

DOI: 10.13718/j.cnki.xdzk.2020.02.002

## 不同剩余采食量水平的安格斯牛 生长性状差异性分析

杨朝云<sup>1</sup>, 康晓龙<sup>1</sup>, 淡新刚<sup>1</sup>, 周靖航<sup>1</sup>, 卢鑫<sup>1</sup>,  
叶连萌<sup>1</sup>, 赵国丽<sup>1,2</sup>, 李鹏<sup>1,2</sup>, 史远刚<sup>1,2</sup>

1. 宁夏大学农学院, 银川 750021; 2. 宁夏现代牛业工程技术研究中心, 银川 750021

**摘要:** 为探究不同剩余采食量对肉牛生长性能的影响, 选用体质量、年龄相近的 30 头安格斯牛进行 81 d 的饲养试验. 试验结束后利用个体采食量(FI)对平均日增质量(ADG)和平均中期代谢体质量(MMBW)的回归分析估计出个体预期采食量(EFI), 利用 FI 与 EFI 之差计算出 30 头试验牛的剩余采食量, 并分为低剩余采食量组(LRFI 组)和高剩余采食量组(HRFI 组). 采用 SAS 9.4 中 TTEST 过程对 LRFI 组和 HRFI 组肉牛生长数据进行均值的差异性检验; 采用 SAS 9.4 中 CORR 过程对 LRFI 组和 HRFI 组肉牛各生长数据进行相关性系数计算并作相应的显著性检验. 结果表明: 在所涉及的指标中, HRFI 组与 LRFI 组间仅 FI 差异有统计学意义( $p < 0.01$ ), 其余指标差异均未达到统计学意义; LRFI 组的 RFI 与腰角宽存在显著正相关关系( $r = 0.61$ ,  $p < 0.05$ )、与管围和 FI 之间存在极显著正相关关系( $p < 0.01$ ), 相关系数分别为 0.71, 0.78. 得出 LRFI 组肉牛饲料转化效率高于 HRFI 组, 较 HRFI 组节约 8.8% 的 FI; 且本研究涉及的各个生长指标差异均未达到显著水平.

**关键词:** 剩余采食量; 生长性能; 平均日增质量; 安格斯牛

**中图分类号:** S823.8<sup>+</sup>1

**文献标志码:** A

**文章编号:** 1673-9868(2020)02-0008-07

饲料利用率是指动物饲料摄入与产品产出之间的比例关系. 在肉牛生产行业中, 饲养成本高达总成本的 84%<sup>[1]</sup>, 因此提高饲料效率能够降低肉牛生产成本. 近几十年来, 研究人员提出了一些衡量饲料利用率的方法, 但这些方法均过于复杂且每种方法都有着鲜明的特性<sup>[2-6]</sup>. 在这些方法中, 有的缺乏将肉牛维持需要及生产需要能值进行精细的剖分<sup>[2]</sup>; 有的与生长性状之间存在着一定的相关性, 使得在提高饲料利用率的同时降低了某些与之呈负相关的生长性状<sup>[7]</sup>; 甚至也还有一些方法利用不同变量之间的方差比率去评价饲料效率, 降低了饲料利用效率的客观性<sup>[8]</sup>.

Koch 等<sup>[2]</sup>于 1963 年提出利用剩余采食量(Residual Feed Intake, RFI)作为衡量饲料利用效率的指标. RFI 是动物实际采食量(actual feed intake, AFI)和用于维持及增质量需要的预期采食量(expect feed intake, EFA)之差, 即  $RFI = AFI - EFA$ . 研究表明<sup>[3,9-10]</sup>, RFI 和生长指标如平均日增质量、体质量等生长性状相互独立, 与饲料转化率和干物质采食量之间存在着显著的相关性. RFI 是一个中等遗传力性

收稿日期: 2018-08-06

基金项目: 国家自然科学基金项目(31660645).

作者简介: 杨朝云(1990-), 男, 硕士研究生, 主要从事动物遗传育种与繁殖的研究.

通信作者: 史远刚, 教授.

