

DOI:10.11686/cyxb2024179

http://cyxb.magtech.com.cn

梁宇成, 张晓雯, 邵涛, 等. 乳酸菌对全株玉米青贮发酵品质和霉菌毒素含量的影响. 草业学报, 2025, 34(3): 123-133.

LIANG Yu-cheng, ZHANG Xiao-wen, SHAO Tao, et al. Effects of different lactic acid bacteria strains on fermentation quality and mycotoxin contents of whole-plant corn silage. Acta Prataculturae Sinica, 2025, 34(3): 123-133.

## 乳酸菌对全株玉米青贮发酵品质和霉菌毒素含量的影响

梁宇成, 张晓雯, 邵涛, 王文博, 原现军\*

(南京农业大学草业学院, 江苏 南京 210095)

**摘要:** 以前期研究筛选的具有潜在抑菌脱毒活性的副干酪乳杆菌 LS2、植物乳杆菌 S6-2 和干酪乳杆菌 GD2-1 这 3 株乳酸菌为对象, 模拟玉米在田间遭受霉菌感染, 将田间遭受霉菌感染组 (FI) 和未感染组 (NFI) 玉米进行以下处理: 1) 自然发酵对照组 (CON); 2) 接种副干酪乳杆菌 LS2 (LS2); 3) 接种植物乳杆菌 S6-2 (S6-2); 4) 接种干酪乳杆菌 GD2-1 (GD2-1), 于青贮 3、5、14、45 和 180 d 后取样, 研究乳酸菌对青贮玉米发酵品质和霉菌毒素含量的影响。结果表明, 接种 GD2-1 显著降低了 ( $P < 0.05$ ) NFI 组氨态氮含量, 3 株乳酸菌均显著提高了 ( $P < 0.05$ ) NFI 组水溶性碳水化合物含量。接种 S6-2 处理显著降低了 ( $P < 0.05$ ) FI 组氨态氮含量, 接种 LS2 和 S6-2 处理显著提高了 ( $P < 0.05$ ) FI 组水溶性碳水化合物含量, 接种 LS2 处理均显示最高的乙酸含量。田间霉菌感染显著提高了新鲜玉米中呕吐毒素和玉米赤霉烯酮浓度。乳酸菌对霉菌毒素的脱毒效应受到底物浓度影响, 各接种剂均未显著影响玉米赤霉烯酮和 NFI 组呕吐毒素含量, 而接种 LS2、S6-2 和 GD2-1 处理均显著 ( $P < 0.05$ ) 降低了 FI 组全株玉米青贮饲料黄曲霉毒素 B<sub>1</sub> 浓度, S6-2 处理显著 ( $P < 0.05$ ) 降低了 FI 组呕吐毒素浓度。综上所述, 接种 3 株乳酸菌均降低了氨态氮含量, 提高了青贮过程中水溶性碳水化合物和乙酸等含量, 改善了全株玉米青贮饲料发酵品质, 3 株乳酸菌均未显著影响青贮饲料玉米赤霉烯酮含量, 但均降低了霉菌感染组全株玉米青贮饲料黄曲霉毒素 B<sub>1</sub> 浓度, S6-2 还可降低霉菌感染组全株玉米青贮饲料呕吐毒素浓度。

**关键词:** 全株玉米青贮; 乳酸菌; 霉菌毒素; 发酵品质

## Effects of different lactic acid bacteria strains on fermentation quality and mycotoxin contents of whole-plant corn silage

LIANG Yu-cheng, ZHANG Xiao-wen, SHAO Tao, WANG Wen-bo, YUAN Xian-jun\*

College of Grass Industry, Nanjing Agricultural University, Nanjing 210095, China

**Abstract:** The study aimed to evaluate the effects of *Lactobacillus paracasei* LS2, *Lactiplantibacillus plantarum* S6-2, and *Lactobacillus casei* GD2-1 on the fermentation quality and mycotoxin concentrations in corn silage. Fungal infected (FI) or non-fungal infected (NFI) whole-plant corn was ensiled with: 1) no treatment (CON), 2) *L. paracasei* (LS2), 3) *L. plantarum* (S6-2), or 4) *L. casei* (GD2-1) for 180 days. The results indicated that inoculation with GD2-1 significantly reduced the ammonia nitrogen contents, and all three lactic acid bacterial strains significantly increased the water-soluble carbohydrate contents in the NFI treatments ( $P < 0.05$ ). Inoculation with

收稿日期: 2024-05-14; 改回日期: 2024-06-05

基金项目: 国家自然科学基金项目 (32271773) 资助。

作者简介: 梁宇成 (1997-), 男, 新疆伊宁人, 硕士。E-mail: 1009213082@qq.com

\* 通信作者 Corresponding author. E-mail: hnyxj0702@163.com

S6-2 significantly reduced the ammonia nitrogen contents, and inoculation with LS2 and S6-2 increased the water-soluble carbohydrate content in the FI treatments ( $P < 0.05$ ). The LS2 inoculated silages showed the highest acetic acid contents. Fungal infection significantly increased the concentrations of deoxynivalenol and zearalenone in fresh corn. The detoxification effects of lactic acid bacteria were mycotoxin-dose dependent. The inoculants did not affect the zearalenone concentration in FI and NFI silages and deoxynivalenol in NFI silages. Inoculating LS2, S6-2, and GD2-1 significantly ( $P < 0.05$ ) decreased the aflatoxin B<sub>1</sub> concentration in FI silages, and S6-2 significantly ( $P < 0.05$ ) decreased the deoxynivalenol concentration in FI silages. In summary, inoculating the three lactic acid bacteria reduced the ammonia-nitrogen concentration and increased the water-soluble carbohydrates and acetic acid contents during the ensiling, improving the fermentation quality of the whole-plant corn silage. The three strains did not significantly affect the zearalenone contents of FI and NFI silages, but reduced the concentration of aflatoxin B<sub>1</sub> in FI silages, and S6-2 reduced the deoxynivalenol concentration in the FI silages.

**Key words:** whole-plant corn silages; lactic acid bacteria; mycotoxins; fermentation quality

全株玉米(*Zea mays*)青贮饲料是奶牛日粮的重要组成部分,对维持奶牛瘤胃和机体健康,以及改善牛奶品质具有重要作用<sup>[1]</sup>。然而,近年来全球气候变暖引发的持续干旱、高温和洪涝等极端天气频发,导致农作物产量大幅下降。我国大多地区青贮玉米在授粉和灌浆时正值高温和多雨季节,极易遭受霉菌侵染,导致霉菌毒素积累,影响全株玉米青贮饲料质量安全,威胁家畜和人类健康<sup>[2]</sup>。青贮饲料中常见的霉菌主要有禾谷镰孢菌(*Fusarium graminearum*)、黄曲霉菌(*Aspergillus flavus*)和寄生曲霉(*Aspergillus parasiticus*)等,相应地在全株玉米青贮饲料中黄曲霉毒素 B<sub>1</sub>、呕吐毒素和玉米赤霉烯酮等毒素常能检出。Zhang等<sup>[3]</sup>2019年从我国华中、东北、西北和西南4个地区奶牛场,采集了200份玉米青贮饲料样品,对其霉菌毒素污染情况分析发现呕吐毒素和玉米赤霉烯酮检出率达到99.5%和79.5%。Panasjuk等<sup>[4]</sup>分析了2015年波兰16个省收集的120个青贮饲料,结果显示,所有青贮饲料样品中至少含有一种霉菌毒素,61%的样品同时含有5种或更多霉菌毒素。受到霉菌毒素污染的青贮饲料被家畜采食后,不仅影响家畜健康和生长性能,而且可通过乳和肉等畜产品进入人类食物链。根据Garrett等<sup>[5]</sup>试验,观察到肉牛食用含有100 μg·kg<sup>-1</sup>黄曲霉毒素的饲料后肝脏重量增加和生长性能下降。玉米赤霉烯酮具有肝毒性、血毒性、免疫毒性和遗传毒性。Gao等<sup>[6]</sup>在小鼠模型试验中发现,食用含有玉米赤霉烯酮饲料的小鼠,调控生殖激素的相关基因被破坏以及影响了睾丸发育系统。Korosteleva等<sup>[7]</sup>报告称,食用被呕吐毒素污染的饲料,奶牛产奶量没有减少,然而,改变了奶牛瘤胃发酵以及减少了流向十二指肠的蛋白质。

