

反刍动物剩余采食量在瘤胃功能上的差异和 相关分子生物学机制

和东迁 陶金忠*

(宁夏大学农学院,银川 750021)

摘要: 剩余采食量(RFI)已广泛用于测定各种家畜的饲料效率,通过实际采食量与预期采食量之差来衡量。瘤胃是反刍动物的主要消化器官,瘤胃微生物相对丰度和活性决定反刍动物的饲料效率。本文主要概述反刍动物瘤胃发酵参数、甲烷的排放、瘤胃微生物和瘤胃上皮细胞与 RFI 差异之间的关系,旨在明确瘤胃功能与反刍动物饲料利用效率之间的关系,为今后选育低 RFI 动物提供新的研究方向。

关键词: 剩余采食量;反刍动物;瘤胃功能;机制

中图分类号: S826

文献标识码: A

文章编号: 1006-267X(2021)06-3125-07

提高动物饲料效率可以增加维持营养代谢能、生产性能和经济效益。在养殖行业常用动物的饲料转化率评估饲料效率,然而在生产实际中不同体型和生长速度的动物之间饲料效率存在差异,无法用料重比来衡量。因此,在 1963 年 Koch 等^[1]采用了一种在恒定增重和中等体重条件下的饲料消耗量或具有相同的预期增重和维持能量需求的饲料消耗量来评估饲料效率。目前,剩余采食量(residual feed intake, RFI)被广泛用于评价饲料效率,它是生产中实际采食量和根据动物生产(即生长、产奶、仔畜生产等)和体况维持的预期采食量之间的差值来计算,低 RFI 的动物消耗饲料更少,效率更高;而高 RFI 的动物效率则更低。家畜的饲料成本在畜牧业生产成本中占总成本的 60%~70%,提高饲料效率对动物养殖经济效益变得尤为重要^[2]。在生产实践中选育低 RFI 动物不仅可以降低生产成本,还可以减少因甲烷及粪便排放引起的环境污染,特别是在饲料成本上升或家畜价值下降的时期,选择更高效的种畜可以极大地保持经济效益。

反刍动物瘤胃中含有大量的微生物,对饲料消化起到了至关重要的作用,与瘤胃微生物相关的一些生物途径可以显著影响宿主的能量代谢和生长性能,反过来宿主为微生物繁殖提供了一个富含底物的环境。挥发性脂肪酸(volatile fatty acid, VFA)是瘤胃发酵产生的主要产物,也是反刍动物能量利用的主要能源物质,占总能需求的 80%^[3]。瘤胃上皮吸收和代谢短链脂肪酸能力的差异可能与饲料效率的差异有关,因此通过研究不同 RFI 反刍动物在瘤胃功能上的生物学基础,发现差异微生物或差异表达基因对养殖生产有重大的指导意义。目前,RFI 在反刍动物的研究主要集中在影响 RFI 的生理学基础、RFI 遗传与变异和甲烷的排放^[4]。本文综述了近年来 RFI 与瘤胃上的功能差异和分子生物学研究,从瘤胃功能上为反刍动物提高饲料效率和分子选育提供理论基础。

1 RFI 计算模型

RFI 的计算模型是通过维持能量(代谢体重)

收稿日期:2020-11-06

基金项目:宁夏重点研发一般项目(2019BEH03004)

作者简介:和东迁(1995—),男,甘肃兰州人,硕士研究生,从事动物营养和分子育种研究。E-mail: 18119415529@163.com

* 通信作者:陶金忠,教授,博士生导师,E-mail: tao_jz@nxu.edu.cn

与生产性能(日增重、产奶量)来预测采食量的一种线性模型。根据 RFI 模型,验证其模型方程的截距是否显著,若截距显著,则可根据该模型计算预期采食量。目前主要有 4 种 RFI 预测模型。

第 1 种最初是由 Koch 等^[1]提出:

$$Y_i = \beta_0 + \beta_1 \text{ADG}_i + \beta_2 \text{MWT}_i + e_i$$

式中: Y_i 为动物 i 的干物质预期采食量; β_0 为模型回归截距; β_1 为平均日增重(ADG)的干物质采食量(DMI)偏回归系数; β_2 为中期体重(MWT)对 DMI 的偏回归系数; e_i 为动物 i 对 DMI 中的随机误差,下同。

