

育肥猪饲料转化率差异与肠道菌群组成特征的关联性分析

吴启钿¹, 陈倩¹, 宋雅丽¹, 彭震¹, 王晓庆², 田晶晶², 王海玲², 杨嘉怡², 王立贤², 赵福平^{2*}, 高鹏飞^{1*}
(1. 山西农业大学动物科学学院, 山西晋中 030801; 2. 中国农业科学院北京畜牧兽医研究所, 北京 100193)

摘要: 本研究旨在探究猪饲料转化率 (Feed Conversion Ratio, FCR) 与肠道微生物组成与结构的关系, 为微生物标志物的开发和精确营养管理策略的制定提供科学依据。选取 44 头 188 日龄左右的皮特兰母猪, 依据 FCR 高低分为高饲料转化率组 (High FCR, HFCR) 和低饲料转化率组 (Low FCR, LFCR), 采用 16S rRNA 测序分析结肠内容物微生物多样性, 并与 FCR 进行关联分析。结果表明: 除 Chao1 指数外, 高低饲料转化率组间微生物的 Alpha 多样性无显著差异。微生物主坐标分析 (Principal Coordinate Analysis, PCoA) 结果表明, 2 组间的肠道微生物整体结构存在显著差异。皮特兰猪的核心菌属有普雷沃氏菌科未分类菌属 (*Uncultured Prevotellaceae*)、拟杆菌门未分类菌属 (*Uncultured Bacteroidetes*)、瘤胃球菌科未分类菌属 (*Uncultured Ruminococcaceae*)、狭义梭菌属 (*Clostridium sensu stricto*)。通过 LEfSe 分析, HFCR 组中 γ -变形菌纲未培养菌属 (*Uncultured Gammaproteobacteria*)、狭义梭菌属、乳杆菌科未培养菌属 (*Uncultured Lactobacillaceae*) 等菌属显著富集, LFCR 组则显著富集异普雷沃氏菌属 (*Alloprevotella*)、链球菌属 (*Streptococcus*)、普雷沃氏菌科未分类菌属等。冗余分析进一步揭示, 采食量、日增重、栏位和饲料转化率对细菌群落结构有显著影响, 其中普雷沃氏菌属、粪杆菌属 (*Faecalibacterium*)、普雷沃氏菌科未分类菌属与 FCR 为负相关。本研究揭示了皮特兰母猪高、低 FCR 组结肠微生物群落结构, 明确了普雷沃氏菌科相关菌属、粪杆菌属等作为潜在微生物标记与饲料效率改善相关, 本研究结果可为进一步开发肠道微生物调控策略、提升猪生产性能提供理论参考。

关键词: 饲料转化率; 16S rRNA 测序; 肠道微生物组成; 皮特兰猪

中图分类号: S828.2

文献标识码: A

DOI 编号: 10.19556/j.0258-7033.20241210-01

生猪养殖业在我国畜牧业中占据重要地位, 2024 年我国猪肉产量已达 5 706 万 t^[1], 占肉类总产量的比例约为 58.4%。在养猪过程中, 饲料成本约占养猪成本的 60%, 猪饲料使用效率对农业生产和整体经济有着重大影响^[2]。因此, 提高饲料使用效率至关重要。在猪养殖行业中, 饲料转化率 (Feed Conversion Ratio, FCR)

是评价饲料效率的一个主要指标。随着自动饲喂技术的应用, 猪饲料的使用记录变得更加精确, 使猪育种工作变得更加便捷和高效^[3]。研究表明, 猪胃肠道内存在的复杂细菌群落与 FCR 密切相关^[4-5]。因此, 本研究利用 16S rRNA 测序技术分析高饲料转化率和低饲料转化率的皮特兰母猪结肠内容物, 了解肠道菌群组成差异, 并探索其与饲料效率的关系, 以期为提高饲料效率和培育节粮型猪新品种提供理论支持。

1 材料与方法

1.1 数据来源 本研究数据来源于德国霍恩海姆大学的一项试验研究^[6], 包括 207 头皮特兰母猪 (测定期从 30 kg 开始, 到 105 kg 结束, 平均性能测试时间为 100 d 左右), 其性状包括采食量 (Feed Intake, FI)、日增重 (Daily Gain, DG)、FCR、栏位和日龄等。16S

收稿日期: 2024-12-12; 修回日期: 2024-12-30

资助项目: 山西省基础研究项目 (202203021211268); 中国农业科学院科技创新工程 (ASTIP-IAS02); 畜禽遗传资源发掘与精准育种山西省重点实验室开放课题基金

作者简介: 吴启钿 (1999-), 女, 贵州六盘水人, 硕士研究生, 主要从事猪遗传育种研究, E-mail: www113304056671@163.com

