

doi:10.11733/j.issn.1007-0435.2026.06.003

引用格式:孙林,肖燕子,娜娜,等.饲用燕麦干草晾晒过程中真菌群落结构动态变化规律研究[J].草地学报,2026,34(6):1990—2000

SUN Lin, XIAO Yan-zi, NA Na, et al. Study on the Dynamic Changes in the Structure of Fungal Communities During the Drying Process of Feed Oat Hay[J]. Acta Agrestia Sinica, 2026, 34(6):1990—2000

饲用燕麦干草晾晒过程中真菌群落结构动态变化规律研究

孙林¹, 肖燕子², 娜娜¹, 宋超然¹, 乌尼尔¹, 其力莫格¹, 李晶晶¹, 杨富裕^{3*}

(1. 内蒙古自治区农牧业科学院草原研究所, 内蒙古 呼和浩特 010031; 2. 呼伦贝尔学院草业协同创新研究中心, 内蒙古 呼伦贝尔 021000; 3. 中国农业大学草业科学与技术学院, 北京 100193)

摘要:为探究饲用燕麦干草调制的最佳晾晒时长以降低真菌污染风险,本研究监测了晾晒过程(1~5 d)中燕麦及其附着表土的微生物数量与真菌群落演变。结果显示:随着晾晒时间的延长,燕麦与表土中的霉菌、酵母菌、大肠菌群及好氧细菌数量总体呈对数增长趋势。其中,好氧细菌数量在第1~2 d维持在最低水平,霉菌数量于第3 d达到峰值;值得注意的是,第2~5 d的霉菌及好氧细菌数量已显著超过GB 13078-2017饲料卫生标准。在群落结构上,子囊菌门(72.24%)和担子菌门(21.10%)为绝对优势菌门。燕麦表面的优势属表现出明显的演替规律:布勒掷孢酵母属(*Bulleromyces*, 19.22%)和帚枝霉属(*Sarocladium*, 16.12%)丰度随晾晒时间延长而降低,而微座孢属(*Microdochium*, 15.14%)及隐球菌属(*Cryptococcus*, 11.07%)丰度则显著升高。相关性网络分析表明,从表土到燕麦植株,真菌群落网络经历了由简单稀疏向复杂紧密的结构转变,且相关性分析进一步揭示了表土中以*Sarocladium*和顶孢霉属(*Acremonium*)为代表的潜在内生致病类群,逐渐演变为植物体上以褶球壳属(*Plectosphaerella*)和伊德里霉属(*Idriella*)为主导的土传根腐病原菌群落的潜在致病菌群的演替路径。综上所述,为阻断病原菌定殖并保障干草卫生品质,建议在生产实践中将晾晒时间控制在1~2天以内。

关键词:饲用燕麦;干草调制;霉菌;真菌群落

中图分类号:S816

文献标识码:A

文章编号:1007-0435(2026)06-1990-11

Study on the Dynamic Changes in the Structure of Fungal Communities During the Drying Process of Feed Oat Hay

SUN Lin¹, XIAO Yan-zi², NA Na¹, SONG Chao-ran¹, WU Ni-er¹, QI Li-moge¹,
LI Jing-jing¹, YANG Fu-yu^{3*}

(1. Grassland Research Institute, Inner Mongolia Academy of Agricultural & Animal Husbandry Sciences, Hohhot, Inner Mongolia 010031, China;

2. Collaborative Innovation Research Center for Grassland Industry, Hulunbuir University, Hulunbuir, Inner Mongolia 021000, China;

3. College of Grassland Science and Technology, China Agricultural University, Beijing 100193, China)

Abstract: To determine the optimal drying duration for forage oat (*Avena sativa* L.) hay preparation and mitigate fungal contamination risks, this study monitored microbial counts and the succession of fungal communities on oats and the attached topsoil during the drying process (days 1-5). The results showed that with prolonged drying time, the counts of molds, yeasts, coliforms, and aerobic bacteria in both oats and topsoil generally exhibited a logarithmic growth trend. Specifically, aerobic bacteria counts remained at their lowest levels on days 1-2, while mold counts peaked on day 3. Notably, from days 2 to 5, the counts of molds and aerobic bacteria significantly exceeded the limits specified in the Hygienic Standard for Feeds (GB 13078-2017). Regard-

收稿日期:2025-07-23;修回日期:2025-10-09

基金项目:内蒙古东部区优质燕麦干草调制与贮藏技术研发与应用(2022YFDZ0088);2024年内蒙古自治区人才开发基金项目资助

作者简介:孙林(1988-),女,汉族,内蒙古呼和浩特人,博士研究生,主要从事牧草加工与贮藏学相关研究,E-mail: sunlin2013@126.com;

*通信作者 Author for correspondence, E-mail: yfycau@163.com

ing community structure, Ascomycota (72.24%) and Basidiomycota (21.10%) were identified as the dominant phyla. The dominant genera on the oat surface exhibited a distinct succession pattern: the relative abundances of *Bulleromyces* (19.22%) and *Sarocladium* (16.12%) decreased with prolonged drying, whereas those of *Microdochium* (15.14%) and *Cryptococcus* (11.07%) significantly increased. Correlation network analysis indicated that the fungal community network underwent a topological shift from a simple, sparse structure in topsoil to a complex, dense structure on oat plants. Furthermore, correlation analysis revealed a succession path of potential pathogens: the community dominated by potential toxin-producing or endophytic pathogenic taxa (represented by *Sarocladium* and *Acremonium*) in the topsoil gradually evolved into a community dominated by soil-borne root rot pathogens (represented by *Plectosphaerella* and *Idriella*) on the plants. In conclusion, to inhibit pathogen colonization and ensure the hygienic quality of hay, it is recommended to control the drying duration within 1-2 days in production practice.

Key words: Feed oats; Hay modulation; Fungi; Fungal community

饲用燕麦(*Avena sativa* L.)干草凭借其良好的适口性与均衡的营养价值,已成为反刍动物饲养体系中不可或缺的优质粗饲料资源^[1]。其高效生产与合理利用对于保障饲料安全供给、提升畜产品品质及降低养殖成本至关重要^[2]。为实现长期安全贮藏与运输,收获后的饲用燕麦通常需进行田间自然晾晒,以将其水分含量降至安全贮藏标准以下。然而,干草晾晒过程极易受多种环境与操作因素的综合影响^[3],往往导致晾晒时间延长。这种延长的过程不仅为霉菌、酵母菌等微生物的生长繁殖创造了潜在条件,更因牧草自身富含碳水化合物、蛋白质、脂肪及无机盐等营养物质,进一步为有害微生物的滋生提供了有利环境。尤为严重的是,由此引发的真菌污染可导致干草霉变、营养损失及霉菌毒素积累,严重威胁饲料安全与家畜健康。因此,明确晾晒过程中真菌群落的动态变化规律,是优化干燥工艺、保障燕麦干草品质的关键环节。

研究表明,田间晾晒阶段是干草发生霉变腐败的高风险环节^[4-5]。李树等人^[6]的研究表明在干草晾晒期间,由真菌侵害引发的“发热”现象,会造成蛋白质、可溶性碳水化合物及含氮物质的大量损失,并显著降低粗纤维的消化率。有研究发现,土壤中广泛存在镰刀菌(*Fusarium* spp.)孢子,而收获作业不可避免地会增加干草与污染土壤的接触,致使干草在收获时即受到真菌侵染^[7]。其次,Storm等^[8]也证实,真菌可在收获时侵入干草组织、定植并产生真菌毒素,从而影响干草营养品质及其微生物群落结构。Eckard等^[9]同样表明,土壤中残留的、携带可存活一年以上镰刀菌属真菌的作物残茬,是干草后续污染的重要初始来源。总体而言,土壤一般是燕麦干草中有害微生物的主要来源^[10]。基于上述研究,我们提出以下科学假设:延长田间自然晾晒时间会显著改变燕麦干草中的真菌群落结构,导

