

doi:10.11733/j.issn.1007-0435.2026.08.034

引用格式:郑向丽,林平冬,颜明娟,等.不同添加剂对茶梗与蚕豆秸秆混合青贮品质及微生物群落结构的影响[J].草地学报,2026,34(8):3121-3130

ZHENG Xiang-li, LIN Ping-dong, YAN Ming-juan, et al. Effects of Various Additives on the Quality and Microbial Community Structure of Mixed Silage Composed of Tea Stems and Broad Bean Straw[J]. Acta Agrestia Sinica, 2026, 34(8):3121-3130

不同添加剂对茶梗与蚕豆秸秆混合青贮品质及微生物群落结构的影响

郑向丽¹, 林平冬², 颜明娟¹, 郑开斌¹, 陈鑫珠^{2*}

(1. 福建省农业科学院资源环境与土壤肥料研究所/福建省红壤山地农业生态过程重点实验室, 福建 福州 350013;

2. 福建省农业科学院畜牧兽医研究所, 福建 福州 350013)

摘要:为探究不同添加剂对茶(*Camellia sinensis*)梗和蚕豆(*Vicia faba*)秸秆混合青贮品质及微生物多样性的影响。试验将茶梗和蚕豆秸秆按2:8混合,设对照组(CK)和四个处理组(T₁:嗜酸乳杆菌、T₂:植物乳杆菌、T₃:枯草芽孢杆菌、T₄:植物乳杆菌+枯草芽孢杆菌),每组3个重复,青贮60天后分析感官质量、青贮品质及微生物多样性。结果表明:各处理组感官质量均优于CK;与CK相比,各处理组可溶性碳水化合物含量显著提高($P<0.05$),pH值显著降低($P<0.05$);T₂、T₃、T₄组粗蛋白含量显著升高($P<0.05$);T₁、T₂、T₄组乳酸/乙酸比值显著提升($P<0.05$)。微生物方面,T₁、T₂、T₄组某些乳杆菌属相对丰度显著降低($P<0.05$);T₄组PD_{whole_tree}和Shannon指数显著高于CK($P<0.05$);T₁、T₂、T₄组群落分布与可溶性碳水化合物含量和相对饲喂价值存在正相关关系。本研究表明,添加剂处理能够改善混合青贮品质,优化微生物群落,且不同菌剂在各评价维度表现各具优势。

关键词:蚕豆秸秆;茶梗;添加剂;混合青贮;青贮品质;微生物群落

中图分类号:S816.53

文献标识码:A

文章编号:1007-0435(2026)08-3121-10

Effects of Various Additives on the Quality and Microbial Community Structure of Mixed Silage Composed of Tea Stems and Broad Bean Straw

ZHENG Xiang-li¹, LIN Ping-dong², YAN Ming-juan¹, ZHENG Kai-bin¹, CHEN Xin-zhu^{2*}

(1. Institute of Resources, Environment and Soil Fertilizer, Fujian Academy of Agricultural Sciences/Fujian Key Laboratory of Agricultural Ecological Process of Red Soil Mountain, Fuzhou, Fujian Province 350013, China; 2. Institute of Animal Husbandry and Veterinary Medicine, Fujian Academy of Agricultural Sciences, Fuzhou, Fujian Province 350013, China)

Abstract: To investigate the effects of various additives on the quality and microbial diversity of mixed silage prepared from tea stems (*Camellia sinensis*) and broad bean straw (*Vicia faba*), mixed at a ratio of 2:8, the experiment comprised one control group (CK) and four treatment groups: T₁ (with *Lactobacillus acidophilus* added), T₂ (with *Lactobacillus plantarum* added), T₃ (with *Bacillus subtilis* added), and T₄ (with a mixture of *Lactobacillus plantarum* and *Bacillus subtilis* added), with three replicates per group. After 60 days of ensiling, the sensory quality, ensiling quality and microbial diversity were analyzed. Results indicated that all the additive treatments significantly improved sensory scores compared to CK ($P<0.05$). Compared with CK, all treatment groups exhibited significantly higher concentrations of water-soluble carbohydrates (WSC) and significantly lower pH values ($P<0.05$). Crude protein content increased significantly in T₂, T₃, and T₄ ($P<0.05$), while the lactate-to-acetate ratio was significantly elevated in T₁, T₂, and T₄ ($P<0.05$). Microbial