* 通信作者: 赵福平 (1981-), 研究员, 主要从事统计基因组学和猪遗传育种研究, E-mail: zhaofuping@caas.cn; 高鹏飞 (1980-), 教授, 主要从事动物遗传资源发掘与创新利用, E-mail: gpf800411@126.com

rRNA 基因测序数据可于欧洲核苷酸档案库 (European Nucleotide Archive, ENA) 中获取, 其访问编号为 PRJEB18070 (<http://www.ebi.ac.uk/ena/data/view/PRJEB18070>), 其中操作分类单元 (Operational taxonomic units, OTUs) 有 1 870 个, 注释后得到了猪肠道微生物菌属 49 个。依据 FCR 对所有个体进行排序, 挑选出 FCR 最高的 22 头猪作为 HFCR 组, 同时选取 FCR 最低的 22 头猪作为 LFCR 组。

1.2 微生物群落 使用 R 语言 vegan 包 (ver2.6-4) 中的 diversity 函数计算菌属水平的微生物群落的 Alpha 多样性, 利用布雷柯蒂斯距离 (Bray-Curtis Distance) 进行主坐标分析 (PCoA), 并通过柱状图呈现属水平上的分布情况。对 2 组肠道微生物菌属进行差异分析, 使用斯皮尔曼 (Spearman) 相关性分析计算菌属水平与生长性状的相关性。采用线性判别分析 (Linear Discriminant Analysis Effect Size, LEfSe) 方法, 筛选出 LDA (Linear Discriminant Analysis) 的值大于 3 的菌属, 用于进一步的讨论。执行冗余分析 (Redundancy Analysis, RDA), 并使用蒙特卡洛排列检验 (permu=999) 来评估肠道微生物和栏位、日龄、FI、DG、FCR 的显著性。

1.3 统计与分析 使用 SPSS 29.0 软件对 44 头猪的表型数据进行分析, 结果以平均值 $\pm$ 标准差的形式呈现。通过 t 检验计算得到的 P 值用于评估差异的显著性。

2 结果

2.1 HFCR 组和 LFCR 组的猪表型差异 如表 1 所示, HFCR 组猪的 FI 与 FCR 极显著高于 LFCR 组, DG 极显著低于 LFCR 组。

表 1 HFCR 组和 LFCR 组猪的生长性能			
指标	LFCR 组	HFCR 组	P 值
FI, kg	158.08 $\pm$ 4.7	201.74 $\pm$ 16.1	<0.001
DG, g/d	831.7 $\pm$ 59.7	665.8 $\pm$ 78.3	<0.001
FCR	2.13 $\pm$ 0.1	2.73 $\pm$ 0.2	<0.001

2.2 HFCR 组和 LFCR 组肠道微生物的 Alpha 群落多样性的差异 如表 2 所示, HFCR 组和 LFCR 组的 Shannon、Simpson、Richness、Sobs、ACE 指数没有差异, 但 HFCR 组猪的 Chao1 指数低于 LFCR 组猪 ($P<0.05$)。根据 OTUs 水平的丰度的 PCoA 分析, 结果显示, PCoA1 和 PCoA2 分别解释了 13.84% 和 11.56% 的变异

度, HFCR 和 LFCR 之间有一定程度的分离 (图 1), 检测的 2 组肠道微生物的整体结构有显著差异。

表 2 HFCR 组和 LFCR 组肠道微生物 Alpha 多样性指数			
指标	LFCR 组	HFCR 组	P 值
Shannon	5.16 $\pm$ 0.33	5.16 $\pm$ 0.31	0.9355
Simpson	0.98 $\pm$ 0.02	0.98 $\pm$ 0.01	0.5791
Richness	1093.59 $\pm$ 130.94	1053.68 $\pm$ 107.53	0.2755
Chao1	69239.12 $\pm$ 29853.85	53928.5 $\pm$ 18965.15	0.0487
ACE	82892.93 $\pm$ 33200.88	64862.33 $\pm$ 26873.23	0.0543
Sobs	1 093.59 $\pm$ 130.94	1053.68 $\pm$ 107.53	0.2755

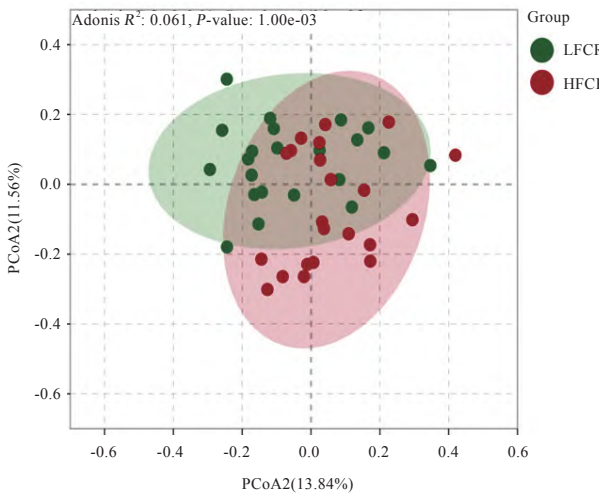


图 1 基于操作分类单元 (OTU) 的肠道微生物群落主坐标分析

2.3 HFCR 组和 LFCR 组肠道微生物的物种组成差异 HFCR 组和 LFCR 组在属水平上微生物组成无明显区别 (图 2)。皮特兰猪的核心菌属有: 普雷沃氏菌科未分类菌属 (HFCR 和 LFCR 分别为 8.71% 和 17.58%)、拟杆菌门未分类菌属 (HFCR 和 LFCR 分别为 16.45% 和 14.93%)、瘤胃球菌科未分类菌属 (HFCR 和 LFCR 分别为 15.66% 和 12.83%)、拟杆菌目未分类菌属 (HFCR 和 LFCR 分别为 9.66% 和 7.51%)、狭义梭菌属 (HFCR 和 LFCR 分别为 9.97% 和 6.60%), 其中 LFCR 的普雷沃氏菌科未分类菌属丰度是 HFCR 的 2 倍。

