

# 饲喂方式对德州驴生长性能、营养物质消化率和盲肠微生物多样性的影响

刘桂芹<sup>1,2</sup> 格尔乐其木格<sup>1</sup> 张心壮<sup>1</sup> 邢敬亚<sup>2</sup> 曲洪磊<sup>3</sup> 王涛<sup>3</sup>

苏少锋<sup>1</sup> 刘明丽<sup>2</sup> 赵一萍<sup>1</sup> 芒来<sup>1\*</sup>

(1.内蒙古农业大学动物科学学院,马属动物研究中心,内蒙古自治区马属动物遗传育种与繁殖重点实验室,农业农村部马属动物遗传育种与繁殖科学观测实验站,呼和浩特 010018;2.聊城大学农学院,山东省黑毛驴高效繁育与生态饲养工程技术研究中心,山东省驴产业科技协同创新中心,聊城 252059;  
3.国家胶类中药工程技术研究中心,东阿阿胶股份有限公司,东阿 252201)

**摘要:** 本试验旨在研究饲喂方式对德州驴生长性能、营养物质消化率和盲肠微生物多样性的影响。选择体重 $[ (215 \pm 10) \text{ kg} ]$ 相近、2周岁左右的健康德州公驴15头,随机分为C1组(饲喂方式为先粗后精)、C2组(饲喂方式为先精后粗)、C3组[饲喂方式为全混合日粮(TMR)],每组5头,预试期7 d,正试期75 d。结果显示:1)C2组平均日增重极显著高于C1和C3组( $P \leq 0.01$ ),C1组干物质和酸性洗涤纤维消化率以C1组最高,C3组次之,C2组最低,C1组与C2组间存在显著差异( $P \leq 0.05$ )。2)饲喂方式对德州驴盲肠微生物组成有一定影响。在门水平上,各组盲肠微生物均以厚壁菌门(Firmicutes)和拟杆菌门(Bacteroidetes)为主(二者占比 $>75\%$ ),其次为螺旋体菌门(Spirochaetes)、变形菌门(Proteobacteria)和纤维杆菌门(Fibrobacteres),且C2组厚壁菌门相对丰度高于C1组和C3组;在属水平上,将401个属中相对丰度低于1%的属聚为其他(占比 $>75\%$ )后,各组均以其他为优势菌属;随后,C1组以螺旋体科未定义属(unidentified-Spirochaetaceae)和厌氧弧菌属(*Anaerovirbrio*)为主,C2组以厌氧弧菌属、链球菌属(*Streptococcus*)和螺旋体科未定义属为主,C3组则以乳酸杆菌属(*Lactobacillus*)和螺旋体科未定义属为主。3)通过UPGMAA聚类树、主成分分析和物种差异性分析发现,3组德州驴盲肠微生物组成不同,且C2组与其他2组差别较大,C1组和C3组可聚为一类。综上可知,饲喂方式可极显著影响德州驴的平均日增重,显著影响干物质和酸性洗涤纤维消化率,并可改变盲肠微生物组成。

**关键词:** 饲喂方式;德州驴;生长性能;营养物质消化率;盲肠;微生物多样性

中图分类号:S822

文献标识码:A

文章编号:1006-267X(2020)02-0706-09

对于草食动物而言,传统的精粗分饲饲喂方式难以提高干物质采食量,不能保证精粗比适宜,且对消化道微生物多样性有一定影响<sup>[1]</sup>。全混合日粮(total mixed ration, TMR)是指根据动物不同生长期营养需要,把不同营养水平的粗饲料、精饲料、各种添加剂和水分,按照一定比例充分混合得

到的一种营养平衡的日粮。TMR饲喂方式是反刍动物规模化、标准化饲养的关键技术<sup>[2-3]</sup>,但目前仍在驴饲养中尚未见应用。TMR饲喂方式对驴规模化集约化养殖具有重要促进作用,研究表明,不同的饲喂方式可改变动物的采食量和营养物质消化率,增加经济效益<sup>[4]</sup>。肠道微生物被认为是宿主

收稿日期:2019-07-31

基金项目:山东省现代农业产业技术体系驴产业创新团队项目资助(SDAIT-27);山东省高等学校科技计划项目(J16LF10)

作者简介:刘桂芹(1975—),女,山东聊城人,副教授,博士研究生,研究方向为动物科学。E-mail: guiqinliu@lcu.edu.cn

\*通信作者:芒来,教授,博士生导师,E-mail: dmanglai@163.com

的“附加基因组”, Moeller 等<sup>[5]</sup>指出某些细菌群落往往在品系之间存在差异, 动物品系之间消化道的生理功能及内容物的理化特性等不同, 在马<sup>[6]</sup>、鼠<sup>[7]</sup>、鹅<sup>[8]</sup>、奶牛<sup>[9]</sup>、水貂<sup>[10]</sup>等上均有消化道微生物的多样性和丰富度存在着极显著差异的报道。Zarrinpar 等<sup>[11]</sup>研究表明, 饲喂方式不同可改变小鼠肠道微生物组成, 且肠道微生物可能参与小鼠能量代谢的调控。不同的饲喂方式会打乱动物消化道微生物动态平衡(微生物区系、菌体蛋白质合成、挥发性脂肪酸生成), 动物消化道微生物亦可帮助机体利用其不能消化的营养物质<sup>[5]</sup>。基于以上研究结果, 推测不同饲喂方式可导致肠道微生物组成不同, 间接影响动物的生长性能和营养物质消化率。德州驴体格高大, 具有耐粗饲、饲料利用率高的特点, 属于单胃草食性动物, 目前对于德州驴最适宜的饲喂方式的研究国内鲜有报道。鉴于此, 本试验旨在研究饲喂方式对德州驴生长性能、营养物质消化率和盲肠微生物多样性的影响, 以为实际生产中德州驴饲喂方式的选择提供参考。

