

DOI: 10.11686/cyxb2024426

http://cyxb.magtech.com.cn

操鹏飞, 汪水平, 黄桥深, 等. 青贮饲料桑替代豆粕对肉羊血液指标、瘤胃发酵及瘤胃菌群的影响. 草业学报, 2025, 34(10): 213-228.

CAO Peng-fei, WANG Shui-ping, HUANG Qiao-shen, et al. Effects of substituting mulberry silage for soybean meal on blood indexes, rumen fermentation, and rumen bacteria of goats. Acta Prataculturae Sinica, 2025, 34(10): 213-228.

## 青贮饲料桑替代豆粕对肉羊血液指标、瘤胃发酵及瘤胃菌群的影响

操鹏飞<sup>1,2\*\*</sup>, 汪水平<sup>1\*</sup>, 黄桥深<sup>1</sup>, 周世龙<sup>3</sup>, 罗专<sup>4</sup>, 任莹<sup>3</sup>, 刘勇<sup>2</sup>, 李铁军<sup>2</sup>, 汤少勋<sup>2,5\*</sup>

(1. 西南大学动物科学技术学院, 草食动物科学重庆市重点实验室, 重庆 402460; 2. 亚热带农业生态过程重点实验室, 湖南省动物营养生理与代谢过程重点实验室, 中国科学院亚热带农业生态研究所, 湖南长沙 410125; 3. 武汉轻工大学动物科学与营养工程学院, 湖北武汉 430048; 4. 浏阳市浏安农业科技综合开发有限公司, 湖南长沙 410300; 5. 中国科学院大学现代农业科学学院, 北京 100039)

**摘要:** 本试验旨在探究两种青贮饲料桑替代豆粕比例对湘东黑山羊血液生化指标、抗氧化指标、瘤胃发酵指标以及瘤胃细菌区系的影响。试验选取45只5~6月龄健康、体重相近[(18.2±1.6) kg]的湘东黑山羊, 随机分为3组, 分别为对照组(CK组)、50%替代组(S<sub>1</sub>组)和100%替代组(S<sub>2</sub>组), 预试期7 d, 正试期55 d, 每日晨饲前称取昨日剩料, 每两周进行一次称重, 在正试期54 d晨饲前对每头羊进行颈静脉采血, 正试期54 d晨饲3 h后和55 d晨饲前采集口腔瘤胃液, 用于测定血液指标、瘤胃发酵指标和瘤胃微生物组成。结果显示: S<sub>1</sub>和S<sub>2</sub>组的终末重(FBW)、平均日增重(ADG)和干物质采食量(DMI)均显著高于CK组(P<0.05); S<sub>2</sub>组的血清低密度脂蛋白(LDL-C)显著低于CK和S<sub>1</sub>组(P<0.05), 血清白蛋白(ALB)和胆碱酯酶(CHE)显著高于CK组(P<0.05)。另外S<sub>1</sub>和S<sub>2</sub>组的血清总抗氧化能力(T-AOC)均显著高于CK组(P<0.05), 但S<sub>2</sub>组的血清丙二醛(MDA)也显著高于CK组(P<0.05)。随着青贮饲料桑替代比例的增加, 乙酸和异戊酸的摩尔比显著降低(P<0.05), 丙酸和戊酸摩尔比随替代比例增加而上升。使用青贮饲料桑替代豆粕不会显著影响瘤胃微生物的Alpha多样性(P>0.05), 3组优势菌门均为拟杆菌门和芽孢杆菌门, 随青贮饲料桑替代比例的增加, 芽孢杆菌门的丰度显著上升(P<0.05), 拟杆菌门的丰度显著降低(P<0.05)。3组的优势菌属为Xylanibacter、丁酸弧菌、Segatella、解琥珀酸菌属、纤维杆菌属和Olivibacter。S<sub>2</sub>组的丁酸弧菌显著高于CK和S<sub>1</sub>组(P<0.05), Olivibacter显著低于CK和S<sub>1</sub>组(P<0.05)。上述研究结果表明: 使用青贮饲料桑替代豆粕可以改善动物机体的代谢, 增强抗氧化能力, 且不会影响瘤胃微生物的Alpha多样性, 在反刍动物养殖中有很好的应用前景。

**关键词:** 青贮桑; 豆粕蛋白; 血液生化; 瘤胃微生物; 山羊

## Effects of substituting mulberry silage for soybean meal on blood indexes, rumen fermentation, and rumen bacteria of goats

CAO Peng-fei<sup>1,2\*\*</sup>, WANG Shui-ping<sup>1\*</sup>, HUANG Qiao-shen<sup>1</sup>, ZHOU Shi-long<sup>3</sup>, LUO Zhuan<sup>4</sup>, REN Ying<sup>3</sup>, LIU Yong<sup>2</sup>, LI Tie-jun<sup>2</sup>, TANG Shao-xun<sup>2,5\*</sup>

1. Chongqing Key Laboratory of Herbivore Science, College of Animal Science and Technology, Southwest University, Chongqing 402460 China; 2. Key Laboratory of Agro-Ecological Processes in Subtropical Region, Hunan Provincial Key Laboratory of Animal Nutritional Physiology and Metabolic Process, Institute of Subtropical Agriculture, Chinese Academy of Sciences, Changsha 410125, China; 3. School of Animal Science and Nutritional Engineering, Wuhan Polytechnic University, Wuhan 430048, China; 4. Liuyang City Liuan Agricultural Science and Technology Comprehensive Development Co., LTD, Changsha 410300, China; 5.

收稿日期: 2024-10-28; 改回日期: 2024-12-06

基金项目: 国家重点研发计划课题(2022YFD1300905)和湖南省草食动物产业技术体系资助。

作者简介: 操鹏飞(1998-), 男, 安徽安庆人, 在读硕士。E-mail: 184204838@qq.com

\* 通信作者 Corresponding author. E-mail: sxtang@isa.ac.cn; wangshuiping1979@sina.com

College of Advanced Agricultural Sciences, University of Chinese Academy of Science, Beijing 100039, China

**Abstract:** We investigated the effects on the blood biochemical indexes, antioxidant indexes, rumen fermentation indexes, and rumen bacteria of two different ratios of mulberry silage as a replacement for soybean meal in the diet of Xiangdong black goats. Forty-five healthy Xiangdong black goat rams aged 5–6 months with similar body weight ( $18.2 \pm 1.6$  kg) were randomly divided into three groups: a control group (group CK), a 50% replacement group (group S<sub>1</sub>) and a 100% replacement group (group S<sub>2</sub>). The pre-test period was 7 days, and the formal experimental period was 55 days. The remaining feed from the previous day was weighed every morning before feeding and the goats were weighed every 2 weeks. On the morning of the 54<sup>th</sup> day of the formal test period, blood samples were collected from the jugular vein of each goat. Rumen fluid was collected orally 3 hours after morning feeding on the 54<sup>th</sup> day and before morning feeding on the 55<sup>th</sup> day of the formal experimental period for the determination of blood indexes, rumen fermentation indexes, and rumen microbial composition. The results showed that the final body weight, average daily gain, and dry matter intake were significantly higher in the S<sub>1</sub> and S<sub>2</sub> groups than in the CK group ( $P < 0.05$ ). The serum low density lipoprotein cholesterol concentration was significantly lower in group S<sub>2</sub> than in the CK group and group S<sub>1</sub> ( $P < 0.05$ ), and serum albumin and cholinesterase concentrations were significantly higher in group S<sub>2</sub> than in the CK group ( $P < 0.05$ ). The total antioxidant capacity was significantly higher in groups S<sub>1</sub> and S<sub>2</sub> than in the CK group ( $P < 0.05$ ), but the malondialdehyde content was significantly higher in group S<sub>2</sub> than in the CK group ( $P < 0.05$ ). As the amount of mulberry protein in the diet increased, the molar ratio of acetic acid to isovaleric acid decreased significantly ( $P < 0.05$ ), and the molar ratio of propionic acid to valeric acid increased. The replacement of soybean meal in the diet with mulberry silage did not affect the alpha diversity of rumen microorganisms ( $P > 0.05$ ). The dominant taxa in the three groups were Bacteroidota and Bacillota. With increasing amounts of mulberry silage in the diet, the abundance of Bacillota increased significantly ( $P < 0.05$ ), and the abundance of Bacteroidota decreased significantly ( $P < 0.05$ ). The dominant bacteria in the three groups were *Xylanibacter*, *Butyrivibrio*, *Segatella*, *Succiniclasicum*, *Fibrobacter*, and *Olivibacter*. The abundance of *Butyrivibrio* was significantly higher in group S<sub>2</sub> than in the CK group and group S<sub>1</sub> ( $P < 0.05$ ), and that of *Olivibacter* was significantly lower in group S<sub>2</sub> than in the CK group and group S<sub>1</sub> ( $P < 0.05$ ). These results show that replacing soybean meal with mulberry silage in the diet of goats improved their metabolism and increased their antioxidant capacity without affecting the alpha diversity of their rumen microorganisms. Therefore, this resource has promising applications in ruminant breeding.