2.4 HFCR 和 LFCR 猪的肠道微生物组成 在属水平上, 本研究进行 LEfSe 分析, 结果如图 3 所示, 在 HFCR 组 LDA 值大于 3 的属有: γ -变形菌纲未培养菌属、狭义梭菌属、乳杆菌科未培养菌属、图里杆菌属 (Turicibacter)、琥珀酸弧菌属 (Succinivibrio)、梭菌目未分类菌属 XIII (Uncultured Clostridiales Incertae Sedis XIII)、拟杆菌目未培养菌属 (Uncultured Bacteroidales)、弯曲杆菌属 (Campylobacter)、消化球

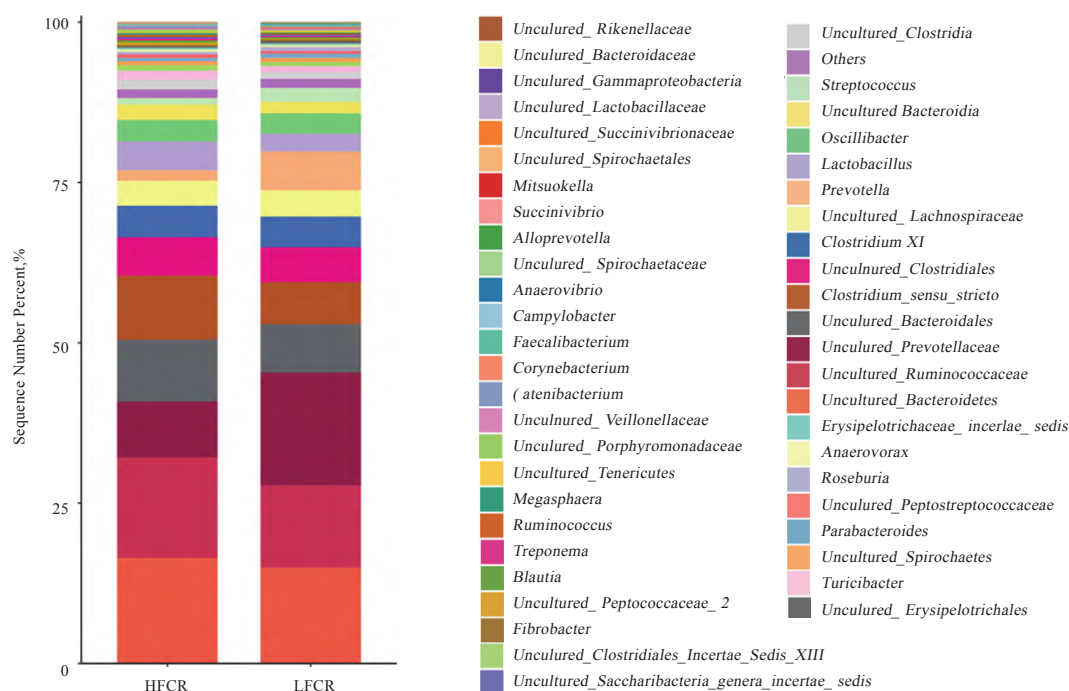


图 2 属水平优势微生物组成及丰度图

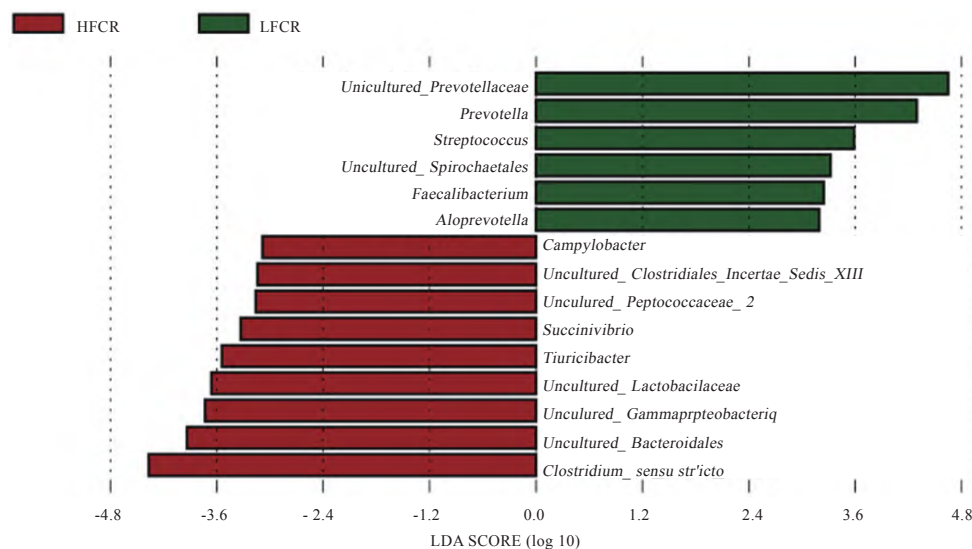


图 3 HFCR 和 LFCR 的 LefSe 分析

菌科未培养菌属 2 (*Uncultured Peptococcaceae* 2)。在 LFCR 组 LDA 值大于 3 的属有：异普雷沃氏菌属、链球菌属、普雷沃氏菌科未分类菌属、粪杆菌属、普雷沃氏菌属、螺旋体目未培养菌属 (*Uncultured Spirochaetales*)。进一步使用 STAMP 软件和 Welch 的 *t* 检验比较了 HFCR 猪和 LFCR 猪之间菌属的丰度。消化球菌科未培养菌属 2、 γ -变形菌纲未培养菌属、拟杆菌目未培养菌属在 HFCR 中的丰度显著高于 LFCR；普雷沃氏菌科未分类菌属、普雷沃氏菌属、粪杆菌属在

