

DOI:10.11686/cyxb2025300

http://cyxb.magtech.com.cn

王涛, 李静, 卢强, 等. 蒲公英黄酮和枯草芽孢杆菌对燕麦青贮品质、抗氧化活性及微生物群落结构的影响. 草业学报, 2026, 35(6): 108—121.

WANG Tao, LI Jing, LU Qiang, et al. Effects of flavonoids from *Taraxacum mongolicum* and of *Bacillus subtilis* addition on fermentation quality, antioxidant activity, and aerobic stability of *Avena sativa* silage. Acta Prataculturae Sinica, 2026, 35(6): 108—121.

蒲公英黄酮和枯草芽孢杆菌对燕麦青贮品质、 抗氧化活性及微生物群落结构的影响

王涛, 李静, 卢强, 柯文灿, 黄帅*

(宁夏大学林业与草业学院, 宁夏 银川 750021)

摘要: 本试验旨在研究蒲公英黄酮(total flavonoids)和枯草芽孢杆菌(*Bacillus subtilis*)对燕麦青贮品质、抗氧化活性、有氧稳定性及微生物群落结构的影响。设置以下处理:1)对照组(CK);2)蒲公英黄酮添加组(FT);3)枯草芽孢杆菌添加组(BS);4)FT和BS联用组(FT+BS)。常温青贮60 d后测定燕麦青贮品质、抗氧化活性、有氧稳定性及微生物群落结构。结果表明:1)与对照组相比,添加剂组pH、丙酸(PA)含量、氨态氮/总氮(NH₃-N/TN)、酵母菌(yeast)数量、中性洗涤纤维(NDF)含量与干物质(DM)损失均显著降低($P<0.05$),其中FT+BS组pH与NH₃-N/TN均显著低于BS组($P<0.05$),且FT+BS组乳酸(LA)含量与乳酸菌(LAB)数量均显著高于CK组($P<0.05$)。与对照组相比,FT组与FT+BS组类黄酮含量、总抗氧化能力(T-AOC)及抗氧化酶活性均显著升高($P<0.05$)。FT+BS组有氧稳定性显著高于其他3组($P<0.05$)。2)BS组与FT+BS组厚壁菌门(Firmicutes)绝对丰度均显著高于CK组和FT组($P<0.05$);FT组肠球菌属(*Enterococcus*)绝对丰度显著高于BS组和FT+BS组($P<0.05$),FT+BS组促生乳杆菌属(*Levilactobacillus*)绝对丰度显著高于FT组与BS组($P<0.05$);添加剂组LAB绝对丰度之和均显著高于鲜样组与CK组($P<0.05$)。综上,FT和BS有助于提高燕麦青贮品质、抗氧化活性和有氧稳定性,同时促进微生物群落结构向有利于青贮发酵的方向转变。综合考虑,FT和BS联用对燕麦青贮质量的改善效果最佳。

关键词: 枯草芽孢杆菌;燕麦;蒲公英黄酮;发酵品质;抗氧化活性;微生物群落

Effects of flavonoids from *Taraxacum mongolicum* and of *Bacillus subtilis* addition on fermentation quality, antioxidant activity, and aerobic stability of *Avena sativa* silage

WANG Tao, LI Jing, LU Qiang, KE Wen-can, HUANG Shuai*

School of Forestry and Prataculturae, Ningxia University, Yinchuan 750021, China

Abstract: This experiment aimed to investigate the effects of flavonoids from *Taraxacum mongolicum* (FT) and addition of *Bacillus subtilis* (BS) on the fermentation quality, antioxidant activity, aerobic stability, and microbial community structure of oat (*Avena sativa*) silage. The following treatments were established: 1) Control treatment (CK); 2) FT addition treatment (FT); 3) BS addition treatment (BS); 4) Combined FT and BS treatment (FT+BS). After 60 days of ensiling at room temperature, the fermentation quality, antioxidant activity, aerobic stability, and microbial community structure of the *A. sativa* silage were determined. It was found that: 1) Compared with the

收稿日期:2025-07-17;改回日期:2025-09-15

基金项目:宁夏自然科学基金项目(2023AAC05018)资助。

作者简介:王涛(1999—),男,宁夏固原人,在读硕士。E-mail: 2289609642@qq.com

*通信作者 Corresponding author. E-mail: shuaihuang010@nxu.edu.cn

control treatment, the additive treatments exhibited significantly lower pH, propionic acid content, ammonia nitrogen/total nitrogen ($\text{NH}_3\text{-N}/\text{TN}$) ratio, yeast count, neutral detergent fiber content, and dry matter loss ($P < 0.05$), the pH and $\text{NH}_3\text{-N}/\text{TN}$ ratio values in the FT+BS treatment were significantly lower than those in the BS treatment ($P < 0.05$), while the lactic acid (LA) content and lactic acid bacteria (LAB) counts in the FT+BS treatment were significantly higher than those in the CK treatment ($P < 0.05$). Compared with the control treatment, the flavonoid content, total antioxidant capacity, and antioxidant enzyme activities were significantly higher in the FT and FT+BS treatments ($P < 0.05$). The aerobic stability of the FT+BS treatment was significantly higher than that of the other three treatments ($P < 0.05$). 2) The absolute abundance of Firmicutes was significantly higher in the BS and FT+BS treatments compared to the CK and FT treatments ($P < 0.05$). The absolute abundance of *Enterococcus* was significantly higher in the FT treatment than in the BS and FT+BS treatments ($P < 0.05$), while the absolute abundance of *Levilactobacillus* was significantly higher in the FT+BS treatments than in the FT and BS treatments ($P < 0.05$). The total absolute abundance of LAB in all additive treatments was significantly higher than that in the fresh sample and CK treatments ($P < 0.05$). In conclusion, both FT and BS contributed to improvement of the fermentation quality, antioxidant activity, and aerobic stability of *A. sativa* silage, while also promoting beneficial shifts in the microbial community structure for silage fermentation. Overall, the combined addition of FT and BS yielded the best improvement in *A. sativa* silage quality.

Key words: *Bacillus subtilis*; *Avena sativa*; total flavonoids from *Taraxacum mongolicum*; fermentation quality; antioxidant activity; microbial community

青贮饲料是反刍动物日粮的重要组成部分,其质量水平直接影响畜牧产业的经济效益和发展潜力。燕麦(*Avena sativa*)是禾本科燕麦属的一年生草本植物,作为重要粮饲兼用作物,具有生育期短、适口性好及营养元素丰富等特点^[1]。同时,优质燕麦作为饲料时,在延长奶牛产奶时间、提高乳蛋白含量及增加日增重等方面有重要作用^[2]。目前燕麦的加工方式以干草和青贮为主^[3],干草可以保留燕麦的部分营养物质,但易受不良天气影响,导致干草霉变影响饲料品质。燕麦青贮能够最大程度保留粗蛋白(CP)、粗脂肪(EE)以及多种维生素,改善适口性并提高其营养价值^[4]。燕麦原料蛋白质含量高,粗纤维含量低且附着的乳酸菌(LAB)数量较少^[5],在不使用添加剂的情况下进行青贮容易引起燕麦青贮干物质(DM)损失及蛋白质水解^[6]。同时有氧暴露阶段残留的可溶性碳水化合物(WSC)和过高的乳酸(LA)可以被酵母菌(yeast)用作生长基质,使青贮 pH 和温度升高,从而导致燕麦营养水平降低甚至发霉变质^[5]。因此选择适合的添加剂能够有效改善燕麦青贮发酵品质^[7]。

蒲公英(*Taraxacum mongolicum*)是菊科多年生草本植物,主要分布在我国东北、西北与西南地区等^[8]。《“十四五”规划中医药发展规划》明确将蒲公英列入道地药材目录,作为药食同源的中草药,蒲公英富含多种维生素、矿物质、黄酮和多糖等活性成分,作为替抗饲料添加剂应用前景广阔^[9]。研究表明添加蒲公英黄酮(FT)可以提高抗氧化酶活性并清除自由基^[10],且自由基的清除率随着 FT 浓度的增加而增大^[11],当 FT 浓度达到 $16 \text{ mg} \cdot \text{mL}^{-1}$ 时,对二苯基苦味酰肼基(DPPH)自由基的清除率高达 96.11%^[12]。前期研究结果表明添加 FT 可显著提高柠条锦鸡儿(*Caragana korshinskii*)青贮总抗氧化能力(T-AOC)、谷胱甘肽过氧化物酶(GSH-Px)及超氧化物歧化酶(SOD)活性^[13]。此外,FT 对大肠杆菌、金黄色葡萄球菌等均具有抑制效果,抑菌效果随浓度的升高而加强,可用于保护人体免受慢性疾病和炎症性疾病的影响^[14]。

枯草芽孢杆菌(BS)是一类存在于自然界中的需氧或兼性厌氧的革兰氏阳性菌。与 LAB 添加剂相似,添加 BS 可以改善紫花苜蓿(*Medicago sativa*)青贮发酵品质,减少蛋白水解和 DM 损失^[10],同时添加 BS 能够显著增加甘蔗(*Saccharum officinarum*)青贮乙酸含量,降低丁酸含量^[14]。研究表明在豆粕发酵饲料中添加 BS 通过产生蛋白酶等多种水解酶,可将原料中的纤维和蛋白等生物大分子水解,降低青贮饲料中抗营养因子含量,提升饲料营养价值^[15]。BS 分泌的纤维素酶和半纤维素酶具有很强的降解木质纤维素的能力,研究表明在芦苇(*Phragmites*

australis)青贮中接种BS显著降低了粗纤维含量^[16],且添加BS的麸皮发酵后其纤维成分和抗营养因子含量显著降低^[17]。另外,BS具有很强的抗菌能力^[18],可以通过产生抗真菌物质和细菌素来抑制酵母菌和丝状真菌等不良微生物的生长,防止青贮饲料变质和真菌毒素产生,提高有氧稳定性^[10]。

