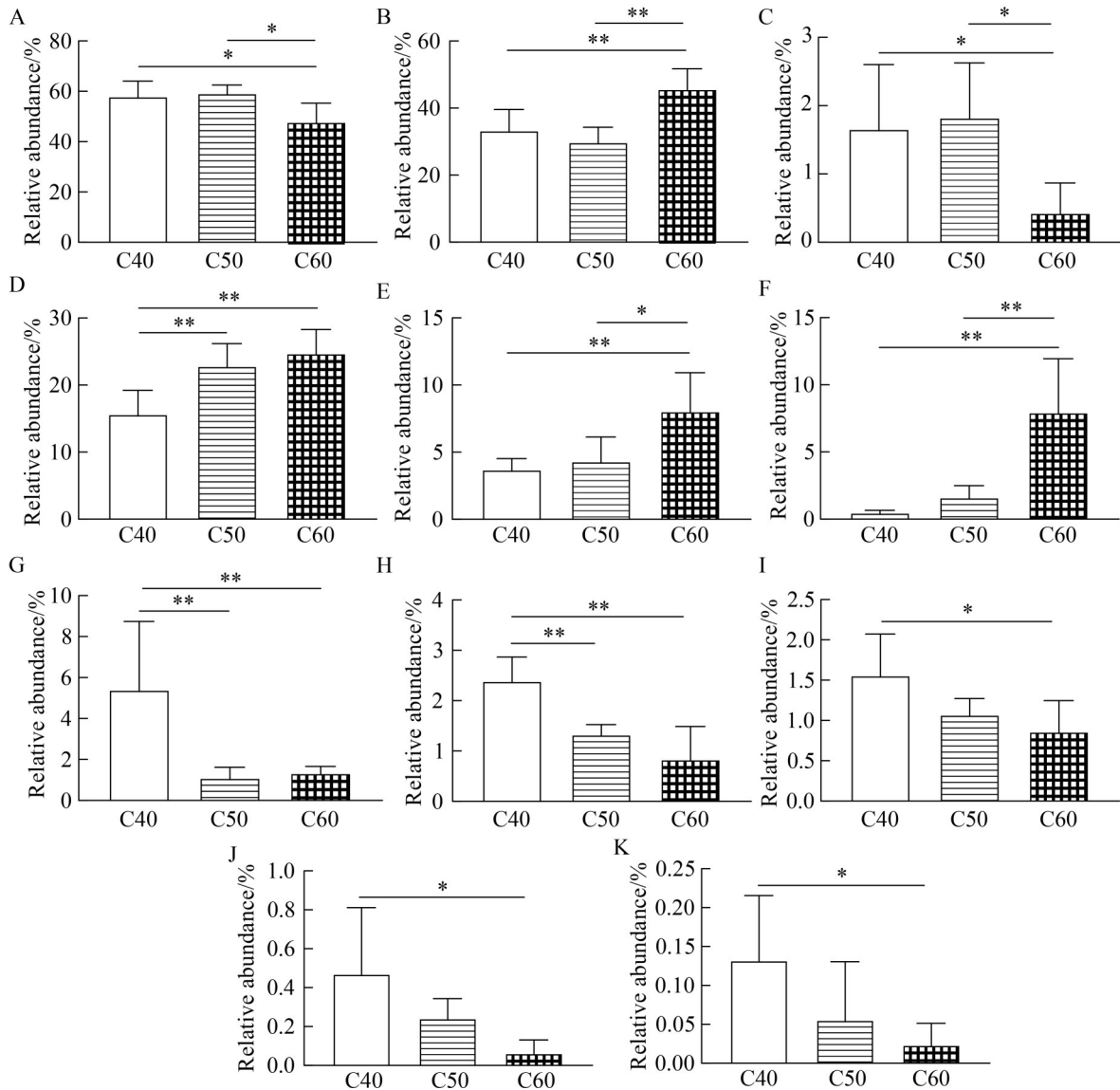


图3 不同雅江雪牛瘤胃液微生物差异分析

Figure 3 Analysis for the difference of dominating rumen fluid bacteria in Yajiang snow cattle. A: *Bacteroidota*; B: *Bacillota*; C: *Verrucomicrobiota*; D: *Prevotella*; E: *Succiniclasicum*; F: *Selenomonas*; G: *Ruminococcus*; H: *Clostridium*; I: *Butyrivibrio*; J: *Pseudobutyrvibrio*; K: *Bibersteinia*. *: $P < 0.05$; **: $P < 0.01$. The same below.

0.01)。此外，雅江雪牛的平均日采食量与瘤胃液 pH 值、瘤胃梭菌属、丁酸弧菌属、拟杆菌门和瘤胃球菌属的丰度呈显著负相关($P < 0.05$ 或 $P < 0.01$)，而与瘤胃月形单胞菌属的丰度及血清 6-羟基-2-甲基吡啶含量呈显著正相关($P < 0.05$ 或 $P < 0.01$)。

3 讨论与结论

西藏雅江雪牛养殖面临饲草短缺和养殖技术落后等严峻挑战。科学调控饲粮精粗比是实现雅江雪牛养殖效益最大化的关键技术。本研究表明，提高饲粮精料比例可显著提升雅江雪牛的平均日增重和日采食量。这一发现与蒙