HFCR 属在 HFCR 中的丰度极显著低于 LFCR (图 4)。

2.5 关联分析 为探究栏位、日龄、FI、DG、FCR 与微生物群落结构的关系，将这些因子与属水平进行了 RDA 分析，并进行蒙特卡洛置换检验。RDA1 和 RDA2 分别解释了总微生物方差的 44.25% 和 25.87% (图 5)，除日龄外其余因子都存在显著相关性 (表 3)。Spearman 相关性分析显示细菌属与栏位、日龄、FI、DG、FCR 的相关性是不同的 (图 6)，其中与栏位呈现显著正相关的菌有消化球菌科未培养菌属 2

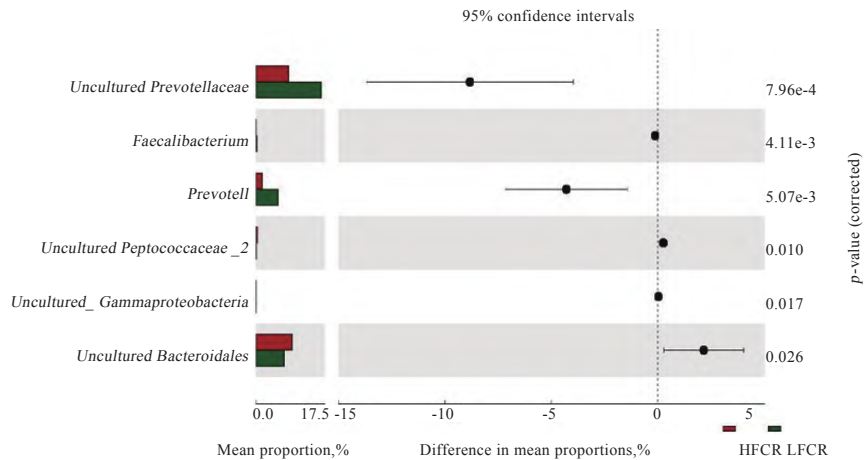


图 4 属水平的差异菌群

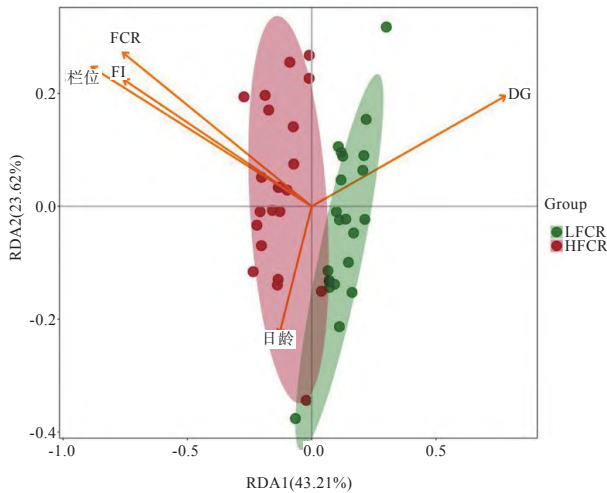


图 5 微生物群落结构与栏位、日龄、FI、DG、FCR 的 RDA 分析

表 3 约束冗余分析 (RDA) 中因子的拟合优度统计量 (R^2)

因子	RDA1	RDA2	r^2	Pr ($>r$)
栏位	-0.9974	0.0728	0.5049	0.001***
日龄	-0.7150	-0.6992	0.0345	0.485
FI	-0.9965	0.0841	0.3695	0.002**
DG	0.9721	0.2345	0.4281	0.001***
FCR	-0.9925	0.1223	0.3767	0.002**