**Key words:** silage mulberry; soybean protein; blood biochemistry; rumen microorganism; goat

随着我国人口增多和畜牧业的蓬勃发展,人畜争粮的问题日益突出,开发新的饲料原料迫在眉睫。在2021年4月21日,农业农村部为了推进饲料中的玉米(*Zea mays*)豆粕减量替代,制定了《猪鸡饲料玉米豆粕减量替代工作方案》<sup>[1]</sup>。饲料桑(*Morus alba*)因其高蛋白、高生物量的特性具有非常大的开发潜力。王永昌等<sup>[2]</sup>测定了不同地区饲料桑的营养成分,发现其蛋白含量均在18%以上,粗脂肪含量在2%左右,中性洗涤纤维(neutral detergent fiber, NDF)和酸性洗涤纤维(acid detergent fiber, ADF)含量分别为35.66%~57.34%和16.85%~26.32%,营养价值非常高。除此之外,饲料桑中含有非常丰富的生物活性物质如维生素、黄酮类等<sup>[3-4]</sup>,这些生物活性物质可以改善动物机体生理活性,增强抗氧化能力,改善动物健康<sup>[5-7]</sup>。根据王红林等<sup>[8]</sup>的研究数据,饲料桑在不同栽培密度下鲜草产量可达到74000~84000 kg·hm<sup>-2</sup>,蛋白质产量在2500 kg·hm<sup>-2</sup>左右,这为豆粕原料价格不断上涨情况下,充分利用非常规饲料蛋白替代豆粕发展畜牧业提供了良好的蛋白来源。但目前畜牧业中应用较多的还是桑叶,而桑枝在粉碎后也可以作为反刍动物饲料,且在实际生产中将桑叶和桑枝分离难度较大。目

前已有使用大型机器刈割和保存饲料桑的实例<sup>[9-10]</sup>,因此全株饲料桑在反刍业更有发展前景。

前人已经对使用较低水平的饲料桑粉或青贮饲料桑直接替代禽类和家畜基础日粮的效果展开了详细研究,结果也显示使用饲料桑直接替代基础日粮可以提高家禽和家畜的生产性能以及健康等<sup>[11-13]</sup>。而直接大量使用饲料桑替代豆粕以减少豆粕使用的研究还未见报道,因此本研究使用青贮饲料桑替代50%和100%的豆粕,探究其在大量应用时对山羊健康、瘤胃发酵和瘤胃微生物的影响,为饲料桑在反刍业的大规模应用提供理论基础。

## 1 材料与方 法

### 1.1 试验设计与饲养管理

试验于2023年10月—2024年1月在湖南省长沙市浏阳市浏安农业有限公司进行。饲用青贮饲料桑由湖南省宁乡市桑宝园桑树种植基地提供,在生长至85 cm左右时刈割,粉碎后喷洒菌酶复合菌剂装入袋中制成青贮料,在阴凉处保存60 d后开包饲喂。

选取健康且体重相近 $[(18.2 \pm 1.6) \text{ kg}]$ 的5~6月龄的湘东黑山羊45只,随机分成3组(对照组、试验I组和试验II组),每组15只羊。对照组(CK组)饲喂基础日粮,试验组(S<sub>1</sub>和S<sub>2</sub>组)分别以青贮饲料桑替代50%和100%的豆粕。参照肉羊饲养标准(NY/T816-2004)<sup>[14]</sup>配制日粮,日粮组成及营养水平见表1。

在试验开始前对羊舍进行全面打扫和消毒,对试验羊接种口蹄疫和羊痘疫苗,并进行驱虫和布病检测。预试期刚开始饲喂浏安农业有限公司提供的日粮,每日替换15%为试验设计的日粮,直至全部替换为试验设计的日粮。正试期开始前对所有试验动物称重,然后放入对应栏中,于每日09:00和16:00饲喂两次,自由采食和饮水,每只羊配备独立料槽,在每日晨饲之前清理料槽并称取剩料,计算每日采食量。每周打扫圈舍卫生,及时清粪。每两周对所有羊进行一次称重。试验共进行62 d,其中预试期7 d,正试期55 d。

表1 试验日粮组成及营养水平

Table 1 Experimental diet composition and nutrition level

项目 Items	日粮处理 Diet treatment (干物质基础 Dry matter basis)		
	CK	S <sub>1</sub>	S <sub>2</sub>
日粮组成 Diet composition			
玉米 Corn ( $\text{g} \cdot \text{kg}^{-1}$ )	258.6	244.8	194.8
麦麸 Wheat bran ( $\text{g} \cdot \text{kg}^{-1}$ )	44.0	128.9	251.9
青贮饲料桑 Mulberry silage ( $\text{g} \cdot \text{kg}^{-1}$ )	0.0	268.0	500.0
豆粕 Soybean meal ( $\text{g} \cdot \text{kg}^{-1}$ )	147.0	73.5	0.0
稻草 Straw ( $\text{g} \cdot \text{kg}^{-1}$ )	500.0	232.0	0.0
碳酸钙 $\text{CaCO}_3$ ( $\text{g} \cdot \text{kg}^{-1}$ )	7.0	3.5	1.3
磷酸氢钙 $\text{CaHPO}_3$ ( $\text{g} \cdot \text{kg}^{-1}$ )	18.5	24.2	26.9
食盐 NaCl ( $\text{g} \cdot \text{kg}^{-1}$ )	5.0	5.0	5.0
<sup>1)</sup> 预混料 Premix ( $\text{g} \cdot \text{kg}^{-1}$ )	20.0	20.0	20.0
总计 Total ( $\text{g} \cdot \text{kg}^{-1}$ )	1000.0	1000.0	1000.0
营养水平 Nutritional levels			
<sup>2)</sup> 代谢能 Metabolizable energy (ME, $\text{MJ} \cdot \text{kg}^{-1}$ )	8.68	8.75	8.70
粗蛋白 Crude protein (CP, $\text{g} \cdot \text{kg}^{-1}$ )	116.0	116.0	116.0
中性洗涤纤维 Neutral detergent fibre (NDF, $\text{g} \cdot \text{kg}^{-1}$ )	415.8	380.4	356.5
酸性洗涤纤维 Acid detergent fibre (ADF, $\text{g} \cdot \text{kg}^{-1}$ )	267.5	253.7	243.9
钙 Ca ( $\text{g} \cdot \text{kg}^{-1}$ )	10.0	14.0	17.2
磷 P ( $\text{g} \cdot \text{kg}^{-1}$ )	6.4	9.0	11.0
钙磷比 Ca:P	1.56	1.56	1.56

注: <sup>1)</sup>预混料为每kg日粮干物质提供铁35 mg,铜15 mg,锰90 mg,锌70 mg,硒0.05 mg,碘1 mg,钴0.15 mg。<sup>2)</sup>代谢能为理论计算值。

Note: <sup>1)</sup> The premix provided 35 mg of Fe, 15 mg of Cu, 90 mg of Mn, 70 mg of Zn, 0.05 mg of Se, 1 mg of I and 0.15 mg of Co per kilogram of dry matter. <sup>2)</sup> The metabolic energy was calculated theoretically.

## 1.2 样品采集与处理

**1.2.1 血液样本** 在正试期54 d晨饲之前进行采血,每只羊采集约10 mL,室温静置30 min后,3000 r·min<sup>-1</sup>离心10 min,吸取上清液分装至4个2 mL离心管后置于-20 °C保存用于后续分析。

**1.2.2 瘤胃液样本** 在正试期54 d晨饲后3 h和正试期55 d晨饲前分别使用口腔瘤胃液采集器对每只羊采集瘤胃液,每只羊采集约45 mL分装至1个50 mL和2个2 mL无菌离心管,置于液氮中保存后送到实验室。一部分立即使用pH计(REX PHS-3C,上海仪器设备厂)直接测定pH。

## 1.3 化学分析

**1.3.1 血液指标分析** 使用全自动生化分析仪(Cobas C311, Basel, 瑞士)测定血清中与糖脂代谢相关的指标,如葡萄糖(glucose, GLU)、胆固醇(cholesterol, CHOL)、甘油三酯(triacylglycerol, TG)、脂肪酶(lipase, LIP)、高密度脂蛋白(high density lipoprotein cholesterol, HDL-C)和低密度脂蛋白(low density lipoprotein cholesterol, LDL-C)等,与肝脏代谢相关指标如谷草转氨酶(aspartate transaminase, AST)、谷丙转氨酶(alanine aminotransferase, ALT)和胆碱酯酶(cholinesterase, CHE),与蛋白合成与代谢相关的指标如总蛋白(total protein, TP)、血氨(blood ammonia, BA)、血尿素氮(blood urine nitrogen, BUN)和白蛋白(albumin, ALB)的含量。

按照试剂盒(AKAO012M、AKFA013M、AKAO001M-100S、AKPR014C,北京盒子生工)说明书提供的测定方法测定山羊血清中的总抗氧化能力(total antioxidant capacity, T-AOC)、丙二醛(malondialdehyde, MDA)浓度、超氧化物歧化酶(superoxide dismutase, SOD)和谷胱甘肽过氧化物酶(glutathione peroxidase, GSH-Px)的活性。

**1.3.2 瘤胃液指标** 瘤胃液解冻后,取1.35 mL置于2 mL离心管中,加入0.15 mL 25% 偏磷酸溶液,16000 r·min<sup>-1</sup>离心10 min后取上清液使用靛酚比色法<sup>[15]</sup>测定NH<sub>3</sub>-N浓度,参照黄棋<sup>[16]</sup>的方法测定瘤胃液总挥发性脂肪酸(total volatile fatty acid, TVFA)含量。

**1.3.3 瘤胃微生物区系的测定** 以不同处理组之间的瘤胃液为样本,使用DNBSEQ测序平台对瘤胃细菌16S rDNA的V3-V4区进行测序,测序结束后对数据进行过滤,然后使用DADA 2算法对有效序列进行去噪得到扩增子序列变异(amplicon sequence variants, ASVs),最后使用RDP(ribosomal database project)数据库进行比对和物种注释。 $\alpha$ 多样性以及不同组间的瘤胃微生物区系的变化,均使用BGI微生物扩增子分析平台进行分析。

## 1.4 数据统计分析

使用EXCEL 2021对数据进行初步整理,使用SPSS 25.0软件对数据进行统计分析,采用单因素方差分析对生长性能、血液生化及抗氧化指标进行显著性检验,若差异显著则采用Duncan法进行多重比较。采用一般线性模型中的重复测量分析方法对瘤胃发酵指标进行显著性检验,以日粮处理和采集时间为主效应,并检验组别和采集时间之间是否存在交互作用。差异显著为 $P < 0.05$ ,差异极显著为 $P < 0.01$ 。瘤胃微生物多样性分析由BGI微生物扩增子分析平台自带的R v 3.2.1的Kruskal Test进行显著性检验。

## 2 结果与分析

### 2.1 生长性能

青贮饲料桑替代豆粕对湘东黑山羊生长性能影响如表2所示,青贮饲料桑替代豆粕对终末重(final body weight, FBW)、平均日增重(average daily gain, ADG)、干物质采食量(dry matter intake, DMI)和料重比有显著影响( $P < 0.05$ ),其中DMI随替代比例的增加而显著增加( $P < 0.05$ ),S<sub>1</sub>与S<sub>2</sub>组的ADG显著高于CK组( $P < 0.05$ ),而S<sub>1</sub>组的料重比最低,显著低于CK和S<sub>2</sub>组( $P < 0.05$ )。

### 2.2 血清生化指标

不同的青贮饲料桑替代比例对LDL-C、CHE、ALB和BA含量有显著的影响( $P < 0.05$ )(表3)。S<sub>2</sub>组的LDL-C显著低于CK和S<sub>1</sub>组( $P < 0.05$ ),CK和S<sub>1</sub>组之间差异不显著( $P > 0.05$ );S<sub>2</sub>组的CHE和ALB含量显著高于CK组( $P < 0.05$ ),S<sub>1</sub>组的CHE和ALB含量与CK和S<sub>2</sub>组均无显著差异( $P > 0.05$ ),S<sub>1</sub>和S<sub>2</sub>组的BA含量显著低于CK组( $P < 0.05$ ),青贮桑替代豆粕对GLU、CHOL、TG、HDL-C、LIP、TP、BUN、AST和ALT均无显著影响( $P > 0.05$ )。