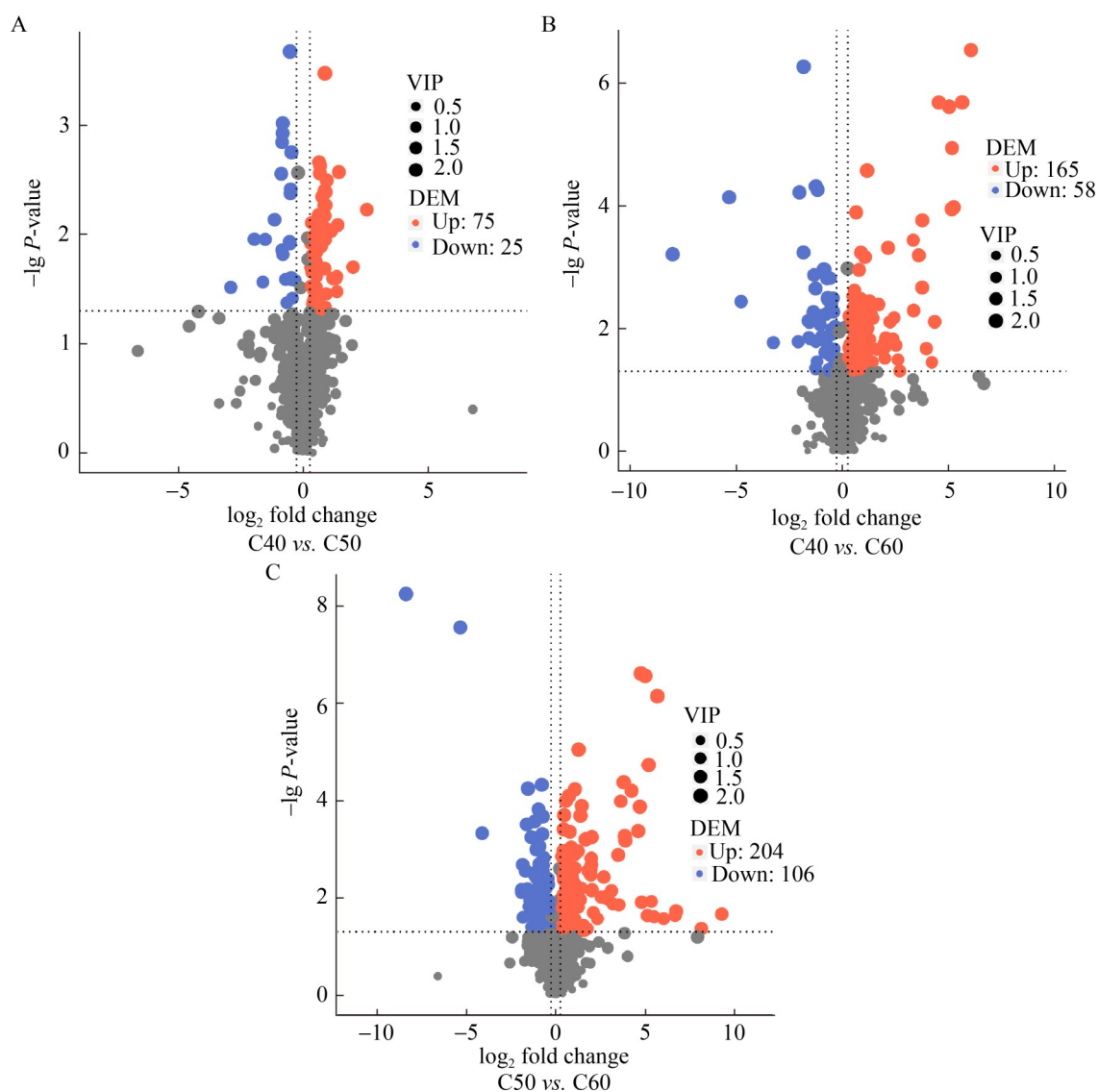


图4 雅江雪牛血清差异代谢产物火山图

Figure 4 Volcano plot of differential metabolites of blood in Yajiang snow cattle. In the figure, red dots represent significantly upregulated metabolites, blue dots represent significantly downregulated metabolites, and gray dots represent metabolites with no significant difference.

沈^[20]关于牦牛的研究以及马丽娜等^[21]对安格斯犍牛的研究结论一致,其原因可能是精料比例的提高不仅增加了能量摄入并优化了瘤胃发酵模式,还加速了瘤胃发酵速度(精料中易消化的谷物等物质含量较高),从而缩短了饲粮在瘤胃中的滞留时间,最终促进了日增重和采食量的提高^[22]。然而,部分研究结果与本研究存在分

歧。例如,陈艳美等^[23]的研究发现,饲粮精粗比对西门塔尔杂交牛の日增重无显著影响;岳子奇等^[24]的研究也表明,饲粮精粗比对安格斯犏牛的采食量无显著影响。这些差异可能源于牛的品种差异或饲粮组成不同。值得注意的是,本研究发现随着饲粮精料比例的增加,粗蛋白质和酸性洗涤纤维的表观消化率逐渐降低。这