状<sup>[11]</sup>, 具有高剩余采食量动物(High Residual Feed Intake, HRFI)对饲料利用率低、低剩余采食量动物(Low Residual Feed Intake, LRFI)饲料利用率高的特点<sup>[5]</sup>. 利用 RFI 作为衡量饲料利用效率指标不仅能排除动物生长性状及生长速率的影响, 也能准确反映出动物对饲料的利用率<sup>[12]</sup>. Connor 等<sup>[13]</sup>对 254 头奶牛进行 RFI 测定, 发现最低 RFI 的奶牛比最高 RFI 的奶牛少消耗 15% 的饲料; 在肉牛中<sup>[9,14-16]</sup>, LRFI 组肉牛对饲料的消耗显著低于 HRFI 组肉牛, 表明 LRFI 组的个体饲料利用效率高于 HRFI 组的牛, 拥有更低料肉比. 因此, 通过对低 RFI 动物个体的人工选育有利于提高家畜饲料利用效率, 同时对降低家畜的饲养成本和饲料成本有着较大的潜力与优势<sup>[17]</sup>. 本研究旨在探究同一品种不同剩余采食量组的生长性能差异性以及不同品种相同剩余采食量组间各生长指标的比较, 以期为今后开展肉牛 RFI 研究及高效饲料利用率肉牛个体选育提供理论支撑.

## 1 材料与方法

### 1.1 试验对象

选取宁夏某养殖场健康状况良好、年龄和体质量相近的安格斯公牛(Angus cattle, A)共 30 头, 其初始体质量为  $266.7 \pm 35.7$  kg.

### 1.2 饲养要求

试验安格斯牛群体按照 NRC(2000)动物营养标准进行饲养, 每天上午 07:00 和下午 14:00 限栏饲喂. 采食 1.5 h/次, 每天喂食 2 次, 自由饮水. 每周进行 2 次个体采食数据的收集.

### 1.3 数据收集

采食量(kg): 每周周日早、晚各进行 1 次采食量(Feed Intake, FI)数据收集, 取两次算术平均值为采食量值. 体质量(kg): 每 20 d 对牛只进行 1 次空腹称质量, 每头牛重复 3 次, 取算术平均值为体质量值.

体尺性状记录: 每 20 d 进行 1 次体尺性状的测量. 包括: 体高(cm)、十字部高(cm)、体斜长(cm)、胸围(cm)、胸深(cm)、腹围(cm)、腰高、管围(cm)、腰角宽(cm)、尻长(cm)、尻宽(cm). 详细测定办法见文献[18].

所有生长指标均用试验期内的增量表示.

### 1.4 RFI 的计算

利用实验期内(81 d)每个个体采食量观测值和预期采食量之差表示 RFI. 利用 FI 对中期代谢体质量(MMBW<sup>0.75</sup>)和平均日增质量(ADG)进行多元线性回归估算个体 EFI, 统计分析模型如下:

$$y = \beta + \alpha \text{MMBW}^{0.75} + \gamma \text{ADG} + \epsilon$$

其中  $y$  为个体 FI,  $\beta$  为方程回归截距,  $\alpha$  和  $\gamma$  分别为 MMBW<sup>0.75</sup> 和 ADG 的偏回归相关系数,  $\epsilon$  为表型残差. 因此 EFI 可由如下方程式计算:

$$\hat{y}_i = \hat{\beta} + \hat{\alpha} \text{MMBW}_i^{0.75} + \hat{\gamma} \text{ADG}_i$$

即剩余采食量 RFI 可由如下公式计算:

$$\text{RFI}_i = \text{FI}_i - (\hat{\beta} + \hat{\alpha} \text{MMBW}_i^{0.75} + \hat{\gamma} \text{ADG}_i)$$

式中  $\text{RFI}_i$  为个体  $i$  的剩余采食量;  $\text{FI}_i$  为个体  $i$  的实际采食量;  $\text{MMBW}_i^{0.75}$  和  $\text{ADG}_i$  分别为个体  $i$  的中期代谢体质量和平均日增质量;  $\hat{\beta}, \hat{\alpha}, \hat{\gamma}$  分别为  $\beta, \alpha$  和  $\gamma$  的估计值.