致源自土壤的有害产毒霉菌(如镰刀菌属 *Fusarium* spp.、曲霉属 *Aspergillus* spp. 和青霉属 *Penicillium* spp.)的相对丰度显著上升,并成为优势菌群,其增殖过程与霉菌毒素积累及营养品质下降密切相关。

现有文献虽指出晾晒时间延长会增加霉变风险,但对关键时间节点微生物群落结构变化规律、土壤-干草间微生物关联缺乏定量解析。因此,本研究在饲用燕麦干草刈割后1~5 d的关键调制期内,对其表面微生物数量、真菌群落结构的动态变化,以及关联土壤中的微生物数量和真菌群落结构演变规律进行了连续监测与研究。旨在探究饲用燕麦晾晒过程中真菌群落的演替轨迹,以及表土与燕麦微生物群落的相关关系,为饲用燕麦干草调制提供理论基础和技术支撑。

1 材料与方法

1.1 试验地概况

试验在内蒙古自治区农牧业科学院综合试验田进行。地理位置为40°46.265'N, 111°39.851'E, 海拔1056 m,该地气候类型为北温带大陆气候,干旱多风,春季少雨,夏季温和短促,秋季凉爽温差大,冬季寒冷。全年主导风向为西北风,年平均气温6.8℃,7月平均气温22.5~23.1℃。

1.2 试验材料

试验材料为‘蒙燕3号’。2023年秋耕施有机肥1500~2000 kg·(667 m)⁻²。播种前晒种1~2 d,并用0.2%三唑酮药剂拌种,防治黑穗病。2024年5月播种,采用机械条播,行距为20~25 cm,播种深度4~6 cm。播种量为8~10 kg·(667 m)⁻²,播种时施磷酸二铵5.0~7.5 kg·(667 m)⁻²、尿素3 kg·(667 m)⁻²,适量钾肥。拔节期浇第一水,并追施尿素2.5~5.0 kg·(667 m)⁻²。8月23日收获蜡熟期整株燕麦。

1.3 试验设计

试验选择连续5日内天气晴朗、无降雨的日期进行饲用燕麦刈割(蜡熟期,留茬5~8 cm)。刈后就地晾晒5日。在此期间,每天上午9:00穿戴无菌手套选取燕麦种植地中部,挑选长势一致、无明显差异的地块取晾晒燕麦旁表面土壤0~2 cm样品(以下简称“表土”)及饲用燕麦样品,每次取样重复6次,及时放入冰盒保存并带回实验室放入-80℃冰箱保存。测定饲用燕麦样品中微生物数量、真菌种类及组成;测定表土样品中微生物数量、真菌种类及组成。另外,晾晒第1天,除取饲用燕麦、表土外,同时取了饲用燕麦的根和根土样品,每次取样重复6次,及时放入冰盒保存并带回实验室放入-80℃冰箱保存,测定根和根土样品中微生物数量、真菌种类及组成。

1.4 测定指标及方法

1.4.1 微生物数量测定 采用平板计数法^[11]进行霉菌、酵母菌、大肠菌群和好氧细菌数量的测定。

1.4.2 微生物群落结构测定 利用试剂盒提取燕麦和表土样品表面附着微生物的总DNA,并对ITS区(真菌)进行特异性扩增,采用PacBio RS II平台进行测序,分析真菌的菌群结构和多样性^[12]。用ITS1FI2 (5'-GTGARTCATCGAATCTTTG-3')和ITS2 (5'-TCCTCCGCTTATTGATATGC-3')引物对真菌(ITS2)可变区进行PCR扩增,纯化后的PCR产物使用Agilent2100生物分析仪(Agilent, 美国)和Illumina(KapaBiosciences, Woburn, MA, 美国)的文库定量试剂盒进行评估,最后使用Nova-Seq 6000测序仪进行2×250 bp的双端测序。原始数据的格式为FASTQ,导出数据后,首先通过cutadapt软件对原始数据序列进行处理,剪切掉引物序列。然后使用DADA2,将上一步合格的双端raw-data按照QIIME2的流程进行分析。使用QIIME2软件包中ASV的代表序列与数据库进行比对注释,获得OTU数目。

1.5 数据分析

数据处理采用Microsoft Excel 2016进行趋势分析,并利用IBM SPSS Statistics 27进行单因素方差分析(ANOVA),显著性水平设定为0.05。相关性分析方面,首先通过R(version 3.6.1)进行Spearman相关分析,筛选丰度前30位的燕麦及表土附着

真菌属(筛选标准为 $|R| \geq 0.5$ 且 $P < 0.05$),并使用OmicStudio工具绘制共线性网络图。此外,利用ChiPlot在线平台(<https://chiplot.online/>),基于Pearson相关算法探讨了燕麦与土壤中丰度前10位真菌属之间的关联性。

2 结果与分析

2.1 饲用燕麦干草和表土微生物数量变化规律

由图1(a)可知,随着晾晒时间的延长,饲用燕麦附着霉菌、酵母菌、大肠菌群和好氧细菌数量总体呈增加趋势。晾晒第1天微生物数量由多到少的顺序为好氧细菌>大肠菌群>酵母菌>霉菌;晾晒第2天和第4天酵母菌和大肠菌群数量基本接近,微生物数量由多到少的顺序为好氧细菌>大肠菌群=酵母菌>霉菌。其中大肠杆菌在晾晒前3天时呈现显著上升趋势($P < 0.05$)。此外,由图1(a)可知,饲用燕麦刈割后晾晒期间(1至5天)细菌总数(按好氧细菌和大肠菌群数量计算,下同)明显大于真菌总数(按酵母菌和霉菌总数计算,下同)。由图1(b)可知,饲用燕麦总微生物数量随晾晒时间的延长呈对数曲线(函数关系式为 $y = 3.4448 \ln x + 24.41$, $R^2 = 0.8704$)增加趋势,即当晾晒达到一定时间后,其对饲用燕麦微生物数量影响作用增加的幅度下降。

由图2(a)可知,随着晾晒时间的延长,表土附着酵母菌、大肠菌群和好氧细菌数量总体呈增加趋势,与晾晒第4天相比,晾晒1天和2天霉菌数量显著减少($P < 0.05$)。晾晒期间表土微生物数量由多到少的顺序为好氧细菌>大肠菌群>酵母菌>霉菌。同样,晾晒期间表土所测细菌总数也明显高于真菌总数。由图2(b)可知,表土总微生物数量随晾晒时间的延长呈对数曲线(函数关系式为 $y = 2.4614 \ln x + 20.103$, $R^2 = 0.8789$)增加趋势,即当晾晒达到一定时间后,晾晒时间对表土真菌微生物数量增长的促进作用逐渐减弱。

2.2 燕麦晾晒时间及其微生物数量的对应分析

将不同晾晒时间与微生物数量指标的对应分析结果绘制成图,如图2所示,霉菌和晾晒第3天距离横坐标较近,晾晒第1天与霉菌距离最远,表明晾晒第3天霉菌数量最多,而晾晒第1天霉菌数量最少。晾晒第4天与酵母菌距离最近,说明晾晒4天