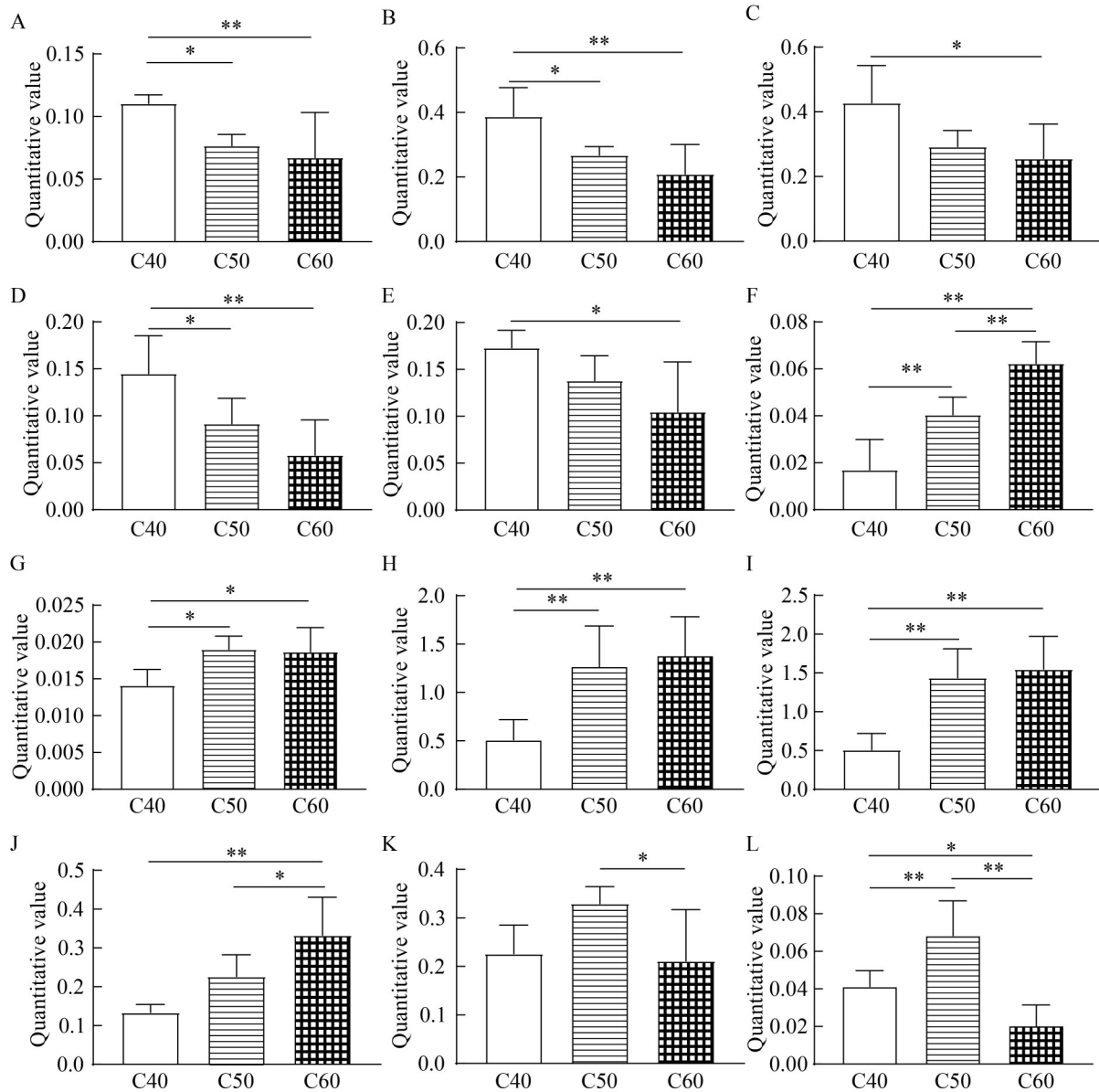


图5 不同雅江雪牛血清代谢产物差异分析

Figure 5 Analysis for the difference of blood metabolites in Yajiang snow cattle. A: 5,6-dihydrouridine; B: 2-hydroxybutyric acid; C: Glutamate; D: Nitrilotriacetic acid; E: 4-hydroxyisoleucine; F: 6-hydroxy-2-methylindole; G: N-glycolylneuraminic acid; H: 2,6-dihydroxybenzoic acid; I: Taurohydoxycholic acid; J: Pyroglutamic acid; K: Butyrylcarnitine; L: Hexadecanedioic acid.

可能与高精料饲粮导致瘤胃 pH 值波动有关, 酸性环境抑制了蛋白质分解菌和纤维分解菌的活性, 从而降低了蛋白质和纤维的利用效率^[25]。

瘤胃发酵产生的挥发性脂肪酸是反刍动物的主要能量来源。饲料碳水化合物经微生物降

解为脂肪酸后, 通过瘤胃壁吸收进入血液, 为机体提供能量。Yi 等^[26]与 Wang 等^[27]分别证实, 提高牦牛和荷斯坦奶牛的精料比例会增加瘤胃中丙酸和总 VFA 含量, 并降低乙酸含量及乙酸/丙酸比值。本研究表明, 随着饲粮中精料比例