## 1 材料与方法

### 1.1 试验动物和分组

试验用德州驴由东阿阿胶股份有限公司提供。选择 2 周岁 $\pm$ 3 月龄、体重(215 $\pm$ 10) kg 的健康德州公驴 15 头, 随机分为 C1 组(饲喂方式为先粗后精)、C2 组(饲喂方式为先精后粗)、C3 组(饲喂方式为 TMR), 每组 5 头, 饲养地点为聊城市东阿县黑毛驴养殖基地。

### 1.2 试验饲料

以玉米、豆粕、麦麸等为主要原料制成精饲料, 为了防止天气炎热导致饲料腐败, 试验用精饲料分批制作。精饲料组成及营养水平见表 1。粗饲料为豆秸, 其营养水平见表 2。

### 1.3 饲养管理

所有试验驴均采用单栏饲养, 精饲料和豆秸饲喂量分别为体重的 1.3% 和 2.0%, 每天饲喂 2 次(07:00 和 17:00)。试验期间每 30 d 称重并调整饲喂量, C1 组和 C2 组在饲喂粗饲料或精饲料 0.5 h 后再饲喂精饲料或粗饲料, C3 组将粗饲料、精饲料和水按一定比例混匀制成 TMR 后饲喂, 自由饮水。试验前对驴舍及舍内器具均彻底消毒, 预试期 7 d, 正试期 75 d。

表 1 精饲料组成及营养水平(风干基础)

Table 1 Composition and nutrient levels of the concentrate (air-dry basis) %

项目 Items	含量 Content
原料 Ingredients	
豆粕 Soybean meal	19.40
玉米 Corn	53.60
花生粕 Peanut meal	12.00
玉米胚芽粕 Corn germ meal	6.00
石粉 Limestone	4.00
预混料 Premix <sup>1)</sup>	5.00
合计 Total	100.00
营养水平 Nutrient levels <sup>2)</sup>	
粗蛋白质 CP	20.18
粗脂肪 EE	1.68
粗纤维 CF	4.64
酸性洗涤纤维 ADF	6.90
中性洗涤纤维 NDF	12.73
消化能 DE/(MJ/kg)	7.95

1) 预混料为每千克精饲料提供 The premix provided the following per kg of the concentrate: VE 50 mg, VA 20 000 IU, VK 2.5 mg, VD 3 500 mg, VB<sub>1</sub> 2.5 mg, VB<sub>2</sub> 8.0 mg, VB<sub>3</sub> 25 mg, VB<sub>5</sub> 32 mg, VB<sub>6</sub> 0.5 mg, VB<sub>12</sub> 50  $\mu$ g, 叶酸 folic acid 0.5 mg, 生物素 biotin 90  $\mu$ g, Fe 200 mg, Mn 50 mg, Zn 220 mg, Cu 30 mg, Se 0.45 mg, I 2.0 mg。

2) 消化能为计算值, 其他均为实测值。DE was a calculated value, while the others were measured values.

表 2 豆秸营养水平(风干基础)

Table 2 Nutrient levels of beanstalk (air-dry basis) %

营养水平 Nutrient levels	含量 Content
粗蛋白质 CP	5.31
粗脂肪 EE	0.39
粗纤维 CF	43.39
酸性洗涤纤维 ADF	53.53
中性洗涤纤维 NDF	64.20
消化能 DE/(MJ/kg)	2.65

### 1.4 样品采集

所有试验驴于正试期第 53 天开始进行消化试验。采用随排随捡全收粪法, 连续收集 4 d 粪便, 消化试验期间饲养管理与日常饲养管理相同。粪便称重后按鲜重的 5% 加入 10% 硫酸溶液, 保存于 -20  $^{\circ}$ C 备用。消化试验结束后将 4 d 的粪便混合均匀后取 300 g, 于 65  $^{\circ}$ C 烘至恒重, 粉碎后过 40

目筛,制成风干样本,以备实验室分析。

正试期结束后,将各组试验驴屠宰并取出盲肠,在盲肠盲端取 50 mL 内容物于无菌无酶的冻存管中,立即投入液氮中,然后于  $-80\text{ }^{\circ}\text{C}$  保存待测。

## 1.5 测定指标及方法

### 1.5.1 生长性能

于试验开始前和试验结束当天上午空腹时对所有试验驴进行称重以获得初重和末重,计算平均日增重;每隔 4 d 称草称料置于各自的草料桶里分 4 d 饲喂,每天称量剩料量,计算平均日采食量;根据平均日增重和平均日采食量计算料重比。