第 2 种是澳大利亚肉牛饲料效率估计模型:

$$Y_i = \beta_0 + \beta_1 \text{ADG}_i + \beta_2 \text{MMWT}_i + e_i^{[5]}$$

式中:MMWT_{*i*} 为平均中期代谢体重。

第 3 种是法国绵羊预测模型,增加了体况预测因子:

$$Y_i = \beta_0 + \beta_1 \text{ADG}_i + \beta_2 W_{\text{mid-test},i} + \beta_3 \text{FD} + \beta_4 \text{MD} + e_i^{[6]}$$

式中: $W_{\text{mid-test}}$ 为中期体重;FD 为背部脂肪厚度;MD 为第 12 到 13 肋骨间肌肉深度。

第 4 种是澳大利亚饲养标准预测模型,该模型包括维持所需的净能(NER_m)和中期体重所需的净能(NER_g)^[7]:

$$\text{NER}_g = \{ \text{EBG} \times [(20.3 - R) / 1 + \exp(2.4 - 6P)] + (6.7 + R) \} / K_g$$

式中:EBG 为空腹体重($\text{EBG} = 0.92 \times \text{ADG}$); R 为体重的增减量 [$R = 250 \times \text{EBG} / (\text{SRW}^{0.75}) - 1$, SRW 为标准体重 = 77]; P 为生长阶段 ($P = \text{ALW} / \text{SRW}$, ALW 为中期平均体重); K_g 为代谢能效率 ($K_g = 0.042 \times \text{M}/\text{D} + 0.006$, M/D 为干物质饲料能量密度,下同)。

$$\text{NER}_m = K \times 0.28 \times \text{ALW}^{0.75} \times \exp(-0.03A) / (Km + 0.1 \times \text{NER}_g)$$

式中: $K = 1$ (山羊或绵羊); A 为年龄; Km 为维持代谢能效率 ($Km = 0.5 + 0.02\text{M}/\text{D}$)。

所需的总能 = $\text{NER}_m + \text{NER}_g$, 然后根据能量含量换算成干物质采食量即 RFI 预测值。然而一些影响 RFI 差异的因素没有被考虑进去,如遗传、环境和测量误差。同样一些动物生物学过程也可造成 RFI 表型的差异,如饲料消化、甲烷的排放、饲喂过程、热增耗、代谢过程、奶牛泌乳阶段、运动和动物体况等^[8]。Olijhoek 等^[9]通过动物运动和甲烷产量作为能量消耗建立新的剩余采食量表型模型,结果发现该模型对 RFI 差异影响很小。Li

等^[10]发现忽视泌乳阶段造成奶牛 RFI 的错误评估。因此在模型建立之初,应考虑上述能量损耗是否影响 RFI 或者能量损耗较低对生产可以忽略不计。此外,应在相同的遗传水平动物和试验环境条件下,尽可能地减小由试验所带来的误差。

2 不同 RFI 动物与瘤胃功能之间的差异

2.1 RFI 与瘤胃发酵参数的关系

瘤胃 pH 是瘤胃功能的重要参数,与饲料种类和饲料效率有直接关系^[11]。瘤胃内微生物最适 pH 为 6.46~6.80,偏低或偏高都会影响瘤胃微生物的丰富度和活性^[12]。Liang 等^[13]根据瘤胃微生物丰度和发酵参数的研究表明,低 RFI 个体瘤胃 pH 更低,并且低 RFI 个体瘤胃环境比高 RFI 个体更稳定。然而也有研究发现 RFI 差异对瘤胃 pH 影响不明显^[14-15]。

VFA 是宿主微生物发酵和瘤胃上皮吸收的重要参数,是衡量动物的饲料效率重要指标。VFA 对动物体代谢最为重要的有直链乙酸、丙酸和丁酸,乙酸、丙酸、丁酸占瘤胃发酵 VFA 总产量的 70%~75%^[16]。Guan 等^[17]研究发现,低 RFI 奶牛瘤胃内总 VFA 含量有增加的趋势,其中丁酸盐和戊酸盐含量显著升高,丁酸盐能在瘤胃壁上转化为酮体和 β -羟丁酸,它们是一些组织非常重要的能源物质,因此在低 RFI 条件下奶牛饲料效率更高。Hernandez 等^[18]发现异戊酸盐在高 RFI 牛中的比例显著高于低 RFI 牛,直链 VFA 与支链 VFA 比例显著降低。Mcdonnell 等^[19]对比了 3 种饲料对饲料效率差异的影响,发现只提供青贮饲料时,低 RFI 牛瘤胃乙酸与丙酸比例更高,但放牧和精粗比为 3:7 的全混合日粮条件下不存在差异。能量代谢在不同 RFI 肉牛中存在显著差异,微生物发酵产生的底物直接参与了宿主的能量代谢,这可能与 RFI 的差异有关^[20]。综上所述,低 RFI 动物瘤胃 pH 较低,瘤胃环境更稳定,含有较高含量的丁酸、乙酸和丙酸,但饲料差异也是影响低 RFI 动物瘤胃发酵参数的因素之一。