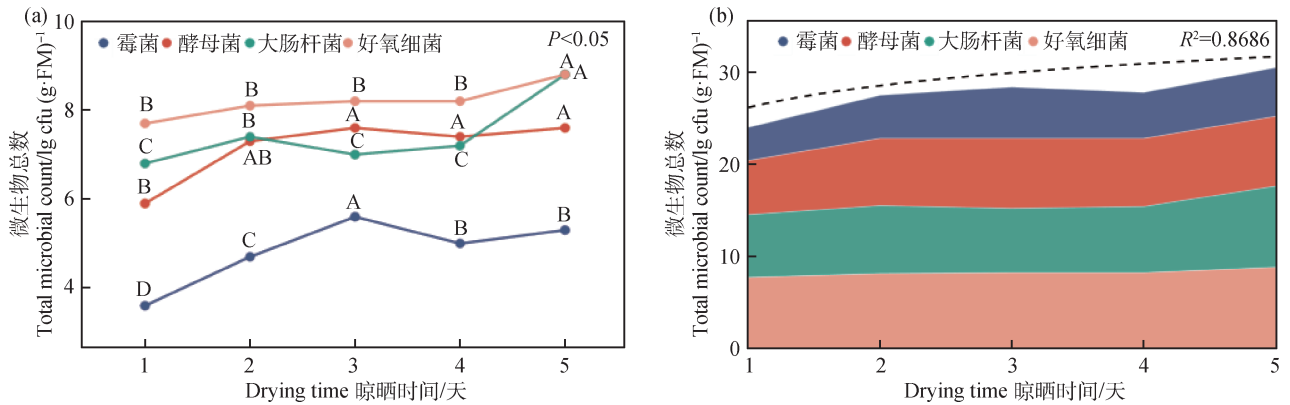


图 1 不同晾晒时间饲用燕麦微生物数量

Fig. 1 Microorganism population of oat at different dry day

注:图1(a)中同一折线不同大写字母表示组间具有显著差异($P < 0.05$)。下同

Note: In Figure 1(a), different uppercase letters used for the same line indicate significant differences between groups ($P < 0.05$). The same convention applies below

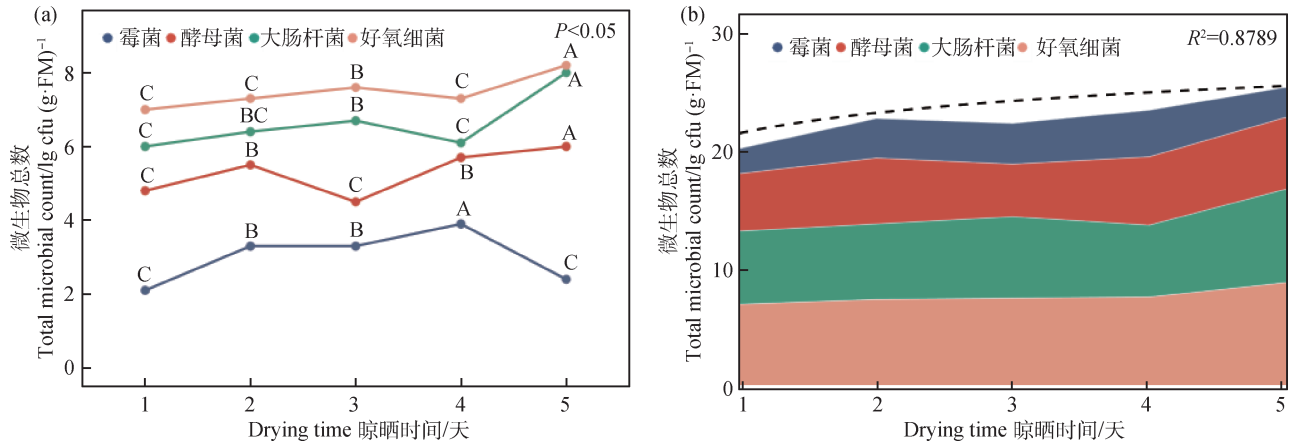


图 2 不同晾晒时间土壤微生物数量的影响

Fig. 2 Effects of air-drying duration on soil microbial population

燕麦附着酵母菌数量最多,晾晒第1天和2天与好氧细菌在第三象限,且距离较近,表明晾晒第1天和第2天好氧细菌数量最多。晾晒第5天与大肠菌群距离较近,表明晾晒第5天燕麦附着的大肠菌群最多。

2.3 饲用燕麦干草和表土真菌群落结构

2.3.1 真菌丰富度及多样性 表1结果显示,晾晒第1天时,Chao1指数为72.28,晾晒至第3天时,Chao1指数逐渐上升并达到最大值87.75,晾晒至第4天时,Chao1指数下降至69.94,晾晒至第5天时,Chao1指数提升至82.03。晾晒第4天时,OTU、Simpson和Shannon指数低于其他时间,说明该时间饲用燕麦表面附着真菌多样性降低。但从显著水平(P-value)来看,晾晒时间对饲用燕麦附着真菌群落的丰富度和多样性指数的影响均未达到显著水平。

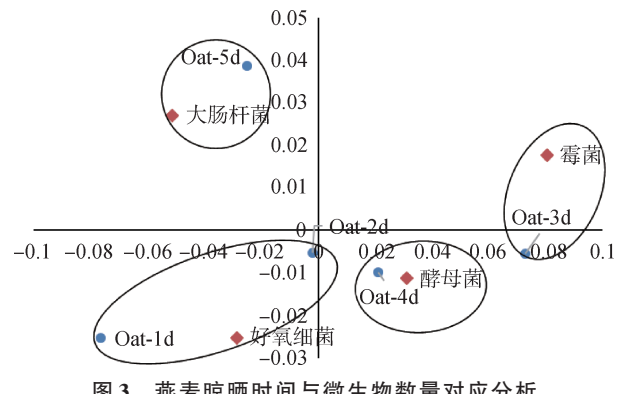


图 3 燕麦晾晒时间与微生物数量对应分析

Fig. 3 Correspondence analysis of oat drying time and microbial quantity

注:圆点表示燕麦晾晒时间,菱形表示4种不同的微生物群落

Note: The dot indicates the drying time of oats, and the diamond indicates four different microbial communities

Coverage指数均为1.00,表明测序宽度较全面,检测的数据足以代表各处理的附着真菌群落特征。

表 1 晾晒 5 天饲用燕麦干草附着真菌群落的丰富度和多样性指数
Table 1 Epiphytic fungi community abundance and diversity index of oat hay

样本 Samples	可操作分类单元 OTUs	香农指数 Shannon	辛普森指数 Simpson	Chao1 指数 Chao1	覆盖度 Coverage
oat-1d	70	3.39	0.82	72.28	1.00
oat-2d	78	3.72	0.84	79.12	1.00
oat-3d	84	3.52	0.81	87.75	1.00
oat-4d	67	2.73	0.65	69.94	1.00
oat-5d	79	3.66	0.82	82.03	1.00
SEM	7	0.33	0.06	7.94	—
P-value	0.47	0.26	0.24	0.52	—

注: oat-1d, 燕麦晾晒 1 天; oat-2d, 燕麦晾晒 2 天; oat-3d, 燕麦晾晒 3 天; oat-4d, 燕麦晾晒 4 天; oat-5d, 燕麦晾晒 5 天; SEM, 平均值的标准误差

Note: oat-1d, oats dried for 1 day; oat-2d, oats dried for 2 days; oat-3d, oats dried for 3 days; oat-4d, oats dried for 4 days; oat-5d, oats dried for 5 days; SEM: standard error of the mean

表 2 结果显示, 晾晒时间对表土真菌群落和多样性指数无显著影响。此外, Coverage 指数均为

1.00, 表明测序宽度较全面, 检测的数据足以代表表土的附着真菌群落特征。

表 2 晾晒 5 天表土附着真菌群落的丰富度和多样性指数
Table 2 Epiphytic fungi community abundance and diversity index of oat