平均日增重(g/d) = (末重-初重)/试验天数;  
平均日采食量(g/d) = 试验期内采食量/试验天数;  
料重比 = 平均日采食量/平均日增重。

### 1.5.2 营养物质消化率

测定精饲料、豆秸、粪便等样品的干物质、粗脂肪、粗蛋白质、粗纤维、酸性洗涤纤维、中性洗涤纤维的含量。干物质含量采用  $105\text{ }^{\circ}\text{C}$  烘干法测定,参考 GB/T 6435—2006;粗脂肪含量采用索氏提取法测定,参考 GB/T 6433—2006;粗蛋白质含量采用凯氏定氮法测定,参考 GB/T 6432—1994;粗纤维含量采用过滤法测定,参考 GB/T 6434—2006;酸性洗涤纤维含量采用过滤法测定,参考 NY/T 1459—2007;中性洗涤纤维含量采用过滤法测定,参考 GB/T 20806—2006。

干物质消化率(%) = [(干物质采食量-干物质排出量)/干物质采食量]×100;  
粗脂肪消化率(%) = [(粗脂肪摄入量-

粗脂肪排出量)/粗脂肪摄入量]×100;  
粗蛋白质消化率(%) = [(粗蛋白质摄入量-粗蛋白质排出量)/粗蛋白质摄入量]×100;  
粗纤维消化率(%) = [(粗纤维摄入量-粗纤维排出量)/粗纤维摄入量]×100;  
酸性洗涤纤维消化率(%) = [(酸性洗涤纤维摄入量-酸性洗涤纤维排出量)/酸性洗涤纤维摄入量]×100;  
中性洗涤纤维消化率(%) = [(中性洗涤纤维摄入量-中性洗涤纤维排出量)/中性洗涤纤维摄入量]×100。

### 1.5.3 盲肠微生物多样性

DNA 提取、PCR 扩增、高通量测序由北京诺禾致源生物信息科技有限公司协助完成。生物信息学分析通过测序公司提供的平台 <https://magic.novogene.com/public/customer> 进行分析。

## 1.6 数据统计与分析

数据采用 SAS 8.0 软件中的 GLM 程序进行方差分析,并采用 Duncan 氏法进行多重比较,试验结果以平均值±标准差表示, $P\leq 0.01$  为差异极显著, $P\leq 0.05$  为差异显著, $P>0.05$  为差异不显著。

## 2 结果

### 2.1 饲喂方式对德州驴生长性能的影响

由表 3 可知,饲喂方式对平均日增重有极显著影响( $P\leq 0.01$ ),表现为 C2 组极显著高于 C1 组和 C3 组( $P\leq 0.01$ )。平均日采食量和料重比各组之间均差异不显著( $P>0.05$ )。

表 3 饲喂方式对德州驴生长性能的影响

Table 3 Effects of feeding mode on growth performance of *Dezhou* donkeys

项目 Items	组别 Groups			P 值 P-value
	C1	C2	C3	
初重 Initial weight/kg	215.10±10.13	212.60±10.29	212.10±16.51	0.923
末重 Final weight/kg	224.40±14.52	230.40±17.58	225.70±17.36	0.836
平均日增重 Average daily gain/g	134.37±33.21 <sup>Bb</sup>	258.85±31.05 <sup>Aa</sup>	151.84±18.15 <sup>Bb</sup>	0.003
平均日采食量 Average daily feed intake/kg	4.88±0.26	4.83±0.19	5.03±0.14	0.774
料重比 Feed/gain	42.77±8.08	20.37±3.62	29.25±3.88	0.055

同行数据肩标不同小写字母表示差异显著( $P\leq 0.05$ ),不同大写字母表示差异极显著( $P\leq 0.01$ ),相同小写字母或无字母表示差异不显著( $P>0.05$ )。下表同。

In the same row, values with different small letter superscripts mean significant difference ( $P\leq 0.05$ ), and with different capital letter superscripts mean significant difference ( $P\leq 0.01$ ), while with the same small letter superscripts or no letter superscripts mean no significant difference ( $P>0.05$ ). The same as below.

## 2.2 饲喂方式对德州驴营养物质消化率的影响

由表 4 可知,C1 组干物质和酸性洗涤纤维消化率显著高于 C2 组和 C3 组,且与 C2 组的差异达

到显著水平 ( $P \leq 0.05$ );粗蛋白质、粗脂肪、粗纤维和中性洗涤纤维消化率各组之间无显著差异 ( $P > 0.05$ )。

表 4 饲喂方式对德州驴营养物质消化率的影响

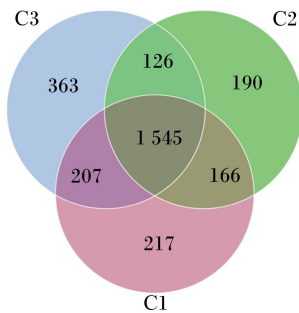
Table 4 Effects of feeding mode on nutrient digestibility of *Dezhou* donkeys

项目 Items	组别 Groups			P 值 P-value
	C1	C2	C3	
干物质消化率 DM digestibility	61.33±1.67 <sup>a</sup>	52.71±2.97 <sup>b</sup>	59.25±1.77 <sup>ab</sup>	0.043
粗蛋白质消化率 CP digestibility	72.67±2.47	68.32±2.57	72.88±0.83	0.584
粗脂肪消化率 EE digestibility	43.67±16.87	37.93±8.82	49.36±8.85	0.361
粗纤维消化率 CF digestibility	57.77±3.40	52.23±1.70	54.33±2.88	0.266
酸性洗涤纤维消化率 ADF digestibility	51.00±2.80 <sup>a</sup>	40.33±2.96 <sup>b</sup>	45.75±1.70 <sup>ab</sup>	0.050
中性洗涤纤维消化率 NDF digestibility	50.55±2.64	43.80±2.80	50.97±2.47	0.213