相对定量16S-seq(RQS)已被广泛应用于揭示青贮饲料中的微生物群落变化及发酵特性和代谢物间的相互关系^[19]。然而,在探讨细菌群落在青贮过程中的动态变化时,单独应用RQS会产生误导,因为当细菌群落的总丰度不固定时,某一微生物群落绝对丰度的波动可能不会引起该分类群相对丰度的显著变化^[20]。与RQS相比,16S rRNA绝对定量测序技术(AQS)的细菌群落丰富度指数更高,且丰富度指数与发酵指标间的相关性更加显著^[21]。Yang等^[22]和Zhang等^[23]利用AQS准确说明了苜蓿青贮中细菌群落的组成和绝对丰度的动态变化,发现了比RQS更多的测序信息。目前利用AQS技术研究燕麦青贮微生物群落结构的报道较少,且关于FT与BS添加剂对燕麦青贮品质、抗氧化活性及有氧稳定性的影响尚不清楚。因此,本试验旨在研究FT和BS单独添加及联用对燕麦青贮品质、抗氧化活性、有氧稳定性及微生物群落结构的影响,为利用植物活性成分和益生菌调制优质燕麦青贮饲料和开发功能性饲草产品提供理论依据和实践参考。

1 材料与方法

1.1 试验材料

本试验选择乳熟期燕麦(喜韵),于2023年9月从宁夏农垦茂盛有限公司(38°33' N,106°03' E,海拔1110.4 m)收获,燕麦的DM含量为28.71%FM,CP、EE、中性洗涤纤维(NDF)、酸性洗涤纤维(ADF)和WSC含量分别为16.14%、4.97%、46.31%、35.03%和4.12%DM,类黄酮含量为3.12%DM。蒲公英黄酮(total flavonoids from *T. mongolicum*, FT)采购于陕西冠晨生物科技有限公司,粉状,纯度为98%。枯草芽孢杆菌(*Bacillus subtilis*, BS)为宁夏大学林业与草业学院实验室于玉米青贮饲料中自筛,菌种编号为NH19,活菌数 $\geq 1.0 \times 10^6$ cfu·g⁻¹。

1.2 试验设计

将采集好的燕麦用铡草机人工粉碎至1.5 cm,晾晒萎蔫,水分降至65%,在青贮前,随机取部分燕麦,放入-80℃超低温冰箱保存,作为燕麦鲜样(FW)进行后续分析。在燕麦鲜重基础上,添加蒲公英黄酮(2%)及枯草芽孢杆菌(1×10^6 cfu·g⁻¹)。设置4组处理:1)对照组(CK);2)蒲公英黄酮添加组(FT);3)枯草芽孢杆菌添加组(BS);4)FT和BS联用添加组(FT+BS)。每组4个重复,每袋约500 g,共16袋。用真空封口机密封后于常温条件下贮藏60 d后开袋取样。

1.3 研究方法

1.3.1 青贮营养指标测定 将青贮样品在65℃鼓风干燥烘箱中烘干至恒重,测定DM含量^[24],并将样品粉碎过筛用于后续化学分析。CP含量用凯氏定氮仪(K-340,中国上海布吉试验设备贸易公司)测定;采用纤维自动分析仪(A2000i,美国纽约安科姆科技)测定中性洗涤纤维(neutral detergent fiber, NDF)和酸性洗涤纤维(acid detergent fiber, ADF)含量^[25];EE含量采用脂肪分析仪(ANKOMXT15i,美国纽约安科姆科技)测定;采用蒽酮-硫酸比色法对WSC进行定量^[24]。DM损失根据青贮前后样品的干物质质量,计算每个处理组的DM损失率(DML)。计算公式如下:

$$DML(\%) = \left[1 - \left(\frac{FFW \times FDM}{IFW \times IDM} \right) \right] \times 100$$

式中:IFW(g)=青贮前初始鲜重(initial fresh weight before ensiling)。IDM(%)=青贮前初始干物质含量(initial dry matter content before ensiling)。FFW(g)=青贮后鲜重(final fresh weight after ensiling)。FDM(%)=青贮后干物质含量(final dry matter content after ensiling)。

1.3.2 青贮发酵指标测定 四分法称取20 g样品与180 mL蒸馏水放入均质拍打器(YM-09X,中国上海)中搅碎30 s,4层纱布过滤得青贮样品浸提液,取适量浸提液测定pH。氨态氮(ammonia nitrogen, NH₃-N)采用苯

酚一次氯酸比色法测定^[26]。使用气相色谱仪(GC-2010,日本岛津)测定乳酸(lactic acid, LA)、乙酸(acetic acid, AA)、丙酸(propionic acid, PA)及丁酸(butyric acid, BA)含量^[27]。LAB、酵母菌和霉菌(mold)数量采用稀释涂布平板法测定。使用MRS琼脂培养基(蛋白胨 10.0 g·L⁻¹、牛肉浸粉 8.0 g·L⁻¹、酵母浸粉 4.0 g·L⁻¹、葡萄糖 20.0 g·L⁻¹、磷酸氢二钾 2.0 g·L⁻¹、柠檬酸氢二铵 2.0 g·L⁻¹、乙酸钠 5.0 g·L⁻¹、硫酸镁 0.2 g·L⁻¹、硫酸锰 0.04 g·L⁻¹、琼脂 14.0 g·L⁻¹、吐温 80 1.0 g·L⁻¹,称取MRS琼脂 66.2 g,加热溶解于1000 mL蒸馏水中,121 °C高压灭菌15 min备用)在37 °C厌氧恒温培养48 h后统计LAB数量;酵母菌及霉菌选用PDA培养基(马铃薯浸粉 6.0 g·L⁻¹、葡萄糖 20.0 g·L⁻¹、琼脂 20.0 g·L⁻¹,称取PDA培养基 46.0 g,加入1000 mL蒸馏水中,115 °C高压灭菌20 min备用),有氧条件下28 °C培养72 h后计数,菌落计数单位以log₁₀ cfu·g⁻¹ FW表示。

1.3.3 抗氧化活性指标的测定 抗氧化活性指标包括T-AOC、GSH-Px、SOD和类黄酮(flavonoids)含量,均按照索莱宝科技有限公司市售检测试剂盒描述的方法测定。

1.3.4 有氧稳定性测定 青贮90 d后开袋,取200 g燕麦青贮压实装入保温塑料盒中,将温度记录仪(HOBO Pendant Temperature/Light,美国)插入保温塑料盒几何中心处测定有氧稳定性。

1.3.5 微生物群落结构测定 采用Accu6S™绝对定量测序技术,在样品DNA中加入已知浓度的spike-in standards合成序列作为内标,随后进行16S rRNA基因扩增子文库构建和测序,基于spike-in standards的测序reads数与其已知绝对拷贝数构建标准曲线,最终通过标准曲线定量分析样品中各微生物物种的16S rRNA基因绝对拷贝数。

1.4 数据处理和分析

用Excel软件对所有数据进行整理和计算,利用IBM SPSS 26.0统计软件对各项数据进行单因素方差分析(ANOVA)以及Duncan检验,采用Origin 2022制图,以 $P < 0.05$ 作为差异显著判断标准。

2 结果与分析

2.1 蒲公英黄酮和枯草芽孢杆菌对燕麦青贮发酵品质的影响

由表1可知,添加剂组pH均显著低于CK组($P < 0.05$),其中FT组与FT+BS组显著低于BS组($P < 0.05$);FT+BS组乳酸含量与LAB数量均显著高于CK组($P < 0.05$),其中FT+BS组乳酸含量显著高于FT组与BS组($P < 0.05$);FT组乙酸含量显著低于BS组与FT+BS组($P < 0.05$);添加剂组丙酸含量、NH₃-N/TN和酵母菌数量显著低于CK组($P < 0.05$),其中FT+BS组NH₃-N/TN显著低于BS组($P < 0.05$),酵母菌数量与之相反;此外,各组间均未检测出丁酸和霉菌。

2.2 蒲公英黄酮和枯草芽孢杆菌对燕麦青贮有氧稳定性的影响

由图1可知,添加剂组有氧稳定性均显著高于CK组($P < 0.05$),FT+BS组有氧稳定性最好,为186 h,其次为FT组与BS组,分别为160与156 h;FT+BS组有氧稳定性显著高于FT组与BS组($P < 0.05$)。

2.3 蒲公英黄酮和枯草芽孢杆菌对燕麦营养品质的影响

由表2可知,添加剂组DM含量均显著高于CK组($P < 0.05$),DM损失显著低于CK组($P < 0.05$);各组间CP含量均无显著差异($P > 0.05$);FT组EE含量显著高于CK组($P < 0.05$);FT组与BS组WSC含量均显著高于CK组($P < 0.05$),FT+BS组显著低于CK组($P < 0.05$),BS组显著高于FT与FT+BS组($P < 0.05$);FT组与BS组NDF含量显著低于CK组($P < 0.05$);BS组ADF含量显著低于CK组($P < 0.05$),FT+BS组NDF与ADF含量均显著低于其他组($P < 0.05$)。