收稿日期:2025-09-09;修回日期:2025-12-01

基金项目:福建省属公益类科研院所专项(2023R1019001)资助

作者简介:郑向丽(1978-),女,汉族,福建莆田人,副研究员,硕士,主要从事农业副产物资源综合利用研究,E-mail:hhuadi@163.com;

*通信作者 Author for correspondence, E-mail:010622051@163.com

profiling revealed a significant reduction in the relative abundance of certain *Lactobacillus* operational taxonomic units (OTUs) in T_1 , T_2 , and T_4 —suggesting potential niche competition or functional redundancy among lactic acid bacteria ($P < 0.05$). Notably, the T_4 group displayed significantly greater phylogenetic diversity (PD_whole_tree index) and alpha diversity (Shannon index) than CK ($P < 0.05$). Furthermore, principal coordinate analysis indicated that bacterial community composition in T_1 , T_2 , and T_4 correlated positively with both WSC content and relative feed value (RFV). Collectively, these findings demonstrate that microbial additives enhance silage fermentation quality and reshape the silage microbiome; moreover, distinct additives confer complementary benefits across key quality and ecological metrics.

Key words: Broad bean straw; Tea stem; Additives; Mixed silage; Silage quality; Microbial community

茶(*Camellia sinensis*)梗是茶叶加工过程中的主要副产品,富含纤维素、半纤维素及多酚类化合物,在农业资源利用中常被视为潜在饲料原料。蚕豆(*Vicia faba*)秸秆作为豆科作物收获后的残余物,含有较高的粗蛋白和矿物质。但由于豆科牧草缓冲能值高,单一青贮发酵效率低,难以达到优质青贮水平,尤其秸秆类原料纤维含量较高,直接青贮会出现青贮后草料品质下降的情况,可通过优化青贮条件如使用青贮添加剂或与其他原料混合青贮来提高青贮品质^[1-3]。

近年来,混合青贮技术因其能优化原料营养互补性、提升发酵效率而受到广泛关注。如Fang等^[4]认为,全株藜麦(*Chenopodium quinoa*)单独青贮发酵质量差,饲草的营养价值降低,而将全株藜麦与低含水量的材料共同青贮可有利于生产优质的全株藜麦青贮。张琴琴等^[5]研究表明,将芹菜(*Apium graveolens*)尾菜和玉米(*Zea mays*)秸秆以2:1比例混合青贮,可以改善青贮感官质量,提高青贮发酵品质。Chen等^[6]研究发现,以3:7的比例将油菜(*Brassica napus*)和豆科牧草苜蓿(*Medicago sativa*)进行混合青贮可提高青贮发酵和营养质量。茶梗与蚕豆秸秆按比例混合可弥补单一原料的不足,如茶梗的多酚能抑制有害微生物,而蚕豆秸秆提供充足可发酵底物,但混合青贮过程中仍面临pH值波动、乳酸菌活性不足及微生物群落失衡等问题。

添加剂的应用被证明能有效调控青贮环境,例如乳酸菌制剂可加速产酸,芽孢杆菌类添加剂则增强蛋白保存能力,进而改善整体品质^[7-9]。然而,现有文献多聚焦单一添加剂对典型禾本科或豆科青贮的影响,针对茶梗与豆科秸秆混合体系的系统研究较少,尤其在微生物多样性层面缺乏深入分析。本研究选用的乳酸菌为同型发酵乳酸菌,包括嗜酸乳杆菌(*Lactobacillus acidophilus*)和植物乳杆菌(*Lactobacillus plantarum*),这两种菌株在青贮添加剂中应用广泛,但其代谢特性和环境适应性有所不同。嗜酸乳杆菌具有较强的耐酸能力和快速产酸

特性,适用于初期快速降低pH值;植物乳杆菌则具有良好的底物利用广谱性,能有效利用多种碳水化合物进行同型乳酸发酵,提升乳酸比例并抑制不良发酵。此外,植物乳杆菌能够促进多酚生物转化,提高其生物可及性,适合用于含茶多酚的茶梗体系^[10]。枯草芽孢杆菌(*Bacillus subtilis*)则主要通过分泌蛋白酶和抗菌物质,减少蛋白质降解、抑制腐败微生物,与乳酸菌形成功能互补。

因此,本研究通过单一及复合添加的方式,系统比较不同微生物组合在茶梗与蚕豆秸秆混合体系中的调控效果,优化茶梗与蚕豆秸秆混合青贮工艺,为农业废弃物高值化利用提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 试验材料