## 2.3 饲喂方式对德州驴盲肠微生物多样性的影响

### 2.3.1 测序深度和操作分类单元 (OTU) 数量分析

所有试验样品共得到有效序列 1 118 523 条,平均每个样品含 (79 894±4 991) 条。将所得有效序列在不同分类水平上进行物种注释,共得到 3 130 个 OTU,属于 24 个门、34 个纲、65 个目、124 个科、253 个属。OTU 韦恩图 (图 1) 显示,各组间共有 OTU 数为 1 545 个,各组的 OTU 表现出较高的丰富度和多样性;C1 组、C2 组、C3 组独有 OTU 数分别为 217、190、363 个;C1 组与 C2 组、C3 组共有 OTU 数分别是 166、207 个,C2 组和 C3 组共有 OTU 数为 126 个。



C1: C1 组 C1 group; C2: C2 组 C2 group; C3: C3 组 C3 group. 图 4 和图 5 同 The same as Fig. 4 and Fig. 5.

图 1 OTU 韦恩图

Fig. 1 Venn diagram of OTU

### 2.3.2 物种 $\alpha$ -多样性分析

由表 5 可知,饲喂方式显著影响盲肠微生物 Ace 指数和 Observed species 指数 ( $P \leq 0.05$ ),均以 C2 组最低,显著低于 C1 组和 C3 组 ( $P \leq 0.05$ ),其他  $\alpha$ -多样性指数各组之间差异不显著 ( $P > 0.05$ )。

### 2.3.3 门和属水平上的微生物物种相对丰度

将各组所得有效序列在门和属水平进行聚类并注释后,列出相对丰度在前 10 位的菌门,见图 2;未鉴定出种属的相对丰度 > 75%,聚类为其他,在属水平上相对丰度排在前 10 位的物种见图 3。

由图 2 可以看出,在门水平上,各组盲肠微生物中均以厚壁菌门和拟杆菌门为主 (二者占比 > 75%),且 C2 组厚壁菌门相对丰度 (52.6%) 高于 C1 组 (40.7%) 和 C3 组 (43.1%)。各组盲肠微生物中排名前 10 的菌门相对丰度高低均依次为厚壁菌门 (Firmicutes)、拟杆菌门 (Bacteroidetes)、螺旋体菌门 (Spirochaetes)、变形菌门 (Proteobacteria)、纤维杆菌门 (Fibrobacteres)、未知细菌 (unidentified-bacteria)、黑水仙菌门 (Melainabacteria)、放线菌门 (Actinobacteria)、柔壁菌门 (Tenericutes) 和脱铁杆菌门 (Deferribacteres)。

由图 3 可知,各组均以相对丰度小于 1% 的其他菌属为优势菌属 (总占比 > 75%)。随后,C1 组以螺旋体科未定义属 (unidentified-Spirochaetaceae) 和厌氧孤菌属 (*Anaerovirbrio*) 为主;C2 组以厌氧孤菌属、链球菌属 (*Streptococcus*) 和螺旋体科未定义属为主;C3 组则以乳酸杆菌属 (*Lactobacillus*) 和螺旋体科未定义属为主。在属水平上,各组盲肠菌属相对丰度存在较大差异,说明不同饲喂方式对盲肠微生物群落结构有影响。

### 2.3.4 微生物群落差异分析

图 4 为各组德州驴盲肠微生物群落差异分析,线性判断分析 (LDA) 值分布柱状图展示了各组在丰度上有显著差异的物种,柱状图的长度代表显著差异物种影响的大小。LDA 值超过 2.0 时,差异 OUT C1 组有 7 个,C2 组有 9 个,C3 组有



6个;LDA值超过3.0时,只有C1组有4个差异 OTU,其他2组没有差异 OTU。

表5 饲喂方式对德州驴盲肠微生物 α-多样性指数的影响

Table 5 Effects of feeding mode on α-diversity indexes of microbes in cecum of *Dezhou* donkeys

项目 Items	组别 Groups			P 值 P-value
	C1	C2	C3	
Chao1 指数 Chao1 index	1 234.35±96.56	1 079.10±45.93	1 221.03±149.21	0.072
Ace 指数 Ace index	1 264.52±105.36 <sup>a</sup>	1 083.28±51.33 <sup>b</sup>	1 266.19±157.58 <sup>a</sup>	0.039
Goods_coverage 指数 Goods_coverage index	0.997±0.000	0.998±0.000	0.997±0.000	0.487
Observed species 指数 Observed species index	1 215.40±94.19 <sup>a</sup>	1 059.60±46.38 <sup>b</sup>	1 211.80±139.84 <sup>a</sup>	0.050
PD_Whole_tree 指数 PD_Whole_tree index	113.95±7.20	104.53±5.32	113.70±9.78	0.127
Shannon 指数 Shannon index	8.106±0.468	7.582±0.260	8.217±0.440	0.060
Simpson 指数 Simpson index	0.988±0.006	0.983±0.007	0.991±0.004	0.125