样本 Samples	可操作分类单元 OTUs	香农指数 Shannon	辛普森指数 Simpson	Chao1 指数 Chao1	覆盖度 Coverage
soil-1d	240	4.04	0.79	252.34	1.00
soil-2d	273	4.73	0.88	288.91	1.00
soil-3d	215	4.06	0.82	231.84	1.00
soil-4d	268	4.50	0.86	280.13	1.00
soil-5d	299	4.78	0.84	324.71	1.00
SEM	24.95	0.30	0.04	28.93	—
P-value	0.1823	0.2570	0.5030	0.2285	—

注: soil-1d, 表土 1 天样本; soil-2d, 表土 2 天样本; soil-3d, 表土 3 天样本; soil-4d, 表土 4 天样本; soil-5d, 表土 5 天样本; SEM, 平均值的标准误差

Note: soil-1d, Topsoil samples at 1 day of drying; soil-2d, Topsoil samples at 2 days of drying; soil-3d, Topsoil samples at 3 days of drying; soil-4d, Topsoil samples at 4 days of drying; soil-5d, Topsoil samples at 5 days of drying; SEM, standard error of the mean

2.3.2 真菌门水平群落组成 样品在门水平上的真菌群落组成如图 4 所示。研究结果表明, 子囊菌门(Ascomycota)和担子菌门(Basidiomycota)是各样品中最主要的真菌类群。

在全部样品中, 子囊菌门平均相对丰度最高(72.24%), 担子菌门次之(21.10%)。此外, 还检测到一定比例的未分类真菌(Fungi_unclassified, 3.82%)、壶菌门(Chytridiomycota, 2.01%)和接合菌门(Zygomycota, 0.71%)。

在燕麦晾晒过程中, 子囊菌门在晾晒初期(1 d)丰度较低(26.17%)。随晾晒时间延长, 其丰度显著上升, 至第 4 天达到峰值(76.21%), 第 5 天略有下降。与子囊菌门趋势相反, 担子菌门在晾晒第 1 天占绝对优势(73.74%), 随后大幅下降, 至第 4 天降至 23.58%, 后期(5 d)小幅升高。

晾晒第 1 天时, 燕麦根系及根际土(r_soil)中的子囊菌门丰度(72.81%~81.32%)远高于同期的燕

麦地上部分。表土(topsoil)中的子囊菌门在整个观测期内均保持在较高水平(80.22%~90.08%)。

2.3.3 真菌属水平群落组成 晾晒过程中前 30 真菌属相对丰度变化如图 5 所示, 其中饲用燕麦总优势属主要包括: 布勒担孢酵母属(*Bulleromyces*, 19.22%)、帚枝霉属(*Sarocladium*, 16.12%)、微座孢属(*Microdochium*, 15.14%)、隐球菌属(*Cryptococcus*, 11.07%)、拟头状束梗霉属(*Gibellulopsis*, 7.07%)、链格孢属(*Alternaria*, 6.38%)、癭囊腔菌属(*Plectosphaerella*, 6.04%)、担子菌门未分类(*Basidiomycota_unclassified*, 5.35%)、假丝酵母菌属(*Pseudozyma*, 4.34%)等。其中 *Bulleromyces*、*Cryptococcus* 和 *Pseudozyma* 的相对丰度随着晾晒时间的延长呈降低的趋势, 而其他菌属的相对丰度随晾晒时间的延长基本呈增加的趋势。晾晒过程中表土的总优势菌属主要包括: *Alternaria*(33.72%)、*Sarocladium*(4.44%)、*Plectosphaerella*(6.50%)、

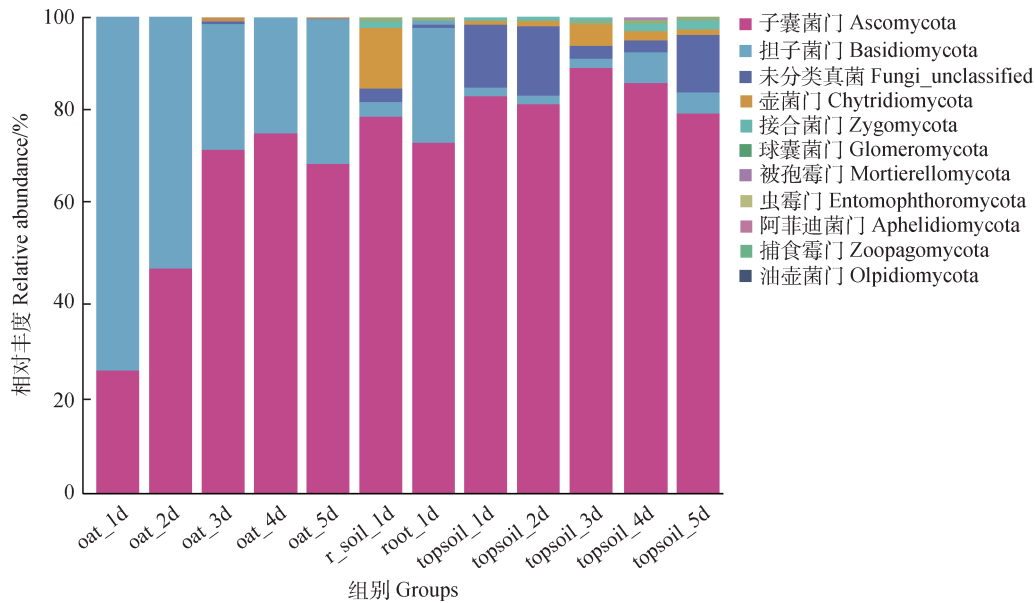


图4 样品中真菌门水平群落组成

Fig. 4 Fungal phylum level community composition in samples

注: oat_1d~5d, 燕麦晾晒 1~5 天样本; r_soil_1d, 燕麦根土晾晒 1 天样本; root_1d, 燕麦根晾晒 1 天样本; topsoil_1d~5d, 表土晾晒 1~5 天样本

Note: oat_1d-5d, Oat samples dried for 1-5 days; r_soil_1d, Rhizosphere soil samples dried for 1 day; root_1d, Root samples dried for 1 day; topsoil_1d-5d, Topsoil samples dried for 1-5 days

Gibellulopsis (4.61%)、异旋孢腔菌属(*Cochliobolus*, 6.50%)、肉座菌科未分类(*Hypocreales_unclassified*, 5.13%)、漆斑菌属(*Myrothecium*, 4.33%)、*Fungi_unclassified* (8.18%)等。其中,*Sarocladium*、*Cochliobolus*和*Hypocreales_unclassified*的丰度值随着晾晒时间的延长呈增加趋势,而其他菌属的丰度随晾晒时间延长呈下降趋势。

晾晒过程中表土的总优势菌属主要包括:*Alternaria* (33.72%), *Sarocladium* (4.44%), *Cochliobolus* (6.50%), 其中 *Sarocladium* 和 *Cochliobolus* 丰度值随着晾晒时间的延长呈增加趋势,*Alternaria* 丰度值随着晾晒时间的延长呈降低趋势。

2.4 晾晒时间对饲用燕麦和表土真菌群落结构的相关性分析

2.4.1 饲用燕麦真菌群落属水平相关分析

燕麦干草晾晒期间(1~5 d)表面附着真菌属水平丰度前30的真菌Spearman相关分析(正相关阈值 $R \geq 0.5$, 负相关阈值 $R \leq -0.5$, P 值阈值 $P < 0.05$)结果如图6

所示。*Bulleromyces*, *Cryptococcus*和*Sporidiobolus*三者之间显著正相关,*Plectosphaerella*与*Sporidiobolus*显著负相关。

2.4.2 表土真菌群落属水平相关关系

表土优势菌*Alternaria* (33.72%)与*Cochliobolus* (6.50%)显著负相关,*Gibellulopsis* (4.61%)与*Hypocreales_unclassified* (5.13%)显著负相关。*Plectosphaerella* (6.50%)与*Pyrenophora*显著正相关。其他TOP7里的优势菌之间相关性不显著。