2.2 RFI 与甲烷的排放

反刍动物中 87% 的甲烷主要在瘤胃中产生,甲烷消耗能占摄入总能量的 5%~10%^[21],胃肠道产生的甲烷排放是反刍动物可消化能量损失的重要途径。据估计反刍动物生产的甲烷占温室气体总量的近 6%^[22],因此减少瘤胃甲烷的产生可提

高反刍动物的饲料转化率并且可降低环境污染。反刍动物个体甲烷产量差异与瘤胃微生物甲烷菌有关, Ellison 等^[23]发现采用青贮料饲喂羔羊时, 史氏甲烷短杆菌 (*Methanobrevibacter smithii*) 在低 RFI 羊瘤胃中丰度更高, 但可以降解甲烷的菌种, 如 *Mitsuokella jalaludini* 丰度并没有发现与 RFI 有显著差异。而 Zhou 等^[24]发现不管在高精料或高粗料饲喂时, 史氏甲烷短杆菌和瘤胃甲烷短杆菌 (*Mitsuokella. ruminantium*) 在高 RFI 牛瘤胃中丰度更高, 这似乎更符合理论事实。Hegarty 等^[25]在安格斯肉牛研究中以大麦为基础饲料, 采用育种值 (EBV) 估计 RFI 模型, 来量化 RFI 与日产甲烷率 (MPR) 之间的关系, 发现低 RFI 牛 MPR 较低, 相比同代牛中高 RFI 牛甲烷产生量减少了 25%, 并且甲烷效率也较低。Muro-Reyes 等^[26]利用总能量摄入和干物质摄入估算甲烷排放, 低 RFI 山羊甲烷排放量比高 RFI 少 19%, 表明低 RFI 山羊在不影响生产参数的情况下减少了甲烷排放。在奶牛的研究中也报道同样的结果, RFI 较低的动物, 其 DMI 往往较低, 饲料转化率也较高, 甲烷排放量也较低^[27]。这说明在低 RFI 的反刍动物中甲烷产生量更少, 甲烷效率低, 使得低 RFI 的牛能量损耗更低。但 Flay 等^[28]在以苜蓿为基础饲料的研究中, 发现 RFI 差异不会影响 MPR, 低 RFI 奶牛甲烷效率 (MY) 更高, 造成这种结果可能是苜蓿影响了奶牛瘤胃甲烷菌的活性, 进而使 MY 增加。McDonnell 等^[19]研究发现, DMI、代谢体重 ($BW^{0.75}$)、MPR 和相对于代谢体重甲烷产量在低 RFI 牛和高 RFI 牛之间没有差异, 在低 RFI 牛中较高, 说明 MY 与 DMI 差异有关。Olijhoek 等^[5]研究了不同奶牛品种在精粗比不同的条件下甲烷产量与 RFI 之间的关系, 发现高精料饲料娟姗牛甲烷排放显著降低, 将 RFI 作为连续变量时, 随着 RFI 降低, MY 反而会增加, 这与 Flay 等^[28]和 McDonnell 等^[19]研究结果相似。Herd 等^[29]提出了剩余甲烷排放, 通过实际排放与预测排放之差来计算, 发现剩余甲烷排放与 MY 强相关, 与 DMI 无关, 与生产性状弱相关。综上所述, 产甲烷菌的数量与甲烷排放有直接关系, 筛选影响不同 RFI 个体产甲烷菌的代谢途径或差异基因将有利于控制甲烷排放; 由于 RFI 差异对 MY 的影响不确定, 因而采用剩余甲烷排放可作为未来 FRI 对甲烷排放研究的另一种方式; 饲料差异、环境和遗传变异都会影响