表 2 青贮饲料桑替代不同比例豆粕对湘东黑山羊生长性能的影响

Table 2 Effects of silage mulberry replacing soybean meal with different proportions on growth performance of Xiangdong black goats

项目 Items	日粮处理 Diet treatment			标准误 SEM	P 值 P-value
	CK	S <sub>1</sub>	S <sub>2</sub>		
初始重 Initial body weight (IBW, kg)	18.3	18.0	18.5	0.43	0.643
终末重 Final body weight (FBW, kg)	21.2b	22.4ab	22.5a	0.28	0.002
平均日增重 Average daily gain (ADG, g·d <sup>-1</sup> )	45.8b	65.3a	67.7a	4.36	0.002
干物质采食量 Dry matter intake (DMI, g·d <sup>-1</sup> )	607.0c	788.0b	893.0a	137.41	0.002
料重比 Feed/gain (F/G)	15.7a	12.5b	14.3a	0.80	0.040

注: CK 表示对照组, S<sub>1</sub> 和 S<sub>2</sub> 分别表示青贮饲料桑替代日粮中 50% 和 100% 的豆粕; 同行不同字母表示处理间差异显著 ( $P < 0.05$ )。下同。

Note: CK means control group, S<sub>1</sub> and S<sub>2</sub> mean 50% and 100% of soybean meal protein in the diet were replaced by silage mulberry, respectively; Different letters in the same row indicate significant differences among treatments ( $P < 0.05$ ). The same below.

表 3 青贮饲料桑替代不同比例豆粕对湘东黑山羊血清生化指标的影响

Table 3 Effects of silage mulberry replacing soybean meal with different proportions on serum biochemical indexes of Xiangdong black goats

项目 Items	日粮处理 Diet treatment			标准误 SEM	P 值 P-value
	CK	S <sub>1</sub>	S <sub>2</sub>		
葡萄糖 Glucose (GLU, mmol·L <sup>-1</sup> )	3.71	3.89	4.31	0.186	0.081
胆固醇 Cholesterol (CHOL, mmol·L <sup>-1</sup> )	2.35	2.34	2.12	0.121	0.297
甘油三酯 Triacylglycerol (TG, mmol·L <sup>-1</sup> )	0.527	0.502	0.593	0.043	0.307
低密度脂蛋白 Low density lipoprotein cholesterol (LDL-C, μmol·L <sup>-1</sup> )	0.827a	0.825a	0.552b	0.060	0.002
高密度脂蛋白 High density lipoprotein cholesterol (HDL-C, μmol·L <sup>-1</sup> )	1.48	1.52	1.51	0.082	0.919
脂肪酶 Lipase (LIP, U·L <sup>-1</sup> )	16.0	14.6	16.4	0.843	0.280
总蛋白 Total protein (TP, g·L <sup>-1</sup> )	89.6	90.8	91.1	3.052	0.936
白蛋白 Albumin (ALB, g·L <sup>-1</sup> )	38.6b	41.8ab	44.1a	1.261	0.012
血尿素氮 Blood urine nitrogen (BUN, mmol·L <sup>-1</sup> )	7.42	7.42	8.00	0.225	0.488
血氨 Blood ammonia (BA, μmol·L <sup>-1</sup> )	144.0a	116.0b	104.0b	4.813	0.007
胆碱酯酶 Cholinesterase (CHE, U·L <sup>-1</sup> )	186.0b	200.0ab	217.0a	4.335	0.017
谷草转氨酶 Aspartate transaminase (AST, U·L <sup>-1</sup> )	96.4	118.3	108.1	10.715	0.362
谷丙转氨酶 Alanine aminotransferase (ALT, U·L <sup>-1</sup> )	28.5	28.5	28.7	1.320	0.992

### 2.3 血清抗氧化指标

青贮饲料桑替代豆粕对 T-AOC 和 MDA 含量有显著影响 ( $P < 0.05$ ) (表 4), 对 SOD 和 GSH-Px 的活性无显著影响 ( $P > 0.05$ )。其中 S<sub>1</sub> 和 S<sub>2</sub> 组的 T-AOC 无显著差异 ( $P > 0.05$ ), 但均显著高于 CK 组 ( $P < 0.05$ )。S<sub>2</sub> 组的 MDA 含量显著高于 CK 组 ( $P < 0.05$ ), S<sub>1</sub> 组的 MDA 含量与 CK 和 S<sub>2</sub> 组均无显著差异 ( $P > 0.05$ )。

### 2.4 瘤胃发酵特性

从表 5 可以看出, 青贮饲料桑替代豆粕对采食前瘤胃液的乙酸、丙酸、异丁酸、异戊酸和戊酸的摩尔比有显著的影响 ( $P < 0.05$ ), 对 pH、TVFA、丁酸摩尔比、乙丙比和 NH<sub>3</sub>-N 无显著影响 ( $P > 0.05$ )。随着替代比例的增加, 乙酸和异戊酸的摩尔比都表现为显著降低 ( $P < 0.05$ ), 丙酸和戊酸摩尔比随替代比例增加而上升, 其中 S<sub>2</sub> 组的丙酸摩尔比显著高于 CK 和 S<sub>1</sub> 组 ( $P < 0.05$ ), 而 CK 与 S<sub>1</sub> 组丙酸摩尔比差异不显著 ( $P > 0.05$ )。CK 组的戊酸摩尔比显著低于 S<sub>1</sub> 和 S<sub>2</sub> 组 ( $P < 0.05$ ), S<sub>1</sub> 和 S<sub>2</sub> 组的戊酸摩尔比差异不显著 ( $P > 0.05$ ); 异丁酸摩尔比在替代比例为 50% 时未出现显著变化 ( $P > 0.05$ ), 在替代比例达到 100% 时显著降低 ( $P < 0.05$ )。

表4 青贮饲料桑替代不同比例豆粕对湘东黑山羊血清抗氧化指标的影响

Table 4 Effects of silage mulberry replacing soybean meal with different proportions on serum antioxidant indexes of Xiangdong black goats

项目 Items	日粮处理 Diet treatment			标准误 SEM	P值 P-value
	CK	S <sub>1</sub>	S <sub>2</sub>		
总抗氧化能力 Total antioxidant capacity (T-AOC, $\mu\text{mol}\cdot\text{mL}^{-1}$ )	17.54b	28.03a	28.05a	1.08	<0.01
超氧化物歧化酶 Superoxide dismutase (SOD, $\text{U}\cdot\text{mL}^{-1}$ )	28.00	41.18	35.46	2.31	0.07
丙二醛 Malondialdehyde (MDA, $\text{nmol}\cdot\text{mL}^{-1}$ )	1.22b	1.94ab	2.56a	0.22	0.03
谷胱甘肽过氧化物酶 Glutathione peroxidase (GSH-Px, $\mu\text{g}\cdot\text{mL}^{-1}$ )	150.43	134.59	148.62	3.77	1.86

喂食前后,瘤胃液中除丁酸摩尔比外其余指标均存在显著差异( $P<0.05$ ),其中pH、乙酸、异丁酸和异戊酸摩尔比及乙丙比在饲喂3h后极显著下降( $P<0.01$ ),TVFA、丙酸和戊酸摩尔比及 $\text{NH}_3\text{-N}$ 浓度极显著上升( $P<0.01$ )。

不同分组以及采食前后对湘东黑山羊瘤胃液中的pH、乙酸、丙酸、异戊酸和戊酸摩尔比、乙丙比和 $\text{NH}_3\text{-N}$ 存在显著的交互作用( $P<0.05$ ),S<sub>2</sub>组的pH、乙酸摩尔比和乙丙比在喂食3h后的下降幅度低于CK和S<sub>1</sub>组,而 $\text{NH}_3\text{-N}$ 、丙酸和戊酸摩尔比的增加幅度高于CK和S<sub>1</sub>组。饲喂3h后CK和S<sub>1</sub>组异戊酸摩尔比降低幅度大于S<sub>2</sub>组。

## 2.5 瘤胃细菌组成

ASVs分析结果表明,CK组检测出2102条ASVs,S<sub>1</sub>组检测出2303条ASVs,S<sub>2</sub>组检测出2243条ASVs,其中3组共有的ASVs为991条,CK和S<sub>1</sub>组共有的ASVs为1364条,CK和S<sub>2</sub>组共有的ASVs为1170条,S<sub>1</sub>和S<sub>2</sub>组共有的ASVs为1376条(图1)。主坐标分析(principal coordinate analysis,PCoA)和非度量多维排列(non-metric multidimensional scaling,NMDS)分析的结果表明CK、S<sub>1</sub>和S<sub>2</sub>组的微生物明显分开(图2)。

$\alpha$ 多样性分析结果显示,3组覆盖度(coverage)均在99%以上,且Sobs、Chao、ACE、Shannon和Simpson指数之间均无显著差异( $P>0.05$ )(图3)。

门水平细菌丰度结果分析表明,3组山羊瘤胃液中的优势菌门均为拟杆菌门(Bacteroidota)和芽孢杆菌门(Bacillota)(图4A),但其丰度在各组间存在显著差异( $P<0.05$ )(图4B),其后是假单胞菌门(Pseudomonadota)和纤维杆菌门(Fibrobacterota),但这两种菌门的丰度在3组间均在3%以下。随着青贮饲料桑蛋白替代比例的增加,芽孢杆菌门的丰度显著上升( $P<0.05$ ),拟杆菌门的丰度显著降低( $P<0.05$ )。

在属水平上,*Xylanibacter*、丁酸弧菌属(*Butyrivibrio*)、解琥珀酸菌属(*Succiniclasticum*)、*Segatella*、纤维杆菌属(*Fibrobacter*)和*Olivibacter*为优势菌属(图5A),其中丁酸弧菌属和*Olivibacter*组间差异显著( $P<0.05$ )(图5B)。*Xylanibacter*在CK组丰度最高,达到了19.97%。丁酸弧菌和解琥珀酸菌属则是在S<sub>2</sub>组丰度较高,分别为10.06%和9.70%。*Segatella*在3组间的丰度比较接近,分别为2.74%、2.46%和2.41%。*Olivibacter*在CK和S<sub>1</sub>组的丰度分别达到2.39%和1.44%,但在S<sub>2</sub>组的丰度低于0.50%。纤维杆菌属在CK组的丰度最高,为1.33%,在S<sub>2</sub>组的丰度最低,仅为0.45%。