2.4.3 燕麦与表土优势菌相关关系

本研究基于Pearson相关性分析,探讨了燕麦与土壤中丰度前10位的真菌属之间的关系(图8)。结果显示:燕麦中的*Alternaria*与土壤中的*Sarocladium*呈显著负相关;燕麦中的*Plectosphaerella*以及*Idriella*分别与土壤中的*Sarocladium*和*Acremonium*呈显著正相关。进一步分析表明,显著影响土壤真菌群落的真菌属主要包括*Alternaria*, *Sarocladium*, *Cochliobolus*和*Cyphellophora*;而显著影响燕麦真菌群落的真菌属则主要由*Microdochium*, *Bulleromyces*和*Plectosphaerella*组成。

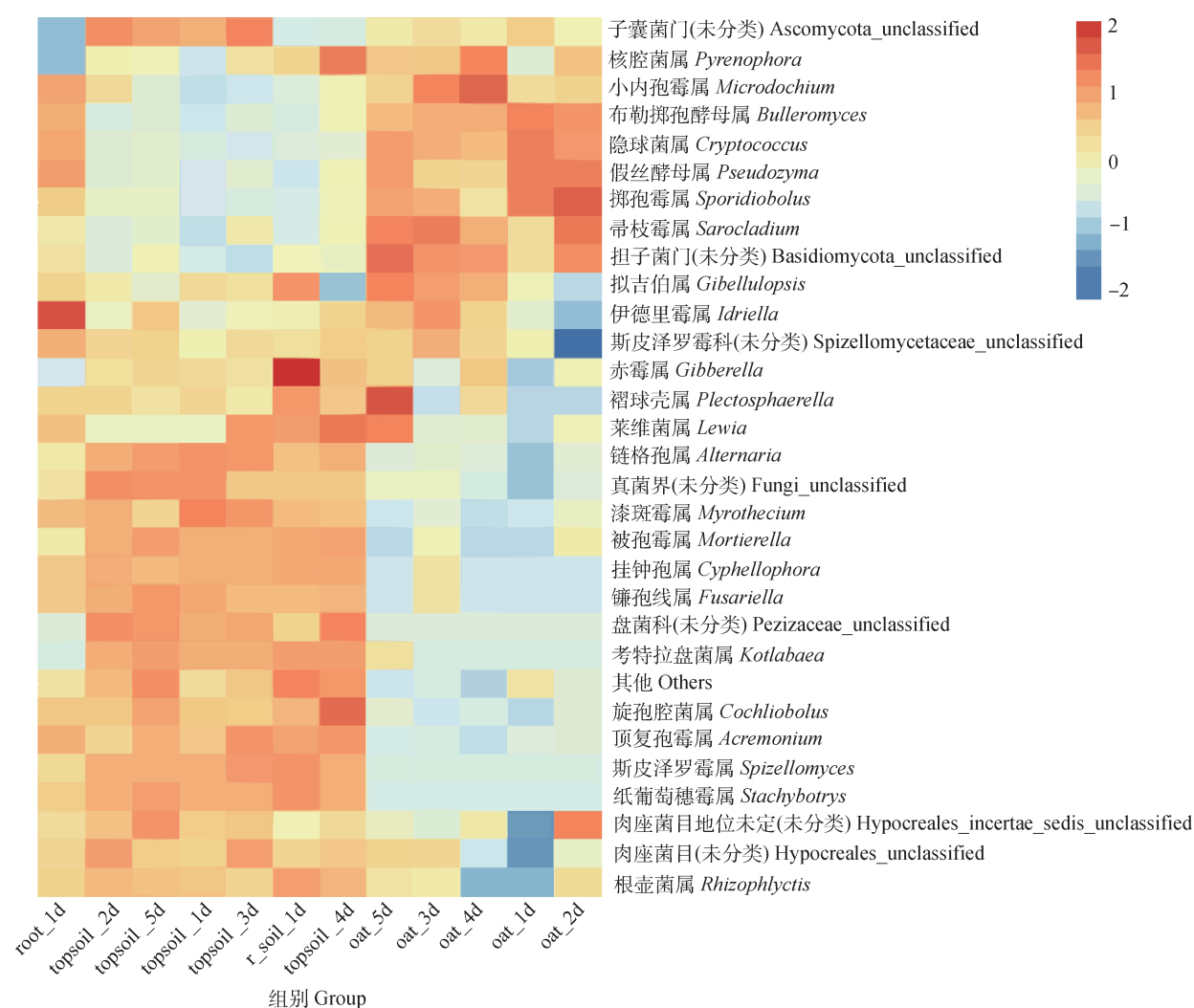


图 5 饲用燕麦、表土附着真菌群落相关性热图

Fig. 5 Correlation Heat Map of Fungal Communities in Topsoil and Feed Oats

注:图中每行代表一个微生物属,横坐标中 oat_1d~5d 表示燕麦晾晒 1~5 天样本; r_soil_1d 表示燕麦根土晾晒 1 天样本; root_1d 表示燕麦根晾晒 1 天样本; topsoil_1d~5d 表示表土晾晒 1~5 天样本。不同位置的色块代表对应位置菌群的相对表达量,红色代表表达量相对较高,蓝色代表表达量相对较低

Note: Each row represents a microbial genus. On the horizontal axis, oat_1d-5d, Oat samples dried for 1-5 days; r_soil_1d, Rhizosphere soil samples dried for 1 day; root_1d, Root samples dried for 1 day; topsoil_1d-5d, Topsoil samples dried for 1-5 days. Color blocks at different positions represent the relative abundance of the microbiota at the corresponding position; red indicates a relatively higher abundance, while blue indicates a relatively lower abundance

3 讨论

3.1 晾晒时间对饲用燕麦干草及表土微生物群落结构的影响研究

一般来说,牧草中的霉菌区系除受环境因素影响外,还受到牧草品质的影响,牧草营养成分的不同、水分含量差异等都将影响干草调制过程中的微生物区系。霉菌的种类和数量能基本反映牧草的安全状况。我国饲料卫生标准 GB13078-2017^[13]中规定的霉菌限量标准为 $<4 \times 10^4$ cfu·g⁻¹,细菌总数

的限量标准为 $<2 \times 10^6$ cfu·g⁻¹。本研究测定发现,刈割初期饲用燕麦的霉菌数量平均为 6×10^3 CFU·g⁻¹,符合国家标准 ($<4 \times 10^4$ CFU·g⁻¹)。然而,在晾晒第 2 至 5 天,霉菌数量急剧攀升至 $1.1 \times 10^5 \sim 6.25 \times 10^5$ CFU·g⁻¹,显著超标。而刈割初期饲用燕麦的好氧菌数量平均为 7.9×10^7 CFU·g⁻¹,已远超国标限量 ($<2 \times 10^6$ CFU·g⁻¹)。晾晒第 2 至 5 天,其数量进一步增至 $1.27 \times 10^8 \sim 8.4 \times 10^8$ CFU·g⁻¹。可能是由于晾晒初期饲用燕麦水分含量较高抑制霉菌繁殖但好氧细菌数量大量增加,而晾晒中后期时