甲烷排放, 因此在未来的 RFI 的研究中甲烷排放需要进行重新评估。

2.3 瘤胃中微生物与 RFI 之间的关系

瘤胃微生物对饲料的发酵为反刍动物提供 70% 的能量来源, 微生物的组成与变化直接与生产效率相关^[30]。Guan 等^[17]采用 PCR 变性梯度凝胶电泳 (PCR-DGGE) 技术研究了不同 RFI 的安格斯肉牛在饲喂高精粮饲料时瘤胃内菌谱的组成, 发现不同 RFI 的奶牛瘤胃菌谱明显不同, 低 RFI 奶牛瘤胃内菌谱成分的相似性 (91%) 显著高于高 RFI 奶牛瘤胃内菌谱成分的相似性 (71%), 表明某些特异性菌可能存在于低 RFI 中, 而在高 RFI 中则不存在, 并且研究发现在同一品种内瘤胃菌谱分布存在明显差异, 说明宿主遗传可能在瘤胃微生物结构中起重要作用。McCann 等^[31]应用 PCR-DDGE 条带模式发现, 不同 RFI 公牛的瘤胃中的普雷沃氏菌的种类在生长期饲料饲喂与放牧牧草 2 种条件下存在显著差异, 结果表明饲料差异会影响普雷沃氏菌, 进而可能会影响饲料效率, 因为普雷沃氏菌种类繁多, 是瘤胃中的优势细菌, 能产生琥珀酸, 它能利用各种碳水化合物及分解和利用纤维素、半纤维素、果胶、淀粉、糖和蛋白质。RFI 与奶牛瘤胃菌群差异的研究发现, 瘤胃微生物菌群丰度可能与饲料效率相关, 对检测到的瘤胃核心微生物操作分类单元 (OTUs) 与 RFI 做关联性分析时发现, 与高 RFI 相关的核心 OTUs 为普雷沃氏菌和丁酸菌, 而低 RFI 相关的核心 OTUs 也是普雷沃氏菌, 高 RFI 奶牛的总瘤胃菌群落有较高丰度的厌氧弧菌和丁酸弧菌, 低 RFI 奶牛则拥有较高丰度的粪球菌, 然而单个菌群的差异还很难解释不同 RFI 个体间的差异^[32]。Henderson 等^[33]发现无论哪种反刍动物, 瘤胃微生物菌群都是由核心微生物群落主导的, 饲料对瘤胃微生物菌群的影响大于物种。Ellison 等^[18]研究了羔羊饲料和饲料效率与瘤胃微生物的关系, 结果证实了饲料是影响瘤胃微生物组成的主要因素。此外, 还证明关键微生物种类可能在调节饲料效率中发挥重要作用, 而这些微生物种类可能因饲料成分的不同而有所不同。马万浩等^[34]对湖羊育肥期精粗比为 75:25 饲料条件下不同 FRI 影响生长性能和消化道微生物多样性进行了研究, 结果显示高 RFI 组理研菌科 *_RC9_gut_group* 属相对丰度显著高于低 RFI 组, 对其他瘤胃内几乎所有菌属相对丰度均无

显著影响,因此,认为不同 RFI 对湖羊瘤胃的影响只体现在个别可能具有重要作用的菌属上。出现这种结果也可能是在高精料饲喂情况下,瘤胃 pH 降低,瘤胃微生物的多样性和活性降低,微生物趋于一致,造成不同 RFI 羔羊瘤胃菌属差异不明显。综上所述,大多数研究中不同 RFI 个体瘤胃微生物群落差异可能是由于动物品种和饲料差异造成的,虽然影响 RFI 差异相关的微生物所知较少,但存在显著差异。

宏基因组学和转录组学是在基因水平上研究微生物菌群功能,可以解释分子水平与性状之间的关系。Li 等^[30]通过转录组水平研究了肉牛瘤胃微生物活性与 RFI 之间的联系,试验基于 16S rRNAs 瘤胃微生物活性及代谢功能,通过对比分析发现,3 种细菌科(松科、乳杆菌科和韦氏菌科)在高 RFI 动物中丰度较高,一种古细菌分支(甲烷瓣菌纲)在低 RFI 牛中丰度较高,2 组间有 32 条微生物代谢途径和 12 个碳水化合物活性酶(CAZymes)表达差异显著,其中,30 种代谢途径和 11 种 CAZymes 在高 RFI 瘤胃中高表达,2 种代谢途径和 1 种 CAZyme 在低 RFI 瘤胃中高表达,因此认为高 RFI 牛瘤胃微生物菌群活性比低 RFI 牛的瘤胃微生物菌群活性更高,这可能与宿主饲料效率的变化有关。Rocky 等^[35]通过宏基因组测序技术研究不同 RFI 动物微生物之间的代谢关系,在低 RFI 和高 RFI 动物中没有发现任何酶的活性存在显著差异,但从代谢途径中发现低 RFI 动物的微生物酶比高 RFI 动物更容易参加宿主代谢反应,并且低 RFI 动物拥有更短的碳链参与代谢反应。反刍动物瘤胃中微生物种类繁多且复杂,并且瘤胃代谢是一个动态过程,微生物活性在代谢过程中存在差异,因此关键微生物代谢可能影响饲料效率。