控制食品和饲料霉菌污染的传统方法主要有化学防腐剂(如乙酸、丙酸、苯甲酸钠、山梨酸钾等)和抗生素(如纳他霉素等),但这些化学添加剂和抗生素的长期使用往往诱导霉菌的抗性,如青霉属、酿酒酵母属和接合酵母属等能在山梨酸钾中存活,变色青霉能使纳他霉素失效<sup>[8]</sup>。因此,为了人类和动物的健康,人们希望寻求高效、安全的生物防控措施以有效防控饲草料中的霉菌毒素污染,抑制霉菌等有害微生物活性,Wang等<sup>[9]</sup>报道贝莱斯芽孢杆菌(*Bacillus velezensis*)可以通过产生细菌素在初始阶段和暴露后抑制霉菌和酵母菌等不良微生物。Pfliegler等<sup>[10]</sup>报道称酵母菌可以通过竞争营养或空间、分泌抗真菌化合物等机制抑制丝状真菌的生长。而考虑到青贮过程是乳酸菌主导的发酵,因此乳酸菌成为青贮饲料霉菌毒素污染防控的首选。Rather等<sup>[11]</sup>从发酵泡菜中分离出140株乳酸菌,发现植物乳杆菌 YML007(*Lactobacillus plantarum* YML007)对黄曲霉菌和尖孢镰刀菌均具有抑菌活性。Bangar等<sup>[12]</sup>研究指出,乳酸菌可以通过分泌抗菌化合物以破坏真菌细胞的防御系统,从而抑制真菌的增殖。Niderkorn等<sup>[13]</sup>研究表明,乳酸菌细胞壁上的极性基团,如磷酸基团、羧基、羟基等,能够与霉菌毒素发生相互作用,形成稳定的复合物,这种复合物阻止了霉菌毒素在动物肠道内的吸收,并随之排出体外,从而实现了霉菌毒素的有效去除。Vanhoutte等<sup>[14]</sup>总结了前人关于霉菌毒素降解的研究,认为部分乳酸菌能将黄曲霉毒素 B<sub>1</sub>的内酯环打开而使其失去毒性。然而,目前兼具抑菌和脱毒活性功能乳酸菌的研究鲜有报道。

为此,本研究以前期筛选获得的具有潜在抑菌和脱毒活性的副干酪乳杆菌 LS2(*Lactobacillus paracasei*

LS2)、植物乳杆菌 S6-2(*Lactiplantibacillus plantarum* S6-2)和干酪乳杆菌 GD2-1(*Lactobacillus casei* GD2-1)3株乳酸菌为对象,模拟青贮玉米田间遭受霉菌侵染,探讨3株乳酸菌对青贮玉米发酵品质、霉菌及其毒素污染的影响。

## 1 材料与方法

### 1.1 试验材料

**1.1.1 试验小区** 青贮玉米种植于南京农业大学白马科学教研基地(北纬 32°04', 东经 118°88'), 包括8个试验小区。2022年9月23日玉米生长到处于灌浆期时随机选取其中4个小区用于人工侵染霉菌以模拟玉米田间遭受侵染,另外4个小区玉米保持自然生长直至收获。各小区玉米于1/2乳线期收获制作青贮饲料。

**1.1.2 霉菌孢子悬液制备** 人工侵染用的黄曲霉菌和禾谷镰孢菌均购自中国工业微生物菌种保藏管理中心(China center of industrial culture collection, CICC)。将两株霉菌分别涂布至马铃薯葡萄糖琼脂培养基(上海盛思生化科技有限公司,马铃薯浸粉 5.0 g·L<sup>-1</sup>,葡萄糖 20.0 g·L<sup>-1</sup>,琼脂 14.0 g·L<sup>-1</sup>)上,于 30 °C 培养 6 d,用无菌毛刷配合少量 0.1% 吐温-80(v/v)无菌水将孢子洗脱至 50 mL 离心管。将两种孢子溶液以等体积混合,并稀释为 1×10<sup>6</sup> cfu·mL<sup>-1</sup>的霉菌孢子悬液<sup>[15]</sup>。

**1.1.3 模拟田间侵染** 于玉米灌浆期用刀片划破侵染小区玉米的穗和茎,并使用注射器(5 mL)以 45°角缓慢将配制好的黄曲霉菌和禾谷镰孢菌孢子悬液注入破损处,确保霉菌孢子能够深入组织内部而不溢出。隔一周后再以同样方法进行第二次人工侵染。

### 1.2 试验设计

将田间侵染(fungal infected, FI)和未侵染(non-fungal infected, NFI)小区玉米分别收获、切碎、混匀后进行如下处理:1)未接种乳酸菌对照组(CON);2)接种副干酪乳杆菌 LS2;3)接种植物乳杆菌 S6-2;4)接种干酪乳杆菌 GD2-1,各乳酸菌接种量均为 1×10<sup>6</sup> cfu·g<sup>-1</sup> FW, FI 和 NFI 的4个小区为4个重复,每个小区各处理制作5个青贮袋分别用于动态取样。将处理后的玉米装至聚乙烯袋,并用真空包装机(DZD-400/SD,南京奥米泰科技有限公司)进行封口。对青贮前新鲜材料取样,青贮后第3、5、14、45和180天开袋取样分析青贮饲料的发酵指标,并测定180 d青贮样品的霉菌毒素含量。

### 1.3 样品处理

开袋后将青贮饲料全部倒出并充分混合均匀,取 20 g 样品放入 100 mL 锥形瓶中,并加入 60 mL 蒸馏水使之完全浸没,用保鲜膜封口,置于 4 °C 冰箱中浸提 24 h,将滤液经 4 层纱布和定性滤纸过滤获得浸提液,用于分析 pH 值、有机酸含量和氨态氮。另取 10 g 样品置于 250 mL 锥形瓶中,加入 0.9% 无菌生理盐水 90 mL 充分混合,于 37 °C 恒温摇床上以 120 r·min<sup>-1</sup> 的速度振荡 2 h。取 1 mL 菌体洗脱液进行 10 倍梯度稀释,将稀释液涂于培养基板进行微生物计数。取 100 g 青贮样品于 65 °C 烘箱中烘干至恒重,测定干物质含量。并用高速粉碎机(FW110,天津泰斯特仪器有限公司)粉碎,过 1 mm 筛,用于测定样品的粗蛋白、淀粉、水溶性碳水化合物、中性洗涤纤维、酸性洗涤纤维和霉菌毒素含量。