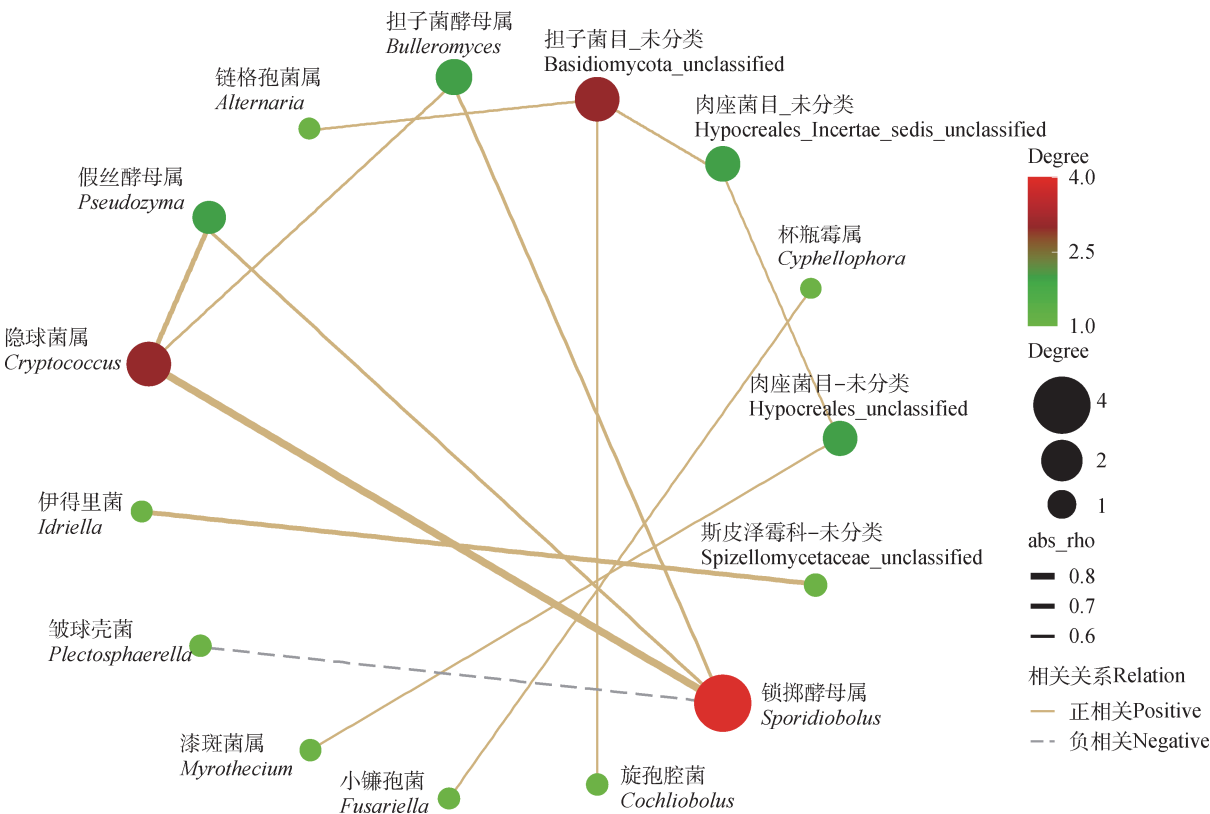


图 6 饲用燕麦真菌群落属水平相关关系

Fig. 6 The correlation of fungal community in forage oats at genus level

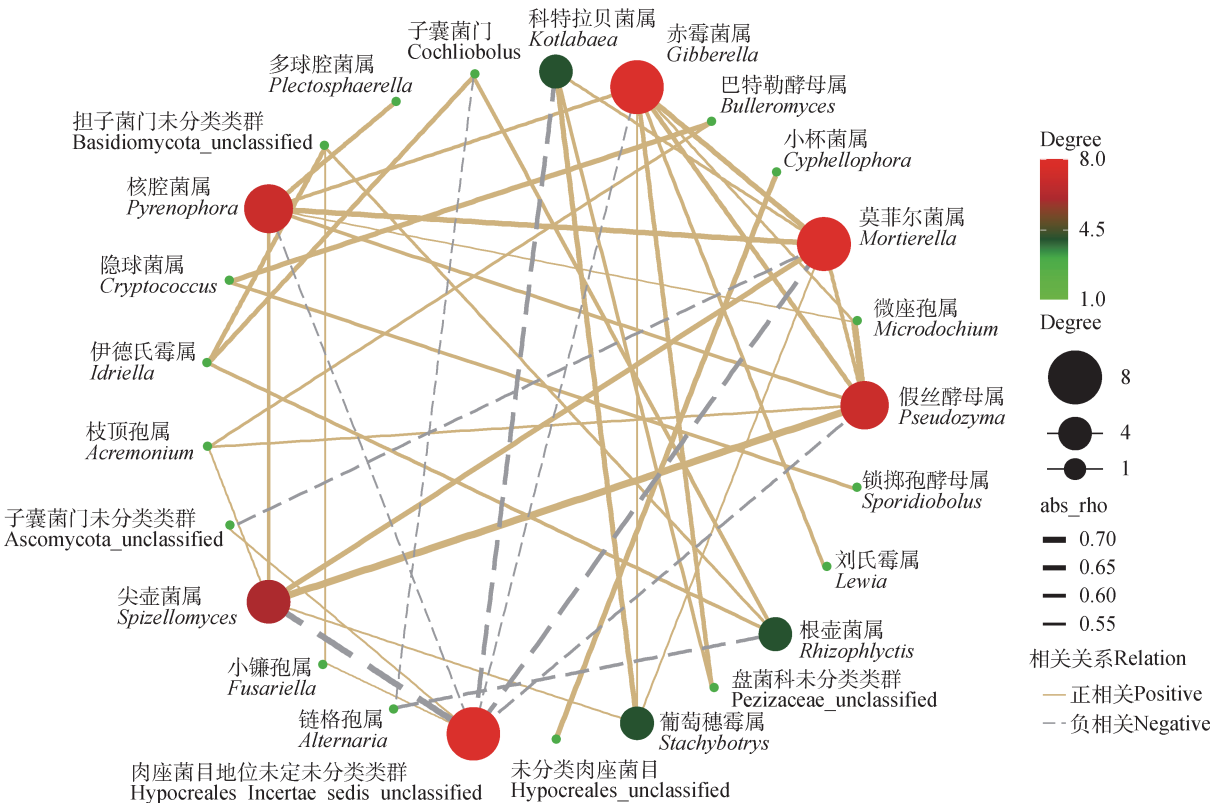


图 7 表土真菌群落属水平相关关系

Fig. 7 Correlation of surface soil fungal community at genus level

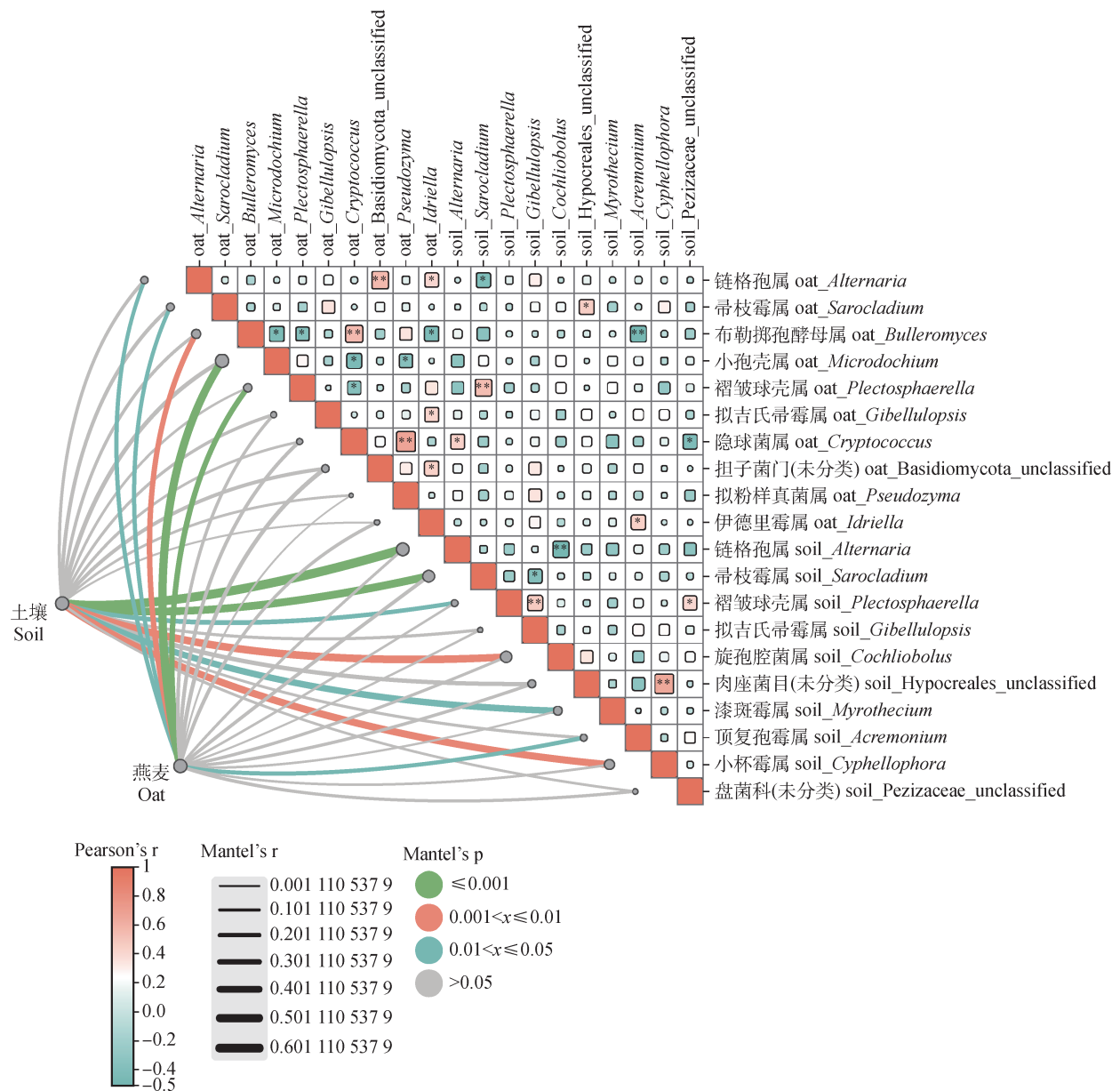


图 8 燕麦与表土真菌群落属水平相关关系

Fig. 8 Correlation between oat varieties and the fungal community composition in the topsoil at the genus level

注:正相关以红色表示,负相关以绿色表示。*表示在 $P < 0.05$ 水平上具有显著差异,**表示在 $P < 0.01$ 水平上具有显著差异。方块图的大小表示相关系数的大小,颜色的深浅表示相关系数的重要性;图中 Soil(土壤)和 Oat(燕麦)与各指标间的连线,反映了具体菌属对两者指标的显著影响。线条粗细代表显著性的强弱,线条越粗表示影响越显著;灰色连线则表示在 $P = 0.05$ 水平上无显著影响

Note: Red and green colors indicate positive and negative correlations, respectively. * and ** indicate significant differences at the $P < 0.05$ and $P < 0.01$ levels, respectively. The size of the squares represents the magnitude of the correlation coefficient, while the color intensity reflects the significance of the correlation. The lines connecting Soil and Oat to various indexes reflect the significant influence of specific bacterial genera on both soil and oat indicators. Line thickness represents the strength of significance, with thicker lines indicating a more significant impact; gray lines indicate no significant effect at the $P = 0.05$ level

水分含量和温湿度均达到霉菌繁殖最适条件导致霉菌数量大幅增加。同时晾晒过程中植物细胞破裂释放胞内营养物质糖类、氨基酸、有机酸,也为微生物提供丰富底物。本研究为探究霉菌来源问题,检测了饲用燕麦在晾晒过程中真菌群落结构的多样性以及晾晒地表面土壤的真菌群落结构的多样性。

研究发现,除去未分类的真菌,在已鉴定分类地位的真菌中,子囊菌门和担子菌门是相对丰度最高的真菌门。研究发现主要产毒菌属(*Fusarium*, *Aspergillus*, *Penicillium*)均属于子囊菌门,而在本