2.4 蒲公英黄酮和枯草芽孢杆菌对燕麦青贮抗氧化活性的影响

由表3可知,FT组和FT+BS组类黄酮含量显著高于CK组($P < 0.05$)。添加剂组的T-AOC、GSH-Px活性和SOD活性均显著高于CK组($P < 0.05$),其中FT+BS组均为最高,分别为106.54 mmol·L⁻¹、1555.85 U·mL⁻¹和378.01 U·mL⁻¹。FT组与FT+BS组类黄酮含量与T-AOC、GSH-Px、SOD活性均显著高于BS组($P < 0.05$)。

表1 蒲公英黄酮和枯草芽孢杆菌对燕麦青贮发酵品质的影响

Table 1 Effect of total flavonoids from *T. mongolicum* and *B. subtilis* on fermentation and microbial quantities of *A. sativa* silage

| 项目 Item | 处理 Treatment | | | |
|---|--------------|-------------|------------|------------|
| | CK | FT | BS | FT+BS |
| pH | 5.08±0.03a | 4.69±0.01c | 4.85±0.06b | 4.57±0.01c |
| 乳酸 Lactic acid (LA, g·kg ⁻¹ FW) | 0.25±0.03c | 0.94±0.04b | 0.52±0.16c | 1.68±0.18a |
| 乙酸 Acetic acid (AA, g·kg ⁻¹ FW) | 0.55±0.06ab | 0.26±0.01b | 0.78±0.08a | 0.62±0.16a |
| 丙酸 Propionic acid (PA, g·kg ⁻¹ FW) | 0.41±0.05a | 0.20±0.03b | 0.17±0.04b | 0.21±0.03b |
| 丁酸 Butyric acid (BA, g·kg ⁻¹ FW) | ND | ND | ND | ND |
| 氨态氮/总氮 Ammonia nitrogen/total nitrogen (NH ₃ -N/TN, %) | 5.94±0.13a | 4.98±0.14bc | 5.00±0.05b | 4.80±0.03c |
| 乳酸菌 Lactic acid bacteria (lg cfu·g ⁻¹ FW) | 8.26±0.03b | 8.35±0.02ab | 8.37±0.03a | 8.42±0.03a |
| 酵母菌 Yeast (lg cfu·g ⁻¹ FW) | 6.94±0.11a | 5.08±0.08c | 5.05±0.16c | 5.58±0.12b |
| 霉菌 Mold (lg cfu·g ⁻¹ FW) | ND | ND | ND | ND |

注: 同行不同小写字母表示不同处理间差异显著 ($P<0.05$); FT: 蒲公英黄酮添加组; BS: 枯草芽孢杆菌添加组; FT+BS: 蒲公英黄酮+枯草芽孢杆菌联用添加组; ND: 未检测到; FW: 鲜样。下同。

Note: Different lowercase letters within the same row indicate significant differences among different treatments at the 0.05 level. FT: Addition group of total flavonoids from *T. mongolicum*; BS: Addition group of *B. subtilis*. FT+BS: Addition group of total flavonoids from *T. mongolicum* and *B. subtilis*. ND: Not detected; FW: Fresh weight. The same below.

2.5 蒲公英黄酮和枯草芽孢杆菌对燕麦青贮微生物群落结构的影响

如图2所示,在门水平上,燕麦青贮优势微生物为厚壁菌门(Firmicutes)和变形菌门(Proteobacteria),同时还存在放线菌门(Actinobacteriota)和拟杆菌门(Bacteroidota)。如图3所示,燕麦青贮后厚壁菌门、变形菌门、放线菌门群落绝对丰度显著高于燕麦鲜样 ($P<0.05$)。BS组与FT+BS组厚壁菌门绝对丰度均显著高于CK组和FT组 ($P<0.05$); CK组与FT+BS组变形菌门绝对丰度均显著低于FT组与BS组 ($P<0.05$); FT组放线菌门绝对丰度显著高于其他3

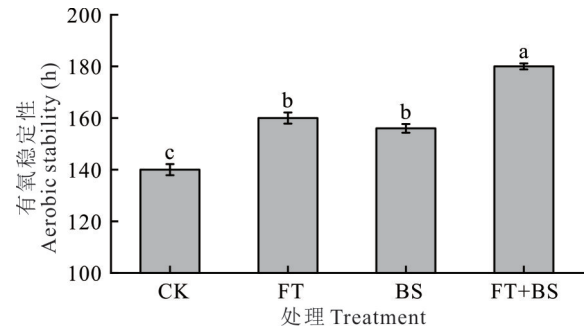


图1 蒲公英黄酮和枯草芽孢杆菌对燕麦青贮有氧稳定性的影响
Fig. 1 Effect of total flavonoids from *T. mongolicum* and *B. subtilis* on the aerobic stability of *A. sativa* silage

不同小写字母表示不同处理间差异显著 ($P<0.05$)。Different lowercase letters indicate significant differences among different treatments at $P<0.05$ level. 下同 The same below.

表2 蒲公英黄酮和枯草芽孢杆菌对燕麦青贮营养品质的影响

Table 2 Effect of total flavonoids from *T. mongolicum* and *B. subtilis* on nutritional quality of *A. sativa* silage

| 项目 Item | 处理 Treatment | | | |
|---|--------------|--------------|--------------|-------------|
| | CK | FT | BS | FT+BS |
| 干物质 Dry matter (DM, %) | 22.29±0.23c | 25.80±0.45a | 25.74±0.72ab | 26.29±0.69a |
| 干物质损失 Dry matter loss (DM loss, %) | 18.34±0.44a | 7.49±0.26b | 7.33±0.14b | 6.29±0.14b |
| 粗蛋白 Crude protein (CP, %DM) | 15.89±0.22a | 15.98±0.30a | 16.23±0.19a | 16.07±0.23a |
| 粗脂肪 Ether extract (EE, %DM) | 5.20±0.18bc | 6.36±0.33a | 5.74±0.46ab | 4.68±0.10c |
| 可溶性碳水化合物 Water-soluble carbohydrates (WSC, %DM) | 1.05±0.17c | 1.67±0.20b | 3.91±0.43a | 0.74±0.10d |
| 中性洗涤纤维 Neutral detergent fiber (NDF, %DM) | 44.28±0.79a | 42.81±1.17b | 43.56±0.45b | 40.26±0.52c |
| 酸性洗涤纤维 Acid detergent fiber (ADF, %DM) | 26.31±0.75a | 25.72±0.72ab | 23.87±0.67b | 22.30±0.34c |

注: DM: 干物质; 下同。

Note: DM: Dry matter; The same below.

表 3 蒲公英黄酮和枯草芽孢杆菌对燕麦青贮抗氧化活性的影响

Table 3 Effect of total flavonoids from *T. mongolicum* and *B. subtilis* on antioxidant properties of *A. sativa* silage

| 项目 Item | 处理 Treatment | | | |
|---|---------------|----------------|----------------|----------------|
| | CK | FT | BS | FT+BS |
| 类黄酮含量 Flavonoids content (%DM) | 2.87±0.12b | 3.14±0.09a | 2.91±0.06b | 3.22±0.11a |
| 总抗氧化能力 Total antioxidant capacity (T-AOC, mmol·L ⁻¹) | 48.47±3.49c | 103.10±2.92a | 83.61±4.32b | 106.54±2.87a |
| 谷胱甘肽过氧化物酶活性 Glutathione peroxidase activity (GSH-Px, U·mL ⁻¹) | 694.80±31.40d | 1338.84±38.94b | 1063.67±32.31c | 1555.85±22.96a |
| 超氧化物歧化酶活性 Superoxide dismutase activity (SOD, U·mL ⁻¹) | 240.97±14.88c | 366.47±13.84a | 280.14±7.34b | 378.01±14.56a |

组 ($P < 0.05$); FT+BS 组拟杆菌门绝对丰度显著高于 FT 组与 BS 组 ($P < 0.05$)。

如图 4 所示,属水平上肠球菌属 (*Enterococcus*)、植物乳杆菌属 (*Lactiplantibacillus*) 与未分类细菌 (unassigned) 占据主导地位。由图 5 可知,处理组燕麦青贮肠球菌属、未分类细菌与植物乳杆菌属绝对丰度均显著高于鲜样 ($P < 0.05$),其中 FT 组肠球菌属绝对丰度显著高于 BS 组与 FT+BS 组 ($P < 0.05$),FT+BS 组未分类细菌显著低于 FT 组与 BS 组;BS 组明串珠菌属 (*Leuconostoc*)、迟缓乳杆菌属 (*Lentilactobacillus*)、乳球菌属 (*Lactococcus*) 与魏斯氏菌属 (*Weissella*) 群落绝

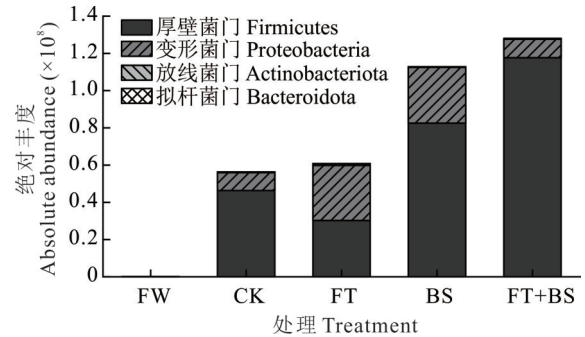


图 2 燕麦青贮细菌微生物群落绝对丰度(门水平)

Fig. 2 The abundance of bacterial microorganisms in *A. sativa* silage at the phylum level

FW: 鲜样 Fresh weighi. 下同 The same below.