### 1.4 指标测定方法

采用高精度 pH 计(HI2222,意大利哈纳公司),测定青贮饲料浸提液 pH 值;采用高效液相色谱仪[Agilent 1260 HPLC,美国安捷伦科技有限公司,色谱柱:Carbomix® H-NP5: 8% (5 μm, 7.8 mm×300 mm),流动相: 2.5 mol·L<sup>-1</sup> H<sub>2</sub>SO<sub>4</sub>,柱温:55 °C,流速:0.5 mL·min<sup>-1</sup>,进样量:10 μL,检测器:示差检测器]测定有机酸和乙醇含量<sup>[16]</sup>;采用苯酚-次氯酸盐比色法<sup>[17]</sup>测定氨态氮含量。采用凯氏定氮仪(Kjeltec 8400,丹麦 FOSS 有限公司)测定粗蛋白含量<sup>[18]</sup>,粗蛋白由总氮乘以 6.25 得到;采用硫酸-蒽酮比色法<sup>[19]</sup>测定水溶性碳水化合物含量;使用纤维分析仪(Ankom 220,美国 ANKOM Technology 公司)测定中性洗涤纤维、酸性洗涤纤维含量<sup>[20]</sup>;采用 AgraQuant® 霉菌毒素酶联免疫检测试剂盒(美国 Romer Labs 公司)测定黄曲霉毒素 B<sub>1</sub>、呕吐毒素和玉米赤霉烯酮含量。采用平板计数法<sup>[21]</sup>对微生物进行计数,其中乳酸菌(lactic acid bacteria, LAB)在 MRS 琼脂培养基(上海盛思生化科技有限公司,中国上海,蛋白胨 10.0 g·L<sup>-1</sup>,牛肉浸粉 10.0 g·L<sup>-1</sup>,酵母浸粉 5.0 g·L<sup>-1</sup>,葡萄糖 20.0 g·L<sup>-1</sup>,吐温 80

1.0 g·mL<sup>-1</sup>, 磷酸氢二钾 2.0 g·L<sup>-1</sup>, 醋酸钠 5.0 g·L<sup>-1</sup>, 柠檬酸三铵 2.0 g·L<sup>-1</sup>, 硫酸镁 0.1 g·L<sup>-1</sup>, 硫酸锰 0.05 g·L<sup>-1</sup>, 琼脂 15.0 g·L<sup>-1</sup>) 37 °C 厌氧条件下培养 48 h 后进行计数; 酵母(yeasts)和霉菌(mould)在马铃薯葡萄糖琼脂培养基(上海盛思生化科技有限公司, 中国上海) 30 °C 有氧条件下培养 48 h 后进行计数; 好氧性细菌(aerobic bacteria)在营养琼脂培养基(上海盛思生化科技有限公司, 中国上海, 蛋白胨 10.0 g·L<sup>-1</sup>, 牛肉浸出粉 3.0 g·L<sup>-1</sup>, 氯化钠 5.0 g·L<sup>-1</sup>, 琼脂 15.0 g·L<sup>-1</sup>), 37 °C 有氧条件下培养 48 h 后进行计数。

### 1.5 统计分析

采用 SPSS 27.0 软件对试验数据进行分析。采用单因素方差分析(ANOVA)模型对新鲜样化学组分、微生物数量和霉菌毒素进行分析。采用一般线性模型(general linear model, GLM)对 180 d 全株玉米青贮饲料的化学组分、发酵品质和霉菌毒素含量进行双因素方差分析, 主效应包括霉菌侵染、接种剂及其交互效应。采用 GLM 对青贮过程中全株玉米青贮饲料的化学组分和发酵品质进行双因素方差分析, 主效应包括接种剂和青贮天数及其交互效应。并采用 Tukey's 法对各数据平均值进行多重比较( $P < 0.05$ )。

## 2 结果与分析

### 2.1 青贮前全株玉米化学成分、微生物组成和霉菌毒素含量

青贮前全株玉米化学成分和微生物组成如表 1 所示, 青贮前 FI 组新鲜干物质、中性洗涤纤维、酸性洗涤纤维和粗蛋白含量显著( $P < 0.05$ )高于 NFI 组。青贮前 FI 组全株玉米表面附着的酵母菌、霉菌和肠杆菌数量显著( $P < 0.05$ )高于未侵染组。FI 组玉米赤霉烯酮和呕吐毒素含量显著( $P < 0.05$ )高于未侵染组, 但两组黄曲霉毒素 B<sub>1</sub> 含量无显著( $P > 0.05$ )差异。

表 1 青贮前新鲜玉米干物质含量、化学成分、霉菌毒素含量和微生物组成

Table 1 The dry matter content, chemical composition, mycotoxins content, and microbial counts of fresh whole-plant corn

项目 Items	NFI	FI	标准误 SEM	P 值 P-value
干物质 Dry matter (g·kg <sup>-1</sup> FW)	349.00b	425.00a	16.70	0.005
水溶性碳水化合物 Water-soluble carbohydrate (g·kg <sup>-1</sup> DM)	115.00	89.50	7.66	0.091
中性洗涤纤维 Neutral detergent fiber (g·kg <sup>-1</sup> DM)	382.00b	436.00a	12.30	0.073
酸性洗涤纤维 Acid detergent fiber (g·kg <sup>-1</sup> DM)	219.00b	250.00a	7.00	0.024
粗蛋白 Crude protein (g·kg <sup>-1</sup> DM)	67.10b	77.10a	1.90	<0.001
乳酸菌 Lactic acid bacteria (log <sub>10</sub> cfu·g <sup>-1</sup> FW)	7.86	7.87	0.07	0.974
酵母菌 Yeasts (log <sub>10</sub> cfu·g <sup>-1</sup> FW)	5.73b	6.25a	0.12	0.013
霉菌 Molds (log <sub>10</sub> cfu·g <sup>-1</sup> FW)	3.61b	5.00a	0.29	0.003
肠杆菌 Enterobacteriaceae (log <sub>10</sub> cfu·g <sup>-1</sup> FW)	<2.00b	7.47a	1.04	<0.001
黄曲霉毒素 B <sub>1</sub> Aflatoxin B <sub>1</sub> (μg·kg <sup>-1</sup> DM)	13.80	14.60	0.32	0.221
玉米赤霉烯酮 Zearalenone (μg·kg <sup>-1</sup> DM)	328.00b	546.00a	53.40	0.011
呕吐毒素 Deoxynivalenol (mg·kg <sup>-1</sup> DM)	3.17b	4.14a	0.24	0.019

注: 同行不同小写字母表示差异显著( $P < 0.05$ ), 无字母表示差异不显著( $P > 0.05$ ); NFI: 霉菌未侵染组玉米; FI: 霉菌侵染组玉米; DM: 干物质; FW: 鲜重; SEM: 标准误。下同。

Note: Means with different lowercase letters in the same row indicate significant differences ( $P < 0.05$ ), means with no letters indicate no significant difference ( $P > 0.05$ ); NFI: Non-fungal infected corn; FI: Fungal-infected corn; DM: Dry matter; FW: Fresh weight; SEM: Standard error of mean. The same below.

### 2.2 3 株乳酸菌对全株玉米青贮饲料化学成分和发酵品质的影响

如表 2 所示, 霉菌侵染显著提高了( $P < 0.05$ )全株玉米青贮饲料干物质含量。乳酸菌接种剂和霉菌侵染对全株玉米青贮饲料氨态氮含量存在显著的交互效应( $P < 0.001$ ), 接种 GD2-1 处理显著( $P < 0.05$ )降低了 NFI 组氨

态氮含量,而接种 S6-2 处理显著( $P<0.05$ )降低了 FI 组氨态氮含量。乳酸菌接种剂( $P=0.045$ )和霉菌侵染( $P<0.001$ )均显著影响了粗蛋白含量,FI 组粗蛋白含量高于( $P<0.05$ )NFI 组,接种 S6-2 处理组粗蛋白含量均值显著低于( $P<0.05$ )对照,但接种处理间无显著差异( $P>0.05$ )。霉菌侵染显著降低了( $P<0.05$ )全株玉米青贮饲料淀粉含量,而接种乳酸菌对青贮饲料淀粉含量无显著影响( $P>0.05$ )。乳酸菌接种剂和霉菌侵染对全株玉米青贮饲料水溶性碳水化合物含量存在显著的交互效应( $P<0.001$ ),NFI 组中接种乳酸菌均显著提高( $P<0.05$ )了水溶性碳水化合物含量,而 FI 组中仅接种 LS2 和 S6-2 处理显著提高( $P<0.05$ )了水溶性碳水化合物含量。霉菌侵染显著提高了( $P<0.05$ )全株玉米青贮饲料中性洗涤纤维含量,而接种乳酸菌对青贮饲料中性洗涤纤维含量无显著影响( $P>0.05$ )。乳酸菌接种剂和霉菌侵染对全株玉米青贮饲料酸性洗涤纤维含量存在显著的交互效应( $P<0.05$ ),FI 组 CON、LS2 和 GD2-1 处理酸性洗涤纤维含量均分别显著( $P<0.05$ )高于 NFI 组,而 FI 组 S6-2 和 NFI 组 S6-2 处理酸性洗涤纤维含量无显著差异( $P>0.05$ )。