2.4 瘤胃上皮细胞基因表达与 RFI 相关性研究

转录组研究可以在不同的环境和个体条件下研究基因功能和机体的分子机理。瘤胃上皮是一个代谢非常活跃的组织,为细胞增殖、运输、收缩和保护提供能量,瘤胃发酵产生的短链脂肪酸主要通过简单扩散和特异性蛋白介导的转运机制被瘤胃上皮吸收^[36],瘤胃上皮细胞吸收和代谢短链脂肪酸很可能与 RFI 存在相关性。为此,Kong 等^[37]基于转录组研究了不同 RFI 的赫里福德×安格斯牛瘤胃上皮细胞基因表达的差异,发现了 122

个差异表达基因,分析发现这些基因参与乙酰化、黏附连接的重塑、细胞骨架动力学、细胞迁移和细胞更新等生物学过程,通过加权基因共表达网络分析(WGCNA),鉴定出 1 个包含 764 个基因的显著基因模块,与 RFI 呈负相关。功能分析显示,通过黏附连接、蛋白质和细胞周转以及细胞骨架组织,参与调控细胞间黏附的基因显著富集。此外,低 RFI 牛瘤胃上皮细胞中线粒体、乙酰化和糖酵解、三羧酸循环、氧化磷酸化等能量生成途径相关基因的表达增加,可能是低 RFI 牛的瘤胃上皮细胞增加了组织形态发生,增加了营养物质吸收的细胞旁通透性,进而增加了能量生产以支持增加的组织形态发生的能量需求。Rathert 等^[38]重复了 Kong 等^[37]的研究,测试了与上一个研究无亲缘关系的海福特×安格斯牛群,并选择了 13 个被 Kong 等^[37]鉴定为与 RFI 相关的候选基因进行了验证,结果发现着丝粒相关蛋白 E 基因表达与 Kong 等^[37]研究结果相同,从而认为这种饲料效率关系在品种和环境上存在一定的差异。有研究表明,在对瘤胃上皮组织能量代谢的研究中发现,低 RFI 牛瘤胃上皮中参与氧化磷酸化的基因,泛素-细胞色素 c 还原酶 10(UQCR10)和泛素氧化还原酶 B4 亚基(NDUFB4)表达减少,他们推测效率更高的动物(低和中 RFI)在该组织中具有较低的能量消耗^[39]。Elolimy 等^[40]在牛瘤胃上皮细胞中发现 34 个差异表达基因,其中低 RFI 牛瘤胃上皮细胞中与 VFA 吸收、代谢、生酮和免疫/炎症反应方面相关的基因高表达,但在 RFI 与性别相互作用的研究中表明,RFI 组间基因差异表达是由性别引起的,低 RFI 组公牛中溶质载体家族 9 成员 A1(SLC9A1)、缺氧诱导因子 1 亚单位 α (HIF1A)、乌头酸酶 2 抗体(ACO2)显著高表达,低 RFI 母牛 3-羟基丁酸脱氢酶 1(BDH1)基因高表达,而溶质载体家族 9 成员 A2(SLC9A2)和丙酮酸脱氢酶 E1 亚基 α 1(PDHA1)基因低表达。尽管低 RFI 或高 RFI 条件下参与氧化磷酸化的基因表达存在争议,这可能与动物的品种和性别差异等外在因素有关,但可以确定的是瘤胃上皮细胞的能量代谢显著影响 RFI 差异。