在属水平上,*Xylanibacter*、丁酸弧菌属(*Butyrivibrio*)、解琥珀酸菌属(*Succiniclasticum*)、*Segatella*、纤维杆菌属(*Fibrobacter*)和*Olivibacter*为优势菌属(图5A),其中丁酸弧菌属和*Olivibacter*组间差异显著( $P<0.05$ )(图5B)。*Xylanibacter*在CK组丰度最高,达到了19.97%。丁酸弧菌和解琥珀酸菌属则是在S<sub>2</sub>组丰度较高,分别为10.06%和9.70%。*Segatella*在3组间的丰度比较接近,分别为2.74%、2.46%和2.41%。*Olivibacter*在CK和S<sub>1</sub>组的丰度分别达到2.39%和1.44%,但在S<sub>2</sub>组的丰度低于0.50%。纤维杆菌属在CK组的丰度最高,为1.33%,在S<sub>2</sub>组的丰度最低,仅为0.45%。

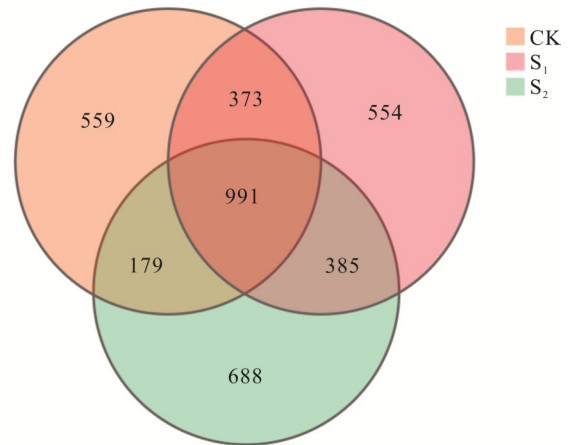


图1 3组扩增子序列变异的韦恩图

Fig. 1 Venn graph of the amplicon sequence variants in three groups

表 5 不同青贮饲料桑替代比例的湘东黑山羊瘤胃发酵指标

Table 5 Rumens fermentation indexes of Xiangdong black goats with different silage mulberry replacement ratios

日粮处理 Diet treatment	采集时间 Acquisition time	pH	总挥发性脂肪酸 Total volatile fatty acid (TVFA, mmol·L <sup>-1</sup> )	挥发性脂肪酸摩尔百分比 Molar percentage of volatile fatty acids (%)						乙丙比 Acetate acid: propionate acid (A:P)	氨态氮 NH <sub>3</sub> -N (mmol· L <sup>-1</sup> )
				乙酸 Acetate acid	丙酸 Propionate acid	异丁酸 Isobutyrate acid	丁酸 Butyrate acid	异戊酸 Isovalerate acid	戊酸 Valerate acid		
CK	0H 3H	7.58 6.88	34.0 56.5	66.4 65.5	16.1 17.7	2.28 1.23	11.4 12.8	2.94 1.61	0.89 1.18	4.18 3.72	9.59 10.72
S <sub>1</sub>	0H 3H	7.53 7.06	32.9 60.7	66.7 61.8	15.7 21.6	2.18 1.25	12.8 12.8	2.62 1.37	0.99 1.46	4.31 2.93	8.63 9.94
S <sub>2</sub>	0H 3H	7.63 6.88	32.9 63.2	68.2 56.9	13.8 26.3	1.93 0.92	12.9 12.9	2.18 1.37	0.92 1.63	5.00 2.19	5.94 12.01
分析 Analyse	标准误 SEM	0.038	2.000	0.492	0.543	0.068	0.221	0.081	0.040	0.114	0.325
主效应 Main effects											
日粮处理 Diet treatment											
CK		7.23	45.1	65.8A	17.0B	1.76A	12.2	2.28A	1.03B	3.92	10.16
S <sub>1</sub>		7.30	46.8	64.2B	18.2B	1.78A	12.6	2.04B	1.20A	3.71	9.22
S <sub>2</sub>		7.25	50.0	62.3C	20.3A	1.40B	13.0	1.76C	1.29A	3.61	8.95
采集时间 Acquisition time											
0H		7.58A	33.0B	67.0A	15.1B	2.17A	12.25	2.62A	0.90B	4.53A	8.04B
3H		6.94B	61.5A	61.3B	21.8A	1.14B	12.86	1.45B	1.43A	2.97B	10.86A
P 值	日粮处理 Diet treatment	0.205	0.269	<0.010	<0.010	<0.010	0.349	<0.010	0.010	0.085	0.236
P-value	采集时间 Acquisition time	<0.010	<0.010	<0.010	<0.010	<0.010	0.183	<0.010	<0.010	<0.010	<0.010
	日粮处理×采集时间 Diet treatment×acquisition time	<0.010	0.155	<0.010	<0.010	0.877	0.458	0.007	0.017	<0.010	<0.010

注: 表中 0H 表示采食前, 3H 表示采食 3 h 后; 同列不同大写字母表示处理间差异显著 (P<0.05)。

Note: In the Table, 0H means before feeding, and 3H means 3 h after feeding; Different capital letters in the same column indicate significant differences among treatments at the 0.05 level.

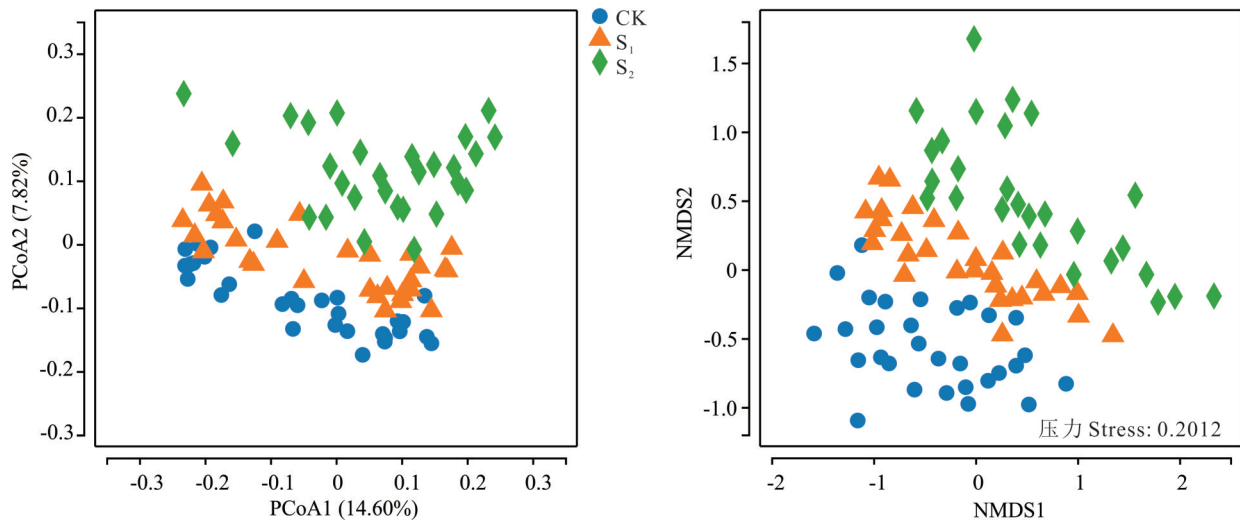


图2 瘤胃细菌菌群的主坐标分析(PCoA)和非度量多维排列(NMDS)分析

Fig. 2 Principal coordinate analysis (PCoA) and non-metric multidimensional scaling (NMDS) analysis of rumen bacterial flora

使用Picrust软件对菌群进行KEGG功能预测,如图6所示,富集在代谢功能上的占比在78%以上(KEGG通路1级,图6A),主要集中在氨基酸代谢(amino acid metabolism)、辅因子和维生素代谢(metabolism of cofactors and vitamins)、碳水化合物代谢(carbohydrate metabolism)、萜类化合物和聚酮类化合物的代谢(metabolism of terpenoids and polyketides)、其他氨基酸代谢(metabolism of other amino acids)、复制与修复(replication and repair)、能量代谢(energy metabolism)、聚糖的生物合成与代谢(glycan biosynthesis and metabolism)和脂代谢(lipid metabolism)等(KEGG通路2级,图6B)。富集在KEGG 3级通路上的主要有核糖体(rbosome)、叶酸一碳库(one carbon pool by folate)、链霉素合成(streptomycin biosynthesis)、D-谷氨酰胺和D-谷氨酸代谢(D-glutamine and D-glutamate metabolism)、同源重组(homologous recombination)、硫胺素代谢(thiamine metabolism)、肽聚糖生物合成(peptidoglycan biosynthesis)、D-丙氨酸代谢(D-alanine metabolism)、万古霉素类抗生素的生物合成(biosynthesis of vancomycin group antibiotics)、C5-支链二元酸代谢(C5-branched dibasic acid metabolism)、泛酸和辅酶A的生物合成(pantothenate and CoA biosynthesis)、丙氨酸、天门冬氨酸和谷氨酸代谢(alanine, aspartate and glutamate metabolism)、细胞周期—茎丝菌(cell cycle—caulobacter)、赖氨酸生物合成(lysine biosynthesis)、氨酰-tRNA生物合成(aminoacyl-tRNA biosynthesis)、安沙霉素生物合成(biosynthesis of ansamycins)、错配修复(mismatch repair)、脂肪酸合成(fatty acid biosynthesis)、缬氨酸、亮氨酸和异亮氨酸生物合成(valine, leucine and isoleucine biosynthesis)、其他聚糖降解(other glycan degradation)、光合生物中的碳固定(carbon fixation in photosynthetic organisms)和磷酸戊糖途径(pentose phosphate pathway)等(图6C)。

瘤胃属水平优势菌与瘤胃发酵指标间的关系如图7所示,瘤胃中的部分优势菌属与瘤胃发酵特性有显著的相关关系( $P < 0.05$ ),其中 *Sodaliphilus*、假丁酸弧菌属(*Pseudobutyrvibrio*)、丁酸弧菌属(*Butyrvibrio*)和瘤胃球菌属(*Ruminococcus*)与pH、乙酸、异戊酸、异丁酸和乙丙比有显著的正相关关系( $P < 0.05$ ),与TVFA、丙酸、戊酸和 $\text{NH}_3\text{-N}$ 有显著的负相关关系( $P < 0.05$ );密螺旋体属(*Treponema*)与pH、异丁酸、异戊酸和乙丙比有显著的正相关关系( $P < 0.05$ ),而与TVFA、丙酸和戊酸有显著负相关关系( $P < 0.05$ );*Segatella*与pH、乙酸、异丁酸、异戊酸和乙丙比有显著负相关关系( $P < 0.05$ ),而与TVFA、丙酸和戊酸有显著的正相关关系( $P < 0.05$ );月型单胞菌属(*Selenomonas*)与pH、乙酸和乙丙比有显著负相关关系( $P < 0.05$ ),而与TVFA、丙酸、戊酸和 $\text{NH}_3\text{-N}$ 有显著的正相关关系( $P < 0.05$ );*Xylanibacter*、厌氧弧菌属(*Anaerovibrio*)与pH、乙酸、异丁酸、异戊酸和乙丙比有显著的负相关关系( $P < 0.05$ ),而与TVFA、丙酸、戊酸和 $\text{NH}_3\text{-N}$ 有显著的正相关关系( $P < 0.05$ ),纤维杆菌属(*Fibrobacter*)与pH、异丁酸和异戊酸有显著的正相关关系( $P < 0.05$ ),与戊酸有显著的负相关关系( $P < 0.05$ )。*Olivibacter*分别与异丁酸和戊酸存在显著正相关和显著负相关关系( $P < 0.05$ )。