表 2 接种乳酸菌和霉菌侵染对全株玉米青贮 180 d 后干物质含量和化学组成的影响

Table 2 Effects of inoculants and fungal infection on dry matter content and chemical compositions of 180 days whole-plant corn silages

项目 Items	处理 Treatment	接种剂 Inoculants				均值 Mean	标准误 SEM	P 值 P-value		
		CON	LS2	S6-2	GD2-1			F	I	F×I
干物质 Dry matter ( $\text{g}\cdot\text{kg}^{-1}$ FW)	NFI	348b	361Bab	364Bab	376a	362B	4.335	<0.001	0.024	0.932
	FI	374	383A	397A	406	390A				
	均值 Mean	361b	372ab	380ab	391a					
氨态氮 Ammonia-N ( $\text{g}\cdot\text{kg}^{-1}$ TN)	NFI	66.1Aa	71.5Aa	70.6Aa	29.7Bb	59.5A	2.955	<0.001	<0.001	<0.001
	FI	46.5Ba	47.7Ba	25.6Bb	39.9Aa	39.9B				
	均值 Mean	56.3a	59.6a	48.1a	34.8b					
粗蛋白 Crude protein ( $\text{g}\cdot\text{kg}^{-1}$ DM)	NFI	80.2B	78.9B	77.1B	75.7B	78.0B	1.678	<0.001	0.045	0.336
	FI	97.7A	95.8A	92.8A	96.5A	95.7A				
	均值 Mean	89.0a	87.4ab	85.0b	86.1ab					
淀粉 Starch ( $\text{g}\cdot\text{kg}^{-1}$ DM)	NFI	35.4A	33.3A	33.2A	36.9A	34.7A	1.042	<0.001	0.586	0.054
	FI	23.3B	23.0B	26.9B	20.1B	23.6B				
	均值 Mean	29.4	28.2	30.1	28.5					
水溶性碳水化合物 Water-soluble carbo- hydrate ( $\text{g}\cdot\text{kg}^{-1}$ DM)	NFI	63.0c	84.6b	82.5b	99.7Aa	82.5A	2.276	<0.001	<0.001	<0.001
	FI	61.3b	74.5a	74.1a	66.1Bab	69.2B				
	均值 Mean	62.2b	79.6a	78.3a	82.9a					
中性洗涤纤维 Neutral detergent fi- ber ( $\text{g}\cdot\text{kg}^{-1}$ DM)	NFI	37.6B	37.4B	37.6B	34.8B	36.9B	0.837	<0.001	0.205	0.060
	FI	46.2A	45.6A	42.3A	45.6A	45.0A				
	均值 Mean	41.9	41.5	40.0	40.2					
酸性洗涤纤维 Acid detergent fiber ( $\text{g}\cdot\text{kg}^{-1}$ DM)	NFI	21.6B	21.7B	21.6	19.9B	21.2B	0.517	<0.001	0.237	0.031
	FI	26.6A	26.8A	24.3	26.9A	26.1A				
	均值 Mean	24.1	24.2	23.0	23.4					

注: 同列不同大写字母表示差异显著( $P<0.05$ ); CON: 对照; LS2: 副干酪乳杆菌 LS2; S6-2: 植物乳杆菌 S6-2; GD2-1: 干酪乳杆菌 GD2-1; F: 霉菌侵染效应; I: 接种剂效应; F×I: 霉菌侵染和接种剂的交互作用。下同。

Note: Means with different capital letters within a column indicate significant differences ( $P<0.05$ ). CON: Control; LS2: *L. paracasei* LS2; S6-2: *L. plantarum* S6-2; GD2-1: *L. casei* GD2-1; F: The fixed effect of fungal infection; I: The fixed effect of inoculants; F×I: The interaction between fungal infection and inoculants. The same below.

如表 3 所示,乳酸菌接种剂( $P=0.053$ )和霉菌侵染( $P=0.789$ )均未显著影响全株玉米青贮饲料乳酸含量。乳酸菌接种剂和霉菌侵染处理对全株玉米青贮饲料乙酸含量存在显著的交互效应( $P=0.005$ ), 无论是否遭受霉菌侵染,接种 LS2 组均显示最高( $P<0.05$ )的乙酸含量,NFI 组中接种 GD2-1 处理显示最低的乙酸含量。乳酸菌

接种剂和霉菌侵染处理对全株玉米青贮饲料丙酸含量存在显著的交互效应( $P < 0.001$ ), NFI组中接种GD2-1和S6-2处理丙酸含量均低于检测水平, 而FI组接种GD2-1和S6-2处理丙酸含量显著( $P < 0.05$ )高于对照。乳酸菌接种剂( $P = 0.003$ )和霉菌侵染处理( $P < 0.001$ )均显著影响了乙醇含量, FI组乙醇含量高于( $P < 0.05$ )NFI组, 接种LS2处理显著高于( $P < 0.05$ )对照、GD2-1和S6-2处理。乳酸菌接种剂和霉菌侵染处理对全株玉米青贮饲料乳酸菌和酵母菌数量存在显著的交互效应( $P < 0.001$ ), NFI组中, CON和LS2处理乳酸菌数量均低于检测限( $< 2 \log_{10} \text{cfu} \cdot \text{g}^{-1} \text{FW}$ ), 而FI组中各接种处理乳酸菌数量均显著高于对照。NFI组中, CON和S6-2处理酵母菌数量均低于检测限( $< 2 \log_{10} \text{cfu} \cdot \text{g}^{-1} \text{FW}$ ), 接种LS2处理显示最高的酵母菌数量, 而FI组中接种LS2和GD2-1处理分别显示最低和最高的酵母菌数量。

表3 接种乳酸菌和霉菌侵染对全株玉米青贮180 d后发酵产物和微生物数量的影响

Table 3 Effects of inoculants and fungal infection on fermentation products and microbial counts of 180 days whole-plant corn silages