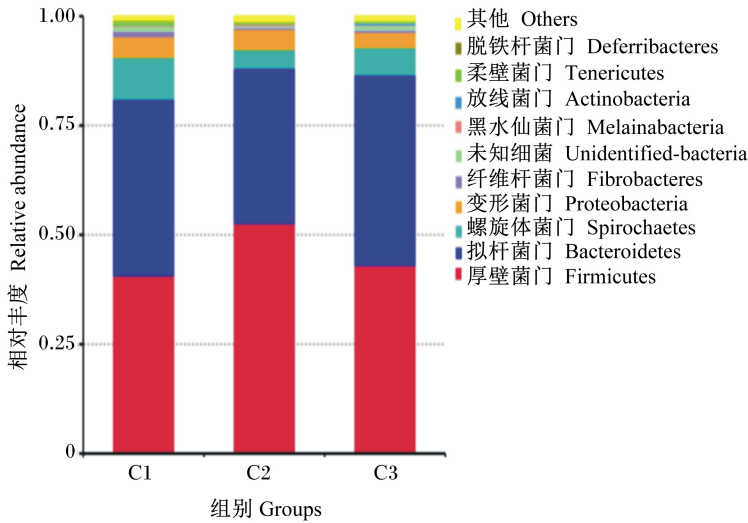


图2 门水平上德州驴盲肠微生物物种相对丰度(前10位)

Fig.2 Relative abundances of microbes in cecum of *Dezhou* donkeys at phylum level (top 10)

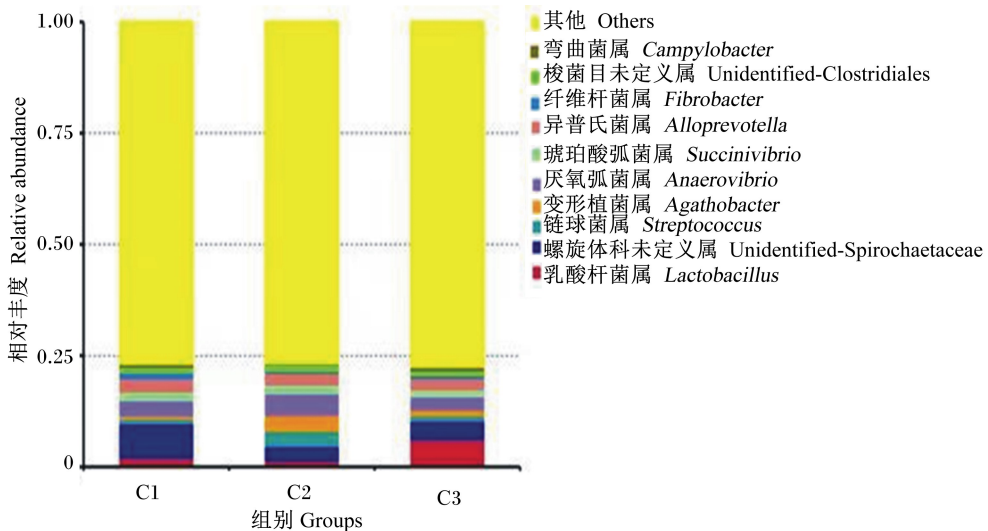


图3 属水平上德州驴盲肠微生物物种相对丰度(前10位)

Fig.3 Relative abundances of microbes in cecum of *Dezhou* donkeys at genus level (top 10)