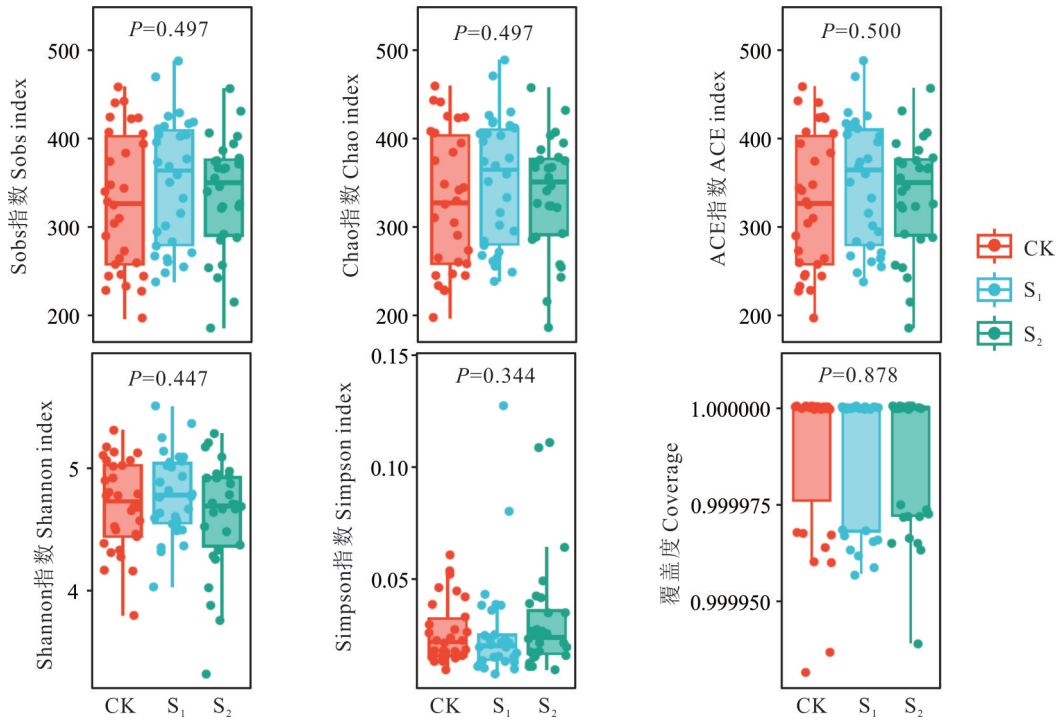


图 3 青贮饲料桑替代比例对瘤胃细菌  $\alpha$  多样性的影响

Fig. 3 Effect of silage mulberry replacement ratio on rumen bacterial alpha diversity

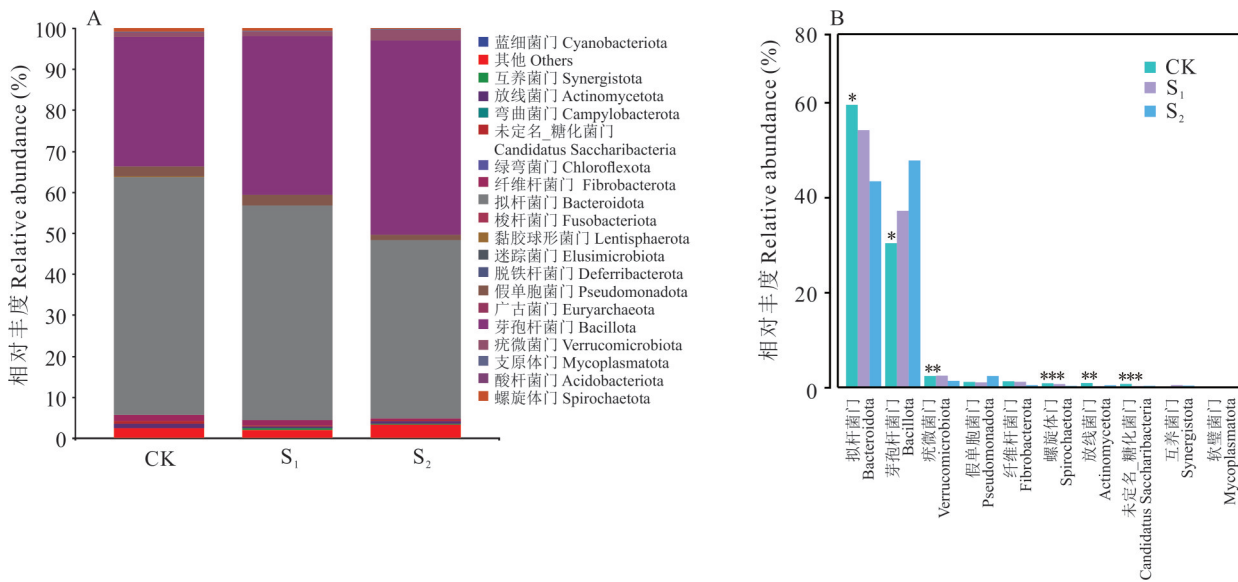


图 4 门水平细菌组成及关键物种相对丰度差异

Fig. 4 Phylum level bacterial composition and key species relative abundance difference

图为丰度前 10 的物种,展示每组的平均相对丰度;\*\*\*表示  $P \leq 0.001$ ; \*\*表示  $0.001 < P \leq 0.01$ ; \*表示  $0.01 < P \leq 0.05$ 。下同。The figure shows the top ten species in abundance, showing the average relative abundance of each group; \*\*\* mean  $P \leq 0.001$ ; \*\* mean  $0.001 < P \leq 0.01$ ; \* mean  $0.01 < P \leq 0.05$ . The same below.

### 3 讨论

#### 3.1 青贮饲料桑替代豆粕对湘东黑山羊生长性能的影响

前人的研究已经证明饲料桑饲喂动物的安全性<sup>[17]</sup>,其富含的黄酮类等生理活性物质可以促进动物的生长和发育<sup>[18]</sup>。桑叶因其高蛋白和良好的适口性在动物生产中的应用已经有非常多的报道。欧阳增理<sup>[19]</sup>在二元育肥猪的日粮中添加不同比例的桑叶粉,发现在添加水平低时能提高猪的日增重,但高水平添加桑叶粉会降低育肥猪的

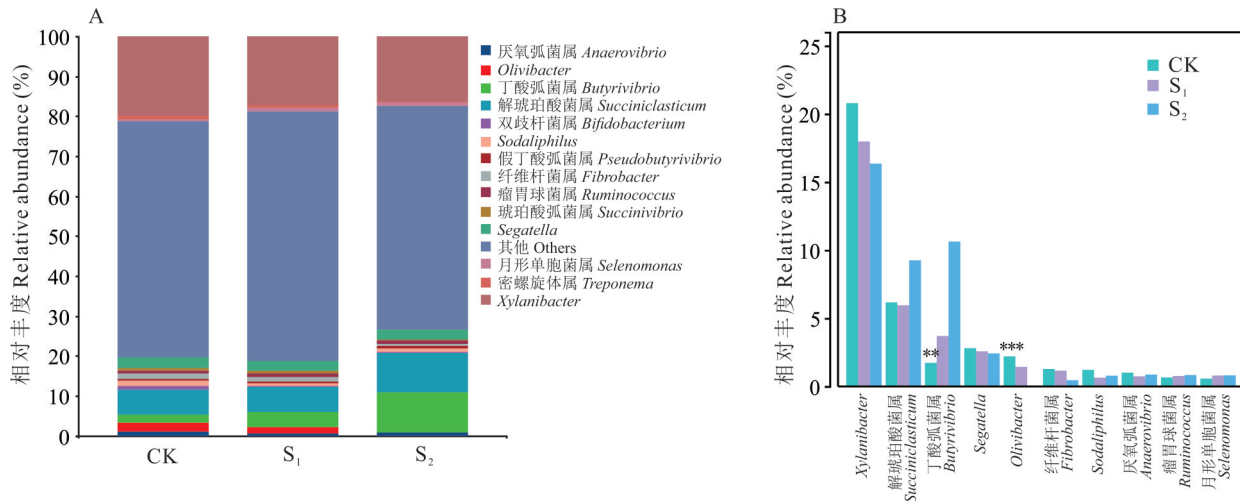


图5 属水平细菌组成及关键物种相对丰度差异

Fig. 5 Genus level bacterial composition and key species relative abundance difference