项目 Items	处理 Treatment	接种剂 Inoculants				均值 Mean	标准误 SEM	P值 P-value		
		CON	LS2	S6-2	GD2-1			F	I	F×I
乳酸 Lactic acid ( $\text{g} \cdot \text{kg}^{-1} \text{DM}$ )	NFI	74.3	82.7	72.0	69.2	74.6	1.201	0.789	0.053	0.632
	FI	72.5	78.3	68.0	73.3	73.0				
	均值 Mean	73.4	80.5	70.0	71.3					
乙酸 Acetic acid ( $\text{g} \cdot \text{kg}^{-1} \text{DM}$ )	NFI	20.30Ab	25.60Aa	21.50Aab	17.30Ab	21.20A	1.330	<0.001	<0.001	0.005
	FI	6.75Bc	8.45Ba	7.82Bab	7.54Bab	7.64B				
	均值 Mean	13.50b	17.00a	14.70b	12.40b					
丙酸 Propionic acid ( $\text{g} \cdot \text{kg}^{-1} \text{DM}$ )	NFI	0.917Aa	1.100Aa	NDBb	NDBb	1.01B	0.081	0.030	0.006	<0.001
	FI	0.758Bb	1.060Bab	1.580Aa	1.670Aa	1.27A				
	均值 Mean	0.837b	1.080b	1.580a	1.670a					
乙醇 Ethanol ( $\text{g} \cdot \text{kg}^{-1} \text{DM}$ )	NFI	6.60Bb	9.43Ba	5.43Bb	5.34Bb	6.70B	1.945	<0.001	0.003	0.179
	FI	21.40Ac	35.10Aa	18.20Ac	26.40Ab	25.30A				
	均值 Mean	14.00b	22.30a	11.80b	15.80ab					
乳酸菌 Lactic acid bacteria ( $\log_{10} \text{cfu} \cdot \text{g}^{-1} \text{FW}$ )	NFI	<2.00Bb	<2.00Bb	5.84a	5.78a	3.91B	0.293	<0.001	<0.001	<0.001
	FI	5.41Ab	5.73Aa	5.87a	5.78a	5.70A				
	均值 Mean	3.71b	3.86b	5.86a	5.78a					
酵母菌 Yeasts ( $\log_{10} \text{cfu} \cdot \text{g}^{-1} \text{FW}$ )	NFI	<2.00Bc	7.27Aa	<2.00Bc	4.36Bb	3.91B	0.338	<0.001	<0.001	<0.001
	FI	4.87Abc	4.82Bc	5.78Ab	6.98Aa	5.61A				
	均值 Mean	3.43b	6.04a	3.89ab	5.67a					

ND: 未检出 Not Detected.

图1显示了全株玉米青贮180 d间pH、乙醇和氨态氮含量的动态变化, 结果表明接种乳酸菌和青贮时间对pH、乙醇和氨态氮含量均存在显著的交互效应( $P < 0.001$ )。NFI组中青贮第3天各处理pH值均降至3.6以下, 而FI组各处理pH值在第5天降至3.6以下。NFI组CON的pH值在45 d达到最低值, 之后略有升高, 但均低于3.6。无论是否侵染, 接种LS2的NFI和FI组均在45 d达到最低值, 而后略有升高。

青贮过程中, NFI组各处理乙醇含量在青贮过程中均缓慢上升, 其中CON、S6-2和GD2-1处理乙醇含量在第45天后基本稳定, 而LS2处理乙醇含量继续缓慢上升直至青贮结束; FI组各处理乙醇含量始终快速上升, 青贮180 d时FI组LS2和GD2-1处理乙醇含量高于对照组, 而S6-2处理始终保持最低的乙醇含量。整个青贮过程中NFI组氨态氮含量始终高于FI组。NFI组各处理氨态氮含量在青贮前14 d迅速上升, CON、LS2和S6-2处理随后缓慢上升直至青贮结束, 而NFI组GD2-1处理有下降趋势。FI组S6-2处理氨态氮含量在第45天达到最大值, 随后缓慢下降直至青贮结束, 而FI组CON、LS2和GD2-1处理氨态氮含量在整个青贮过程中始终逐渐上升。

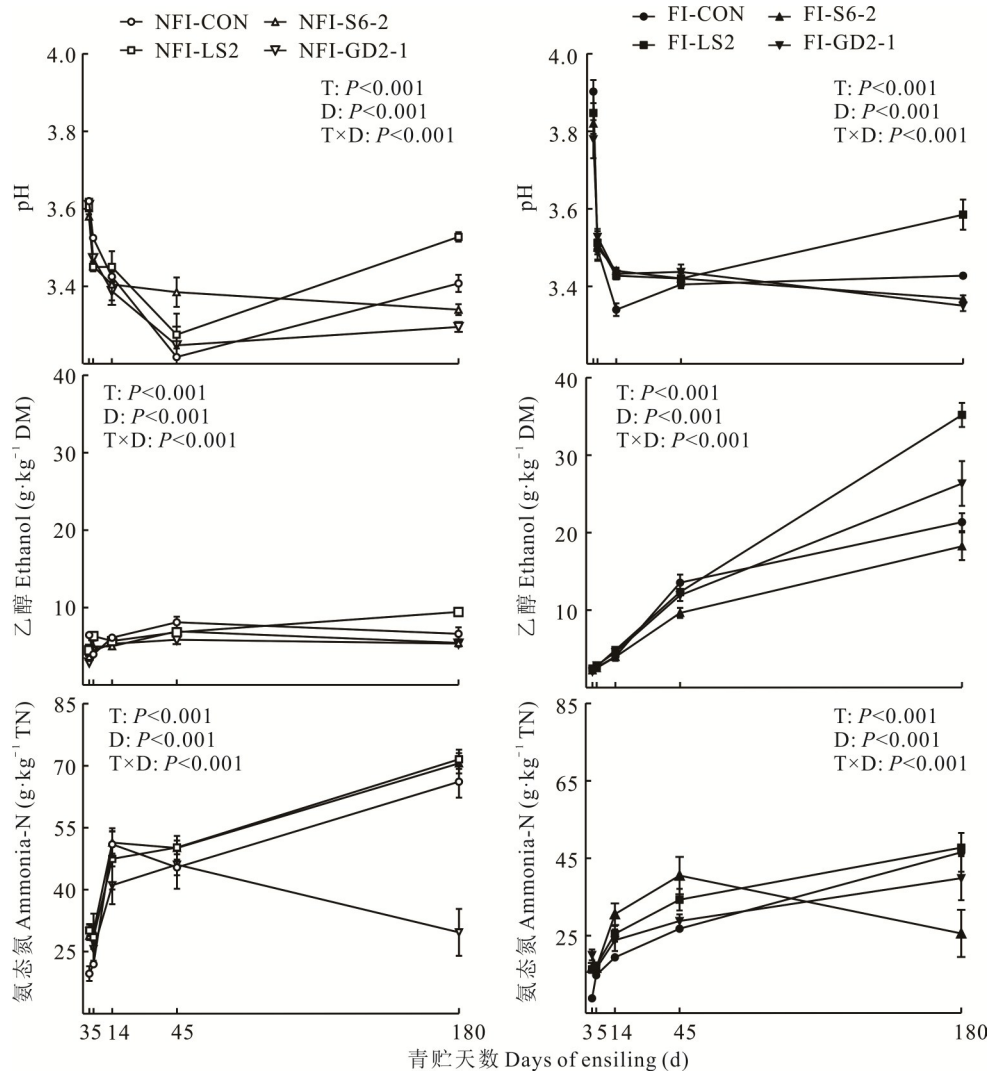


图 1 接种乳酸菌和霉菌侵染对玉米青贮过程中 pH、乙醇和氨态氮含量变化的影响

Fig. 1 Effects of inoculants and fungal infection on pH, ethanol and ammonia N contents of whole-plant corn silages during ensiling

T: 接种剂效应 The fixed effect of inoculants; D: 青贮天数效应 The fixed effect of ensiling days; D×T: 青贮天数和接种剂之间的交互作用 The interaction between ensiling days and inoculants. 下同 The same below.