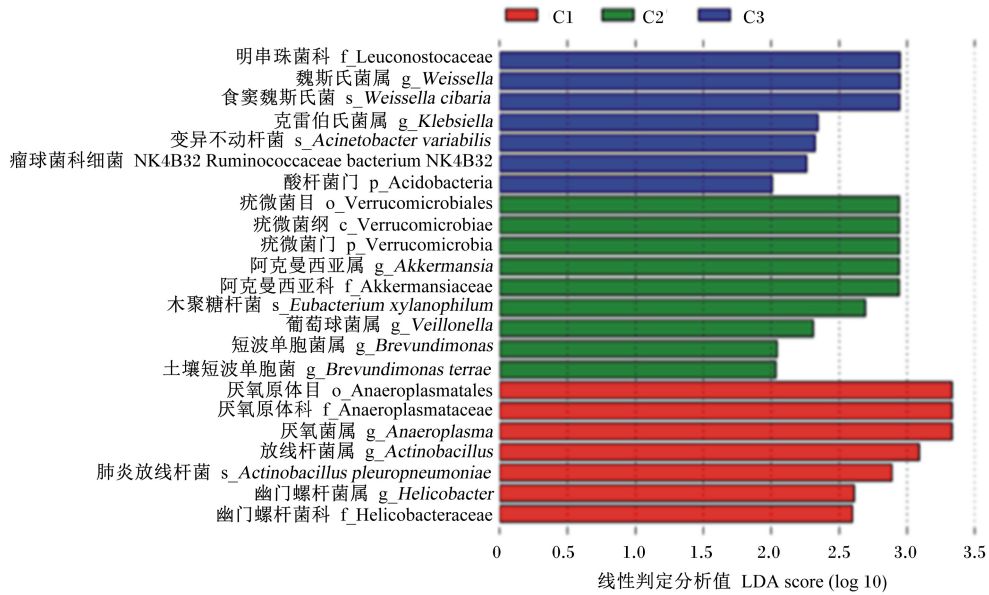


图 4 差异 OTU 分布图

Fig.4 Distribution diagram of difference OTU

由图 5 可知, C1 组与 C3 组盲肠微生物聚为一类, 具有微生物种群相似性, C2 组盲肠微生物与其他 2 组的差别较大, 在 C2 组中厚壁菌门的占

比最大(>50%)。此外, 通过主成分分析(图 6)可知, 各组盲肠微生物群落可以明显分开。

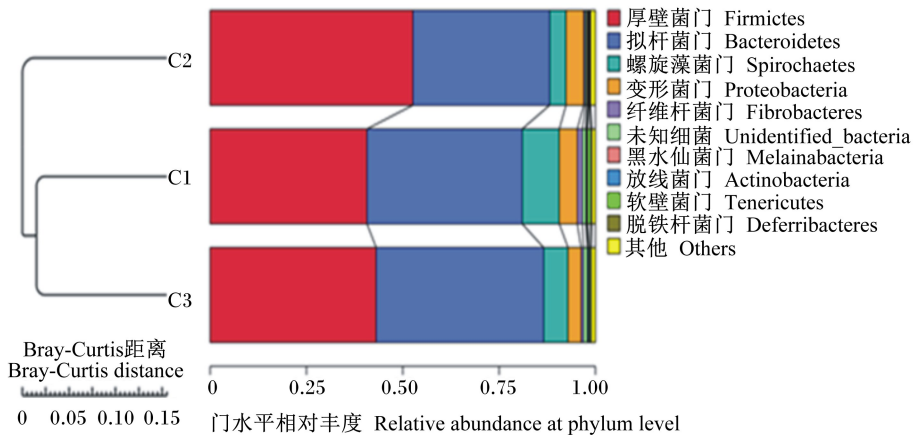


图 5 基于 weighted\_unifrac 距离的 UPGMA 聚类树

Fig.5 UPGMA clustering tree based on weighted\_unifrac distance

### 3 讨论

饲喂方式改变会影响动物采食习惯和营养物质代谢, 进而影响机体蛋白质和脂肪的沉积<sup>[12]</sup>。本试验发现, 先精后粗饲喂方式较先粗后精和 TMR 可获得更佳的生长性能, 而先粗后精组的干物质和酸性洗涤纤维消化率高于先精后粗组和 TMR 组。鲍坤等<sup>[13]</sup>研究发现, 采用 TMR 的饲喂

方式可以提高梅花鹿的日增重和营养物质利用率, 改善瘤胃环境。此外, 研究表明, 饲喂 TMR 可提高试验动物的采食量<sup>[14]</sup>, 维持胃肠道健康<sup>[15]</sup>, 有利于粗饲料中纤维素的分解, 提高营养物质消化率<sup>[16]</sup>。与本试验结果与以上研究所得结果不尽一致, 其原因: 一方面可能是由于奶牛、梅花鹿均属于反刍动物, 饲喂 TMR 有利于瘤胃环境的稳定而促进发酵, 而驴属于后消化道发酵动物, 其生理

结构与其他动物显著不同;另一方面可能是由于饲喂方式导致动物体内激素分泌变化,影响体内脂肪沉积和蛋白质的分解代谢。

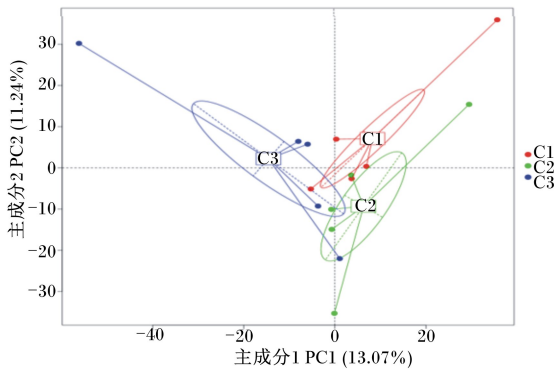


图6 盲肠微生物主成分分析

Fig.6 Principal component analysis of cecal microbes

影响肠道微生物多样性的因素有很多,如年龄、性别、饮食、消化道部位、品种、饲粮组成、健康状况以及环境中微生物间的群体效应等<sup>[17]</sup>。目前对消化道微生物多样性的研究主要集中在瘤胃、盲肠内容物和粪便样品上,Liu等<sup>[18]</sup>和赵文静等<sup>[7]</sup>均发现粪便微生物不能完全代表动物宿主肠道微生物的真实情况,加之驴在1周岁后其后肠消化道发酵系统就已经基本完善<sup>[19]</sup>,因此本试验选用2周岁左右的德州驴盲肠内容物进行微生物多样性研究。微生物菌群在不同消化道部位的差异主要归结于消化道的生理功能。前消化道部位主要负责食物的消化吸收,而后消化道尤其是盲肠与微生物发酵有关<sup>[20]</sup>。肠道微生物与宿主经过长期的发展过程,形成一种互惠共生的关系。研究发现,饲喂方式会显著影响小鼠肠道微生物的组成<sup>[21]</sup>。研究发现不同饲料转化率的动物基于 $\beta$ -多样性的肠道微生物结构差异性不同,即不同料重比的肉鸡其基于 $\beta$ -多样性的肠道微生物结构没有显著差异<sup>[22]</sup>,而不同料重比的猪基于 $\beta$ -多样性的肠道微生物结构存在显著差异<sup>[23-24]</sup>。上述研究表明,微生物的 $\beta$ -多样性差异虽与饲料转化率有关,但在一定程度上取决于物种。本研究发现,先精后粗组的平均日增重极显著高于先粗后精组和TMR组,饲喂方式对料重比没有显著影响,但以先精后粗组料重比最低,可能与先精后粗组盲肠厚壁菌门相对丰度高,而拟杆菌门相对丰度低有关。较高的厚壁菌门丰度与较低的拟杆菌