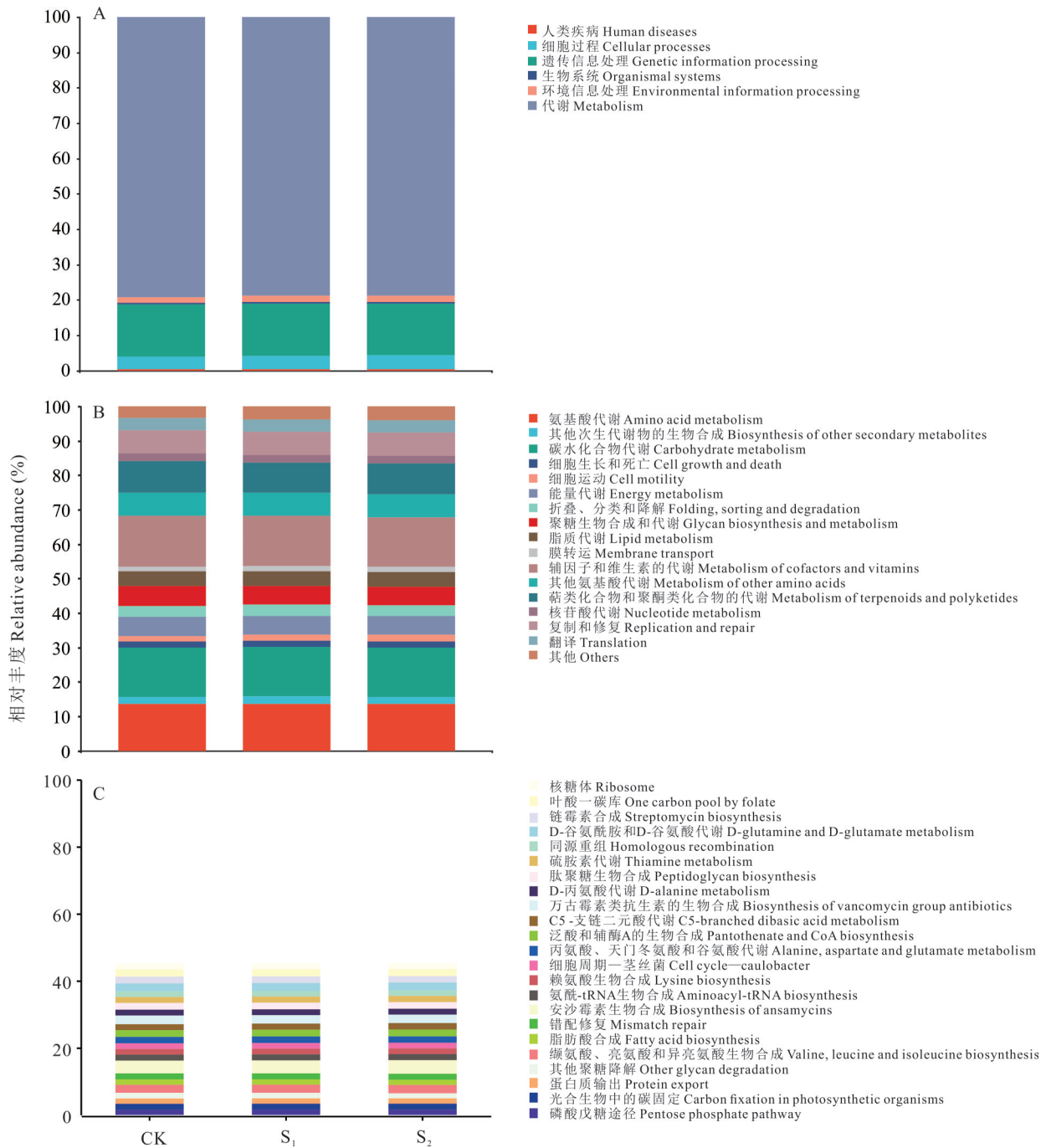
日增重。李霞等<sup>[20]</sup>在育肥山羊的研究中发现,日粮中配比不同比例的桑叶粉,可以显著降低料重比并能显著提高山羊的眼肌面积,本研究结果与其相似,使用青贮饲料桑替代豆粕可以降低料重比。全株饲料桑在反刍动物中的应用还较少,寇宇斐<sup>[21]</sup>在湖羊的日粮中分别配比4%和8%的全株饲料,发现其能显著提高湖羊的ADG,本研究结果与其一致。罗阳等<sup>[22]</sup>的研究发现,分别使用10%、20%和30%的发酵桑叶替代饲料,湘东黑山羊的ADG在45~67 g·d<sup>-1</sup>,且使用20%和30%的发酵桑叶替代饲料,湘东黑山羊的ADG分别增加了18.7%和43.4%,本研究的结果与其相似。使用青贮桑蛋白替代豆粕蛋白还可以提高山羊的DMI,罗阳<sup>[23]</sup>和Ouyang等<sup>[24]</sup>的研究也报道了相似的结果。这可能是因为,青贮饲料桑改善了日粮的适口性,增加了其DMI,进而提高了ADG,并使试验羊有了更高的终末重。

### 3.2 青贮饲料桑替代豆粕对湘东黑山羊血清生化指标的影响

血清TG、CHOL浓度可以反映机体的脂质代谢水平<sup>[25]</sup>,HDL-C可以转运CHOL、TG等至肝脏进行代谢,LDL-C是一种转运内源性胆固醇的脂质蛋白,其含量上升会导致血清CHOL和TG含量上升,含量降低有利于改善脂质代谢。罗阳等<sup>[22]</sup>使用10%、20%和30%的发酵桑叶饲喂湘东黑山羊并未观察到其对血清GLU、TCHO、TG、HDL和LDL的影响,本研究结果与其相似,当青贮饲料桑替代比例达到100%时显著降低了山羊的血清LDL,改善了脂质代谢。许新迪<sup>[26]</sup>在育肥猪日粮中配比不同比例饲料桑,也发现当配比达到12%时可以显著降低血清中的LDL含量。血清TP、ALB含量可以反映机体肝脏合成与利用蛋白质的状态<sup>[27]</sup>,含量高则说明机体蛋白消化利用率高、代谢旺盛。本研究中使用青贮饲料桑替代豆粕对血清TP含量无显著影响,但显著增加了血清ALB的含量。许新迪<sup>[26]</sup>使用桑叶饲喂育肥猪也能提高血清ALB含量,本研究结果与其一致。CHE由肝细胞合成,当肝脏出现问题时,胆碱酯酶的含量会减少,活性也会降低<sup>[28]</sup>,ALT和AST是反映肝脏和心脏损伤的主要指标<sup>[29]</sup>。本研究,使用青贮饲料桑替代豆粕并未观察到其对ALT和AST的影响,表明饲喂青贮饲料桑不会损伤肝脏,而当替代比例达到100%时会显著增加CHE的含量,表明当替代比例较高时可以保护肝脏。造成血液指标差异的原因可能是青贮饲料桑中富含黄酮类等生理活性物质,改善了机体健康,提高了机体代谢水平。

### 3.3 青贮饲料桑替代豆粕对湘东黑山羊血清抗氧化指标的影响

动物机体的抗氧化体系对维持体内稳态有重要作用,目前主要用T-AOC、MDA、CAT、SOD和GSH-Px来反映机体的抗氧化水平。在本研究中,使用青贮饲料桑替代豆粕可以提高山羊血清T-AOC,表明机体的自由基清除系统在应激时有更强的代偿能力。万荣等<sup>[30]</sup>在荷斯坦奶牛的研究中也报道了相似结果,其在奶牛日粮中添加了不同比例的发酵桑叶,发现奶牛的总抗氧化能力显著增加。罗阳<sup>[23]</sup>发现在山羊日粮中添加发酵桑叶可以降低MDA含量,本研究结果与其相反,MDA含量可以反映脂质过氧化程度,一般MDA含量上升表明抗氧化能力



的下降。造成山羊血清 MDA 含量上升的具体原因尚不清楚, 还需进一步的探究。本研究中使用青贮蛋白替代豆粕蛋白对 SOD 和 GSH-Px 无显著影响, 表明 T-AOC 的提高不是通过增强 SOD 和 GSH-Px 的酶活性来实现的, 具体的机理还需要进一步地研究。

### 3.4 青贮饲料桑替代豆粕对湘东黑山羊血清瘤胃发酵指数的影响

瘤胃 pH 对瘤胃微生物的稳态具有非常重要的作用, 瘤胃液 pH 一般为 6.0~7.5<sup>[31]</sup>。本研究山羊采食前瘤胃液 pH 有些偏高, 在采食 3 h 后 pH 为 6.88~7.06, 处于正常范围, 表明青贮饲料桑不会影响瘤胃微生物的正常生理活动。Zhou 等<sup>[32]</sup>在对育肥肉牛的研究中也报道了相似的结果。饲料蛋白在瘤胃微生物作用下分解为 NH<sub>3</sub>-N,

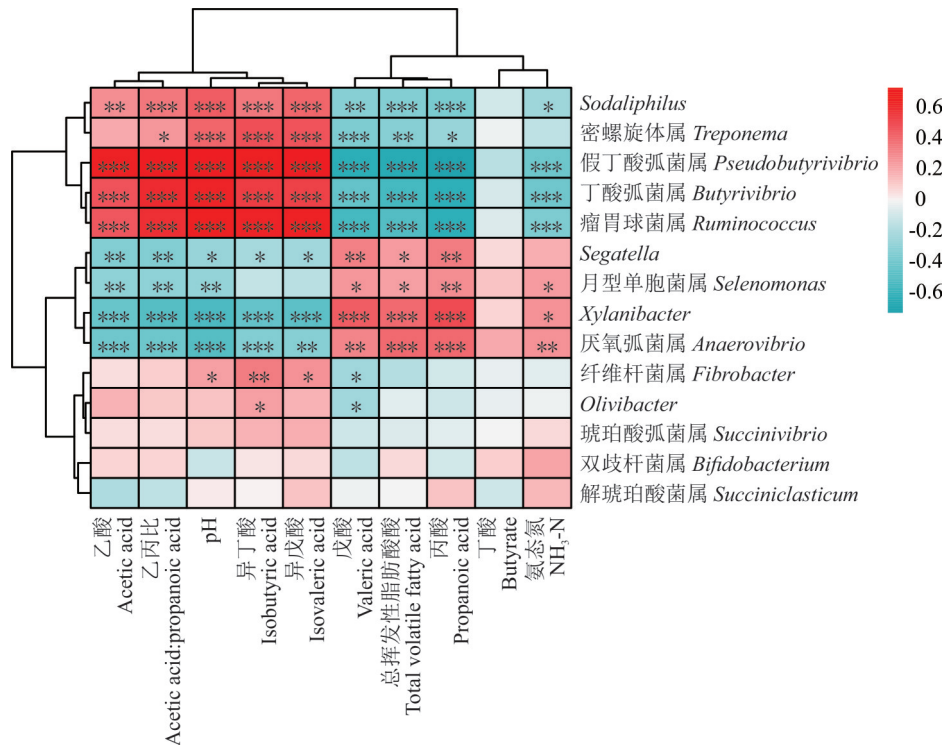


图7 瘤胃细菌与瘤胃发酵指标之间的相关性

Fig. 7 Correlation between rumen bacteria and rumen fermentation indexes

图中\*表示具有显著相关性,其中\*\*表示 $0.001 < P \leq 0.01$ ; \*表示 $0.01 < P \leq 0.05$ 。In the figure, \* represents a significant correlation, \*\* mean  $0.001 < P \leq 0.01$ ; \* mean  $0.01 < P \leq 0.05$ .