3 小 结

反刍动物瘤胃微生物、瘤胃发酵参数和瘤胃产甲烷菌以及瘤胃上皮细胞的基因表达差异均会

影响饲料效率。目前 RFI 相关研究结果显示,关键瘤胃微生物差异与 RFI 差异有关,还需进一步测序发现是那些微生物主导了这种差异;低 RFI 动物瘤胃 pH 较低,瘤胃环境更稳定,更有利于短链脂肪酸代谢;瘤胃甲烷排放与 RFI 差异研究结果不尽一致,剩余甲烷排放可作为未来 RFI 与甲烷排放研究中的另一项补充方法;瘤胃上皮细胞的能量代谢对 RFI 差异影响显著,但关键基因和关键能量代谢途径还需进一步研究;同样,饲料差异、动物品种和环境在影响饲料效率方面的作用也不应该被忽视。总之,通过瘤胃功能选育高饲料效率动物的方法是行之有效的。

参考文献:

- [1] KOCH R M, SWIGER L A, CHAMBERS D, et al. Efficiency of feed use in beef cattle [J]. *Journal of Animal Science*, 1963, 22 (2) : 486-494.
- [2] 何健,冯光德,朱正鹏,等.饲料营养成分与加工工艺对饲料利用效率影响的研究进展 [J]. *动物营养学报*, 2020, 32 (10) : 4821-4830.
- HE J, FENG G D, ZHU Z P, et al. Research progress on the influence of dietary nutrients and processing technology on feed utilization efficiency [J]. *Chinese Journal of Animal Nutrition*, 2020, 32 (10) : 4821-4830. (in Chinese)
- [3] BEN SHABAT S K, SASSON G, DORON-FAIGENBOIM A, et al. Specific microbiome-dependent mechanisms underlie the energy harvest efficiency of ruminants [J]. *The ISME Journal*, 2016, 10 (12) : 2958-2972.
- [4] 钟晓琳,高腾云,翟磊,等.剩余采食量效应:评价肉牛营养与饲养过程中饲料转化率的指标 [J]. *动物营养学报*, 2014, 26 (3) : 591-596.
- ZHONG X L, GAO T Y, ZHAI L, et al. Residual feed intake effect: an index for evaluating beef cattle nutrition and feed conversion rate during feeding [J]. *Chinese Journal of Animal Nutrition*, 2014, 26 (3) : 591-596. (in Chinese)
- [5] OLIJHOEK D W, LØVENDAHL P, LASSEN J, et al. Methane production, rumen fermentation, and diet digestibility of Holstein and Jersey dairy cows being divergent in residual feed intake and fed at 2 forage-to-concentrate ratios [J]. *Journal of Dairy Science*, 2018, 101 (11) : 9926-9940.
- [6] OLIJHOEK D W, DIFFORD G F, LUND P, et al. Phenotypic modeling of residual feed intake using physical activity and methane production as energy sinks [J]. *Journal of Dairy Science*, 2020, 103 (8) : 6967-6981.
- [7] ARCHER J A, ARTHUR P F, HERD R M, et al. Optimum postweaning test for measurement of growth rate, feed intake, and feed efficiency in British breed cattle [J]. *Journal of Animal Science*, 1997, 75 (8) : 2024-2032.
- [8] KNOTT S A, CUMMINS L J, DUNSHEA F R, et al. The use of different models for the estimation of residual feed intake (RFI) as a measure of feed efficiency in meat sheep [J]. *Animal Feed Science and Technology*, 2008, 143 (1/2/3/4) : 242-255.
- [9] ROBINSON D L, ODDY V H. Genetic parameters for feed efficiency, fatness, muscle area and feeding behaviour of feedlot finished beef cattle [J]. *Livestock Production Science*, 2004, 90 (2/3) : 255-270.
- [10] LI B, BERGLUND B, FIKSE W F, et al. Neglect of lactation stage leads to naive assessment of residual feed intake in dairy cattle [J]. *Journal of Dairy Science*, 2017, 100 (11) : 9076-9084.
- [11] 牛化欣,胡宗福,常杰,等.瘤胃微生物对反刍动物饲料效率和甲烷排放的影响及其营养调控研究进展 [J]. *中国畜牧杂志*, 2020, 56 (8) : 50-56, 62.
- NIU H X, HU Z F, CHANG J, et al. The effect of rumen microorganisms on the feed efficiency and methane emission of ruminants and the research progress of nutrition regulation [J]. *Chinese Journal of Animal Science*, 2020, 56 (8) : 50-56, 62. (in Chinese)
- [12] 杨宝钰,王娇,颜铁男,等.奶牛瘤胃 pH、消化酶活性及原虫数量的日动态变化研究 [J]. *动物营养学报*, 2021, 33 (3) : 1534-1544.
- YANG B Y, WANG J, YAN Y, et al. Daily dynamic changes of rumen pH, digestive enzyme activities and protozoa number in dairy cows [J]. *Chinese Journal of Animal Nutrition*, 2021, 33 (3) : 1534-1544. (in Chinese)
- [13] LIANG Y S, LI G Z, LI X Y, et al. 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 [J]. *Journal of Animal Science*, 2017, 95 (4) : 1727-1738.
- [14] FITZSIMONS C, KENNY D A, MCGEE M. Visceral organ weights, digestion and carcass characteristics of beef bulls differing in residual feed intake offered a high concentrate diet [J]. *Animal*, 2014, 8 (6) : 949-