门丰度被认为与肥胖有关,但也尚未明确。最近有研究表明,饲粮纤维摄入与猪肠道菌群中普氏菌属(*Prevotella*)丰度呈正相关<sup>[25-26]</sup>,可促进宿主摄取糖分,表现出较好的生长性能,这一发现与本试验所得结果不同,主要原因可能是由于动物种类和试验饲粮纤维含量不同所致。本研究从 $\beta$ -多样性和物种差异分析发现,3种不同饲喂方式德州驴的盲肠微生物结构有明显不同,饲喂方式可以改变盲肠微生物组成,且先精后粗组盲肠微生物组成与其他2组差别较大,先粗后精组和TMR组聚为一类,推测德州驴生长性能与盲肠微生物变化之间存在相关性,但是两者间的因果关系还需要进一步验证。

## 4 结论

- ① 饲喂方式极显著影响德州驴的平均日增重,德州驴采用先精后粗的饲喂方式可较采用先粗后精和TMR的饲喂方式获得更佳的生长性能。
- ② 德州驴采用先粗后精饲喂方式时干物质和酸性洗涤纤维消化率显著高于采用其他2种饲喂方式时。
- ③ 饲喂方式改变了德州驴的盲肠微生物组成,采用先精后粗饲喂方式时盲肠微生物组成与采用其他2种饲喂方式时差别较大。

## 参考文献:

- [1] 魏子翔,陈远庆,曲洪磊,等.驴营养需要综述[J].聊城大学学报(自然科学版),2018,31(3):106-110.
- [2] 张石蕊,易学武,贺喜,等.不同精粗比全混合日粮饲养技术对南方奶牛采食行为、产奶性能和血清游离氨基酸的影响[J].草业学报,2008,17(3):23-30.
- [3] 张峰,吴占军,张新同,等.泌乳后期奶牛干物质及部分营养需要研究[J].天津农业科学,2011,17(2):54-56,63.
- [4] 张石蕊,易学武,肖兵南,等.不同饲喂方式对南方奶牛产奶性能、养分消化和代谢的影响[J].家畜生态学报,2008,29(2):51-57.
- [5] MOELLER A H, SUZUKI T A, PHIFER-RIXEY M, et al. Transmission modes of the mammalian gut microbiota[J]. Science, 2018, 362(6413): 453-457
- [6] ERICSSO A C, JOHNSON P J, LOPES M A, et al. A microbiological map of the healthy equine gastrointestinal tract[J]. PLoS One, 2016, 11(11): e0166523, doi:10.1371/journal.pone.0166523.

- [ 7 ] 赵文静,刘书云,丁金梅,等.小鼠不同肠道段内容和粪便中微生物的宏基因组测序和比较分析[J].上海交通大学学报(农业科学版),2016,34(3):15-21.
- [ 8 ] 胡平.不同形态玉米日粮及日龄对鹅肠道微生物区系的影响[D].硕士学位论文.扬州:扬州大学,2010:10-24
- [ 9 ] 高凤.奶牛肠道微生物群落结构与多样性研究[D].硕士学位论文.邯郸:河北工程大学,2017:23-48.
- [ 10 ] 范忠原.家养水貂肠道微生物多样性分析[D].硕士学位论文.长春:中国农业科学院,2015:21-30.
- [ 11 ] ZARRINPAR A, CHAIX A, YOOSEPH S, et al. Diet and feeding pattern affect the diurnal dynamics of the gut microbiome[J]. *Cell Metabolism*, 2014, 20(6):1006-1017.
- [ 12 ] BERENDS H, VAN DEN BORNE J J G C, MOLLENHORST H, et al. Utilization of roughages and concentrates relative to that of milk replacer increases strongly with age in veal calves[J]. *Journal of Dairy Science*, 2014, 97(10):6475-6484.
- [ 13 ] 鲍坤,王凯英,王晓旭,等.不同饲喂方式对梅花鹿生长性能、营养物质消化率及血液生化指标的影响[J].特产研究,2015(3):1-5.
- [ 14 ] KOLVER E S, MULLER L D. Performance and nutrient intake of high producing Holstein cows consuming pasture or a total mixed ration[J]. *Journal of Dairy Science*, 1998, 81(5):1403-1411.
- [ 15 ] BARGO F, MULLER L D, DELAHOY J E, et al. Performance of high producing dairy cows with three different feeding systems combining pasture and total mixed rations[J]. *Journal of Dairy Science*, 2002, 85(11):2948-2963.
- [ 16 ] 王凯英.不同精粗比全混合日粮(TMR)对梅花鹿消化代谢及生产性能的影响[D].硕士学位论文.北京:中国农业科学院,2008.
- [ 17 ] 卢玉飞,周凌云,赵圣国,等.近10年瘤胃微生物分离培养研究进展[J].中国微生态学杂志,2012,24(9):856-861.
- [ 18 ] LIU X F, FAN H L, DING X B, et al. Analysis of the gut microbiota by high-throughput sequencing of the V5-V6 regions of the 16s rRNA gene in donkey[J]. *Current Microbiology*, 2014, 68(5):657-662.
- [ 19 ] 陈根元,周小玲,蒋慧,等.不同年龄驴的后消化道中挥发性脂肪酸含量和组成的分析初探[J].塔里木大学学报,2012,24(4):7-16.
- [ 20 ] DIBAISE J K, ZHANG H, CROWELL M D, et al. Gut microbiota and its possible relationship with obesity[J]. *Mayo Clinic Proceedings*, 2008, 83(4):460-469.
- [ 21 ] 刘静,曹山川,陈冠希,等.饲喂频率对生长猪饲粮养分消化率的影响[J].中国畜牧杂志,2018,54(2):99-103.
- [ 22 ] STANLEY D, DENMAN S E, HUGHES R J, et al. Intestinal microbiota associated with differential feed conversion efficiency in chickens[J]. *Applied Microbiology and Biotechnology*, 2012, 96(5):1361-1369.
- [ 23 ] MCCORMACK U M, CURIÃO T, BUZOIANU S G, et al. Exploring a possible link between the intestinal microbiota and feed efficiency in pigs[J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2017, 83(15):e00380-17.
- [ 24 ] MYER P R, WELLS J E, SMITH T P L, et al. Microbial community profiles of the colon from steers differing in feed efficiency[J]. *SpringerPlus*, 2015, 4:454.
- [ 25 ] KOVATCHEVA-DATCHARY P, NILSSON A, AKRAMI R, et al. Dietary fiber-induced improvement in glucose metabolism is associated with increased abundance of *Prevotella*[J]. *Cell Metabolism*, 2015, 22(6):971-982.
- [ 26 ] ELLEKILDE M, SELFJORD E, LARSEN C S, et al. Transfer of gut microbiota from lean and obese mice to antibiotic-treated mice[J]. *Scientific Reports*, 2014, 4:5922.