NH<sub>3</sub>-N又可以被微生物合成微生物蛋白进而被机体利用,瘤胃NH<sub>3</sub>-N浓度反映这一分解与利用的平衡状况。一般瘤胃氨氮浓度为 $2.0 \sim 8.8 \text{ mmol} \cdot \text{L}^{-1}$ <sup>[33]</sup>,本研究采食前瘤胃液NH<sub>3</sub>-N浓度在 $5.94 \sim 9.59 \text{ mmol} \cdot \text{L}^{-1}$ ,均处于正常范围,而采食3h后的瘤胃液NH<sub>3</sub>-N均有些偏高,可能是此时日粮中的蛋白正在被微生物快速降解,而对NH<sub>3</sub>-N的利用有些延后。其中采食前瘤胃液NH<sub>3</sub>-N浓度随青贮饲料桑蛋白替代比例的增加而显著减少,可能是因为青贮饲料桑的消化率更高,前一天采食的青贮饲料桑降解得更多,被微生物利用的也就更快,导致第二天采食前瘤胃液NH<sub>3</sub>-N浓度的降低。瘤胃中碳水化合物在微生物作用下生成的VFA是反刍动物主要的能量来源,如由结构性碳水化合物降解产生的丙酸为葡萄糖的合成提供了60%~70%的碳源<sup>[34]</sup>。本研究中,使用青贮饲料桑替代豆粕会降低乙酸和异戊酸的摩尔比,增加丙酸和戊酸的摩尔比,且S<sub>2</sub>组山羊瘤胃液中的丙酸和戊酸的摩尔比在喂食3h后的增加速率高于低替代和无替代组,这些现象或许都暗示着青贮桑中的粗纤维成分可能更容易被反刍动物消化。

### 3.5 青贮饲料桑替代豆粕对湘东黑山羊瘤胃细菌区系的影响

瘤胃是反刍动物体内的天然“发酵罐”,在其中具有各种种类和丰度的厌氧和兼性厌氧菌,可以帮助反刍动物进行初步的消化吸收,并维持机体健康和瘤胃稳态<sup>[35]</sup>。研究发现,饲料类型以及养分摄入量都会影响瘤胃微生物区系,进而造成代谢产物的改变<sup>[36-37]</sup>。本研究中,PCoA和NMDS的分析结果表明CK、S<sub>1</sub>和S<sub>2</sub>组的瘤胃微生物明显分开,3组的微生物结构存在明显差异,但青贮饲料桑未显著改变瘤胃菌群的 $\alpha$ 多样性。黄军鹏等<sup>[12]</sup>在围产期奶牛的饲料中添加饲料桑并未观察到对奶牛瘤胃微生物 $\alpha$ 多样性的影响。樊启文等<sup>[13]</sup>使用发酵饲料桑替代肉牛基础日粮也未影响肉牛瘤胃细菌的 $\alpha$ 多样性,本研究结果与其一致。

拟杆菌门和芽孢杆菌门是反刍动物瘤胃中主要存在的两类微生物,前者主要与饲料中的淀粉、多糖和蛋白质等的降解有关<sup>[38-39]</sup>,而后者包含的微生物主要功能是参与纤维素、半纤维素和单糖的降解<sup>[37]</sup>。这两类细菌可以相互促进,共同帮助反刍动物消化降解养分,促进吸收。本研究中,随着青贮饲料桑替代比例的增加,拟杆菌门的丰

度随之降低,而芽孢杆菌门则逐渐增加。这可能是因为3组的日粮结构有所差异,豆粕中的蛋白更容易被降解蛋白的菌群附着,而与干草相比,青贮桑中的粗纤维成分更容易被纤维降解菌附着。而本研究中,提高饲料桑对豆粕蛋白的替代比例,降低了瘤胃中乙酸比例,提高了丙酸的比例,说明饲用饲料桑后日粮在瘤胃内的发酵更偏向于丙酸型发酵,这对肉用反刍动物来说更有利于机体的增重,这也可能是饲料桑促进山羊日增重的原因。值得一提的是当青贮饲料桑蛋白替代比例达到100%时,变形菌门(Pseudomonadota)的丰度相比CK和S<sub>1</sub>组显著降低,仅为1.30%。而变形菌门中含有很多的致病菌,如大肠杆菌、幽门螺杆菌等,丰度高易引发宿主腹泻等疾病<sup>[40]</sup>。这可能暗示饲喂更多的青贮饲料桑可以更好规避反刍动物腹泻的风险。在属水平上,*Xylanibacter*是占据绝对优势地位的菌属。*Xylanibacter*是最近重新分类的一个菌属,其中的大多数菌原先属于普雷沃氏菌属<sup>[41]</sup>。其主要功能是分解植物细胞壁的半纤维素、果胶以及储能多糖<sup>[42]</sup>。这与前人的研究结果一致,黄军鹏等<sup>[12]</sup>和樊启文等<sup>[13]</sup>的研究中,普雷沃氏菌均是优势菌属。本研究中丁酸弧菌属和*Olivibacter*组间差异显著,其中S<sub>2</sub>组的丁酸弧菌属显著高于另外两组,*Olivibacter*显著低于另外两组。丁酸弧菌是一种乳酸利用菌,*Olivibacter*可以降解利用纤维素,青贮桑中含有较高的乳酸,这些乳酸会刺激丁酸弧菌属增殖,而丁酸弧菌属可以产生黏膜丁酸,并在上皮附近释放丁酸,提高机体对丁酸的利用率<sup>[43]</sup>。

瘤胃微生物与宿主的健康和代谢有密不可分的关系。本试验中,大多数瘤胃微生物参与的功能途径都与代谢相关,如氨基酸代谢、辅因子和维生素代谢、能量代谢和脂代谢等。本试验中,使用青贮饲料桑替代豆粕蛋白并未对瘤胃细菌的功能产生影响,青贮饲料桑与豆粕蛋白日粮在瘤胃主要营养代谢通路上比较相似,并未加强或降低某个通路的功能。表明大量使用青贮饲料桑不会影响动物机体正常的生理代谢,可以作为正常饲料在反刍生产中应用。

#### 4 结论

使用青贮饲料桑蛋白替代浏阳黑山羊生长羊日粮中50%和100%的豆粕蛋白可以提高山羊的采食量和生长性能,改善动物机体代谢,增强总抗氧化能力,且不会影响瘤胃微生物多样性,在反刍动物养殖业中有很大的应用前景。

#### 参考文献 References:

- [1] National animal nutrition guidance committee. Work plan for reducing the use of corn and soybean meal in pig and chicken feed. [http://www.moa.gov.cn/gk/nszd\\_1/2021/202104/t20210421\\_6366304.htm](http://www.moa.gov.cn/gk/nszd_1/2021/202104/t20210421_6366304.htm), 2021-04-21.  
全国动物营养指导委员会. 猪鸡饲料玉米豆粕减量替代工作方案. [http://www.moa.gov.cn/gk/nszd\\_1/2021/202104/t20210421\\_6366304.htm](http://www.moa.gov.cn/gk/nszd_1/2021/202104/t20210421_6366304.htm), 2021-04-21.
- [2] Wang Y C, Zhai S S, Li M M, *et al.* Analysis of nutritional components of mulberry twig leaves from different producing areas and the nutrient utilization efficiency in Sichuan white geese. *China Feed*, 2016(16): 18–22, 27.  
王永昌, 翟双双, 李孟孟, 等. 不同产地桑枝茎叶营养成分分析及四川白鹅对其养分利用率的测定. *中国饲料*, 2016(16): 18–22, 27.
- [3] Thaipitakwong T, Numhom S, Aramwit P. Mulberry leaves and their potential effects against cardiometabolic risks: a review of chemical compositions, biological properties and clinical efficacy. *Pharmaceutical Biology*, 2018, 56(1): 109–118.
- [4] Wang W Z. Nutritional characteristics and utilization status of forage mulberry. *Feed China*, 2017(12): 42–43.  
汪文忠. 饲料用桑的营养特性及其开发利用现状. *饲料广角*, 2017(12): 42–43.
- [5] Rodrigues E L, Marcelino G, Silva G T, *et al.* Nutraceutical and medicinal potential of the morus species in metabolic dysfunctions. *International Journal of Molecular Sciences*, 2019, 20(2): 301.
- [6] He X, Chen X, Ou X, *et al.* Evaluation of flavonoid and polyphenol constituents in mulberry leaves using HPLC fingerprint analysis. *International Journal of Food Science & Technology*, 2020, 55(2): 526–533.
- [7] Cui H, Lu T, Wang M, *et al.* Flavonoids from *Morus alba* L. leaves: Optimization of extraction by response surface methodology and comprehensive evaluation of their antioxidant, antimicrobial, and inhibition of  $\alpha$ -amylase activities through analytical hierarchy process. *Molecules*, 2019, 24(13): 2398.
- [8] Wang H L, Zuo Y C, Zhou X K, *et al.* Influence of high planting density herbal cultivating on yield and quality of whole-plant