注: * 代表 $P<0.05$, ** 代表 $P<0.01$, *** 代表 $P<0.001$ 。

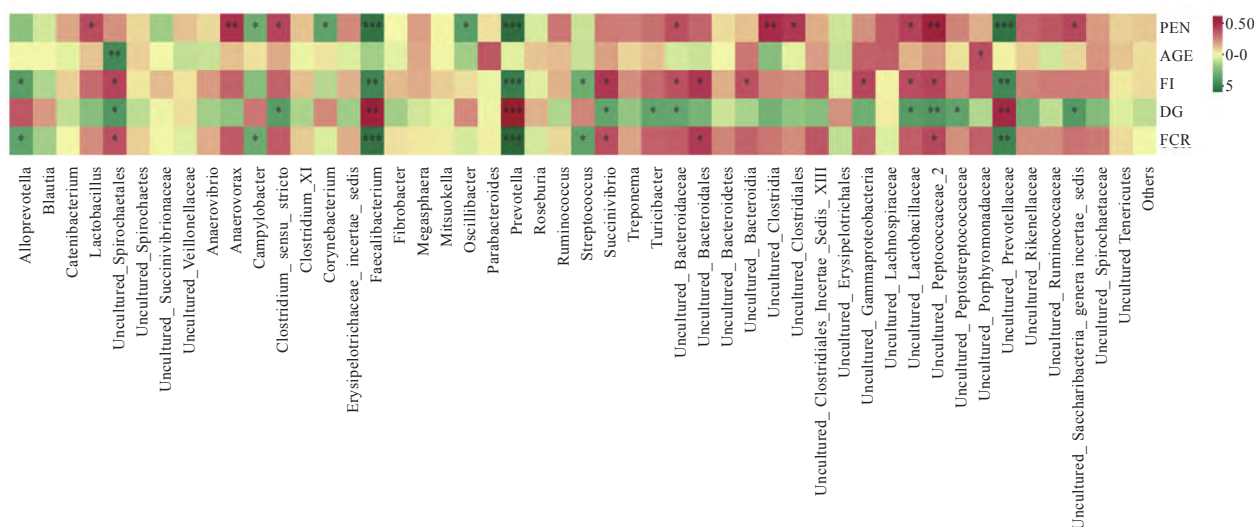
($r=0.463\ 9$, $P=0.001\ 5$)、梭菌纲未培养菌属(*Uncultured Clostridia*, $r=0.413\ 0$, $P=0.005\ 3$)；负相关的菌有普雷沃氏菌属($r=-0.530\ 8$, $P=0.000\ 2$)、普雷沃氏菌科未分类菌属($r=-0.511\ 9$, $P=0.000\ 4$)、粪杆菌属($r=-0.509\ 9$, $P=0.000\ 4$)。与日龄负相关的菌有螺旋体目未培养菌属($r=-0.436\ 7$, $P=0.003\ 0$)。与 FI 负相关的菌有普雷沃氏菌属($r=-0.482\ 2$, $P=0.000\ 9$)、粪杆菌属($r=-0.452\ 8$, $P=0.002\ 0$)、普雷沃氏菌科未分

类菌属($r=-0.444\ 1$, $P=0.002\ 5$)。与 DG 正相关的菌有普雷沃氏菌属($r=0.512\ 1$, $P=0.000\ 4$)、粪杆菌属($r=0.464\ 1$, $P=0.001\ 5$)、普雷沃氏菌科未分类菌属($r=0.422\ 9$, $P=0.004\ 2$)。与 FCR 负相关的菌有普雷沃氏菌属($r=-0.557\ 4$, $P=0.000\ 1$)、粪杆菌属($r=-0.513\ 7$, $P=0.000\ 4$)、普雷沃氏菌科未分类菌属($r=-0.455\ 3$, $P=0.001\ 9$)。

3 讨论

本研究探讨了育肥猪胃肠道微生物群落与 FCR 的关系，目的是确定哪些肠道微生物群落影响饲料效率。其他研究中也发现高低 FCR 组个体的肠道微生物群落多样性结果，证实二者之间可能存在因果关系^[7]，本研究中，HFCR 组的 Chao1 指数显著低于 LFCR 组。Tan 等^[8]研究长白猪结肠微生物的 HFCR 和 LFCR 分析显示 Alpha 多样性指数有显著差异。也有研究表明通过 16S rRNA 测序评估不同剩余采食量(Residual Feed intake, RFI)猪的肠道菌群，发现 Alpha 多样性在高低 RFI 组间无显著差异^[9]。不同研究间可能因样本规模、遗传背景、微生物部位特异性导致结果差异。

PCoA 显示，在属水平上 HFCR 组和 LFCR 组在菌群结构相似。尽管整体菌群结构类似，但具体微生物种类及其相对丰度在不同 FCR 中有所变化，这可能影响宿主对饲料的消化吸收能力。而其他研究揭示猪肠道微生物群在属水平分类构成的多样性：在 Yang 等^[10]的研究中，杜洛克猪中含量最高的 3 个属是普雷沃氏菌属、乳酸菌属和密螺旋体属。Xiao 等^[11]研究发现，汉普夏猪中含量最高的 3 个属是普雷沃氏菌属、链球菌属