由图 2 可见,接种乳酸菌和青贮时间对乳酸和乙酸含量及乳酸/乙酸存在显著的交互效应( $P < 0.05$ )。NFI 组 S6-2 处理乳酸含量在青贮过程中始终上升,而 CON 和 GD2-1 处理乳酸含量在第 45 天达到最大值后有缓慢下降趋势,LS2 处理乳酸含量在第 45 天后趋于稳定。FI 组各处理乳酸含量均在第 45 天达到最大值,之后均略有下降。

整个全株玉米青贮过程中 NFI 组乙酸含量始终高于 FI 组,NFI 组 CON 和 GD2-1 处理乙酸含量迅速上升,在第 45 天达到最大值,随后保持稳定直至青贮结束,而 S6-2 处理 45 d 后略有下降。FI 组各处理乙酸含量缓慢上升至 45 d 后均趋于稳定。相应地 NFI 组乳酸/乙酸始终低于 FI 组,NFI 组除 S6-2 处理,其余各处理均在第 45 天达到最大值,之后趋于稳定,但 GD2-1 组乳酸/乙酸始终显示最高值,FI 组各处理乳酸/乙酸 14 d 后缓慢下降。

### 2.3 3 株乳酸菌对全株玉米青贮饲料中霉菌毒素的影响

如表 4 所示,乳酸菌接种剂和霉菌侵染对全株玉米青贮饲料黄曲霉毒素  $B_1$  含量存在显著的交互效应( $P = 0.003$ ),FI 组 LS2、S6-2 和 GD2-1 处理黄曲霉毒素  $B_1$  含量均显著低于( $P < 0.05$ )对照,NFI 组 LS2 和 GD2-1 处理黄曲霉毒素  $B_1$  含量均显著低于( $P < 0.05$ )对照,而 S6-2 处理黄曲霉毒素  $B_1$  含量与对照无显著差异( $P > 0.05$ )。

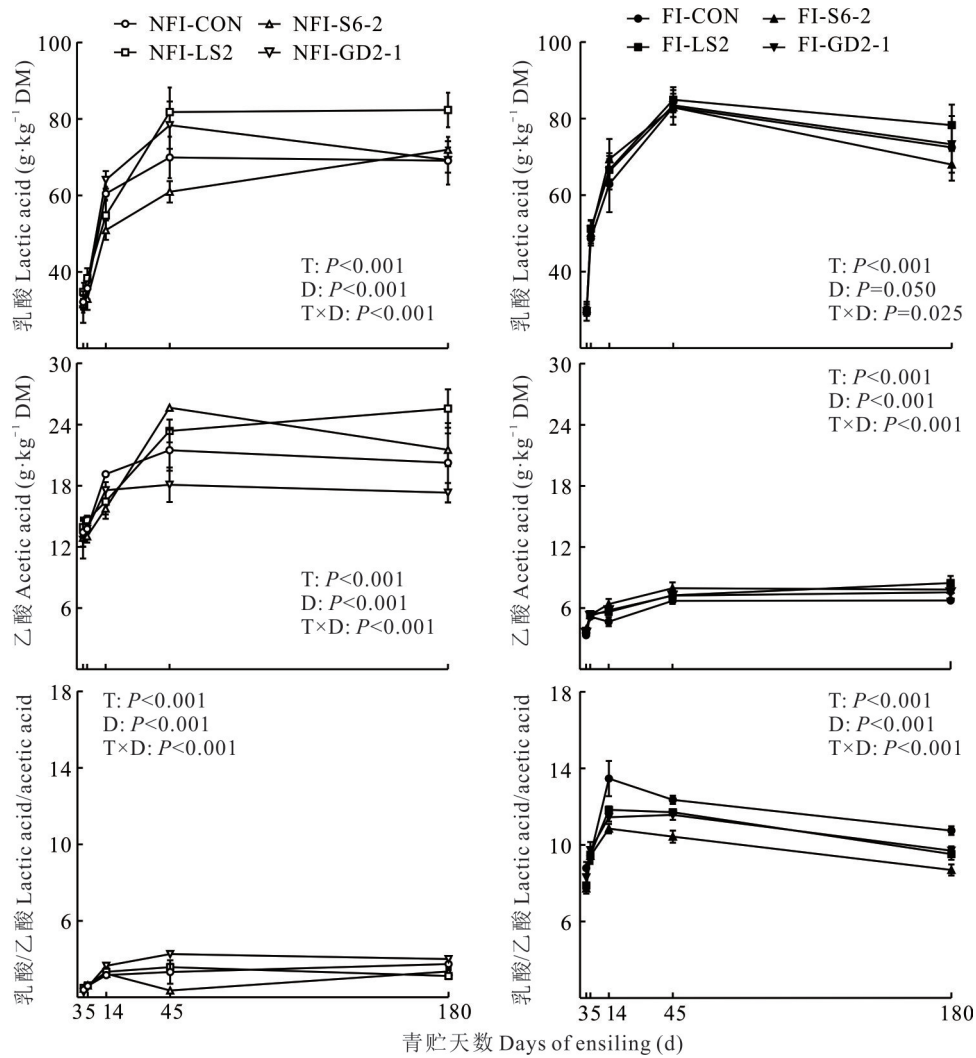


图2 接种乳酸菌和霉菌侵染对玉米青贮过程中乳酸、乙酸含量和乳酸/乙酸变化的影响

Fig. 2 Effects of inoculants and fungal infection on lactic acid, acetic acid contents and lactic acid/acetic acid of whole-plant corn silages during ensiling

表4 接种乳酸菌和霉菌侵染对全株玉米青贮180 d后霉菌毒素含量的影响

Table 4 Effects of inoculants and fungal infection on mycotoxins contents of 180 days whole-plant corn silages ( $\mu\text{g}\cdot\text{kg}^{-1}$ )

项目 Items	处理 Treatment	接种剂 Inoculants				均值 Mean	标准误 SEM	P值 P-value		
		CON	LS2	S6-2	GD2-1			F	I	F×I
黄曲霉毒素B <sub>1</sub> Aflatoxin B <sub>1</sub>	NFI	9.45a	6.95Bb	7.97ab	6.86Bb	7.81B	0.378	0.001	<0.001	0.003
	FI	12.20a	5.06Ac	6.90c	7.85Ab	8.01A				
玉米赤霉烯酮 Zearalenone	NFI	244	420	215	370	312	17.200	0.858	0.112	0.089
	FI	351	337	337	330	339				
呕吐毒素 Deoxynivalenol	NFI	1.99	3.24	3.18A	3.48	2.97	0.137	0.433	0.018	0.017
	FI	3.06b	3.01b	2.06Bc	3.15ab	2.82				

乳酸菌接种剂和霉菌侵染均对全株玉米青贮饲料玉米赤霉烯酮浓度无显著影响( $P>0.05$ )。乳酸菌接种剂和霉菌侵染对全株玉米青贮饲料呕吐毒素浓度存在显著的交互效应( $P=0.017$ ),NFI组中各接种处理间无显著差异( $P>0.05$ ),接种S6-2显著( $P<0.05$ )降低了FI组呕吐毒素含量。

### 3 讨论

本研究中虽然FI组前期发酵较缓,但各组pH均在第5天后降至3.6以下,且各组均以乳酸发酵为主,且无论是否受到霉菌侵染,接种处理间乳酸含量未见显著差异,表明各组均发酵良好。玉米因其充足的水溶性碳水化合物可为乳酸发酵提供充足的底物,同时其较低的缓冲能会致使青贮饲料pH快速下降,确保良好的青贮发酵<sup>[22]</sup>。Kung等<sup>[23]</sup>报道玉米青贮4d内pH可降至4.05。无论是否遭受霉菌侵染,接种LS2在青贮180d均显示最高的pH,这可能是有机酸积累导致的<sup>[24]</sup>。NFI组S6-2和GD2-1处理pH在45d后继续下降或保持稳定,而对照组和LS2处理pH均在第45天达到最低,之后显著上升,这可能与其发酵代谢途径有关,45d后以乙酸发酵为主,导致了乙酸的积累。LS2虽然为同型发酵乳酸菌,但其在青贮发酵后期也可将戊糖代谢为乙酸和乳酸。Squara等<sup>[25]</sup>接种*L. paracasei*至玉米青贮229d后发现,显著提高了乙酸含量和pH值,且检测到大量丙酸和1-丙醇,表明*L. paracasei*影响了青贮发酵类型,导致青贮后期以异型发酵途径为主。Mantzourani等<sup>[26]</sup>用*L. paracasei* K5为原料发酵制作功能性石榴(*Punica granatum*)饮料,其发酵液在4周后乙醇浓度从0.5%(v/v)增加至1%(v/v)。