计算出个体 RFI 后, RFI 大于 0 的为 HRFI 组, 小于 0 的为 LRFI 组.

### 1.5 数据分析

试验数据利用 Excel 2016 进行初步整理, 利用 SAS 9.4 软件 TTEST 过程对 LRFI 组和 HRFI 组肉牛生长性状进行均值差异性显著检验, 显著水平  $\alpha=0.05$ ; 利用 CORR 过程对 LRFI 组和 HRFI 组肉牛生长性状进行相关性分析并做显著性检验. 本文所有表中各生长性状数值均用试验期内的增量表示, 结果利用

$\bar{x}$ (平均值) $\pm s$ (标准差)表示。

## 2 结 果

### 2.1 安格斯牛 RFI 分组结果

在饲养的 30 头公牛中,由于疾病原因,淘汰 2 头,故实际样本量为 28 头,因此安格斯牛 HRFI 组的 RFI 值为 1.3, 1.2, 1.1, 1.0, 1.0, 0.7, 0.5, 0.5, 0.5, 0.4, 0.4, 0.2, 0.2, 0.2, 0.1, 0.1; LRFI 组的 RFI 值为 -1.7, -1.1, -1.1, -1.0, -0.8, -0.8, -0.8, -0.7, -0.5, -0.3, -0.3, -0.2。计算公式如下:

$$RFI = FI - (9.102 - 0.772 * MMBW + 0.039 * ADG)$$

### 2.2 HRFI 组与 LRFI 组安格斯牛体尺性状差异性分析

结果表明,HRFI 组与 LRFI 组的 FI 差异有统计学意义,HRFI 组 FI 极显著高于 LRFI 组 ( $p < 0.01$ ),即 LRFI 组每天比 HRFI 组少采食 1.2 kg,占 HRFI 组日均采食量的 8.8%,且体高、十字部高、坐骨端宽、胸围、腹围均高于 LRFI 组,但差异尚未达到统计学意义。LRFI 组体质量、腰高、体斜长、尻长、腰角宽、胸深、管围、平均日增质量(ADG)高于 HRFI 组,但两组间差异尚未达到统计学意义(表 1)。

表 1 安格斯牛 HRFI 组与 LRFI 组的主要生长指标比较分析结果

生长指标	HRFI 组	LRFI 组	生长指标	HRFI 组	LRFI 组
体质量/kg	149.3 $\pm$ 27.7A	151.3 $\pm$ 22.7A	坐骨端宽/cm	2.6 $\pm$ 2.0A	2.1 $\pm$ 1.5A
体高/cm	12.9 $\pm$ 4.6A	11.1 $\pm$ 2.8A	胸深/cm	6.4 $\pm$ 2.8A	9.7 $\pm$ 3.3A
十字部高/cm	12.1 $\pm$ 2.7A	11.1 $\pm$ 3.1A	胸围/cm	34.5 $\pm$ 7.0A	31.0 $\pm$ 11.6A
腰高/cm	8.6 $\pm$ 4.1A	8.8 $\pm$ 3A	管围/cm	2.0 $\pm$ 0.8A	2.2 $\pm$ 1.6A
体斜长/cm	13.0 $\pm$ 6.7A	15.2 $\pm$ 7.7A	腹围/cm	31.6 $\pm$ 11.1A	30.1 $\pm$ 10.9A
尻长/cm	12.2 $\pm$ 3.2A	14.8 $\pm$ 4.2A	ADG/kg	1.4 $\pm$ 0.3A	1.5 $\pm$ 0.2A
腰角宽/cm	24.1 $\pm$ 5.1A	24.3 $\pm$ 4.7A	FI/kg	13.5 $\pm$ 0.6A	12.3 $\pm$ 0.8B