* 代表 $P < 0.05$, ** 代表 $P < 0.01$, *** 代表 $P < 0.001$ 。

图 6 斯皮尔曼分析

和 SMB53, 而长白猪和约克夏猪则是梭状芽胞杆菌、SMB53 和链球菌属。本研究发现肠道微生物群落在属水平上与上述研究的优势菌属存在差异, 这可能是由于猪的品种、年龄、饲料和饲养方式的不同所导致的。

本研究用 LEfSe 方法分析了 HFCR 与 LFCR 之间猪肠道微生物组成的差异。在 HFCR 组中, γ -变形菌纲未培养菌属属于 γ 变形菌纲, 可能与克罗恩病有关^[12]。狭义梭菌属与梭菌目未分类菌属 XIII 属于梭菌目, 一些梭菌种类是重要的病原体, 能够引起严重动物的疾病^[13]。乳杆菌科未培养菌属属于乳杆菌科, 可以产生乳酸等有机酸^[14-15]。图里杆菌属影响脂肪代谢, 影响肥胖和脂质摄入^[16]。琥珀酸弧菌属和拟杆菌目未培养菌属属于拟杆菌目, 有研究表明其出与 1 型糖尿病 (Type 1 Diabetes, T1D) 有因果关系^[17]。弯曲杆菌是一种世界范围内最普遍的由食物引起的胃肠炎, 如果动物摄入了含有弯曲杆菌的饲料, 可能会导致它们生病, 影响其食欲、生长速度和整体健康状况^[18]。消化球菌科未培养菌属 2 属于消化球菌科的细菌会引起消化球菌科菌血症^[19], 与小鼠和人类炎症和免疫系统的调节有关^[20-21]。消化球菌科在 HFCR 显著富集, 符合高低组差异菌群报道^[22]。琥珀酸弧菌属、消化球菌科未培养菌属 2、与拟杆菌目未培养菌属可能其中含有潜在致病微生物。这些微生物的活动可能对宿主的生理健康产生负面影响, 从而导致 FCR 增加。

在 LFCR 组中, 链球菌与双歧杆菌乳酸亚种之间的相互作用提高了断奶仔猪的生长性能并降低腹泻率^[23]。

粪杆菌属发酵产生丁酸等短链脂肪酸, 为肠道上皮细胞供能, 这有助于营养吸收和食物利用, 从而提高宿主的能量代谢^[24-25]。螺旋体目未培养菌属属于螺旋体目, 某些螺旋体可能参与纤维素的降解, 特别是在草食性动物中, 有助于提高饲料中的纤维利用率^[26]。普雷沃氏菌科未分类菌属、异普雷沃氏菌属和普雷沃氏菌属都属于普雷沃氏科下的菌属, 其分解食物残渣、产生维生素和短链脂肪酸, 调节肠道菌群平衡, 维持肠道健康, 为宿主提供营养和能量^[27]。异普雷沃氏菌属可降解粘蛋白的微生物^[28], 或帮助肠道分解复杂的碳水化合物, 间接影响饲料的消化吸收和转化率。普雷沃氏菌属、粪杆菌属、链球菌属、异普雷沃氏菌属、普雷沃氏菌科未分类菌属这 5 个菌属可能是通过调节肠道菌群平衡, 维持肠道健康有助于营养物质的吸收和利用, 进而降低 FCR。

本研究揭示了肠道微生物群落与栏位、FI、DG、FCR 之间存在关联。尽管众多研究都在探讨微生物与 FCR 之间的关系, 但能够确定 FCR 与特定微生物种类直接关联的情况并不普遍。这主要的原因可能源于饲料配给、宿主遗传特性及管理实践的差异。栏位对菌群结构的显著影响, 高饲养密度会降低有益菌的丰度, 如拟杆菌属 (*Bacteroides*)、双歧杆菌属 (*Bifidobacterium*) 等^[29], 还会促进某些与炎症相关的微生物类群的增长^[30]。已有研究表明肠道微生物群落通过代谢产物、激素和神经递质等多种途径, 影响宿主的 FI 和食欲调节^[31]。对于 DG 与肠道微生物之间的关系, 现已有研究说明了某

些物质(抗生素、益生元和益生菌)可以通过改变肠道微生物群来发挥作用^[32]。

4 结 论

本研究揭示了皮特兰猪肠道微生物群落与其饲料转化效率之间的复杂关系,发现HFCR和LFCR猪在肠道微生物组成和多样性上存在显著差异,普雷沃氏菌属、粪杆菌属、普雷沃氏菌科未分类菌属等与FCR呈现负相关,结果可为肠道微生物群落改善猪的生长性能提供理论参考。

参考文献:

- [1] 国家统计局. 中华人民共和国 2024 年国民经济和社会发展统计公报 [N]. 人民日报, 2025-03-01.
- [2] Si J, Feng L, Gao J, et al. Evaluating the association between feed efficiency and the fecal microbiota of early-life Duroc pigs using 16S rRNA sequencing[J]. AMB Express, 2020, 10(1): 115.
- [3] Ojo A O, Mulim H A, Campos G S, et al. Exploring feed efficiency in beef cattle: from data collection to genetic and nutritional modeling[J]. Animals, 2024, 14(24): 3633.
- [4] Wang C H, Chung K T, Su L Y, et al. Chinese herbal medicines as natural alternative products to antibiotics in weaned piglets through intestinal microbiota regulation[J]. Int J Mol Sci, 2024, 25(20): 11034.
- [5] Pereira F A, Coelho F A, Alves L K S, et al. Dose of phytase from either *Aspergillus niger* or *Escherichia coli* on performance of nursery piglets[J]. Transl Anim Sci, 2024, 8: txae132.
- [6] Camarinha-Silva A, Maushammer M, Wellmann R, et al. Host genome influence on gut microbial composition and microbial prediction of complex traits in pigs[J]. Genetics, 2017, 206(3): 1637-1644.
- [7] Kavanova K, Kostovova I, Moravkova M, et al. In vitro characterization of lactic acid bacteria and bifidobacteria from wild and domestic pigs: probiotic potential for post-weaning piglets[J]. BMC Microbiol, 2025, 25(1): 8.
- [8] Tan Z, Wang Y, Yang T, et al. Differences in gut microbiota composition in finishing Landrace pigs with low and high feed conversion ratios[J]. Antonie Van Leeuwenhoek, 2018, 111(9): 1673-1685.
- [9] McCormack U M, Curião T, Buzoianu S G, et al. Exploring a possible link between the intestinal microbiota and feed efficiency in pigs[J]. Appl Environ Microbiol, 2017, 83(15): e00380.
- [10] Yang H, Huang X, Fang S, et al. Uncovering the composition of microbial community structure and metagenomics among three gut locations in pigs with distinct fatness[J]. Sci Rep, 2016, 6(1): 27427.
- [11] Xiao Y, Li K, Xiang Y, et al. The fecal microbiota composition of boar Duroc, Yorkshire, Landrace and Hampshire pigs[J]. Asian-Australas J Anim Sci, 2017, 30(10): 1456-1463.
- [12] Mirpuri J, Raetz M, Sturge C R, et al. Proteobacteria-specific IgA regulates maturation of the intestinal microbiota[J]. Gut microbes, 2014, 5(1): 28-39.
- [13] Li C J, Zhang Z, Zhan P C, et al. Comparative genomic analysis and proposal of *Clostridium yunnanense* sp. nov., *Clostridium rhizosphaerae* sp. nov., and *Clostridium paridis* sp. nov., three novel *Clostridium sensu stricto* endophytes with diverse capabilities of acetic acid and ethanol production[J]. Anaerobe, 2023, 79: 102686.
- [14] Huynh U, Zastrow M L. Metallobiology of Lactobacillaceae in the gut microbiome[J]. J Inorg Biochem, 2023, 238: 112023.
- [15] Nicholson J K, Holmes E, Kinross J, et al. Host-gut microbiota metabolic interactions[J]. Science, 2012, 336(6086): 1262-1267.
- [16] Liu W, Crott J W, Lyu L, et al. Diet- and genetically-induced obesity produces alterations in the microbiome, inflammation and Wnt pathway in the intestine of Apc+/1638N mice: comparisons and contrasts [J]. J Cancer, 2016, 7(13): 1780-1790.
- [17] Luo M, Sun M, Wang T, et al. Gut microbiota and type 1 diabetes: a two-sample bidirectional Mendelian randomization study[J]. Front Cell Infect Mi, 2023, 13: 1163898.
- [18] Ma L, Feng J, Zhang J, et al. *Campylobacter* biofilms[J]. Microbiol Res, 2022, 264: 127149.
- [19] Topiel M S, Simon G L. Peptococcaceae bacteremia[J]. Diagn Microb Infect Dis, 1986, 4(2): 109-117.
- [20] Houlden A, Goldrick M, Brough D, et al. Brain injury induces specific changes in the caecal microbiota of mice via altered autonomic activity and mucoprotein production[J]. Brain Behav Immun, 2016, 57: 10-20.
- [21] Yu D Y, Kim S H, Kim J A, et al. Effects of *Rubus coreanus* byproducts on intestinal microbiota and the immune modulation[J]. Asian-Australas J Anim Sci, 2018, 31(3): 429-438.
- [22] He B, Li T, Wang W, et al. Metabolic characteristics and nutrient utilization in high-feed-efficiency pigs selected using different feed conversion ratio models[J]. Science China Life Sci, 2019, 62(7): 959-970.
- [23] Pang J, Liu Y, Kang L, et al. *Bifidobacterium animalis* promotes the growth of weaning piglets by improving intestinal development, enhancing antioxidant capacity, and modulating gut microbiota[J]. Appl Environ Microbiol, 2022, 88(22): e0129622.
- [24] Gerard C, Stilling R M, Kennedy P J, et al. Minireview: gut microbiota: the neglected endocrine organ[J]. Mol Endocrinol, 2014, 28(8): 1221-1238.
- [25] Stilling R M, van de Wouw M, Clarke G, et al. The neuropharmacology of butyrate: The bread and butter of the microbiota-gut-brain axis?[J]. Neurochem Int, 2016, 99: 110-132.
- [26] Paster B J, Canale-Parola E. Physiological diversity of rumen spirochetes[J]. Appl Environ Microbiol, 1982, 43(3): 686-693.
- [27] Tett A, Pasolli E, Masetti G, et al. Prevotella diversity, niches and interactions with the human host[J]. Nat Rev Microbiol, 2021, 19(9): 585-599.