研究中子囊菌门也是优势菌门,这代表燕麦晾晒过程中受到了产毒菌侵害^[14]。其次,研究也发现担子菌门具备耐干燥胁迫能力,可在低水分活度环境存活且代谢基质以可溶性糖类为主,这也充分解释了担子菌门可以在晾晒过程中一直存活^[15]。

饲用燕麦优势菌属中 *Bulleromyces* (19.22%)、*Cryptococcus* (11.07%) 和 *Pseudozyma* (4.34%) 的相对丰度随着晾晒时间的延长呈降低的趋势。同时也有研究发现,西兰花收获后的真菌菌属中同样出现了 *Bulleromyces* 菌属,与本研究结果相一致^[16]。Andrea 研究发现 *Alternaria* 可侵染寄主植物引发病害,并诱导病变组织周围细胞壁发生木质素与纤维素沉积增加以及木质化和木栓化, *Alternaria* 的含量同样随晾晒时间增加而上升^[17]。 *Bulleromyces*, *Cryptococcus*, *Pseudozyma* 均为担子菌酵母,均在高水分下有良好的活性,而随水分含量降低活性逐渐下降^[18],在本研究中随晾晒时间的延长同样证实了这一观点。

3.2 饲用燕麦干草和表土真菌群落结构的关系

本研究对饲用燕麦附着微生物、表土微生物进行了相关性分析,饲用燕麦属水平相关分析表明, *Plectosphaerella* 与 *Sporidiobolus* 显著负相关,这可能是由于 *Plectosphaerella* 作为纤维降解菌,分泌纤维素酶争夺植物细胞壁资源^[19],而 *Sporidiobolus* 依赖简单碳源,在晾晒中后期面临所需营养匮乏^[20-21]。在表土微生物中研究发现表土优势菌 *Alternaria* (相对丰度 33.72%) 与 *Cochliobolus* (6.50%) 呈显著负相关,暗示二者存在生态位竞争或拮抗关系;而 *Plectosphaerella* (6.50%) 与 *Pyrenophora* 显著正相关, *Gibellulopsis* (4.61%) 与 *Hypocreales_unclassified* (5.13%) 显著负相关,反映表土真菌群落内部分化出竞争与共生亚群。除了燕麦与土壤内部的相互作用外, Pearson 相关性分析进一步揭示了土壤真菌可能通过迁移和种间竞争显著影响燕麦表面真菌群落的组成。燕麦样品中的 *Plectosphaerella* 和 *Idriella* 通常被界定为典型的土传真菌,常作为根腐病原菌或根系兼性内生菌在植物根际活跃定殖^[22]。本研究发现它们分别与土壤中的 *Sarocladium* 和 *Acremonium* 呈显著正相关,这佐证了真菌群落从地下向地上的迁移机制。Sieber 等的研究指出, *Acremonium* 和 *Sarocladium* 作为典型的内生真

菌,具备经由根系侵染并系统性向上输送至茎叶的能力^[23]。土壤中较高的 *Sarocladium* 和 *Acremonium* 丰度往往指示着适宜真菌定殖的根际环境或较高的土壤菌源负荷,从而协同促进了同样源于土壤的 *Plectosphaerella* 和 *Idriella* 对燕麦根系的侵染及向地上部分的累积。此外,燕麦中的 *Alternaria* 与土壤中的 *Sarocladium* 呈显著负相关, *Alternaria* 作为典型的田间附生真菌(Field fungi),在晾晒过程中面临来自土壤源真菌的竞争压力。土壤中的 *Sarocladium* 可能通过拮抗作用降低了燕麦中 *Alternaria* 的丰度,已有研究表明 *Sarocladium* 属真菌能产生具有抑菌活性的次级代谢产物,这可能直接抑制了 *Alternaria* 的增殖^[24]。