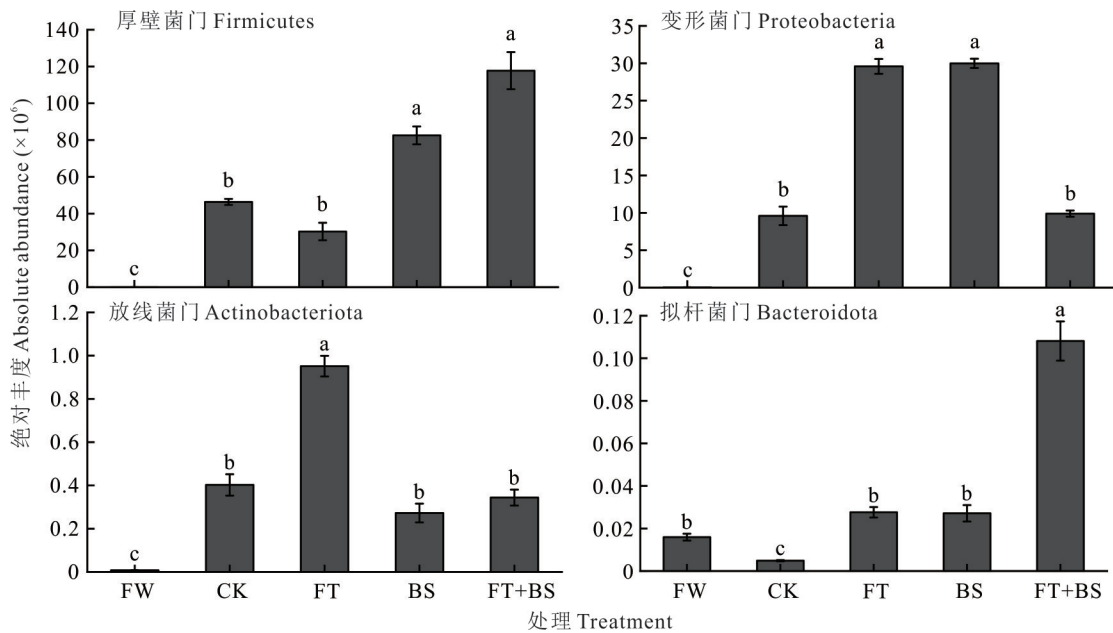


图 3 蒲公英黄酮和枯草芽孢杆菌对燕麦青贮细菌微生物群落绝对丰度的影响(门水平)

Fig. 3 Effects of total flavonoids from *T. mongolicum* and *B. subtilis* on the abundance of bacterial communities at the phylum level

对丰度均显著高于 FT 组与 FT+BS 组 ($P < 0.05$); FT+BS 组促生乳杆菌属 (*Levilactobacillus*) 与伴生乳杆菌属 (*Companilactobacillus*) 群落绝对丰度显著高于 FT 组与 BS 组 ($P < 0.05$); FT 组与 FT+BS 组片球菌属 (*Pediococcus*) 群落绝对丰度显著高于 BS 组 ($P < 0.05$)。由图 6 可知,燕麦青贮后位列前十菌属细菌群落的总丰度中,添加剂组 LAB 群落绝对丰度之和均显著高于鲜样和 CK 组 ($P < 0.05$),BS 组与 FT+BS 组 LAB 群落绝对

丰度之和均显著高于FT组($P < 0.05$)。

3 讨论

3.1 蒲公英黄酮和枯草芽孢杆菌对燕麦青贮发酵品质的影响

pH是衡量青贮饲料是否成功发酵的关键指标,通常将pH在4.2以下的青贮饲料定义为优良青贮。本试验中,各组pH均大于4.2,这可能与燕麦CP含量较高有关^[28]。与王昊然等^[29]研究结果相似,青贮饲料中蛋白质通常被微生物及酶水解为氨基酸、肽和氨^[30],影响青贮pH的降低。在本试验中,添加BS显著降低了燕麦青贮pH,可能是因为燕麦中纤维物质含量相对较高^[28],而BS产生纤维素酶,其通过水解植物细胞壁释放出更多的WSC,为LAB快速增殖提供底物和能量,促进乳酸含量的增加^[31],从而降低青贮pH,这与Bai等^[10]和Lara等^[32]研究结果不同,可能是试验选取的青贮原料不同所致。本试验中FT组pH显著低于CK组和BS组,这可能是因为FT可以为

LAB发酵提供有利的增殖环境,生成大量乳酸,进而促使pH显著降低,与Elbermawi等^[33]研究结果相似,同属于菊科的小葵子(*Guizotia abyssinical*)类黄酮提取物在体外试验中对LAB菌株的生长有促进作用,提高了乳酸浓度。另外,FT+BS组pH显著低于CK组,乳酸含量显著高于CK组,可能与FT+BS组乳杆菌数量较高有关,乳杆菌是促进乳酸发酵的主要菌群,能增加青贮初期LAB的数量,迅速降低青贮原料的pH。FT+BS组乳酸含量高于FT组与BS组,说明FT和BS联用较单独添加FT或BS更能促进乳酸的生成。LAB作为牧草青贮过程中的关键功能微生物,通过代谢WSC生成乳酸,引起青贮pH下降,进而有效抑制腐败菌等有害微生物的生长繁殖。本试验中FT组和FT+BS组LAB数量显著高于CK组,这与添加剂组pH降低的结果一致,其原因可能是黄酮类化合物可以抑制不良微生物活动及促进LAB增殖^[34],与戴远臣^[35]研究结果相似。乙酸是异型发酵产物,可以有效抑制酵母菌和霉菌的繁殖,有利于提高青贮有氧稳定性^[29]。本试验中BS组与FT+BS组乙酸含量显著高于FT组,这与孙宇等^[19]试验结果不同,可能是因为不同BS菌株的代谢特性差异显著,某些菌株在特定条件下激活乙酸生成途径从而生成乙酸^[36]。丙酸与丁酸的出现通常代表霉菌和梭菌等不良微生物的繁殖。本试验中添加剂组丙酸含量显著低于CK组,各组间均未检测到丁酸,说明添加FT或BS及其联用可以有效抑制不良微生物的生长,改善其发酵品质。添加剂组酵母菌数量均显著低于CK组,其原因可能是FT的添加抑制了酵母菌等不良微生物的生长;另一方面,BS在发酵前期通过抑制不良微生物的生长,促进LAB的增殖,以快速降低青贮pH,较低的pH维持了酸性环境并抑制了酵母菌和丝状真菌的生长^[14]。NH₃-N/TN能够反映饲料中蛋白质及氨基酸的水解程度,NH₃-N/TN升高表明饲料中的蛋白质和氨基酸发生了更严重的分解,从而导致发酵品质下降。在本试验中添加剂组NH₃-N/TN均低于CK组,这可能是因为添加FT降低了青贮环境的pH,抑制了不良微生物的活动,同时也抑制了蛋白酶的活性,从而减少了蛋白质和氨基酸的分解,与高龙飞^[13]研究结果相似;另一方面,添加BS能够改善青贮饲料发酵品质并抑制蛋白质水解^[15]。综上所述,添加FT与BS能够有效改善燕麦青贮的发酵品质,且FT与BS联用改善效果更好。

3.2 蒲公英黄酮和枯草芽孢杆菌对燕麦青贮营养品质的影响

优良的青贮饲料可较好保存DM及CP含量。酵母菌的增殖通常会导致DM大量损失^[4],本试验中,添加剂组DM含量均显著高于CK组,DM损失均显著低于CK组,这与添加剂组酵母菌数量较少的结果一致。添加FT可能对酵母菌等微生物具有抑制作用,使其减少了对于DM的消耗,这与Huang等^[37]添加FT可减少豆科牧草籽

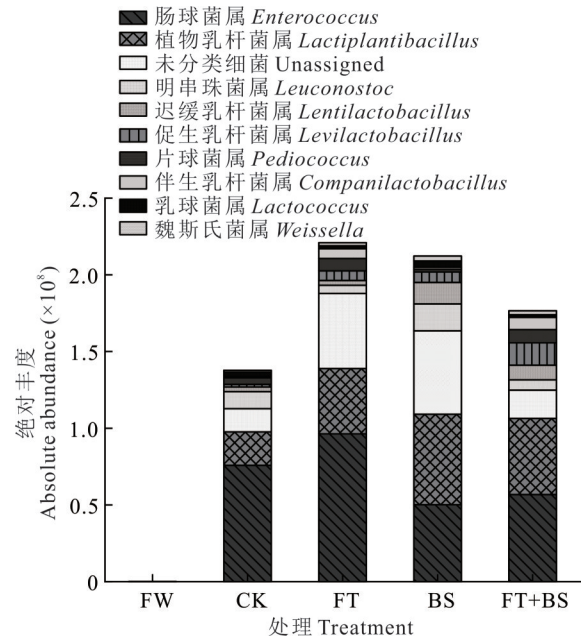


图4 燕麦青贮细菌微生物群落绝对丰度(属水平)

Fig. 4 The abundance of bacterial microorganisms in *A. sativa* silage at the genus level