注:同行大写字母不同表示  $p < 0.01$ , 差异有统计学意义。

### 2.3 HRFI 组和 LRFI 组安格斯肉牛 RFI, FI 和 ADG 与各体尺性状相关性分析

相关性分析结果表明(表 2),在 HRFI 组安格斯牛中,RFI 与 FI 呈显著正相关( $r = 0.51$ ,  $p < 0.05$ ),而与本文所测其余生长指标的相关性检验均没有达到统计学意义( $|r| < 0.27$ ,  $p > 0.05$ );FI 与体高、十字部高、腰高增量及 ADG 呈显著正相关关系( $p < 0.05$ ),相关系数分别为 0.57, 0.74, 0.62, 0.60, 0.62, 与体斜长、腰角宽、胸深、胸围、腹围等的增量呈极显著的正相关关系( $p < 0.01$ ),相关系数分别为 0.77, 0.76, 0.76, 0.79, 0.71, 而与坐骨端宽、管围增量的相关性检验均未达到统计学意义( $p > 0.05$ ),相关系数分别为 0.23, 0.43;ADG 与本文所测所有生长指标的相关性检验均未达到统计学意义,相关系数在 0.20~0.46 之间。

在 LRFI 组中,RFI 与管围和 FI 之间存在极显著正相关关系( $p < 0.01$ ),相关系数分别为 0.71, 0.78, 与腰角宽呈显著的正相关关系( $r = 0.61$ ,  $p < 0.05$ ),而与本文所测其余生长指标的相关性检验均未达到统计学意义,相关系数在 0.08~0.54 之间;FI 与体高、十字部高、尻长、腰角宽、胸深、胸围、管围等的增量和 ADG 间存在极显著的相关关系( $p < 0.01$ ),相关系数分别为 0.70, 0.80, 0.71, 0.74, 0.81,

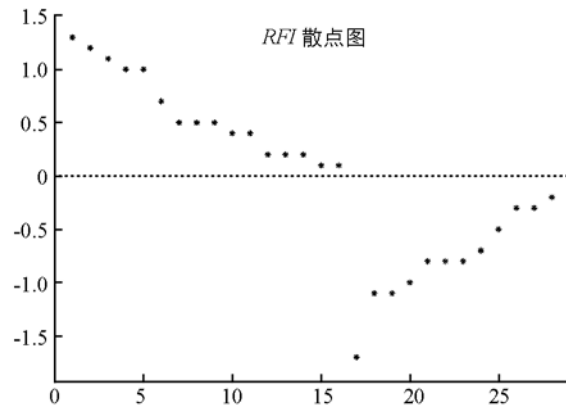


图 1 高、低组安格斯牛 RFI 散点图

0.88, 0.86, 0.74, 与腰高、体斜长、腹围等的增量呈显著正相关关系 ( $p < 0.05$ ), 相关系数分别为 0.60, 0.61, 0.59, 与坐骨端宽无显著相关关系 ( $r = 0.51, p > 0.05$ ); ADG 与胸围的增量呈极显著的正相关关系 ( $r = 0.61, p < 0.01$ ); 而与本文所测其余生长指标的相关性检测均未达到统计学意义 ( $p > 0.05$ ), 相关系数在 0.08~0.53 之间。