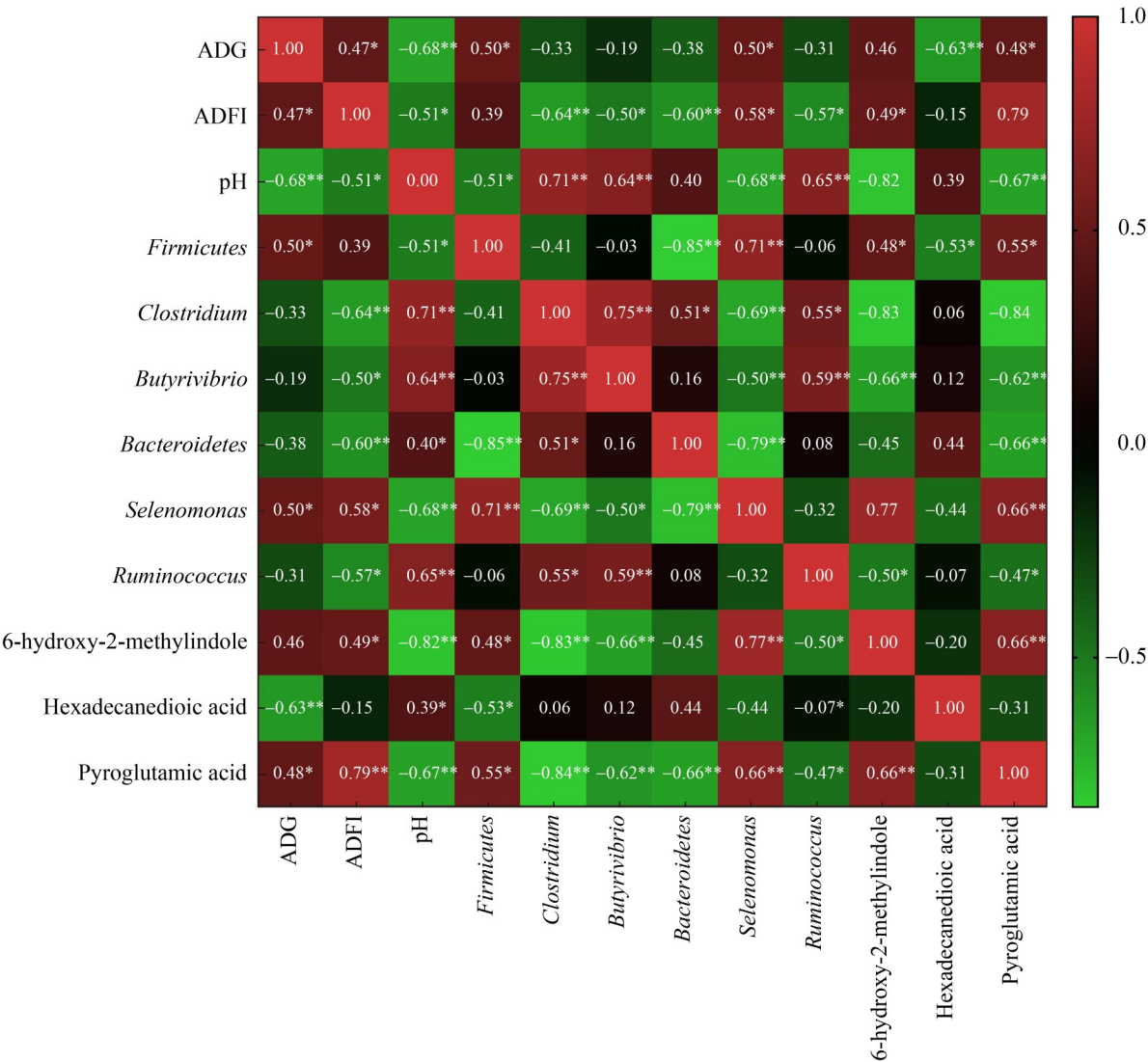


图6 生产性能与瘤胃微生物和血清差异代谢产物相关性分析
Figure 6 Correlation analysis of production performance with rumen microbiota and differential serum metabolites.

的增加，雅江雪牛瘤胃液的乙酸含量和 pH 值逐渐下降，丙酸含量升高，乙酸/丙酸比值也随之降低，与上述研究一致。乙酸/丙酸比值是评估瘤胃发酵类型与能量效率的关键指标，其下降意味着能量利用效率提高^[28]。在本研究中随着精料比例增加，瘤胃 pH 降低抑制纤维分解菌，使乙酸合成减少；同时淀粉发酵加剧促进了丙酸生成，共同促使发酵类型由“乙酸型”向“丙酸型”转变^[29]。然而，其他研究发现饲粮精粗比对

牦牛瘤胃液中乙酸和丙酸含量无显著影响，这可能源于物种差异导致的瘤胃微生物区系和发酵模式不同^[30]。
饲粮精粗比是影响瘤胃微生物多样性的主要因素之一。Fan 等^[31]研究表明，随着饲粮精料比例的增加，山羊瘤胃液的 Chao1 指数和 Shannon 指数显著下降。本研究中，高精料组雅江雪牛瘤胃微生物多样性指数均显著低于低精料组，与上述研究一致。这归因于高精料饲粮

促进了淀粉分解菌的快速增殖并占据竞争优势,抑制了纤维分解菌等其他菌群,导致微生物群落结构单一化。然而,长期饲喂高精料饲粮导致瘤胃微生物多样性降低,可能削弱瘤胃功能冗余性和稳定性,破坏菌群屏障作用,增加代谢紊乱(如酸中毒)及机会性病原菌增殖的风险^[32]。徐俊杰等^[33]研究发现,饲粮中不同精粗比对牦牛瘤胃微生物多样性无显著影响,这与本研究结果存在差异,可能源于饲粮精粗比的梯度范围不同。拟杆菌门(分解淀粉等)与芽孢杆菌门(降解纤维素)是瘤胃核心菌群,协同为宿主供能^[34-35]。本研究发现,随着饲粮精粗比的增加,拟杆菌门的丰度下降,而芽孢杆菌门的丰度上升。这种变化可能归因于底物转变,即瘤胃微生物通过自我调节以适应饲粮精料水平的变化。高精料饲粮富含淀粉等易发酵碳水化合物,有利于芽孢杆菌门中淀粉降解菌类的增殖。在属水平上,本研究检测到8个差异菌属(丰度位居前50)。高精料组中普雷沃氏菌属、解琥珀酸菌属和月形单胞菌属的相对丰度显著高于低精料组,而瘤胃球菌属、梭菌属、丁酸弧菌属、假丁酸弧菌属和比伯斯坦菌属则显著低于低精料组。普雷沃氏菌属负责降解淀粉与蛋白质,为宿主提供能量^[36]。解琥珀酸菌属和月形单胞菌属是瘤胃中关键的乳酸利用菌,二者协同防止高精料条件下的乳酸积累^[37-38]。瘤胃球菌属(降解纤维素)与梭菌属(降解纤维素/半纤维素)协同作用,主导瘤胃中植物纤维的分解转化^[39-40]。丁酸弧菌属和假丁酸弧菌属则是瘤胃中高效降解半纤维素和果胶的细菌^[41-42]。这些菌群在雅江雪牛瘤胃中的丰度变化表明,饲粮组成是塑造瘤胃微生物区系的关键因素。高精料饲粮富含淀粉等易发酵碳水化合物,为普雷沃氏菌等淀粉降解菌以及利用其发酵产物(如琥珀酸、乳酸)的月形单胞菌和解琥珀酸菌提供了充足底物,使其成为优势菌群。然而,高精料日粮可能抑制瘤胃对粗纤维的降解能力,导致纤维降解菌群(如瘤胃球菌属、梭菌属、丁酸弧菌属)的相对