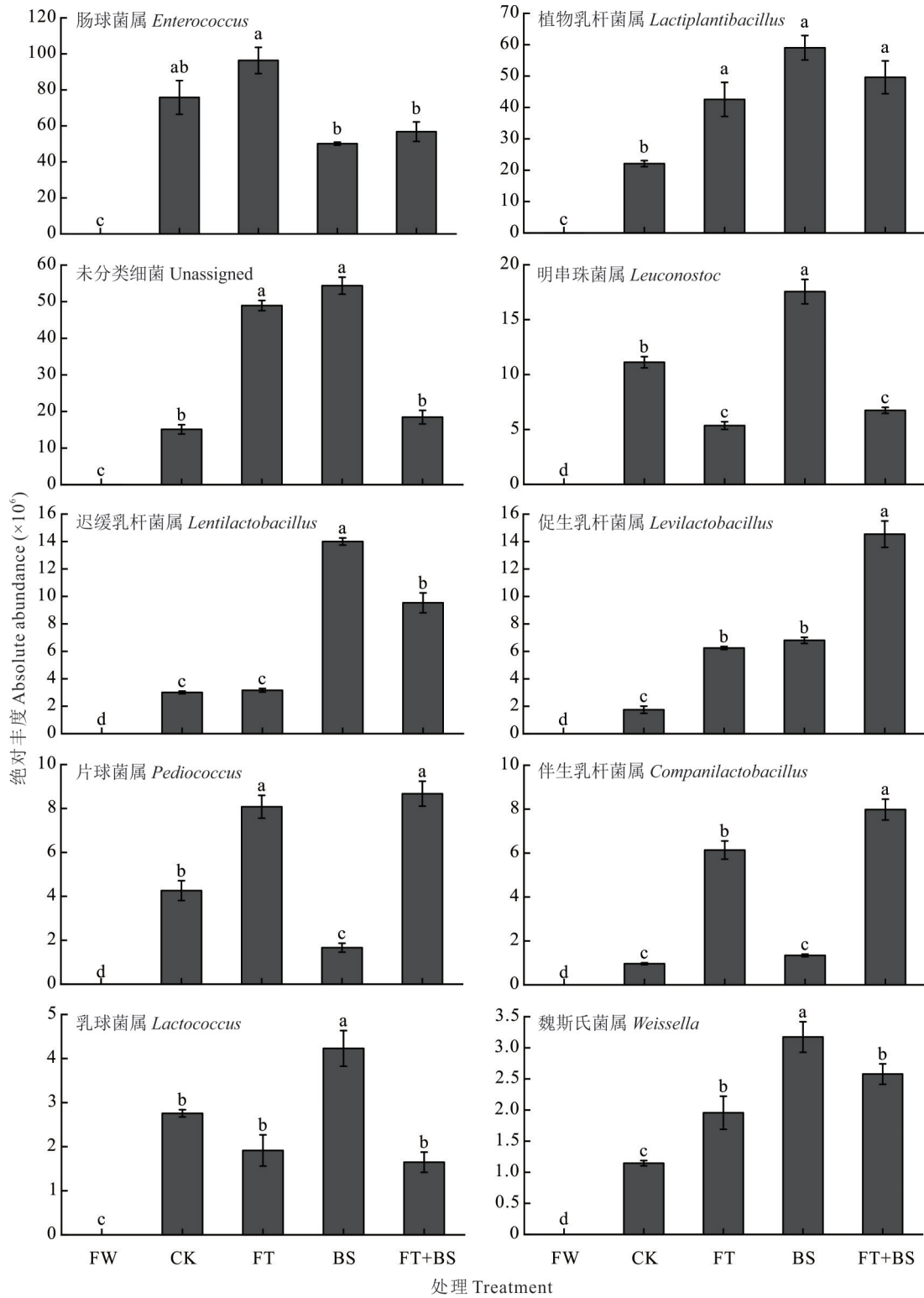


图 5 蒲公英黄酮和枯草芽孢杆菌对燕麦青贮细菌微生物群落绝对丰度的影响(属水平)

Fig. 5 Effects of total flavonoids from *T. mongolicum* and *B. subtilis* on the absolute abundance of bacterial communities in *A. sativa* at the genus level

条DM损失的研究结果相似。BS在青贮前期可以快速降低pH,维持酸性环境并抑制酵母菌和丝状真菌的生长^[10],这可以解释BS组DM含量高于CK组且DM损失率低于CK组的原因。足量的WSC能够保证青贮饲料发酵,形成良好的酸性环境,从而抑制有害微生物的生长繁殖,保证青贮饲料的品质^[38]。本试验中FT组与BS组

WSC 含量均显著高于 FT+BS 组,这可能是因为 FT 能够促进 BS 在青贮过程中的生长繁殖,而 BS 在增殖过程中可能消耗了部分 WSC 作为底物,使 FT+BS 组的 WSC 含量显著下降。FT 组与 BS 组 WSC 含量均显著高于 CK 组,一方面可能是由于 FT 的抑菌作用抑制了青贮过程中不良微生物的繁殖,从而保存更多的 WSC^[39]。另一方面可能与燕麦中较高的纤维物质有关,BS 产生纤维素酶来降解纤维素,从而保留更多的 WSC。EE 是饲料的能量载体,可满足家畜必要的能量需求。FT 组 EE 含量显著高于 CK 组,可能是添加 FT 能够提高燕麦青贮中脂肪酸合成酶的表达量^[39],与李俊峰等^[40]研究结果相似。FT 组与 BS 组 EE 含量显著高于 FT+BS 组,可能是由于 FT 促进 BS 的生长繁殖,从而消耗更多的 EE。NDF 和 ADF 是反映饲料饲用价值的重要指标。FT 组 NDF 含量显著低于 CK 组,这可能是由于 FT 能够提高燕麦青贮中纤维降解酶的活性,从而促使燕麦青贮中纤维含量下降,与牟怡晓等^[41]研究结果相似。BS 组 NDF 与 ADF 含量均显著低于 CK 组,BS 在青贮发酵过程中可以产生纤维素酶、 α -淀粉酶和阿魏酰酯酶等酶来降解 WSC,这与 Lara 等^[32]研究结果相似。FT+BS 组 NDF 与 ADF 含量显著低于其他组,说明 FT 与 BS 联用对于燕麦青贮木质纤维素的降解有协同作用。综上所述,添加 FT 和 BS 可以有效保存燕麦青贮的营养物质,且 FT 与 BS 联用对营养物质的保存效果最好。

3.3 蒲公英黄酮和枯草芽孢杆菌对燕麦青贮抗氧化活性的影响

氧化应激是动物健康问题的根源。活性氧(ROS)对于维持细胞稳态至关重要,但过量的 ROS 会攻击和破坏各种生物分子,导致细胞死亡和组织损伤。因此,控制 ROS 的产生量至关重要^[42]。给家畜饲喂具有抗氧化能力的饲料可以有效提高动物的抗氧化能力,减少因氧化应激造成的损失^[38]。T-AOC 反映机体总抗氧化能力,GSH-Px 和 SOD 等抗氧化酶可以清除动物体内多余的自由基,减少氧化损失。本试验中,添加剂组的 T-AOC、GSH-Px 和 SOD 活性均显著高于 CK 组,这一方面是由于 FT 的多羟基结构促进了 SOD 和 GSH-Px 活性^[38],使 SOD 催化 O_2^- 并转化为过氧化氢,然后 GSH-Px 通过向过氧化氢提供电子分解为水,从而提高青贮的抗氧化活性。另一方面部分芽孢杆菌作为益生菌可以产生抗氧化酶,例如 SOD 和 GSH-Px,以有效清除自由基^[32],因此可解释本试验中添加 BS 显著提高 T-AOC、GSH-Px 和 SOD 活性。FT+BS 组 T-AOC、GSH-Px 和 SOD 活性均显著高于其他组,说明 FT 与 BS 的联用对于燕麦青贮饲料的抗氧化活性具有协同作用,可以增强燕麦青贮饲料的抗氧化能力,且效果优于单独添加 FT 或 BS。类黄酮属于植物次生代谢物,可以提高抗氧化酶的活性并清除自由基^[10,43],包括黄酮醇、黄酮、黄烷酮等亚类。本试验中 FT 组与 FT+BS 组类黄酮含量显著高于 CK 组和 BS 组,这与 FT 的直接添加有关。综上,添加 FT 和 BS 可以有效提高燕麦青贮的抗氧化活性,其中 FT 单独添加及其与 BS 联用对于抗氧化活性的提高效果更好。

3.4 蒲公英黄酮和枯草芽孢杆菌对燕麦青贮有氧稳定性的影响

有氧稳定性是评估青贮饲料品质的一项重要指标。在青贮饲料开封后,酵母菌和霉菌等好氧微生物与氧气接触,这些好氧微生物会分解 WSC 和乳酸,导致青贮温度和 pH 升高,最终导致青贮饲料变质^[44]。本试验中,添加剂组有氧稳定性均显著高于 CK 组(140 h),其中 FT+BS 组的有氧稳定性最高(180 h)。原因是 FT+BS 组乙酸含量较高,有效抑制了酵母菌数量。Nkosi 等^[45]研究结果表明,青贮饲料中酵母菌的数量越多,发生腐败的时间就越短。FT 与 BS 组有氧稳定性均显著高于 CK 组,这与 FT 和 BS 的抑菌能力有关。FT 对大肠杆菌、金黄色葡萄球菌等均具有抑制效果,抑菌效果随浓度的升高而加强,同时 BS 可以产生抗菌物质,可以抑制酵母菌和丝状真