承德无角山羊生长曲线拟合及体重与体尺相关性分析

唐洁¹, 张文浩¹, 王东贤¹, 渠伟¹, 孙洪新³, 高海峰⁴, 李伯森², 谢遇春¹, 乔贤¹,
郝科兴¹, 尹雪姣¹, 刘铮铸^{1*}, 张会文^{2*}, 巩元芳¹

(1. 河北科技师范学院动物科技学院, 河北省特色动物种子资源挖掘与创新重点实验室, 河北秦皇岛 066004;

2. 承德市兽药管理站, 河北承德 067032; 3. 河北省畜牧兽医研究所, 河北保定 071000;

4. 包头轻工职业技术学院畜牧兽医系, 内蒙古包头 014013)

摘要: 为了弄清承德无角山羊的生长发育规律, 本研究对 130 只试验羊 (68 只公羔、62 只母羔) 的初生至 6 月龄体重和 1~6 月龄体尺指标进行了测定分析, 利用 Logistic、Gompertz 和 Von Bertalanffy 3 种模型对其生长发育进行了拟合, 利用 SPSS 22.0 分析了 3 月龄体重与各体尺指标的相关性。结果表明: 公、母羔体重及各体尺指标变化趋势基本一致, 体重从出生到 1 月龄快速增加, 3 月龄后明显减缓; 各体尺指标在 1~3 月龄快速增长, 3 月龄后开始减缓。除公羔的体长外, 公、母羔的体重和其他各体尺指标的最佳拟合模型均为 Von Bertalanffy。公、母羔 3 月龄体重与体高、胸围、胸深均呈极显著正相关, 相关性大小排序为: 胸围 > 体高 > 体长。本文研究结果对承德无角山羊早期选种选育及饲养管理提供了重要参考依据。

关键词: 承德无角山羊; 体重; 体尺; 模型; 相关性

中图分类号: S827.2

文献标识码: A

DOI 编号: 10.19556/j.0258-7033.20250303-09

承德无角山羊原产于河北省承德地区, 主要分布于冀北燕山山区, 2004 年和 2011 年分别被编入《中国种畜禽育种成果大全》和《中国畜禽遗传资源志·羊志》^[1-2]。该山羊是华北特有的“肉、皮、绒”兼用品种, 特别是

其肉质细腻可口。近年来, 由于治理风沙, 实行封山禁牧, 承德无角山羊群体数量锐减, 经国家组织相关专家进一步核查, 确认承德无角山羊处于濒危状态, 农业农村部、河北省农业农村厅已经安排专项资金用于承德无角山羊保种^[3]。

研究畜禽生长发育规律需要对其进行多方面的观察与分析, 其中定期测量并记录体重、体尺指标, 并对体重与体尺之间进行相关性分析能更好地了解其生长发育情况^[4]。非线性模型拟合的生长曲线是研究畜禽生长发育规律的一种重要方法, 已被广泛运用于描述和预测畜禽生长的过程中^[5]。常用的拟合模型有 Logistic、Gompertz 和 Von Bertalanffy^[6-8]。诸多研究利用以上模型

收稿日期: 2025-03-03; 修回日期: 2025-04-25

资助项目: 河北省现代农业产业技术体系建设专项资助

作者简介: 唐洁 (2000-), 女, 河北廊坊人, 硕士研究生, 主要研究方向为动物遗传育种与繁殖, E-mail: 1325446955@qq.com

*通信作者: 刘铮铸 (1968-), 男, 内蒙包头人, 博士, 教授, 主要从事动物遗传育种研究, E-mail: liuzhengzhu@163.com; 张会文 (1968-), 男, 河北平泉人, 研究员, 主要从事动物生产研究, E-mail: zhw0314@126.com

- [28] Glover J S, Ticer T D, Engevik M A. Characterizing the mucin-degrading capacity of the human gut microbiota[J]. Sci Rep, 2022, 12(1): 8456.
- [29] Wang Y, Jin T, Zhang N, et al. Effect of stocking density and age on physiological performance and dynamic gut bacterial and fungal communities in Langya hens[J]. Microbial Cell Factories, 2021, 20(1): 218.
- [30] Mach N, Berri M, Estellé J, et al. Early-life establishment of the swine gut microbiome and impact on host phenotypes[J].

Environ Microbiol Rep, 2015, 7(3): 554-569.

- [31] Wessels A G. Influence of the gut microbiome on feed intake of farm animals[J]. Microorganisms, 2022, 10(7): 1305.
- [32] Wen C, van Dixhoorn I, Schokker D, et al. Environmentally enriched housing conditions affect pig welfare, immune system and gut microbiota in early life[J]. Anim Microbiome, 2021, 3(1): 52.

(责任编辑: 周会会)