丰度降低。

血清代谢产物可反映机体生理状态与能量代谢稳态,揭示瘤胃微生物发酵对宿主代谢的系统性影响,为解析反刍动物营养生理机制提供功能性表型证据和潜在生物标志物。Pang等^[43]研究表明,饲粮不同精料比对牦牛精氨酸和脯氨酸代谢、丝氨酸和苏氨酸代谢、乙醛酸和二羧酸代谢、精氨酸生物合成、甘油磷脂代谢以及氮代谢等途径具有显著影响。Robison等^[44]研究发现,增加饲粮中粗饲料的比例会降低血清中尿素氮和非酯化脂肪酸的含量。本研究发现,饲粮中不同精粗比例显著影响雅江雪牛血清中多种代谢产物的含量,与已有研究结果一致。与C60组相比,C40组中5,6-二氢尿苷、2-羟基丁酸、谷氨酸等代谢物含量显著升高。其中,2-羟基丁酸的上调提示低精料饲粮可能促进了脂肪动员以维持能量稳态^[45]。谷氨酸和4-羟基异亮氨酸的积累则与氨基酸代谢及胰岛素信号调控相关^[46]。牛磺酸去氧胆酸、6-羟基-2-甲基吡啶等微生物源代谢物在C40组中显著降低,这反映了高精料饲粮改变了肠道微生物代谢活动^[47]及肠道微生态^[48]。

综上所述,饲粮中不同精粗比例对雅江雪牛的生长性能、瘤胃发酵模式和血清代谢产物均产生显著影响。与低精料饲粮相比,高精料饲粮可通过提高瘤胃芽孢杆菌门和月形单胞菌属等纤维素降解菌的丰度,增强纤维降解能力和挥发性脂肪酸的产生,优化宿主能量代谢,促进血清蛋白质沉积,最终提高采食量和日增重。

作者贡献声明

罗浩:雅江雪牛饲养管理,样品采集及测定,数据统计分析,论文撰写及投稿;刘锁珠:试验设计和提供试验场地;杨升:试验设计及指导;郭琦琦:雅江雪牛饲养管理,样品采集及测定;陈哲:雅江雪牛饲养管理,样品采集及测定;钦尼多杰:样品采集及测定;商振达:试验设计和指导,论文修改及项目管理。