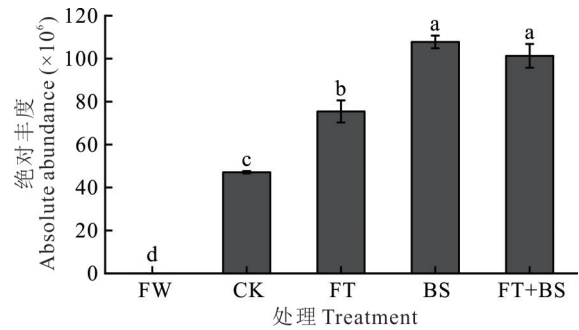


图6 蒲公英黄酮和枯草芽孢杆菌对燕麦青贮乳酸菌绝对丰度之和的影响(属水平)

Fig. 6 Effects of total flavonoids from *T. mongolicum* and *B. subtilis* on the total absolute abundance of lactic acid bacteria (LAB) in *A. sativa* silage at genus level

菌等有害微生物的生长,并防止青贮饲料腐败和霉菌毒素的产生,从而提高青贮的有氧稳定性^[18]。FT 组有氧稳定性显著高于 BS 组,这可能与 BS 组 WSC 保存率较高有关。当青贮饲料暴露于空气时,青贮饲料发酵产物(例如残留的 WSC 和乳酸)被有害微生物用作生长底物,造成有氧变质快速发生^[20]。综上,添加 FT 和 BS 可以有效提高燕麦青贮的有氧稳定性,且 FT 和 BS 对燕麦青贮有氧稳定性的提高效果较好。

3.5 蒲公英黄酮和枯草芽孢杆菌对燕麦青贮微生物群落的影响

青贮的发酵品质与微生物群落密切相关,微生物群落的组成与演替受青贮原料表面附着微生物的数量和群落结构、添加剂和青贮时间等因素影响。在本试验中,燕麦鲜样中存在厚壁菌门、变形菌门、拟杆菌门和放线菌门。燕麦青贮后厚壁菌门数量增加,开始占据主导地位,厚壁菌门中的一些细菌可以在青贮过程中发酵 WSC,产生乳酸等有机酸,降低青贮饲料的 pH,提高青贮品质^[46]。本试验中,BS 组和 FT+BS 组厚壁菌门绝对丰度显著高于 CK 组和 FT 组,说明添加 BS 能调控燕麦青贮的微生物群落向有利于发酵的方向转变,这与 Yang 等^[22]报道相似。BS 属于厚壁菌门,添加 BS 直接增加了该菌门的生物量,同时通过快速消耗氧气、降低 pH,为乳杆菌属等兼性厌氧微生物的增殖创造环境优势^[47],另一方面 BS 通过产生抗菌肽抑制变形菌门等有害菌的生长,间接提升厚壁菌门的丰度。这与王丽学等^[48]研究结果相似。变形菌门中的一些细菌可以分解蛋白质、碳水化合物和脂肪等有机物,这些细菌在青贮过程中能够促进原料的分解和转化,但变形菌门中的一些细菌会产生有害物质,对青贮饲料的品质产生危害^[49]。在本试验中,FT+BS 组变形菌门绝对丰度显著低于 FT 组与 BS 组,这可能是由于 FT+BS 组中的 pH 较低,乳酸含量较高,这种环境抑制变形菌门的有害微生物生长,使变形菌门的绝对丰度降低。放线菌在发酵过程中主要产生琥珀酸。琥珀酸的积累会使青贮饲料的 pH 下降速度降低,不利于快速抑制有害微生物的生长^[50],同时会分解青贮饲料中的糖类和蛋白质,导致营养物质的损失^[51]。本试验中 FT 组放线菌门绝对丰度显著高于其他处理组,而 FT 组厚壁菌门绝对丰度显著低于其他处理组,可能是由于放线菌门与厚壁菌门之间存在一定的竞争关系所致^[52],拟杆菌门在青贮过程中参与碳、氮等元素的代谢过程,维持微生物群落稳定^[53]。FT 组与 BS 组拟杆菌门绝对丰度显著高于 CK 组,原因是黄酮类化合物能够通过调节微生物菌群的组成,增加拟杆菌门的相对丰度^[54]。BS 是肠道中的有益菌群,能够改善肠道菌群失衡,提高有益菌的相对丰度,这可以对 BS 组拟杆菌门绝对丰度较高进行解释。

肠球菌属属于厚壁菌门,是一种兼性厌氧微生物,通常肠球菌属的高丰度可能与一些不良发酵产物的积累相关,如氨和其他挥发性氮化合物。这些物质的增加通常与青贮质量下降相关^[55],FT 组肠球菌属绝对丰度显著高于 BS 组与 FT+BS 组,推测是较低浓度的 FT 对肠球菌属抑制能力不足,导致肠球菌属增殖。植物乳杆菌属在青贮过程中能够通过发酵产生乳酸,降低 pH,有助于青贮饲料营养物质的保存^[56],同时还具有一定的抑菌效果,能够抑制多种有害微生物的生长。本试验中,添加剂组植物乳杆菌属绝对丰度均显著高于 CK 组,说明植物乳杆菌属是燕麦发酵的优势菌属。乳球菌属与植物乳杆菌属在青贮饲料中的作用类似,可以通过发酵产生乳酸,降低 pH^[57],魏斯氏菌属被认为是青贮早期的定殖菌,随着发酵的进行,魏斯氏菌属被乳酸杆菌取代导致 pH 降低^[50]。本试验中 BS 组乳球菌属与魏斯氏菌属显著高于其他组,原因是乳球菌属与魏斯氏菌属耐酸能力较差,这与 BS 组 pH 较高一致。研究表明芽孢杆菌属与乳球菌属呈显著正相关,BS 的增殖为 LAB 创造了厌氧、低盐的环境,促进乳球菌属丰度的增长,魏斯氏菌和植物乳杆菌形成共生关系,通过异型发酵将青贮饲料中的 WSC 转化为二氧化碳、乳酸、乙醇或乙酸^[58-59]。明串珠菌属是一类产生多种有机酸的细菌,在青贮饲料中有助于改善其风味和品质。迟缓乳杆菌属与伴生乳杆菌属均属于乳杆菌科,在青贮饲料的发酵过程中起到辅助作用^[59]。BS 组明串珠菌属与迟缓乳杆菌属绝对丰度均显著高于其他处理组,原因是 BS 组的发酵底物中含有更丰富的 WSC,这会促进这些菌属的生长。FT+BS 组伴生乳杆菌属绝对丰度显著高于其他处理组,说明 FT 与 BS 联用对于燕麦青贮乳酸的积累有积极作用。促生乳杆菌属可以显著降低 pH 和 $\text{NH}_3\text{-N}/\text{TN}$ ^[59],本试验中 FT+BS 组促生乳杆菌属绝对丰度最高,这与 FT+BS 组较低的 pH 和 $\text{NH}_3\text{-N}/\text{TN}$ 有关。另外,促生乳杆菌属是异型发酵 LAB,这会显著增加青贮乙酸产量。本试验中添加剂组 LAB 绝对丰度之和均显著高于 CK 组,其中 BS 组与 FT+BS 组 LAB 数量均显

著高于FT组,说明BS单独添加及其与FT联用对燕麦青贮LAB的增殖效果更好。

4 结论

添加FT和BS改善了燕麦青贮发酵品质,提高了抗氧化活性和有氧稳定性,并促进微生物群落结构向有利于青贮发酵的方向转变。综合考虑,FT+BS组对燕麦青贮质量的改善效果最好。

参考文献 References:

- [1] Du J M, Zhang R, Wang Z J, *et al.* Production status and high-quality development strategies of artificial forage grasses in Ningxia. *Journal of Ningxia Agriculture and Forestry Science and Technology*, 2020, 61(10): 45–47.
杜建民, 张蓉, 王占军, 等. 宁夏人工饲草生产现状及高质量发展策略. *宁夏农林科技*, 2020, 61(10): 45–47.
- [2] Gan L, Li H P, Wang H, *et al.* Effects of growth phase and mixed sowing ratio on silage quality of forage oat/common vetch mixed fermentation in winter fallow field of Sichuan. *Acta Agrestia Sinica*, 2023, 31(6): 1867–1877.
甘丽, 李海萍, 汪辉, 等. 生育期和混播比例对四川冬闲田燕麦/箭筈豌豆混合青贮品质的影响. *草地学报*, 2023, 31(6): 1867–1877.
- [3] Duniere L, Sindou J, Chaucheyras-Durand F, *et al.* Silage processing and strategies to prevent persistence of undesirable microorganisms. *Animal Feed Science and Technology*, 2013, 182(1/2/3/4): 1–15.
- [4] Borreani G, Tabacco E, Schmidt R J, *et al.* Silage review: Factors affecting dry matter and quality losses in silages. *Journal of Dairy Science*, 2018, 101(5): 3952–3979.
- [5] Zhao D M. Current situation and development trend of oat production and utilization. *Heilongjiang Animal Science and Veterinary Medicine*, 2016(22): 177–179.
赵得明. 燕麦草生产利用现状及发展趋势. *黑龙江畜牧兽医*, 2016(22): 177–179.
- [6] Huang P S, Zhang C, Chen D D, *et al.* Effect of leaf extracts of *Moringa oleacea* on the quality of *Stylosanthes guianensis* and *Pennisetum purpureum* silages. *Acta Agrestia Sinica*, 2023, 31(7): 2194–2202.
黄佩珊, 张超, 陈丹丹, 等. 辣木叶提取物对柱花草和象草青贮品质的影响. *草地学报*, 2023, 31(7): 2194–2202.
- [7] Zhu X, Wang J C H, Li L X, *et al.* Effects of different additives on the quality and microbial community of alfalfa and oat mixed storage. *Chinese Journal of Animal Husbandry*, 2025, 61(7): 344–348.
朱欣, 王佳楚函, 李龙兴, 等. 不同添加剂对紫花苜蓿与燕麦混贮品质及微生物群落的影响. *中国畜牧杂志*, 2025, 61(7): 344–348.
- [8] Li R H, Ren Z C, Feng S Y, *et al.* Biological functions of dandelion extract and its application in livestock, poultry and fish production. *Chinese Journal of Animal Nutrition*, 2022, 34(7): 4108–4116.
李然红, 任占辰, 冯思雨, 等. 蒲公英提取物的生物学功能及其在畜、禽、鱼类生产中的应用. *动物营养学报*, 2022, 34(7): 4108–4116.
- [9] Yu X F, Wang Z Y, Zhang D, *et al.* Comprehensive utilization of resources development *Taraxacum mongolicum* Hand-Mazz. *Forest By-Product and Speciality in China*, 2015(5): 88–91.
于晓菲, 王振月, 张迪, 等. 蒲公英资源的综合开发利用. *中国林副特产*, 2015(5): 88–91.
- [10] Bai J, Xu D M, Xie D M, *et al.* Effects of antibacterial peptide-producing *Bacillus subtilis* and *Lactobacillus buchneri* on fermentation, aerobic stability, and microbial community of alfalfa silage. *Bioresource Technology*, 2020, 315: 123881.
- [11] Yuan H. Study on the extraction, purification and application of flavonoids from dandelion. Changsha: Hunan Agricultural University, 2015.
袁河. 蒲公英中黄酮类化合物的提取纯化及应用研究. 长沙: 湖南农业大学, 2015.
- [12] Huang D, Gu Y. Comparative study on DPPH scavenging ability of flavonoids and polysaccharides from dandelion. *Feed Research*, 2015(23): 59–62.
黄丹, 顾英. 蒲公英黄酮与多糖对DPPH清除能力比较研究. *饲料研究*, 2015(23): 59–62.
- [13] Gao L F. Effects of dandelion flavonoids on antioxidant activity, fermentation quality and microbial community structure of *Caragana korshinskii* silage. Yinchuan: Ningxia University, 2023.
高龙飞. 蒲公英黄酮对柠条锦鸡儿青贮抗氧化活性、发酵品质及微生物群落结构的影响. 银川: 宁夏大学, 2023.
- [14] Kung L J, Shaver R D, Grant R J, *et al.* Silage review: Interpretation of chemical, microbial, and organoleptic components of silages. *Journal of Dairy Science*, 2018, 101(5): 4020–4033.

- [15] Liu G X, Shi Y, Zhao J X, *et al.* Multi-strain co-fermented feed by two-step method. *Cereal & Feed Industry*, 2016(3): 43–47.
刘桂香, 史瑛, 赵建新, 等. 多菌种两步法联合发酵饲料的研究. *粮食与饲料工业*, 2016(3): 43–47.
- [16] Liu Y, Zhang S, Liao J, *et al.* Enhancing fermentation quality and fiber decomposition of *Phragmites australis* silage by introducing *Bacillus subtilis* and lactic acid bacteria consortia. *Frontiers in Veterinary Science*, 2025, 12: 1557614.
- [17] Liu C X, Zhang F, Zhang Z, *et al.* Effects of fermented wheat bran with fermentation on growth performance, slaughter performance and meat quality of finishing pigs. *Chinese Journal of Animal Science*, 2017, 53(2): 70–73.
刘春雪, 张放, 张政, 等. 发酵麸皮对育肥猪生长性能、屠宰性能及肉品质的影响. *中国畜牧杂志*, 2017, 53(2): 70–73.
- [18] Liu Y K, Zhao T X, Lu X Y, *et al.* Optimization of fermentation technology and selection of culture medium for antimicrobial peptide Sublancin produced by *Bacillus subtilis* YT168-6. *China Animal Husbandry & Veterinary Medicine*, 2021, 48(9): 3232–3241.
刘扬科, 赵天效, 卢晓颖, 等. 枯草芽孢杆菌 YT168-6 产抗菌肽 sublancin 的发酵工艺优化及培养基筛选的研究. *中国畜牧兽医*, 2021, 48(9): 3232–3241.
- [19] Sun Y, Yang Y Y, Wu C H, *et al.* Effect of *Bacillus subtilis* and complex enzyme preparations on quality of alfalfa silage. *Feed Research*, 2023, 46(9): 109–113.
孙宇, 杨燕燕, 吴春会, 等. 枯草芽孢杆菌和复合酶制剂对紫花苜蓿青贮品质的影响. *饲料研究*, 2023, 46(9): 109–113.
- [20] Jiang S Q, Yu Y N, Gao R W, *et al.* High-throughput absolute quantification sequencing reveals the effect of different fertilizer applications on bacterial community in a tomato cultivated coastal saline soil. *Science of the Total Environment*, 2019, 687: 601–609.
- [21] Yang F Y. Mechanism of *Lactobacillus plantarum* a345 improving fermentation quality of alfalfa silage. Zhengzhou: Zhengzhou University, 2022.
杨逢源. 植物乳杆菌 a345 改善苜蓿青贮发酵品质的机理研究. 郑州: 郑州大学, 2022.
- [22] Yang F, Zhao S, Wang Y, *et al.* Assessment of bacterial community composition and dynamics in alfalfa silages with and without *Lactobacillus plantarum* inoculation using absolute quantification 16S rRNA sequencing. *Frontiers in Microbiology*, 2020, 11: 629894.
- [23] Zhang X, Zhao S, Wang Y, *et al.* The effect of *Lactiplantibacillus plantarum* Zzu203, cellulase-producing *Bacillus methylotrophicus*, and their combinations on alfalfa silage quality and bacterial community. *Fermentation*, 2023, 9(3): 287.
- [24] Van Soest P J, Robertson J B, Lewis B A. Methods for dietary fiber, neutral detergent fiber, and nonstarch polysaccharides in relation to animal nutrition. *Journal of Dairy Science*, 1991, 74(10): 3583–3597.
- [25] Ali N, Wang S, Zhao J, *et al.* Microbial diversity and fermentation profile of red cloversilage inoculated with reconstituted indigenous and exogenous epiphytic microbiota. *Bioresource Technology*, 2020, 314: 123606.
- [26] Murphy R P. A method for the extraction of plant samples and the determination of total soluble carbohydrates. *Journal of the Science of Food and Agriculture*, 1958, 9(11): 714–717.
- [27] Liu R F, Wang Y W. Optimization of conditions for determination of organic acids in corn silage by HPLC. *Feed Research*, 2023, 46(2): 113–116.
刘瑞芳, 王艺伟. 优化高效液相色谱测定玉米青贮饲料中有机酸条件的研究. *饲料研究*, 2023, 46(2): 113–116.
- [28] Chai M N, Wang T, Zhu Z Q, *et al.* Analysis of five mineral elements in whole plant, stem, leaf and ear of mowed oat forage. *Journal of Hebei Agricultural Sciences*, 2023, 27(4): 31–36.
柴明娜, 王婷, 朱志强, 等. 刈青燕麦饲草全株及茎叶穗的 5 种矿质元素含量分析. *河北农业科学*, 2023, 27(4): 31–36.
- [29] Wang H R, Gao F Q, Xue Y L, *et al.* Effects of different lactic acid bacteria additives on the quality and microbial diversity of oat silage. *Chinese Journal of Grassland*, 2024, 46(11): 82–90.
王昊然, 高凤芹, 薛艳林, 等. 不同乳酸菌添加剂对燕麦青贮品质和微生物多样性的影响. *中国草地学报*, 2024, 46(11): 82–90.
- [30] Avila C L, Carvalho B F, Pinto J C, *et al.* The use of *Lactobacillus* species as starter cultures for enhancing the quality of sugar cane silage. *Journal of Dairy Science*, 2014, 97(2): 940–951.
- [31] Yuan W, Zhou H Z, Yu G, *et al.* Ensiling vine tea (*Ampelopsis grossedentata*) residue with *Lactobacillus plantarum* inoculant as an animal unconventional fodder. *Journal of Integrative Agriculture*, 2023, 22(4): 1172–1183.
- [32] Lara E C, Basso F C, de Assis F B, *et al.* Changes in the nutritive value and aerobic stability of corn silages inoculated with *Bacillus subtilis* alone or combined with *Lactobacillus plantarum*. *Animal Production Science*, 2016, 56(11): 1867–1874.

