

安格斯牛与新疆褐牛肉品质性状差异与肠道菌群的关系

Z. Chen^{1,2}, L. Chen¹, Y. Sun¹, N. Li¹, R. Chen³, Y. Ma¹, W. Song¹, H. Shi^{1,*}, L. Xia^{1,*} and G. Yao^{1,*}

¹ Xinjiang Agricultural University, College of Animal Science, Department of Animal Production, Urumqi 830052, China

² Xinjiang Agricultural University, College of Veterinary Medicine, Department of Animal Physiology, Urumqi 830052, China

³ Xinjiang Tianlai Livestock Group Co., Ltd, Bole 833407, China

* 通讯作者：邮箱: yaogang516@163.com; shihuijunmm@163.com; xln750530@163.com

摘要: 虽然安格斯牛 (Angus cattle · AG) 的大部分肉质性状 (Meat quality traits · MQTs) 已经被研究, 但AG与新疆褐牛 (Xinjiang brown cattle · XBC) 之间的MQT差异及其与肠道菌群的关系尚未得到很好的阐明。选取14头24月龄未去势AG和XBC公牛 (每组7只) 在相同饲养条件下饲养, 进行MQTs检测。采用16S rRNA基因测序方法, 对直肠采集的粪便样品进行菌群组成和结构分析。分析了MQTs与肠道菌群的相关性。结果表明, XBC的背膘厚度显著低于AG, 肌纤维截面积显著高于AG, 肠道菌群结构组成显示XBC肠道中rc4_4属的相对丰度显著低于AG ($P < 0.05$)。Lefse分析表明消化链球菌科是XBC肠道中的特征菌群。与MQTs显著相关的肠道菌群有13个属。因此, 安格斯牛和新疆肉牛与脂肪代谢/沉积相关的MQTs差异与肠道菌群的相对丰度有关, 可作为辅助新疆肉牛肉质改良的潜在肠道菌群标志物。

关键词: 安格斯牛; 肠道菌群; 肉品质性状; 新疆褐牛