作者利益冲突公开声明

作者声明不存在任何可能会影响本文所报告工作的已知经济利益或个人关系。

参考文献

- [1] 达瓦, 夏茂林, 次仁多吉, 尼玛群宗, 仁增顿珠, 张楠, 拉旺扎西, 拉巴次仁. 标准化育肥对雅江雪牛生长发育的影响[J]. 中国饲料, 2023(6): 25-28.
Da Wa, Xia ML, Ci RenDuoJi, Ni MaQunZong, Ren ZengDunZhu, Zhang N, La WangZhaXi, La BaCiRen. Effect of standardised fertilisation on the growth and development of Yajiang snow cattle[J]. China Feed, 2023(6): 25-28 (in Chinese).
- [2] 尼玛群宗, 达瓦, 陈瑶, 旦增旺久, 拉旺扎西, 苏中华, 孙宝忠, 谢鹏, 雷元华. 西藏雅江雪牛与牦牛肉质特性比较研究[J]. 食品安全质量检测学报, 2020, 11(11): 3642-3648.
Ni MaQunZong, Da Wa, Chen Y, Dan ZengWangJiu, La WangZhaXi, Su ZH, Sun BZ, Xie P, Lei YH. Comparison of meat quality characteristics of Xizang Yajiang snow cattle and yak[J]. Journal of Food Safety & Quality, 2020, 11(11): 3642-3648 (in Chinese).
- [3] 张国瑞, 金艳梅, 尼玛群宗, 张晓庆, 夏茂林. 基于血液代谢产物的雅江雪牛对西藏高原适应性分析[J]. 黑龙江畜牧兽医, 2024(24): 43-49, 137-138.
Zhang GR, Jin YM, Ni MaQunZong, Zhang XQ, Xia ML. Analysis of adaptability of Yajiang snow cattle to Xizang Plateau based on blood metabolites[J]. Heilongjiang Animal Science and Veterinary Medicine, 2024(24): 43-49, 137-138 (in Chinese).
- [4] Nugroho D, Sunarso S, Sevilla CC, Angeles AA. The effects of dietary neutral detergent fiber ratio from forage and concentrate on the dietary rumen degradability and growth performance of Philippine native goats (*Capra hircus* Linn.) [J]. International Journal of Science and Engineering, 2013, 6(1): 75-80.
- [5] Da Silveira Alves FG, de Souza Carneiro MS, dos Santos Costa C, Guedes LF, de Sousa Oliveira D, Campos MM, Pompeu RCFF, Rogério MCP. Effects of dietary roughage-to-concentrate ratio and sex on nutrient intake, digestibility, nitrogen balance and metabolic profile of Brazilian Somali sheep[J]. Tropical Animal Health and Production, 2025, 57(8): 481.
- [6] 杨硕, 卢洋洋, 韦玥瑞, 史彬林, 娜仁花. 补饲精料对大青山绒山羊瘤胃细菌及产甲烷菌多样性的影响[J]. 畜牧与兽医, 2020, 52(8): 50-55.
Yang S, Lu YY, Wei YR, Shi BL, Na RH. Effect of supplementary feeding on the diversity of rumen bacteria and methanogens in grazing Daqingshan Cashmere goats[J]. Animal Husbandry & Veterinary Medicine, 2020, 52(8): 50-55 (in Chinese).
- [7] 徐晓锋, 胡丹丹, 郭婷婷, 张力莉. 不同精粗比饲料条件下奶牛瘤胃细菌菌群结构变化的研究[J]. 动物营养学报, 2019, 31(12): 5541-5550.
Xu XF, Hu DD, Guo TT, Zhang LL. Structure changes of rumen bacterial flora of dairy cows under different concentrate to roughage ratio diets[J]. Chinese Journal of Animal Nutrition, 2019, 31(12): 5541-5550 (in Chinese).
- [8] Chen H, Wang CJ, Huasai S, Chen A. Effects of dietary forage to concentrate ratio on nutrient digestibility, ruminal fermentation and rumen bacterial composition in Angus cows[J]. Scientific Reports, 2021, 11: 17023.
- [9] Pitta DW, Kumar S, Veiccharelli B, Parmar N, Reddy B, Joshi CG. Bacterial diversity associated with feeding dry forage at different dietary concentrations in the rumen contents of Mehshana buffalo (*Bubalus bubalis*) using 16S pyrotags[J]. Anaerobe, 2014, 25: 31-41.
- [10] Jiang YH, Dai P, Dai QD, Ma J, Wang ZS, Hu R, Zou HW, Peng QH, Wang LZ, Xue B. Effects of the higher concentrate ratio on the production performance, ruminal fermentation, and morphological structure in male cattle-yaks[J]. Veterinary Medicine and Science, 2022, 8(2): 771-780.
- [11] Ma N, Abaker JA, Wei G, Chen H, Shen X, Chang G. A high-concentrate diet induces an inflammatory response and oxidative stress and depresses milk fat synthesis in the mammary gland of dairy cows[J]. Journal of Dairy Science, 2022, 105(6): 5493-5505.
- [12] Zhang XJ, Wang LZ, Wang ZS, Xue B, Peng QH. Effect of dietary concentrate level on digestibility of nutrients in each region of the gastrointestinal tract and rumen fermentation in goats[J]. Animal Biotechnology, 2023, 34(6): 1900-1908.
- [13] Liu HJ, Xu TW, Xu SX, Ma L, Han XP, Wang XG, Zhang XL, Hu LY, Zhao N, Chen YW, Pi L, Zhao XQ. Effect of dietary concentrate to forage ratio on growth performance, rumen fermentation and bacterial diversity of Xizang sheep under barn feeding on the Qinghai-Xizang Plateau[J]. PeerJ, 2019, 7: e7462.
- [14] 中华人民共和国农业部. 肉牛饲养标准: NY/T 815—2004[S]. 北京: 中国农业出版社, 2004.
The ministry of agriculture of the People's Republic of China. Feeding standard of beef cattle: NY/T 815—2004[S]. Beijing: China Agricultural Press, 2004 (in Chinese).
- [15] 国家市场监督管理总局, 中国国家标准化管理委员会. 饲料中粗蛋白质的测定—凯氏定氮法: GB/T 6432—2018[S]. 北京: 中国标准出版社, 2018.
State Administration for Market Regulation, Standardization Administration of the People's Republic of China. Determination of crude protein in feeds—Kjeldahl method: GB/T 6432—2018[S]. Beijing: Standards Press of China, 2018 (in Chinese).
- [16] 中华人民共和国国家质量监督检验检疫总局, 中国国家标准化管理委员会. 饲料中粗脂肪的测定: GB/T 6433—2006[S]. 北京: 中国标准出版社, 2006.
General Administration of Quality Supervision, Inspection and Quarantine of the People's Republic of China, Standardization Administration of the People's Republic of China. Determination of crude fat in feed: GB/T 6433—2006[S]. Beijing: Standards Press of China, 2006 (in Chinese).
- [17] 国家市场监督管理总局, 中国国家标准化管理委员会. 饲料中粗纤维的含量测定: GB/T 6434—2022[S]. 北京: 中国标准出版社, 2022.