- [33] Elbermawi A, Darwish M S, Zaki A A, *et al.* *In vitro* antidiabetic, antioxidant, and prebiotic activities of the chemical compounds isolated from *Guizotia abyssinica*. *Antioxidants (Basel)*, 2022, 11(12): 2482.
- [34] Ma X J, Xie Y F, Yu Y F, *et al.* Changes of polysaccharide and viable bacteria in fermented *Lycium barbarum* pulp. *Food Safety Guide*, 2019(28): 62–65.
马晓娟, 谢有发, 余银芳, 等. 发酵枸杞原浆中多糖、活菌数的变化规律. *食品安全导刊*, 2019(28): 62–65.
- [35] Dai Y C. *Studies of hawthorn extracts effects on lactic acid bacteria growth-promoting and its growth kinetics*. Dalian: Dalian Polytechnic University, 2012.
戴远臣. 山楂提取物对乳酸菌促生作用及生长动力学研究. 大连: 大连工业大学, 2012.
- [36] Zhao R R, Guo X J, Guo W, *et al.* The effect of microorganism inoculant on the silage quality and aerobic stability of whole-crop zhang hybrid millet. *China Feed*, 2019(5): 24–28.
赵蕊蕊, 郭晓军, 郭威, 等. 添加微生物菌剂对“张杂谷”全株青贮品质和有氧稳定性的影响. *中国饲料*, 2019(5): 24–28.
- [37] Huang S, Ke W, Lu Q, *et al.* Effects of total flavonoids from *Taraxacum mongolicum* on fermentation quality, antioxidant status and microbial community of *Caragana korshinskii* Kom. silage. *Fermentation-Basel*, 2023, 9(11): 949.
- [38] Ji X, Hou H, Wang X, *et al.* Effect of dietary glycyrrhiza polysaccharides on growth performance, hepatic antioxidant capacity and anti-inflammatory capacity of broiler chickens. *Research in Veterinary Science*, 2024, 167: 105114.
- [39] Hu H M, Hao L H, Wang H Z, *et al.* Effects of fermented mulberry leaves on growth performance, carcass quality and muscle nutrients of growing-finishing pigs. *Chinese Journal of Animal Nutrition*, 2021, 33(11): 6104–6113.
呼红梅, 郝丽红, 王怀中, 等. 发酵桑叶对生长育肥猪生长性能、胴体品质和肌肉营养成分的影响. *动物营养学报*, 2021, 33(11): 6104–6113.
- [40] Li J F, Cheng Q M, Lu Q, *et al.* Effect of acetic acid additives and silage time on alfalfa silage quality. *Heilongjiang Animal Science and Veterinary Medicine*, 2021(8): 114–118.
李俊峰, 成启明, 卢强, 等. 乙酸添加量及青贮时间对紫花苜蓿青贮品质的影响. *黑龙江畜牧兽医*, 2021(8): 114–118.
- [41] Mu Y X, Zhang H, Ma C H, *et al.* Effects of different supplemental levels of *Lycium barbarum* by-product on fermentation characteristic and microbial diversity of *Caragana korshinskii* silage. *Chinese Journal of Animal Nutrition*, 2021, 33(9): 5152–5161.
牟怡晓, 张欢, 马聪慧, 等. 不同添加量枸杞副产物对柠条锦鸡儿发酵特性及微生物多样性的影响. *动物营养学报*, 2021, 33(9): 5152–5161.
- [42] Zhu M, Sun J L, Huang Y, *et al.* Effects of *Bacillus subtilis* and *Lactobacillus buchneri* on growth performance, antioxidant ability and digestive enzymes activities of Guangxi Ma Chicken. *Journal of Guangxi Agriculture*, 2024, 39(4): 50–56.
朱敏, 孙俊丽, 黄嫣, 等. 枯草芽孢杆菌与布氏乳杆菌对广西麻鸡生长性能、抗氧化能力及消化酶活性的影响. *广西农学报*, 2024, 39(4): 50–56.
- [43] Zhang L, Ma Q, Ma S, *et al.* Ameliorating effects of *Bacillus subtilis* Ansb060 on growth performance, antioxidant functions, and aflatoxin residues in ducks fed diets contaminated with aflatoxins. *Toxins (Basel)*, 2017, 9(1): 1.
- [44] Zhang Y X, Ke W C, Bai J, *et al.* The effect of *Pediococcus acidilactici* J17 with high-antioxidant activity on antioxidant tocopherol, carotene, fatty acids, and fermentation profiles of alfalfa silage ensiled at two different dry matter contents. *Animal Feed Science and Technology*, 2020, 268: 114614.
- [45] Nkosi B D, Meeske R, Palic D, *et al.* Effects of ensiling whole crop maize with bacterial inoculants on the fermentation, aerobic stability, and growth performance of lambs. *Animal Feed Science and Technology*, 2009, 154(3/4): 193–203.
- [46] Li M, Zi X, Zhou H, *et al.* Silage fermentation and ruminal degradation of cassava foliage prepared with microbial additive. *AMB Express*, 2019, 9(1): 180.
- [47] Wu L J, Ou X, Lian H, *et al.* Effects of compound additives on the quality and microbial diversity of mulberry and navel orange residue mixed silage. *Pratacultural Science*, 2024, 41(7): 1736–1746.
吴丽娟, 欧翔, 连海, 等. 4种添加剂对饲料桑与脐橙渣混贮品质及微生物多样性的影响. *草业科学*, 2024, 41(7): 1736–1746.
- [48] Wang L X, Han J, Chen L B, *et al.* Effects of various lactic acid bacteria combinations on bacterial community structure of alfalfa silage. *Acta Agrestia Sinica*, 2021, 29(2): 388–395.
王丽学, 韩静, 陈龙宾, 等. 不同乳酸菌组合对苜蓿青贮细菌群落结构的影响. *草地学报*, 2021, 29(2): 388–395.
- [49] Oliveira A S, Weinberg Z G, Ogunade I M, *et al.* Meta-analysis of effects of inoculation with homofermentative and facultative heterofermentative lactic acid bacteria on silage fermentation, aerobic stability, and the performance of dairy cows. *Journal of*

- Dairy Science, 2017, 100(6): 4587–4603.
- [50] Zhao J J, Jia Y S, Wang Z J, *et al.* Progress study on the effects of *Lactobacillus buchneri* on silage quality based on meta-analysis. *Acta Agrestia Sinica*, 2025, 33(3): 665–677.
赵佳婕, 贾玉山, 王志军, 等. 基于 Meta 分析的布氏乳杆菌对青贮品质影响进展研究. *草地学报*, 2025, 33(3): 665–677.
- [51] Ju J. Effects of cellulase and *Lactiplantibacillus plantarum* on the fermentation quality, bacterial flora and *in vitro* rumen fermentation parameters of *Caragana korshinskii* silage. Tongliao: Inner Mongolia Minzu University, 2023.
巨纪. 纤维素酶和植物乳杆菌对柠条青贮品质、细菌群落和体外瘤胃发酵参数的影响. 通辽: 内蒙古民族大学, 2023.
- [52] Xu Z P, Xiao R, Shen S J, *et al.* Microbial changes in and quality improvement of mulberry leaf silage. *Pratacultural Science*, 2020, 37(9): 1912–1925.
徐泽平, 肖润, 沈诗桀, 等. 桑叶青贮中的微生物变化与青贮品质改良. *草业科学*, 2020, 37(9): 1912–1925.
- [53] Liu Z Z, Peng N. Current application status and development prospects of probiotics. *Acta Microbiologica Sinica*, 2023, 63(5): 1863–1887.
刘真真, 彭楠. 益生菌的应用现状和发展前景. *微生物学报*, 2023, 63(5): 1863–1887.
- [54] Cao W, Jin D X, Liu R, *et al.* Research progress on the mechanism of food-derived *Flavonoids regulating* type II diabetes mellitus via gut microbiota. *Food and Fermentation Industries*, 2024, 50(2): 372–378.
曹维, 金杜欣, 刘瑞, 等. 食源性黄酮通过肠道菌群调节 II 型糖尿病的作用机制研究进展. *食品与发酵工业*, 2024, 50(2): 372–378.
- [55] Zou Y Q, Wang Z J, Liu L Y, *et al.* Effects of spirulina peptides on fermentation quality and microbial community of alfalfa. *Acta Agrestia Sinica*, 2025, 33(8): 2685–2693.
邹雨琪, 王志军, 刘丽英, 等. 螺旋藻多肽对苜蓿发酵品质和微生物群落的影响. *草地学报*, 2025, 33(8): 2685–2693.
- [56] Wang X Z, Zhang F F, Ma C H, *et al.* Corn silage quality as influenced by adding lactic acid bacteria after silos opening. *Chinese Journal of Grassland*, 2019, 41(3): 115–123.
王旭哲, 张凡凡, 马春晖, 等. 添加乳酸菌对开窖后玉米青贮品质及有氧稳定性的影响. *中国草地学报*, 2019, 41(3): 115–123.
- [57] Horlacher N, Oey I, Agyei D. Learning from tradition: health-promoting potential of traditional lactic acid fermentation to drive innovation in fermented plant-based dairy alternatives. *Fermentation*, 2023, 9(5): 452.
- [58] Zheng M N, Kang J H, Zou C Y, *et al.* Effects of ratio of daylily stem and leaf mixed with corn silage on the quality of silage and microbial diversity. *Acta Agrestia Sinica*, 2024, 32(12): 3962–3972.
郑敏娜, 康佳惠, 邹璨阳, 等. 黄花菜茎叶与青贮玉米混合比例对青贮质量和微生物多样性的影响. *草地学报*, 2024, 32(12): 3962–3972.
- [59] Dong X H, Shi S L, Yin G L, *et al.* Effects of fermentation time on the quality and bacterial community of oat silage. *Acta Agrestia Sinica*, <https://link.cnki.net/urlid/11.3362.S.20250618.0919.002>.
董晓慧, 师尚礼, 尹国丽, 等. 发酵时间对燕麦青贮品质及细菌群落的影响. *草地学报*, <https://link.cnki.net/urlid/11.3362.S.20250618.0919.002>.