表 2 安格斯牛 HRFI 组和 LRFI 组各性状间的相关性及其显著性检验结果

	体高/ cm	十字部高/ cm	腰高/ cm	体斜长/ cm)	尻长/ cm	腰角宽/ cm	坐骨端宽/ cm	胸深/ cm	胸围/ cm	管围/ cm	腹围/ cm	ADG/ kg	FI/ kg	RFI
体高/cm)	1	0.87	0.97	0.83	0.82	0.69	0.64	0.76	0.80	0.67	0.44	0.53	0.70	0.23
十字部高/cm	0.58	1	0.87	0.84	0.79	0.62	0.78	0.87	0.88	0.69	0.71	0.52	0.80	0.27
腰高/cm	0.87	0.74	1	0.83	0.76	0.57	0.67	0.75	0.73	0.55	0.44	0.41	0.60	0.08
体斜长/cm	0.74	0.90	0.85	1	0.91	0.68	0.58	0.71	0.75	0.49	0.6	0.41	0.61	0.15
尻长/cm	0.76	0.6	0.63	0.69	1	0.72	0.62	0.63	0.76	0.71	0.51	0.48	0.71	0.34
腰角宽/cm	0.54	0.86	0.57	0.79	0.68	1	0.48	0.73	0.82	0.67	0.63	0.49	0.74	0.61
坐骨端宽/cm	-0.11	0.36	0.16	0.25	-0.20	0.17	1	0.64	0.70	0.59	0.67	0.08	0.51	0.12
胸深/cm	0.68	0.85	0.7	0.81	0.62	0.81	0.04	1	0.94	0.60	0.80	0.50	0.81	0.46
胸围/cm	0.39	0.83	0.51	0.75	0.54	0.76	0.10	0.77	1	0.74	0.77	0.61	0.88	0.54
管围/cm	0.30	0.73	0.42	0.64	0.37	0.56	0.61	0.34	0.53	1	0.40	0.49	0.86	0.71
腹围/cm	0.51	0.89	0.64	0.73	0.5	0.87	0.18	0.87	0.79	0.45	1	0.15	0.59	0.32
ADG/kg	0.20	0.45	0.35	0.46	0.42	0.36	0.34	0.27	0.45	0.33	0.34	1	0.74	0.53
FI/kg	0.57	0.74	0.62	0.77	0.60	0.76	0.23	0.76	0.79	0.43	0.7	0.62	1	0.78
RFI	0.17	-0.10	-0.02	0.05	0.08	0.16	-0.13	0.22	0.13	-0.27	0.02	0.00	0.51	1

注: 上、下三角分别表示 LRFI 组和 HRFI 组各指标间的相关系数及其显著性检验。

### 3 讨 论

选育高饲料利用效率畜禽品种能减少动物对日粮饲料的消耗, 达到节粮的目的。RFI 主要涉及动物摄食行为、饲料消化、代谢、机体活力、体温调节生理过程。但作为主要经济性性状, RFI 同样受着遗传因素的调控, 随着高通量技术的广泛应用, 已有大量文献在全基因组<sup>[19-26]</sup>、转录组<sup>[27-29]</sup>及代谢组<sup>[30-31]</sup>方面开展了畜禽 RFI 的研究。

在饲料利用效率和不同水平 RFI 的研究表明<sup>[32-34]</sup>, LRFI 组的动物比 HRFI 组平均采食量少 21%, 且 RFI 与 ADG、以及各生长性状相关性不显著, HRFI 组和 LRFI 组间各生长性状间差异无统计学意义<sup>[35-39]</sup>。

在本研究中, HRFI 组 FI 极显著高于 LRFI 组(LRFI 组平均 FI 比 HRFI 组低 8.8%), 在测量的各生长性状上差异均未达到统计学意义, 但 LRFI 组在体质量、腰高、体斜长、尻长、腰角宽、胸深、管围、ADG 等均高于 HRFI 组, 表明 LRFI 组对饲料的利用效率高于 HRFI 组。这与谢云怡等<sup>[34]</sup>、孙晓玉等<sup>[40]</sup>、Hegarty 等<sup>[41]</sup>研究结果一致。表明在本研究的安格斯牛群体中, 这可能是由于不同 RFI 水平个体内在的某种机制导致了组间饲料利用效率差异, 使得在相同饲养条件下饲喂等量的饲料, 获得了不同的饲料报酬。

### 4 结论与展望

在本研究的 LRFI 组与 HRFI 组安格斯牛中, LRFI 组对饲料消耗较少, 达到了极显著水平。而在本研究测定的其他体尺指标上, LRFI 组的增量比 HRFI 组的增量高, 但个别指标也低于 HRFI 组。表明 LRFI

组在保证其 ADG 不显著低于 HRFI 组 ADG 的情况下, LRFI 组消耗较少的饲料, 获得较高的饲料报酬, 这对今后选育节粮型的家畜有着积极的参考意义。