- 959.
- [15] LAWRENCE P, KENNY D A, EARLEY B, et al. Intake of conserved and grazed grass and performance traits in beef suckler cows differing in phenotypic residual feed intake [J]. *Livestock Science*, 2013, 152 (2/3): 154–166.
- [16] 李伟忠, 单安山. 挥发性脂肪酸在动物体内的作用 [J]. *中国饲料*, 2003 (10): 5–7.
LI W Z, SHAN A S. The role of volatile fatty acids in animals [J]. *China Feed*, 2003 (10): 5–7. (in Chinese)
- [17] GUAN L L, NKRUMAH J D, BASARAB J A, et al. Linkage of microbial ecology to phenotype: correlation of rumen microbial ecology to cattle's feed efficiency [J]. *FEMS Microbiology Letters*, 2008, 288 (1): 85–91.
- [18] HERANDEZ-SANABRIA E, GUAN L L, GOONEWARDENE L A, et al. Correlation of particular bacterial PCR-denaturing gradient gel electrophoresis patterns with bovine ruminal fermentation parameters and feed efficiency traits [J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2010, 76 (19): 6338–6350.
- [19] MCDONNELL R P, HART K J, BOLAND T M, et al. Effect of divergence in phenotypic residual feed intake on methane emissions, ruminal fermentation, and apparent whole-tract digestibility of beef heifers across three contrasting diets [J]. *Journal of Animal Science*, 2016, 94 (3): 1179–1193.
- [20] NKRUMAH J D, OKINE E K, MATHISON G W, et al. Relationships of feedlot feed efficiency, performance, and feeding behavior with metabolic rate, methane production, and energy [J]. *Journal of Animal Science*, 2006, 84 (1): 145–153.
- [21] PACHECO D, WAGHORN G, JANSSEN P H. Decreasing methane emissions from ruminants grazing forages: a fit with productive and financial realities? [J]. *Animal Production Science*, 2014, 54 (9): 1141–1154.
- [22] KNAPP J R, LAUR G L, VADAS P A, et al. Invited review: enteric methane in dairy cattle production: quantifying the opportunities and impact of reducing emissions [J]. *Journal of Dairy Science*, 2014, 97 (6): 3231–3261.
- [23] ELLISON M J, CONANT G C, LAMBERSON W R, et al. Diet and feed efficiency status affect rumen microbial profiles of sheep [J]. *Small Ruminant Research*, 2017, 156: 12–19.
- [24] ZHOU M, HERNANDEZ-SANABRIA E, GUAN L L. Characterization of variation in rumen methanogenic communities under different dietary and host feed efficiency conditions, as determined by PCR-denaturing gradient gel electrophoresis analysis [J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2010, 76 (12): 3776–3786.
- [25] HEGARTY R S, GOOPY J P, HERD R M, et al. Cattle selected for lower residual feed intake have reduced daily methane production [J]. *Journal of Animal Science*, 2007, 85 (6): 1479–1486.
- [26] MURO-REYES A, GUTIERREZ-BANUELOS H, DIAZ-GARCIA L H, et al. Potential environmental benefits of residual feed intake as strategy to mitigate methane emissions in sheep [J]. *Journal of Animal and Veterinary Advances*, 2011, 10 (12): 1551–1556.
- [27] NEGUSSIE E, MNTYSAARI E A, MÄNTYSAARI E A, et al. Animal wise variation in enteric methane output traits and its relationship with feed efficiency in dairy cattle: a longitudinal model analysis [C] // 10th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production. Vancouver; American Society of Animal Science, 2014: 85–91.
- [28] FLAY H E, KUHN-SHERLOCK B, MACDONALD K A, et al. Hot topic: selecting cattle for low residual feed intake did not affect daily methane production but increased methane yield [J]. *Journal of Dairy Science*, 2019, 102 (3): 2708–2713.
- [29] HERD R M, ARTHUR P F, DONOGHUE K A, et al. Measures of methane production and their phenotypic relationships with dry matter intake, growth, and body composition traits in beef cattle [J]. *Journal of Animal Science*, 2014, 92 (11): 5267–5274.
- [30] LI F Y, GUAN L L. Metatranscriptomic profiling reveals linkages between the active rumen microbiome and feed efficiency in beef cattle [J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2017, 83 (9): e00061–17.
- [31] MCCANN J C, WILEY L M, DAVID F T, et al. Relationship between the rumen microbiome and residual feed intake-efficiency of Brahman bulls stocked on bermudagrass pastures [J]. *PLoS One*, 2014, 9 (3): e91864.
- [32] JEWELL K A, MCCORMICK C A, ODT C L, et al. Rumen bacterial community composition in dairy cows is dynamic over the course of two lactations and correlates with feed efficiency [J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2015, 81 (14): 4698–4710.