本研究发现,整个青贮过程中FI组乙酸含量始终低于NFI组,表明田间霉菌侵染阻止了青贮发酵过程中乙酸的积累。Liu等<sup>[27]</sup>报道指出作物遭受侵染感染病害后会招募有益菌抵抗病原菌,这种微生物通过调节植物防御能力来保护植物,这种“呼救”策略会导致植物表面菌群结构的变化,进而影响接下来的青贮发酵进程;另一方面,田间侵染的霉菌在青贮过程中可能以乙酸等为碳源维持其基本代谢,Ries等<sup>[28]</sup>研究发现烟曲霉(*Aspergillus fumigatus*)为了能够成功侵染宿主,可以通过不同的途径代谢乙酸盐,并且发现乙酸盐的利用受到FacB转录因子的调控。青贮过程中FI组乙醇含量从第45天开始高于NFI组,之后NFI组保持稳定,而FI组显著上升,可能是霉菌侵染导致酵母菌的富集,使其在青贮后期大量增殖。Rather等<sup>[11]</sup>报道酵母通过将糖分解代谢为丙酮酸,丙酮酸进一步通过乙醛转化为乙醇。Yang等<sup>[29]</sup>的研究发现,酿造黄酒过程中*Aspergillus*对酵母产乙醇过程有促进作用。

氨态氮是青贮过程中蛋白质降解的产物,青贮饲料中氨态氮的积累不仅预示着营养成分的损失,而且会影响青贮饲料适口性。本研究中,各组氨态氮含量均随着青贮时间延长而逐渐升高,其中NFI组氨态氮含量始终高于FI组,表明霉菌侵染组参与蛋白降解的微生物活性受到抑制,可能与田间霉菌侵染后植物招募的有益菌菌群结构差异有关<sup>[30]</sup>。

霉菌在饲料作物中增殖意味着养分损失,同时还可产生霉菌毒素等次级代谢产物,进而导致动物采食霉菌毒素污染饲料后生长受阻、生产性能下降和疾病易感性增加。在青贮饲料中黄曲霉毒素B<sub>1</sub>、玉米赤霉烯酮和呕吐毒素是最为常见的霉菌毒素<sup>[31]</sup>。本研究采用人工侵染产毒霉菌的方式模拟玉米遭受田间侵染,分析青贮前FI和NFI组新鲜玉米霉菌毒素含量发现无论是否遭受侵染,玉米青贮前黄曲霉毒素B<sub>1</sub>、玉米赤霉烯酮和呕吐毒素3种毒素含量均低于限量标准,国家质量监督检验检疫总局对于饲料原料中其他植物饲料原料规定的黄曲霉毒素B<sub>1</sub>、呕吐毒素和玉米赤霉烯酮限量标准分别为<30 μg·kg<sup>-1</sup>、5000 μg·kg<sup>-1</sup>和1000 μg·kg<sup>-1</sup><sup>[32]</sup>,且发现FI组显著提高了新鲜玉米中呕吐毒素和玉米赤霉烯酮浓度,而仅数值上提高了黄曲霉毒素B<sub>1</sub>浓度,表明人工侵染的霉菌在玉米田间生长过程期间定殖,并产生了3种毒素。Li等<sup>[33]</sup>研究发现在田间生长期间人工侵染霉菌显著提高了新鲜玉米黄曲霉毒素B<sub>1</sub>、玉米赤霉烯酮、呕吐毒素和伏马毒素B<sub>1</sub>浓度。

与青贮前新鲜玉米中霉菌毒素含量相比,青贮后各种毒素均有下降。这可能是因为在青贮过程中包括乳酸菌在内的各种微生物通过吸附或降解等作用对毒素发挥了脱毒作用,这与Li等<sup>[30]</sup>的报道一致。本研究各接种剂均不同程度降低了黄曲霉毒素B<sub>1</sub>含量,尤其FI组接种剂显著降低了黄曲霉毒素B<sub>1</sub>含量,表明乳酸菌在受到高浓度黄曲霉毒素B<sub>1</sub>污染时脱毒效果更为明显。乳酸菌通过生物降解或者细胞壁吸附而降低黄曲霉毒素B<sub>1</sub>浓度,也可能通过产生双乙酰、过氧化氢和特定的酶等代谢产物,将黄曲霉毒素B<sub>1</sub>转化为低毒或无毒形态。Gallo等<sup>[34]</sup>研究了9株乳酸菌对青贮饲料霉菌毒素的影响,发现鼠李糖乳杆菌LR7(*Lactobacillus rhamnosus* LR7)和植物乳杆菌PB(*L. plantarum* PB)显著降低了黄曲霉毒素B<sub>1</sub>的浓度。本研究中各接种剂均未显著影响FI和NFI组玉米赤霉烯酮及NFI组呕吐毒素含量,这可能与两组玉米赤霉烯酮浓度和NFI组呕吐毒素浓度较低有关,乳酸菌对霉菌毒

素的脱毒效应受到底物浓度影响<sup>[35]</sup>。对于毒素浓度较高的FI组而言,接种S6-2处理降低了呕吐毒素含量,这可能是由于乳酸菌在生长过程中会分泌一些胞外酶,如酯酶、水解酶等。这些酶可能作用于呕吐毒素的毒素分子中的酯键或糖苷键,导致其水解或裂解,从而实现降解<sup>[36]</sup>。Gao等<sup>[37]</sup>从鸡肠道分离出一株史雷克氏菌(*Slackia* sp. D-G6)可以将呕吐毒素去环氧化降解成一种无毒的DOM-1形式。

#### 4 结论

霉菌侵染影响了全株玉米青贮饲料的营养价值、发酵品质和安全质量。接种乳酸菌降低了氨态氮含量、酵母和霉菌数量,提高了青贮过程中水溶性碳水化合物和乙酸等含量,改善了全株玉米青贮饲料发酵品质。乳酸菌对霉菌毒素的脱毒效应受到底物浓度影响,3株乳酸菌均未显著影响青贮饲料玉米赤霉烯酮含量,但均降低了霉菌侵染组黄曲霉毒素B<sub>1</sub>浓度,S6-2还可降低霉菌侵染组全株玉米青贮饲料呕吐毒素浓度。