4 结论

本研究得出晾晒时间是影响饲用燕麦干草微生物安全的关键因素,晾晒超过2天会导致霉菌和好氧细菌数量显著超标。真菌群落动态分析揭示了子囊菌门和担子菌门为燕麦和表土中的优势菌群,且燕麦中布勒担孢酵母属(*Bulleromyces*)、帚枝霉属(*Sarocladium*)为优势菌属,而表土中帚枝霉属(*Sarocladium*)、链格孢属(*Alternaria*)为优势菌属,且相关性分析表明,表土中以 *Sarocladium* 和 *Acremonium* 为主导的潜在内生致病类群,转变为植物上 *Plectosphaerella* 和 *Idriella* 为主导的土传根腐病原菌群落,证明表土中的病原菌可能会流向植物中,证实晾晒期间表土真菌是饲用燕麦表面真菌的重要来源。因此,为了控制真菌微生物污染,最大限度减少燕麦与污染表土的接触时间,建议在生产实践中将饲用燕麦干草的晾晒时间严格限制在2天以内。

参考文献

- [1] 刘温. 燕麦-豌豆混播饲草型日粮调制对肉牛生产效率提升机制的研究[D]. 北京:中国农业科学院,2023:7-8
LIU W. Research on mechanism improving production efficiency of oats and peas on agronomic traits, silage quality and beef cattle performance[D]. Beijing: Chinese Academy of Agricultural Sciences, 2023: 7-8
- [2] YANG C J, MILLNER J P, SUN Y, et al. Supplementary feeding yak with oat hay improves nitrogen cycling in an alpine meadow on the Qinghai-Tibet Plateau, China[J]. Agricultural Systems, 2021(193): 103216
- [3] 宋超然,贾玉山,王志军,等. 紫花苜蓿盐碱地干燥过程中呼吸代谢和营养品质变化特征[J]. 草地学报, 2025, 33(11): 3621-3632

- SONG C R, JIA Y S, WANG Z J, et al. Changes in respiratory metabolism and nutritional quality of alfalfa during drying in saline-alkali land [J]. *Acta Agrestia Sinica*, 2025, 33 (11): 3621-3632
- [4] 单伶俐, 刘斌. 饲料中霉菌毒素的污染及防控措施[J]. *山东畜牧兽医*, 2017, 38(6): 74-75
- SHAN L L, LIU B. Contamination and control measures of mycotoxins in feed [J]. *Shandong Journal of Animal Science and Veterinary Medicine*, 2017, 38(6): 74-75
- [5] 臧玉红, 郭立达. 环境微生物[M]. 北京: 化学工业出版社, 2024: 290
- ZANG H D, GUO L D. Environmental microbiology [M]. Beijing: Chemical Industry Press, 2024: 290
- [6] 李树, 童莉葛, 王立. 减少苜蓿茎和叶干燥速率差异的实验研究[J]. *北京科技大学学报*, 2006(4): 383-387
- LI S, TONG L G, WANG L. Experimental research on decreasing the drying rate differences between stems and leaves of the alfalfa [J]. *Journal of University of Science and Technology Beijing*, 2006, 28(4): 383-387
- [7] 王旭哲. 紧实度及收获期对全株玉米青贮品质及霉菌毒素的影响研究[D]. 石河子: 石河子大学, 2019: 25-45
- WANG X Z. Effect of compaction density and harvest stage on quality and mycotoxins of whole plant corn silage [D]. Shihezi: Shihezi University, 2019: 25-45
- [8] STORM I M D, SORENSEN J L, RASMUSSEN R R, et al. Mycotoxins in silage [J]. *Stewart Postharvest Review*, 2008, 4 (6): 1-12
- [9] ECKARD S, WETTSTEIN F E, FORRER H, et al. Incidence of fusarium species and mycotoxins in silage maize [J]. *Toxins*, 2011, 3(8): 949-967
- [10] TELLER R S, SCHMIDT R J, WHITLOW L W, et al. Effect of physical damage to ears of corn before harvest and treatment with various additives on the concentration of mycotoxins, silage fermentation, and aerobic stability of corn silage [J]. *Journal of Dairy Science*, 2012, 95(3): 1428-1436
- [11] YUAN X, WEN A, WANG J, et al. Effects of ethanol, molasses and *Lactobacillus plantarum* on the fermentation quality, in vitro digestibility and aerobic stability of total mixed ration silages in the Tibetan plateau of China [J]. *Animal Science Journal*, 2016, 87(5): 681-689
- [12] GESUDU Q, ZHENG T Y, XI X, et al. Investigating bacterial population structure and dynamics in traditional koumiss from Inner Mongolia using single molecule real-time sequencing [J]. *Journal of Dairy Science*, 2016(10): 7852-7863
- [13] 全国饲料工业标准化技术委员会. GB 13078-2017 饲料卫生标准[S]. 北京: 中国标准出版社, 2017: 1-18
- National Technical Committee for Standardization of Feed Industry. GB 13078-2017 Feed hygiene standard [S]. Beijing: China Standards Press, 2017: 1-18
- [14] WIJAYAWARDENE N N, HYDE K D, LUMBSCH H T, et al. Outline of ascomycota; 2017 [J]. *Fungal diversity*, 2018, 88 (1): 167-263
- [15] CAO B, HAELEWATERS D, SCHOUTTETEN N, et al. Delimiting species in Basidiomycota: a review [J]. *Fungal Diversity*, 2021, 109(1): 181-237
- [16] KIM M S, PARK E J. Postharvest-induced microbiota remodeling increases fungal diversity in the phyllosphere mycobiota of broccoli florets [J]. *Postharvest Biology and Technology*, 2021 (181): 111693
- [17] PATRIARCA A. Alternaria in food products. *Current Opinion in Food Science*, 2016(11): 1-9
- [18] ZHAO L, LI H, LIU Z, et al. Quality changes and fungal microbiota dynamics in stored jujube fruits: insights from high-throughput sequencing for food preservation [J]. *Foods*, 2024, 13(10): 1473
- [19] ZHANG Z Y, CHEN W H, ZOU X, et al. Phylogeny and taxonomy of two new *Plectosphaerella* (Plectosphaerellaceae, Glomerellales) species from China [J]. *Mycology*, 2019, 57: 47
- [20] KWON Y M, CHOI H S, LIM J Y, et al. Characterization of amylolytic activity by a marine-derived yeast *Sporidiobolus pararoseus* PH-Gra1 [J]. *Mycobiology*, 2020, 48(3): 195-203
- [21] GORSHKOV V, OSIPOBA E, PONOMAREVA M, et al. Rye snow mold-associated *Microdochium nivale* strains inhabiting a common area: Variability in genetics, morphotype, extracellular enzymatic activities, and virulence [J]. *Journal of Fungi*, 2020, 6(4): 335
- [22] CHENG Y, ZHANG X, ZHANG W, et al. Microbial community structure and diversity of endophytic bacteria and fungi in the healthy and diseased roots of *Angelica sinensis*, and identification of pathogens causing root rot [J]. *Microorganisms*, 2025, 13(2): 417
- [23] SIEBER T N. Fungal root endophytes [M]//Plant Roots. CRC Press, 2002: 1369-1418
- [24] ROY A, AHUJA S, GARG S. Fungal secondary metabolites: Biological activity and potential applications [M]//Recent Trends in Mycological Research: Volume 1: Agricultural and Medical Perspective. Cham: Springer International Publishing, 2021: 159-188

(责任编辑 付 宸)