- [33] HENDERSON G, COX F, GANESH S, et al. Erratum: rumen microbial community composition varies with diet and host, but a core microbiome is found across a wide geographical range [J]. *Scientific Reports*, 2016, 6: 19175.
- [34] 马万浩, 梁玉生, 张智安, 等. 不同剩余采食量的湖羊生长性能和消化道微生物多样性差异的研究 [J]. *动物营养学报*, 2019, 31(9): 4080-4091.
MA W H, LIANG Y S, ZHANG Z A, et al. Study on the difference of growth performance and digestive tract microbial diversity of *Hu* sheep with different Remaining feed intake [J]. *Chinese Journal of Animal Nutrition*, 2019, 31(9): 4080-4091. (in Chinese)
- [35] PATIL R D, ELLISON M J, WOLFF S M, et al. Poor feed efficiency in sheep is associated with several structural abnormalities in the community metabolic network of their ruminal microbes [J]. *Journal of Animal Science*, 2018, 96(6): 2113-2124.
- [36] 李洋, 高民, 胡红莲, 等. 反刍动物瘤胃挥发性脂肪酸的吸收机制 [J]. *动物营养学报*, 2018, 30(6): 2070-2078.
LI Y, GAO M, HU H L, et al. Absorption mechanism of volatile fatty acids in ruminants [J]. *Chinese Journal of Animal Nutrition*, 2018, 30(6): 2070-2078. (in Chinese)
- [37] KONG R S G, LIANG G X, CHEN Y H, et al. Transcriptome profiling of the rumen epithelium of beef cattle differing in residual feed intake [J]. *BMC Genomics*, 2016, 17: 592.
- [38] RATHERT A R, MEYER A M, FOOTE A P, et al. Ruminal transcript abundance of the centromere-associated protein E gene may influence residual feed intake in beef steers [J]. *Animal Genetics*, 2020, 51(3): 453-456.
- [39] DEL BIANCO BENEDETI P, DETMANN E, MANTOVANI H C, et al. Nellore bulls (*Bos taurus indicus*) with high residual feed intake have increased the expression of genes involved in oxidative phosphorylation in rumen epithelium [J]. *Animal Feed Science and Technology*, 2017, 235: 77-86.
- [40] ELOLIMY A A, ABDELMEGEID M K, MCCANN J C, et al. Residual feed intake in beef cattle and its association with carcass traits, ruminal solid-fraction bacteria, and epithelium gene expression [J]. *Journal of Animal Science and Biotechnology*, 2018, 9: 67.

Difference of Ruminant Residual Feed Intake in Rumen Function and Related Molecular Biological Mechanism

HE Dongqian TAO Jinzhong*

(College of Agriculture, Ningxia University, Yinchuan 750021, China)

Abstract: Residual feed intake (RFI) has been widely used to measure the feed utilization efficiency of livestock, which is measured by the difference between actual feed intake and estimated feed intake. The rumen is the main digestive organ of ruminants. The relative abundance and activity of ruminant microorganisms determine the feed utilization efficiency of ruminants. This article mainly summarized the relationship between ruminant fermentation parameters, methane emission, the difference between rumen microbes, rumen epithelial cells and feed efficiency RFI, aiming to clarify the relationship between ruminant function and ruminant feed utilization efficiency and provide a new direction for breeding low-RFI animals in the future. [*Chinese Journal of Animal Nutrition*, 2021, 33(6): 3125-3131]

Key words: residual feed intake; ruminants; rumen function; mechanism