- State Administration for Market Regulation, Standardization Administration of the People's Republic of China. Determination of crude fiber content in feeds: GB/T 6434—2022[S]. Beijing: Standards Press of China, 2022 (in Chinese).
- [18] 中华人民共和国国家质量监督检验检疫总局, 中国国家标准化管理委员会. 饲料中盐酸不溶灰分的测定: GB/T 23742—2009[S]. 北京: 中国标准出版社, 2009.
- General Administration of Quality Supervision, Inspection and Quarantine of the People's Republic of China, Standardization Administration of the People's Republic of China. Animal feeding stuffs: determination of ash insoluble in hydrochloric acid: GB/T 23724—2009[S]. Beijing: Standards Press of China, 2009 (in Chinese).
- [19] Van Soest PJ, Robertson JB, Lewis BA. Methods for dietary fiber, neutral detergent fiber, and nonstarch polysaccharides in relation to animal nutrition[J]. *Journal of Dairy Science*, 1991, 74(10): 3583-3597.
- [20] 蒙洸. 不同精粗比日粮对牦牛生产性能、瘤胃微生物组及血清代谢组的影响[D]. 雅安: 四川农业大学, 2025.
- Meng L. Effects of different concentrate-to-forage ratios on production performance, ruminal microbiome, and serum metabolome in Yaks[D]. Ya'an: Sichuan Agricultural University, 2025 (in Chinese).
- [21] 马丽娜, 高海慧, 康晓冬, 梁小军. 日粮精粗比对哺乳期犊牛生长性能、瘤胃发酵参数及细菌菌群结构的影响[J]. *饲料研究*, 2023, 46(8): 6-10.
- Ma LN, Gao HH, Kang XD, Liang XJ. Effect of concentrate to roughage ratio diets on growth performance, rumen fermentation parameters and bacterial flora structure of lactating calves[J]. *Feed Research*, 2023, 46(8): 6-10 (in Chinese).
- [22] Berends H, van den Borne JJGC, Stockhofe-Zurwieden N, Gilbert MS, Zandstra T, Pellikaan WF, van Reenen CG, Bokkers EAM, Gerrits WJJ. Effects of solid feed level and roughage-to-concentrate ratio on ruminal drinking and passage kinetics of milk replacer, concentrates, and roughage in veal calves[J]. *Journal of Dairy Science*, 2015, 98(8): 5621-5629.
- [23] 陈艳美, 史建伟, 杨凯, 高月娥, 陈瑾, 程月, 王安奎, 黄必志. 日粮不同精粗比对肉牛生长性能和血液生化指标的影响[J]. *现代畜牧科技*, 2023(6): 5-9.
- Chen YM, Shi JW, Yang K, Gao YE, Chen J, Cheng Y, Wang AK, Huang BZ. Effects of different dietary concentrate to forage ratios on production performance and blood biochemical indices of beef cattle[J]. *Modern Animal Husbandry Science & Technology*, 2023(6): 5-9 (in Chinese).
- [24] 岳子奇, 王之盛, 胡瑞, 邹华围, 彭全辉, 周玉青, 赵索南, 孙芸, 孔祥颖. 日粮精粗比对舍饲安格斯犏牛生长性能和血清生化指标的影响[J]. *中国农业大学学报*, 2023, 28(12): 124-131.
- Yue ZQ, Wang ZS, Hu R, Zou HW, Peng QH, Zhou YQ, Zhao SN, Sun Y, Kong XY. Effect of dietary concentrate to forage ratio on growth performance and serum biochemical indices of Angus cattle-yaks fed in confinement[J]. *Journal of China Agricultural University*, 2023, 28(12): 124-131 (in Chinese).
- [25] Ji SK, Zhang HT, Yan H, Azarfar A, Shi HT, Alugongo G, Li SL, Cao ZJ, Wang YJ. Comparison of rumen bacteria distribution in original rumen digesta, rumen liquid and solid fractions in lactating Holstein cows[J]. *Journal of Animal Science and Biotechnology*, 2017, 8: 16.
- [26] Yi SM, Dai DW, Wu H, Chai ST, Liu SJ, Meng QX, Zhou ZM. Dietary concentrate-to-forage ratio affects rumen bacterial community composition and metabolome of yaks[J]. *Frontiers in Nutrition*, 2022, 9: 927206.
- [27] Wang LJ, Li Y, Zhang YG, Wang LH. The effects of different concentrate-to-forage ratio diets on rumen bacterial microbiota and the structures of Holstein cows during the feeding cycle[J]. *Animals*, 2020, 10(6): 957.
- [28] Zhao CC, Wang LM, Ke SL, Chen XH, Kenéz Á, Xu W, Wang DD, Zhang F, Li Y, Cui ZH, Qiao Y, Wang J, Sun WJ, Zhao JH, Yao JH, Yu ZT, Cao YC. Yak rumen microbiome elevates fiber degradation ability and alters rumen fermentation pattern to increase feed efficiency[J]. *Animal Nutrition*, 2022, 11: 201-214.
- [29] Sun JJ, Wang ZH, Yan XY, Zhao YQ, Tan L, Miao XN, Zhao R, Huo WJ, Chen L, Li QH, Liu Q, Wang C, Guo G. Indole-3-acetic acid enhances ruminal microbiota for aflatoxin B1 removal *in vitro* fermentation[J]. *Frontiers in Veterinary Science*, 2024, 11: 1450241.
- [30] 李岩, 戴东文, 杨英魁, 王迅, 刘书杰, 红卫, 柴沙驼, 王书祥. 不同精粗比饲料对育肥后期牦牛生长性能、营养物质表观消化率、血清生化指标及瘤胃发酵参数的影响[J]. *动物营养学报*, 2022, 34(5): 3056-3065.
- Li Y, Dai DW, Yang YK, Wang X, Liu SJ, Hong W, Chai ST, Wang SX. Effects of diets with different concentrate to roughage ratios on growth performance, nutrient apparent digestibilities, serum biochemical indexes and rumen fermentation parameters of yak in late stage of fattening[J]. *Chinese Journal of Animal Nutrition*, 2022, 34(5): 3056-3065 (in Chinese).
- [31] Fan SQ, Zheng ML, Ren A, Mao HX, Long DL, Yang LY. Effects of high-concentrate-induced SARA on antioxidant capacity, immune levels and rumen microbiota and function in goats[J]. *Animals*, 2024, 14(2): 263.