- mulberry (*Morus alba*). Pratacultural Science, 2020, 37(5): 952–962.
- 王红林, 左艳春, 周晓康, 等. 高密度草本化栽培对饲料桑全株产量及品质的影响. 草业科学, 2020, 37(5): 952–962.
- [9] Li J M, Huang L, Zhu J N, *et al.* Preliminary study on mechanization mode of annual mulberry harvesting in Guangxi. Guangxi Agricultural Mechanization, 2018(6): 30–32.
- 李建茂, 黄僚, 朱剑楠, 等. 广西全年条桑收获机械化模式初探. 广西农业机械化, 2018(6): 30–32.
- [10] Xu Q B, Li Y P, Tang S W, *et al.* Preliminary report on research and development of 4QZ-2200S type feed mulberry harvesting machinery. North Sericulture, 2018, 39(4): 48–50.
- 徐清波, 李一平, 唐守伟, 等. 4QZ-2200S型饲料桑收获机械研发初报. 北方蚕业, 2018, 39(4): 48–50.
- [11] Huang J, Zhao N, Guo W Z, *et al.* Effects of feed mulberry on production performance, egg quality and intestinal tissue morphology of laying hens. China Animal Husbandry & Veterinary Medicine, 2024, 51(2): 540–548.
- 黄静, 赵娜, 郭万正, 等. 饲料桑对蛋鸡生产性能、蛋品质及肠道组织形态的影响. 中国畜牧兽医, 2024, 51(2): 540–548.
- [12] Huang J P, Zhao W G, Yang Z J, *et al.* Effects of forage mulberry addition on performance, immune and antioxidant function and rumen microflora of perinatal holstein dairy cows. Chinese Journal of Animal Nutrition, 2023, 35(11): 7224–7234.
- 黄军鹏, 赵卫国, 杨赵军, 等. 添加饲料桑对围产期奶牛生产性能、免疫和抗氧化功能及瘤胃微生物区系的影响. 动物营养学报, 2023, 35(11): 7224–7234.
- [13] Fan Q W, Chen F, Du E C, *et al.* Effects of basal diet replaced by fermented feed mulberry with different proportions on rumen fermentation, rumen bacterial and fungal community structure of beef cattle. Chinese Journal of Animal Nutrition, 2024, 36(4): 2475–2486.
- 樊启文, 陈芳, 杜恩存, 等. 不同比例发酵饲料桑替代基础饲料对肉牛瘤胃发酵、瘤胃细菌与真菌菌群结构的影响. 动物营养学报, 2024, 36(4): 2475–2486.
- [14] Agricultural industry standards of the People's Republic of China—feeding standard of meat-producing sheep and goats (NY/T816-2004). Hunan Feed, 2006(6): 9–15.
- 中华人民共和国农业行业标准——肉羊饲养标准(NY/T816-2004). 湖南饲料, 2006(6): 9–15.
- [15] Feng Z C, Gao M. Improvement of method for determination of ammonia nitrogen content in rumen fluid by colorimetric method. Animal Husbandry and Feed Science, 2010, 31(Z1): 37.
- 冯宗慈, 高民. 通过比色测定瘤胃液氨氮含量方法的改进. 畜牧与饲料科学, 2010, 31(Z1): 37.
- [16] Hang Q. Effects of winter supplementary feeding of *Leymus chinensis* hay on fermentation performance and microbial diversity of rumen, liver metabolism for Hulunbuir ewes. Chongqing: Southwest University, 2023.
- 黄棋. 冬季补饲羊草干草对呼伦贝尔母羊瘤胃发酵、微生物区系及肝脏代谢的影响. 重庆: 西南大学, 2023.
- [17] Cai M. Study on evaluation of safety and feeding value of mulberry (*Morus alba* L.) leaves as animal feed. Lanzhou: Lanzhou University, 2019.
- 蔡明. 桑叶作为动物饲料的安全性及饲用价值评价研究. 兰州: 兰州大学, 2019.
- [18] Dong Z, Wang S, Zhao J, *et al.* Effects of additives on the fermentation quality, in vitro digestibility and aerobic stability of mulberry (*Morus alba* L.) leaves silage. Asian-Australasian Journal of Animal Sciences, 2019, 33(8): 1292–1300.
- [19] Ouyang Z L. Study on fattening test of mulberry leaf powder on binary hybrid pigs. Livestock and Poultry Industry, 2023, 34(10): 8–11.
- 欧阳增理. 桑叶粉对二元杂交猪的育肥试验研究. 畜禽业, 2023, 34(10): 8–11.
- [20] Li X, Ye T M, Liu G, *et al.* Effects of adding mulberry leaf powder into TMR granulated diets on growth performance, slaughter performance and economic benefits of Liuyang black goats. China Feed, 2023(11): 146–151.
- 李霞, 叶添梅, 刘耕, 等. TMR颗粒饲料中桑叶粉比例对浏阳黑山羊生长性能、屠宰性能及经济效益的影响. 中国饲料, 2023(11): 146–151.
- [21] Kou Y F. Nutrition dynamics of mulberry and its effect on production performance of fattening Hu sheep. Lanzhou: Lanzhou University, 2021.
- 寇宇斐. 饲料桑的营养动态及其对育肥湖羊生产性能的影响. 兰州: 兰州大学, 2021.
- [22] Luo Y, Yi K L, He F, *et al.* Effects of different adding proportions of fermented mulberry leaves on growth performance, serum indexes, muscle amino acid and fatty acid contents of Xiangdong Black Goats. Chinese Journal of Animal Nutrition, 2022, 34(12): 7923–7934.
- 罗阳, 易康乐, 何芳, 等. 不同添加比例发酵桑叶饲料对湘东黑山羊生长性能、血清指标及肌肉氨基酸、脂肪酸含量的影响. 动物营养学报, 2022, 34(12): 7923–7934.

- [23] Luo Y. Associative effects of mulberry leaves with *Leymus chinensis* and affects on rumen fermentation, growth performance, fat deposition in sheep fed with the combined forage diet. Yangzhou: Yangzhou University, 2019.  
罗阳. 桑树叶与羊草的组合效应及其对绵羊瘤胃发酵、生长性能、脂肪沉积和肉品质的影响. 扬州: 扬州大学, 2019.
- [24] Ouyang J, Hou Q, Wang M, *et al.* Effects of dietary mulberry leaf powder on growth performance, blood metabolites, meat quality, and antioxidant enzyme-related gene expression of fattening Hu lambs. *Canadian Journal of Animal Science*, 2020, 100(3): 510–521.
- [25] Zhou G L, Tao Y, Ni L G, *et al.* Serum biochemistry and expression of carcass trait-related gene of Sujiang pigs as affected by dietary makeup at final growth stage. *Fujian Journal of Agricultural Sciences*, 2019, 34(6): 668–677.  
周根来, 陶勇, 倪黎纲, 等. 日粮营养水平对育肥苏姜猪血清生化指标和肉质相关基因的影响. *福建农业学报*, 2019, 34(6): 668–677.
- [26] Xu X D. Effect of mulberry leaf on growth performance, serum biochemical indexes and economic benefits of finishing pigs. *Feed Research*, 2023, 46(2): 46–50.  
许新迪. 蛋白桑对育肥猪生长性能、血清生化指标及养殖经济效益的影响. *饲料研究*, 2023, 46(2): 46–50.
- [27] Zhang S W, Wang X P, Zhang Z H, *et al.* Effects of *Broussonetia papyrifera* silage on growth performance, serum biochemical indexes and meat quality of Dorper×*Hu* crossbred sheep. *Acta Prataculturae Sinica*, 2021, 30(3): 89–99.  
张生伟, 王小平, 张展海, 等. 青贮杂交构树对杜湖杂交肉羊生长性能、血清生化指标和肉品质的影响. *草业学报*, 2021, 30(3): 89–99.
- [28] Yin L. Effects of gallnut tannic acid on the growth performance, meat quality, blood biochemistry and rumen fermentation of Liuyang black goat. Changsha: Hunan Agricultural University, 2024.  
殷磊. 五倍子单宁酸对浏阳黑山羊生长性能、肉品质、血液生化及瘤胃发酵的影响. 长沙: 湖南农业大学, 2024.
- [29] Yan J S, Huan H L, Zhou W R, *et al.* Effect of biologics on growth performance, serum biochemical parameters and endocrine hormone in late fattening pigs of microbial fermentation bed system. *China Animal Husbandry & Veterinary Medicine*, 2014, 41(12): 126–130.  
闫俊书, 宦海琳, 周维仁, 等. 日粮中添加生物制剂对发酵床育肥后期猪生长性能、血清生化指标及内分泌激素的影响. *中国畜牧兽医*, 2014, 41(12): 126–130.
- [30] Wan R, Liu M G, Liang Q B, *et al.* Effects of fermented mulberry leaves on growth performance and serum biochemical, antioxidant and immune indexes of Holstein calves. *Chinese Journal of Animal Nutrition*, 2023, 35(6): 3754–3760.  
万荣, 刘明革, 梁奇兵, 等. 发酵桑叶对荷斯坦犊牛生长性能及血清生化、抗氧化和免疫指标的影响. *动物营养学报*, 2023, 35(6): 3754–3760.
- [31] Lu D X, Xie C W. *Modern ruminant nutrition research methods and techniques*. Beijing: Agriculture Press, 1991.  
卢德勋, 谢崇文. *现代反刍动物营养研究方法和技术*. 北京: 农业出版社, 1991.
- [32] Zhou Z, Zhou B, Ren L, *et al.* Effect of ensiled mulberry leaves and sun-dried mulberry fruit pomace on finishing steer growth performance, blood biochemical parameters, and carcass characteristics. *PLoS One*, 2014, 9(1): e85406.
- [33] Huang W Q, Lv X K, Wang S Q, *et al.* Effects of whole sugarcane on growth performance, nutrient apparent digestibility, serum indexes and rumen fermentation indexes of goats. *Chinese Journal of Animal Nutrition*, 2018, 30(12): 5182–5191.  
黄文琴, 吕小康, 王世琴, 等. 全株甘蔗对山羊生长性能、营养物质表观消化率、血清指标及瘤胃发酵参数的影响. *动物营养学报*, 2018, 30(12): 5182–5191.
- [34] Aschenbach J R, Kristensen N B, Donkin S S, *et al.* Gluconeogenesis in dairy cows: The secret of making sweet milk from sour dough. *Iubmb Life*, 2010, 62(12): 869–877.
- [35] Mizrahi I, Wallace R J, Morais S. The rumen microbiome: balancing food security and environmental impacts. *Nature Reviews Microbiology*, 2021, 19(9): 553–566.
- [36] Deusch S, Camarinha-silva A, Conrad J, *et al.* A structural and functional elucidation of the rumen microbiome influenced by various diets and microenvironments. *Frontiers in Microbiology*, 2017, 8(1): 1605.
- [37] Liu C, Wu H, Liu S, *et al.* Dynamic alterations in yak rumen bacteria community and metabolome characteristics in response to feed type. *Frontiers in Microbiology*, 2019, 10(1): 1116.
- [38] Snelling T J, Wallace R J. The rumen microbial metaproteome as revealed by SDS-PAGE. *BMC Microbiology*, 2017, 17(1): 9.
- [39] Hart E H, Creevey C J, Hitch T, *et al.* Meta-proteomics of rumen microbiota indicates niche compartmentalisation and functional dominance in a limited number of metabolic pathways between abundant bacteria. *Scientific Reports*, 2018, 8(1):

10504.

- [40] Golder H M, Denman S E, Mcsweeney C, *et al.* Effects of partial mixed rations and supplement amounts on milk production and composition, ruminal fermentation, bacterial communities, and ruminal acidosis. *Journal of Dairy Science*, 2014, 97(9): 5763–5785.
- [41] Murovec U, Accetto T. Transcriptomic analysis of polysaccharide utilization loci reveals substrate preferences in ruminal generalists *Segatella bryantii* TF1-3 and *Xylanibacter ruminicola* KHP1. *BMC Genomics*, 2024, 25(1): 495.
- [42] Accetto T, Avgustin G. Non-oral prevotella stepping into the spotlight. *Anaerobe*, 2021, 68(1): 102321.
- [43] Niu W J. Effects of whole wheat on nutrient digestion, rumen fermentation and microflora of Holstein bulls. Beijing: China Agricultural University, 2018.  
牛文静. 全株小麦对荷斯坦公牛养分消化、瘤胃发酵及微生物的影响. 北京: 中国农业大学, 2018.