#### 参考文献 References:

- [1] Ren W Z, Gao Y X, Li Q F, *et al.* Effects of whole corn silage, millet straw and *Leymus chinensis* combined in total mixed ration fed Holstein cows in the early dry period on its performance and blood biochemical and immune indicators in perinatal period. *Acta Prataculturae Sinica*, 2019, 28(12): 124–136.  
任伟忠, 高艳霞, 李秋风, 等. 全株玉米青贮、谷草和羊草组合全混合日粮饲喂干奶前期奶牛对其围产期生产性能和血液生化及免疫指标的影响. *草业学报*, 2019, 28(12): 124–136.
- [2] Zahra N, Jamil N, Ahmad S R, *et al.* A review of mycotoxin types, occurrence, toxicity, detection methods and control. *Biological Sciences*, 2019, 3(62): 206–218.
- [3] Zhang D W, Zhao L S, Chen Y K, *et al.* Mycotoxins in maize silage from China in 2019. *Toxins*, 2022, 14(4): 241.
- [4] Panasiuk L, Jedziniak P, Pietruszka K, *et al.* Frequency and levels of regulated and emerging mycotoxins in silage in Poland. *Mycotoxin Research*, 2019, 35(1): 17–25.
- [5] Garrett W N, Heitman H. Aflatoxin toxicity in beef cattle. *Proceedings of the Society for Experimental Biology and Medicine*, 1968, 127(1): 188–190.
- [6] Gao X, Xiao C, Li J, *et al.* Prenatal exposure to zearalenone disrupts reproductive potential and development via hormone-related genes in male rats. *Food and Chemical Toxicology*, 2018, 116(Part B): 11–19.
- [7] Korosteleva S N, Smith T K, Boermans H J. Effects of feed naturally contaminated with *Fusarium* mycotoxins on metabolism and immunity of dairy cows. *Journal of Dairy Science*, 2009, 92(4): 1585–1593.
- [8] Cabo M L, Braber A F, Koenraad P M F J. Apparent antifungal activity of several lactic acid bacteria against *Penicillium discolor* is due to acetic acid in the medium. *Journal of Food Protection*, 2002, 65(8): 1309–1316.
- [9] Wang Y L, Ying G Q, Zhang Z M, *et al.* *Bacillus velezensis* promotes the proliferation of lactic acid bacteria and influences the fermentation quality of whole-plant corn silage. *Frontiers Plant Science*, 2024, 15: 1285582.
- [10] Pfliegler W P, Pusztahelyi T, Pócsi I. Mycotoxins-prevention and decontamination by yeasts. *Journal of Basic Microbiology*, 2015, 55(7): 805–818.
- [11] Rather I A, Seo B J, Kumar V, *et al.* Isolation and characterization of a proteinaceous antifungal compound from *Lactobacillus plantarum* YML007 and its application as a food preservative. *Letters in Applied Microbiology*, 2013, 57(1): 69–76.
- [12] Bangar S P, Sharma N, Kumar M, *et al.* Recent developments in applications of lactic acid bacteria against mycotoxin production and fungal contamination. *Food Bioscience*, 2021, 44(Part B): 101444.
- [13] Niderkorn V, Morgavi D P, Aboab B, *et al.* Cell wall component and mycotoxin moieties involved in the binding of fumonisin B<sub>1</sub> and B<sub>2</sub> by lactic acid bacteria. *Journal of Applied Microbiology*, 2009, 106(3): 977–985.
- [14] Vanhoutte I, Audenaert K, De Gelder L. Biodegradation of mycotoxins: tales from known and unexplored worlds. *Frontiers in Microbiology*, 2016, 7: 561.
- [15] Tefera T, Vidal S. Effect of inoculation method and plant growth medium on endophytic colonization of sorghum by the entomopathogenic fungus *Beauveria bassiana*. *Biocontrol*, 2009, 54(5): 663–669.
- [16] Yuan X J, Li J F, Dong Z H, *et al.* The reconstitution mechanism of Napier grass microiota during the ensiling of alfalfa and their contributions to fermentation quality of silage. *Bioresource Technology*, 2020, 297: 122391.
- [17] Broderick G A, Kang J H. Automated simultaneous determination of ammonia and total amino acids in ruminal fluid and *in vitro*

- media. *Journal of Dairy Science*, 1980, 63(7): 64–75.
- [18] Krishnamoorthy U, Muscato T V, Sniffen C J, *et al.* Nitrogen fractions in selected feedstuffs. *Journal of Dairy Science*, 1982, 65(2): 217–225.
- [19] Wang H J, Deng X M, Jiang H, *et al.* Optimization of conditions for detecting polysaccharide by anthrone-sulfuric acid colorimetry. *China Feed*, 2011(4): 39–41.  
王宏军, 邓旭明, 蒋红, 等. 蒽酮-硫酸比色法检测多糖条件的优化. *中国饲料*, 2011(4): 39–41.
- [20] Vansoest P R J, Lewis B. Methods for dietary fiber, neutral detergent fiber, and nonstarch polysaccharides in relation to animal nutrition. *Journal of Dairy Science*, 1991, 74(10): 3583–3597.
- [21] Guo X, Chen D K, Chen N, *et al.* Effect of moisture content and additives on the fermentation quality of *Neolamarckia cadamba* leaf silage. *Acta Prataculturae Sinica*, 2021, 30(8): 199–205.  
郭香, 陈德奎, 陈娜, 等. 含水量和添加剂对黄梁木叶青贮发酵品质的影响. *草业学报*, 2021, 30(8): 199–205.
- [22] Ferraretto L F, Shaver R D, Luck B D. Silage review: Recent advances and future technologies for whole-plant and fractionated corn silage harvesting. *Journal of Dairy Science*, 2018, 101(5): 3937–3951.
- [23] Kung L J, Robinson J R, Ranjit N K, *et al.* Microbial populations, fermentation end-products, and aerobic stability of corn silage treated with ammonia or a propionic acid-based preservative. *Journal of Dairy Science*, 2000, 83(7): 1479–1486.
- [24] Walker G M, Walker R. Enhancing yeast alcoholic fermentations. *Advances in Applied Microbiology*, 2018, 105: 87–129.
- [25] Squara S, Ferrero F, Tabacco E, *et al.* Effect of inoculation with *Lentilactobacillus buchneri* and *Lactocaseibacillus paracasei* on the maize silage volatilome: The advantages of advanced 2D-chromatographic fingerprinting approaches. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, 2022, 70(38): 12232–12248.
- [26] Mantzourani I, Terpou A, Bekatorou A, *et al.* Functional pomegranate beverage production by fermentation with a novel synbiotic *L. paracasei* biocatalyst. *Food Chemistry*, 2020, 308: 125658.
- [27] Liu H W, Li J Y, Cavalhais L C, *et al.* Evidence for the plant recruitment of beneficial microbes to suppress soil-borne pathogens. *New Phytologist*, 2021, 229(5): 2873–2885.
- [28] Ries L, Patricia A D C, Lilian P S, *et al.* *Aspergillus fumigatus* acetate utilisation impacts virulence traits and pathogenicity. *mBio*, 2021, 12(4): 168221.
- [29] Yang Q L, Yao H L, Liu S P, *et al.* Interaction and application of molds and yeasts in Chinese fermented foods. *Frontiers in Microbiology*, 2021, 12: 664850.
- [30] Li Y B, Silva E B, Novinski C O, *et al.* Effect of microbial and chemical additives on the fermentation and aerobic stability of alfalfa silage ensiled at 2 dry matters and subjected to air stress during storage. *Journal of Animal Science*, 2021, 99(7): doi: 10.1093/jas/skab174.
- [31] Wambacq E, Vanhoutte I, Audenaert K, *et al.* Occurrence, prevention and remediation of toxigenic fungi and mycotoxins in silage: A review. *Journal of the Science of Food and Agriculture*, 2016, 96(7): 2284–2302.
- [32] General Administration of Quality Supervision, Inspection and Quarantine of the People's Republic of China, China National Standardization Administration Committee. Hygienic standard for feed: GB 13078-2017. Beijing: Standards Press of China, 2017.  
中华人民共和国国家质量监督检验检疫总局, 中国国家标准化管理委员会. 饲料卫生标准: GB 13078-2017. 北京: 中国标准出版社, 2017.
- [33] Li J Y, Wang W B, Chen S F, *et al.* Effect of lactic acid bacteria on the fermentation quality and mycotoxins concentrations of corn silage infested with mycotoxigenic fungi. *Toxins (Basel)*, 2021, 13(10): 699.
- [34] Gallo A, Fancello F, Ghilardelli F, *et al.* Effects of several lactic acid bacteria inoculants on fermentation and mycotoxins in corn silage. *Animal Feed Science and Technology*, 2021, 277: 114962.
- [35] Bangar S P, Sharma N, Bhardwa A, *et al.* Lactic acid bacteria: A bio-green preservative against mycotoxins for food safety and shelf-life extension. *Quality Assurance and Safety of Crops and Food*, 2022, 14(2): 13–31.
- [36] Maidana L G, Gerez J, Hohmann M N S, *et al.* *Lactobacillus plantarum* metabolites reduce deoxynivalenol toxicity on jejunal explants of piglets. *Toxicon*, 2021, 203: 12–21.
- [37] Gao X J, Mu P Q, Zhu X H, *et al.* Dual function of a novel bacterium, *Slackia* sp. D-G6: Detoxifying deoxynivalenol and producing the natural estrogen analogue, equol. *Toxins (Basel)*, 2020, 12(2): 85.