不足的是, 本研究尚处于 RFI 相关研究的表型层面, 尚未进行与 RFI 相关的分子发生机理、相关代谢物通路、遗传调控、肉质变化、生理过程等深层次的研究。后续可在本研究的基础上探寻上述提及的 5 个板块进行验证, 为进一步选育节粮型的 LRFI 品系奠定理论基础。

#### 参考文献:

- [1] ARTHUR P F, ARCHER J A, HERD R M. Feed Intake and Efficiency in Beef Cattle: Overview of Recent Australian Research and Challenges for the Future [J]. *Animal Production Science*, 2004, 44(5): 361-369.
- [2] 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.
- [3] ARCHER J A, RICHARDSON E C, HERD R M, et al. Potential for Selection to Improve Efficiency of Feed Use in Beef Cattle: A Review [J]. *Australian Journal of Agricultural Research*, 1999, 50(2): 147.
- [4] CREWS D H D. Genetics of Efficient Feed Utilization and National Cattle Evaluation: A Review [J]. *Genetics and Molecular Research: GMR*, 2005, 4(2): 152-165.
- [5] CROWLEY J J, MCGEE M, KENNY D A, et al. Phenotypic and Genetic Parameters for Different Measures of Feed Efficiency in Different Breeds of Irish Performance-tested Beef Bulls [J]. *Journal of Animal Science*, 2010, 88(3): 885-894.
- [6] BERRY D P, CROWLEY J J. Residual Intake and Body Weight Gain: A New Measure of Efficiency in Growing Cattle [J]. *Journal of Animal Science*, 2012, 90(1): 109-115.
- [7] ARTHUR P F, ARCHER J A, JOHNSTON D J, et al. Genetic and Phenotypic Variance and Covariance Components for Feed Intake, Feed Efficiency, and other Postweaning Traits in Angus Cattle [J]. *Journal of Animal Science*, 2001, 79(11): 2805.
- [8] HOQUE M A, HOSONO M, OIKAWA T, et al. Genetic Parameters for Measures of Energetic Efficiency of Bulls and Their Relationships with Carcass Traits of Field Progeny in Japanese Black Cattle1 [J]. *Journal of Animal Science*, 2009, 87(1): 99-106.
- [9] BAKER S D, SZASZ J I, KLEIN T A, et al. Residual Feed Intake of Purebred Angus Steers: Effects on Meat Quality and Palatability [J]. *Journal of Animal Science*, 2006, 84(4): 938-945.
- [10] KELLY A K, MCGEE M, CREWS D H Jr, et al. Effect of Divergence in Residual Feed Intake on Feeding Behavior, Blood Metabolic Variables, and Body Composition Traits in Growing Beef Heifers1 [J]. *Journal of Animal Science*, 2010, 88(1): 109-123.
- [11] BUNTER K L, CAI W, JOHNSTON D J, et al. Selection to Reduce Residual Feed Intake in Pigs Produces a Correlated Response in Juvenile Insulin-like Growth factor-I Concentration1 [J]. *Journal of Animal Science*, 2010, 88(6): 1973-1981.
- [12] RICHARDSON E C, HERD R M. Biological Basis for Variation in Residual Feed Intake in Beef Cattle. 2. Synthesis of Results Following Divergent Selection [J]. *Australian Journal of Experimental Agriculture*, 2004, 44(5): 431.
- [13] CONNOR E E, HUTCHISON J L, OLSON K M, et al. TRIENNIAL LACTATION SYMPOSIUM: Opportunities for Improving Milk Production Efficiency in Dairy Cattle1, 2 [J]. *Journal of Animal Science*, 2012, 90(5): 1687-1694.
- [14] HERD R M, ARCHER J A, ARTHUR P E. Reducing the Cost of Beef Production Through Genetic Improvement in Residual Feed Intake: Opportunity and Challenges to Application1 [J]. *Journal of Animal Science*, 2003, 81: e9-e17.
- [15] WILLIAMS Y J, PRYCE J E, GRAINGER C, et al. Variation in Residual Feed Intake in Holstein-Friesian Dairy Heifers in Southern Australia [J]. *Journal of Dairy Science*, 2011, 94(9): 4715-4725.
- [16] SUBHASHCHANDRA BOSE B K, KUNDU S S, THO N T B, et al. Residual Feed Intake as a Feed Efficiency Selection Tool and Its Relationship with Feed Intake, Performance and Nutrient Utilization in Murrah Buffalo Calves [J].