## Effects of Feeding Mode on Growth Performance, Nutrient Digestibility and Cecal Microbial Diversity of *Dezhou* Donkeys

LIU Guiqin<sup>1,2</sup> Gerelchimeg<sup>1</sup> ZHANG Xinzhuang<sup>1</sup> XING Jingya<sup>2</sup> QU Honglei<sup>3</sup> WANG Tao<sup>3</sup>  
SU Shaofeng<sup>1</sup> LIU Mingli<sup>2</sup> ZHAO Yiping<sup>1</sup> Manglai<sup>1\*</sup>

(1. *Equine Research Center, Inner Mongolia Key Laboratory of Equine Genetics, Breeding and Reproduction, Scientific Observing and Experimental Station of Equine Genetics, Breeding and Reproduction, Ministry of Agriculture and Rural Affairs, College of Animal Science, Inner Mongolia Agricultural University, Hohhot 010018, China*; 2. *Shandong Engineering Technology Research Center for Efficient Breeding and Ecological Feeding of Black Donkey, Shandong Donkey Industry Technology Collaborative Innovation Center, Agricultural College, Liaocheng University, Liaocheng 252059, China*; 3. *National Engineering Research Center for Gelatin-Based Traditional Chinese Medicine, Dong-E-E-Jiao Co., Ltd., Dongge 252201, China*)

**Abstract:** This experiment was conducted to study the effects of feeding mode on the growth performance, nutrient digestibility and cecal microbial diversity of *Dezhou* donkeys. Fifteen healthy male *Dezhou* donkeys about the age of 2 years with similar body weight [(215±10) kg] were randomly divided into three groups, which were group C1 (fed concentrate after roughage), group C2 (fed roughage after concentrate) and group C3 [fed total mixed ration (TMR)]. Each group had 5 donkeys. The adaptation period lasted for 7 days and the formal period lasted for 75 days. The results showed as follows: 1) the average daily gain of group C2 was significantly higher than that of groups C1 and C3 ( $P \leq 0.01$ ). The digestibility of dry matter and acid detergent fiber of group C1 was the highest, the group C3 was the second, the group C2 was the lowest, and there was a significant difference between groups C1 and C2 ( $P \leq 0.05$ ). 2) Feeding mode had some influences on the composition of cecal microbes of *Dezhou* donkeys. At the level of phylum, Firmicutes and Bacteroidetes (accounting for more than 75%) were dominant in cecal microbes of each group, followed by Spirochaetes, Proteobacteria, Fibrobacteres. The relative abundance of Firmicutes of group C2 was higher than that of groups C1 and C3. At the level of genus, after clustered the genus which had lower abundance than 1% into other (accounting for more than 75%) during the 401 genera, the other was dominant genus in each group. Subsequently, followed by unidentified-Spirochaetaceae and *Anaerovirbrio* in group C1, *Anaerovirbrio* and *Streptococcu* in group C2, and *Lactobacillus* and unidentified-Spirochaetaceae in group C3. 3) Through UPGMAA clustering tree, principal component analysis and species difference analysis, it was found that the cecal microbial composition of three groups of *Dezhou* donkeys was different, and C2 group was obviously different from the other two groups, while groups C1 and C3 could be grouped together. In conclusion, the feeding mode has significant effects on the average daily gain and the digestibility of dry and acid detergent fiber. Also, the feeding mode can change the cecal microbial composition of *Dezhou* donkeys. [*Chinese Journal of Animal Nutrition*, 2020, 32(2):706-714]

**Key words:** feeding mode; *Dezhou* donkeys; growth performance; nutrient digestibility; cecum; microbial diversity

\* Corresponding author, professor, E-mail: dmanglai@163.com