- [32] 申迪, 曾子铭, 庞凯悦, 柴沙驼, 聂洪辛, 李毓敏, 廖扬, 王迅, 黄伟华, 刘书杰, 杨英魁, 王书祥. 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[J]. *草业学报*, 2024, 33(5): 155-165.
- Shen D, Zeng ZM, Pang KY, Chai ST, Nie HX, Li YM, Liao Y, Wang X, Huang WH, Liu SJ, Yang YK, Wang SX. Effects of low-concentrate and high-concentrate diets on yak growth performance and rumen microbiota structure[J]. *Acta Prataculturae Sinica*, 2024, 33(5): 155-165 (in Chinese).
- [33] 徐俊杰, 王莹, 丁宁, 马向花, 刘塔, 周天赐, 李涛, 袁朝海, 张威, 蔡亚非. 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 JJ, Wang Y, Ding N, Ma XH, Liu T, Zhou TC, Li T, Yuan CH, Zhang W, Cai YF. 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 (in Chinese).
- [34] Ali Ahmad A, Yang C, Zhang JB, Kalwar Q, Liang ZY, Li C, Du M, Yan P, Long RJ, Han JL, Ding XZ. Effects of dietary energy levels on rumen fermentation, microbial diversity, and feed efficiency of yaks (*Bos grunniens*)[J]. *Frontiers in Microbiology*, 2020, 11: 625.
- [35] Zened A, Combes S, Cauquil L, Mariette J, Klopp C, Bouchez O, Troegeler-Meynadier A, Enjalbert F. Microbial ecology of the rumen evaluated by 454 GS FLX pyrosequencing is affected by starch and oil supplementation of diets[J]. *FEMS Microbiology Ecology*, 2013, 83(2): 504-514.
- [36] Jin CJ, Wu SR, Liang ZQ, Zhang J, Lei XJ, Bai HX, Liang GF, Su XD, Chen XD, Wang PY, Wang Y, Guan LL, Yao JH. Multi-omics reveal mechanisms of high enteral starch diet mediated colonic dysbiosis via microbiome-host interactions in young ruminant[J]. *Microbiome*, 2024, 12: 38.
- [37] Hu QY, Man JJ, Luo J, Cheng F, Yang M, Lin G, Wang P. Early-life supplementation with mannan-rich fraction to regulate rumen microbiota, gut health, immunity, and growth performance in dairy goat kids[J]. *Journal of Dairy Science*, 2024, 107(11): 9322-9333.
- [38] Pereira AM, de Lurdes Nunes Enes Dapkevicius M, Borba AES. Alternative pathways for hydrogen sink originated from the ruminal fermentation of carbohydrates: which microorganisms are involved in lowering methane emission?[J]. *Animal Microbiome*, 2022, 4: 5.
- [39] Liang JS, Chang JN, Zhang R, Fang W, Chen L, Ma WF, Zhang YJ, Yang WJ, Li YH, Zhang PY, Zhang GM. Metagenomic analysis reveals the efficient digestion mechanism of corn stover in Angus bull rumen: microbial community succession, CAZyme composition and functional gene expression[J]. *Chemosphere*, 2023, 336: 139242.
- [40] Ma P, Hong YF, Liu CX, Sun YQ, Liu MZ, Yang ZG, Ma PY, Wu HX, Xue FG. Rumen microbiota responses to the enzymatic hydrolyzed cottonseed peptide supplement under high-concentrate diet feeding process[J]. *Frontiers in Veterinary Science*, 2022, 9: 984634.
- [41] Du S, Bu ZK, You SH, Jiang ZP, Su WF, Wang TH, Jia YS. Integrated rumen microbiome and serum metabolome analysis responses to feed type that contribution to meat quality in lambs[J]. *Animal Microbiome*, 2023, 5: 65.
- [42] Wei WJ, Zhen YK, Wang YS, Shahzad K, Wang MZ. Advances of rumen functional bacteria and the application of micro-encapsulation fermentation technology in ruminants: a review[J]. *Fermentation*, 2022, 8(10): 564.
- [43] Pang KY, Chai ST, Yang YK, Wang X, Liu SJ, Wang SX. Dietary forage to concentrate ratios impact on yak ruminal microbiota and metabolites[J]. *Frontiers in Microbiology*, 2022, 13: 964564.
- [44] Robison CA, Pierce KN, Reuter RR, Warner AL, Wilson BK. The effects of receiving diet roughage inclusion on performance, health, and serum metabolite characteristics of newly received beef calves[J]. *Translational Animal Science*, 2023, 7: txad039.
- [45] Quiroga J, Burgos RA, Henríquez C, Carretta MD, Alarcón P, Cortés B, Morán G. β -hydroxybutyrate restricts glycolytic metabolism in bovine neutrophils during toll-like receptor 2/1 stimulation[J]. *Developmental & Comparative Immunology*, 2025, 170: 105427.
- [46] Li C, Zhang JT, Li YJ, Zhao XH, Liang H, Li KR, Qu MR, Qiu QH, Ouyang KH. Glutamate supplementation improves growth performance, rumen fermentation, and serum metabolites in heat-stressed hu sheep[J]. *Frontiers in Nutrition*, 2022, 9: 851386.
- [47] García-Cañaveras JC, Donato MT, Castell JV, Lahoz A. Targeted profiling of circulating and hepatic bile acids in human, mouse, and rat using a UPLC-MRM-MS-validated method[J]. *Journal of Lipid Research*, 2012, 53(10): 2231-2241.
- [48] Zeng CR, Wang N, Wen M, Zhou BJ, Yang Y. Untargeted metabolomics analysis of the spleens of ducks infected with *Clostridium perfringens* type A[J]. *BMC Veterinary Research*, 2025, 21: 301.