- Tropical Animal Health and Production, 2014, 46(4): 615-621.
- [17] BERRY D P, HORAN B, O'DONOVAN M, et al. Genetics of Grass Dry Matter Intake, Energy Balance, and Digestibility in Grazing Irish Dairy Cows [J]. *Journal of Dairy Science*, 2007, 90(10): 4835-4845.
- [18] 陈伟生, 徐桂芳. 中国家畜地方品种资源图谱·上 [M]. 北京: 中国农业出版社, 2004.
- [19] Garrick D.J. Genome-Wide Association Study of Dry Matter Intake, Metabolic Weight, Growth and Feed Efficiency in Beef Cattle [J]. *Plant & Animal Genome*, 2014(1): 11-15.
- [20] SAATCHI M, GARRICK D J, TAYLOR J. Genome-Wide Association Study of Feed Efficiency in Beef Cattle [R]. Iowa State University, Digital Repository, 2014.
- [21] LU D, AKANNO E C, CROWLEY J J, et al. Accuracy of Genomic Predictions for Feed Efficiency Traits of Beef Cattle Using 50K and Imputed HD Genotypes1 [J]. *Journal of Animal Science*, 2016, 94(4): 1342-1353.
- [22] LU D, MILLER S, SARGOLZAEI M, et al. Genome-wide Association Analyses for Growth and Feed Efficiency Traits in Beef Cattle1 [J]. *Journal of Animal Science*, 2013, 91(8): 3612-3633.
- [23] SEABURY C M, OLDESCHULTE D L, SAATCHI M, et al. Genome-wide Association Study for Feed Efficiency and Growth Traits in US Beef Cattle [J]. *BMC Genomics*, 2017(18): 386.
- [24] HAMIDI HAY E, ROBERTS A. Genomic Prediction and Genome-wide Association Analysis of Female Longevity in a Composite Beef Cattle Breed1, 2 [J]. *Journal of Animal Science*, 2017, 95(4): 1467-1471.
- [25] SANTIAGO G G, SIQUEIRA F, CARDOSO F F, et al. Genomewide Association Study for Production and Meat Quality Traits in Canchim Beef Cattle [J]. *Journal of Animal Science*, 2017, 95(8): 3381-3390.
- [26] CHEN L, SCHENKEL F, VINSKY M, et al. Accuracy of Predicting Genomic Breeding Values for Residual Feed Intake in Angus and Charolais Beef Cattle [J]. *Journal of Animal Science*, 2013, 91(10): 4669-4678.
- [27] Tizioto P C. Transcriptional Networks Influencing Residual Feed Intake in Nelore Beef Cattle [J]. *Plant & Animal Genome*, 2015(1): 10-14.
- [28] 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): 592-608.
- [29] JING L, HOU Y, WU H, et al. Transcriptome Analysis of mRNA and miRNA in Skeletal Muscle Indicates an Important Network for Differential Residual Feed Intake in Pigs [J]. *Scientific Reports*, 2015(5): 11953-11967.
- [30] HEDEMANN M S, DAMGAARD B M. Metabolomic Study of Plasma from Female Mink (Neovison Vison) with Low and High Residual Feed Intake during Restrictive and Ad Libitum Feeding [J]. *Comparative Biochemistry and Physiology Part D: Genomics and Proteomics*, 2012, 7(4): 322-327.
- [31] KARISA B K, THOMSON J, WANG Z, et al. Plasma Metabolites Associated with Residual Feed Intake and other Productivity Performance Traits in Beef Cattle [J]. *Livestock Science*, 2014, 165: 200-211.
- [32] TEDESCHI L O, FOX D G, BAKER M J, et al. Identifying Differences in Feed Efficiency among Group-fed Cattle [J]. *Journal of Animal Science*, 2006, 84(3): 767-776.
- [33] WILLIAMS C B, BENNETT G L, JENKINS T G, et al. Using Simulation Models to Predict Feed Intake: Phenotypic and Genetic Relationships between Observed and Predicted Values in Cattle [J]. *Journal of Animal Science*, 2006, 84(6): 1310-1316.
- [34] 谢云怡, 司敬方, 武轩宇, 等. 不同剩余采食量水平的奶牛采食行为及体尺指标差异分析 [J]. *畜牧与兽医*, 2016, 48(8): 58-61.
- [35] 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.
- [36] GREEN T C, JAGO J G, MACDONALD K A, et al. Relationships between Residual Feed Intake, Average Daily Gain, and Feeding Behavior in Growing Dairy Heifers [J]. *Journal of Dairy Science*, 2013, 96(5): 3098-3107.
- [37] 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.

- [38] 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.
- [39] BASARAB J A, PRICE M A, AALHUS J L, et al. Residual Feed Intake and Body Composition in Young Growing Cattle [J]. *Canadian Journal of Animal Science*, 2003, 83(2): 189-204.
- [40] 孙晓玉, 韩广文, 于孟虎, 等. 荷斯坦牛体尺、体重性状遗传参数的估测及与产奶性能的相关分析 [J]. *中国奶牛*, 1999(3): 39-40.
- [41] HEGARTY R S, GOOPY J P, HERD R M, et al. Cattle Selected for Lower Residual Feed Intake Have Reduced Daily Methane Production<sup>1, 2</sup> [J]. *Journal of Animal Science*, 2007, 85(6): 1479-1486.

## Differential Analysis of Growth Traits in Angus Cattle on Different Levels of Residual Feed Intake

YANG Chao-yun<sup>1</sup>, KANG Xiao-long<sup>1</sup>, DAN Xin-gang<sup>1</sup>,  
ZHOU Jing-hang<sup>1</sup>, LU Xin<sup>1</sup>, YE Lian-meng<sup>1</sup>,  
ZHAO Guo-li<sup>1,2</sup>, LI-Peng<sup>1,2</sup>, SHI Yuan-gang<sup>1,2</sup>

1. School of Agriculture of Ningxia University, Yinchuan 750021, China;

2. Ningxia Modern Cattle Engineering Technology Research Center, Yinchuan 750021, China

**Abstract:** To explore the effect of different residual feed intake levels on the growth performance in beef cattle, thirty Angus beef cattle of similar weight and age were selected for an 81-d feeding trial in this study. After the experiment was finished, the expected feed intake (EFI) was estimated by regression analysis of individual diet (feed intake, FI) to the average daily weight gain (ADG) and mean medium metabolic weight (MMBW), and then residual feed intake (RFI) of the tested cattle was calculated by the difference between FI and EFI and, ultimately, the tested cattle were divided into a low residual feeding group (LRFI group) and a high residual feeding group (HRFI group). The differential of mean value for growth performance was tested with the TTEST process in SAS 9.4. Correlation coefficient calculation and its significance test of the growth data were carried out by the CORR process in SAS 9.4. The results showed that there were significant differences in FI ( $p < 0.01$ ) only between HRFI group and LRFI group, and none of the remaining indicators reached the significant level of difference. There was a significant positive correlation between RFI and lumbar width in LRFI group ( $r = 0.61$ ,  $p < 0.05$ ), and a highly significant positive correlation between tube circumference and FI ( $p < 0.01$ ), with a correlation coefficient of 0.71 and 0.78, respectively. Conclusion: The feed conversion ratio of LRFI group was higher than that of HRFI group, and the FI was saved by 8.8% compared with the HRFI group. And differences of remaining growth traits involved in this study did not reach a significant level.

**Key words:** residual feed intake; growth performance; average daily weight gain (ADG); Angus cattle

责任编辑 周仁惠