试验所用的茶梗取自福建省寿宁县南阳镇龟岭村的茶园长期定位试验基地(27°43'N, 119°40'E),茶树品种为‘金牡丹’,2024年春茶采摘经加工制成毛茶后,在精制过程中筛分出的;蚕豆秸秆取自福建省连江县官坂镇浮泉村农场,2024年春季蚕豆采摘结束后刈割。茶梗和蚕豆秸秆青贮前的主要营养成分见表1,试验所用微生物添加剂(菌剂)的种类、来源及添加量见表2。

1.2 试验设计

试验设一个对照组(CK,仅加蒸馏水)和四个处理组: T_1 (嗜酸乳杆菌)、 T_2 (植物乳杆菌)、 T_3 (枯草芽孢杆菌)、 T_4 (植物乳杆菌+枯草芽孢杆菌),每组3个重复,菌剂添加量均为 10^9 cfu·kg⁻¹。

在前期预试验的基础上,以茶梗+蚕豆秸秆为原料,按2:8的比例混合青贮(含水量为63%),蚕豆秸秆刈割后切成2~3 cm的小段按比例与茶梗混合均匀后,每组称取1.5 kg的混合料,将添加剂均匀喷洒在各处理组原料中,CK组喷洒等量蒸馏水,充分混匀后

表 1 茶梗和蚕豆秸秆青贮前的原料特性

Table 1 Characteristics of raw materials of tea stems and broad bean straw before silage

项目 Items	蚕豆秸秆 Broad bean straw	茶梗 Tea stem	项目 Items	蚕豆秸秆 Broad bean straw	茶梗 Tea stem
干物质 DM/%FW	21.3	100	氨基酸 Amino acid/%DM	5.1	12.0
粗蛋白 CP/%DM	9.3	20.7	钙 Ca/%DM	0.5	0.1
中性洗涤纤维 NDF/%DM	45.4	43.3	磷 P/%DM	0.3	0.2
酸性洗涤纤维 ADF/%DM	34.0	33.9	茶多酚 TP/%DM	/	2.3
可溶性碳水化合物 WSC/%DM	14.7	4.7	咖啡碱 Caf/%DM	/	1.8
粗脂肪 EE/%DM	1.0	1.2	水浸出物 WSE/%DM	/	33.8
粗纤维 CF/%DM	24.4	13.1	总皂苷 Total saponins/%DM	2.0	/
粗灰分 CA/%DM	6.6	3.6	茶皂 Tea saponin/%DM	/	16.7

注:DM为干物质,FW为鲜重

Note: DM means dry matter, FW means fresh weight

表 2 青贮试验所用微生物添加剂(菌剂)的来源与添加量

Table 2 Source and addition amount of microbial additives (inoculants) used in the silage experiment

微生物菌剂 Microbial inoculants	来源与添加量 Source and addition amount
嗜酸乳杆菌 <i>Lactobacillus acidophilus</i>	优贮宝 II 型(广州市微生物研究所),载体为乳糖和葡萄糖;添加量 10^9 cfu·kg ⁻¹ Youzhubao Type II (Guangzhou Institute of Microbiology) utilizing lactose and glucose as carriers; addition amount: 10^9 cfu·kg ⁻¹
植物乳杆菌 <i>Lactobacillus plantarum</i>	试验室培养,添加量 10^9 cfu·kg ⁻¹ Laboratory culture, addition amount: 10^9 cfu·kg ⁻¹
枯草芽孢杆菌 <i>Bacillus subtilis</i>	试验室培养,添加量 10^9 cfu·kg ⁻¹ Laboratory culture, addition amount: 10^9 cfu·kg ⁻¹

每组均分成 3 份(每份 0.5 kg)装入青贮袋,在室温下青贮发酵 60 d 后开袋取样(一式 3 份)分析。

1.3 测定指标

1.3.1 感官质量评定 参照德国农业协会(Deutsche landwirtschafts-gesellschaft, DLG)青贮质量感官评分等级方法^[11],从色泽、气味、结构 3 个方面对茶梗和蚕豆秸秆混合青贮感官质量进行评定,满分 20 分。等级划分:1 级(16~20 分,优良)、2 级(10~15 分,尚好)、3 级(5~9 分,中等)、4 级(0~4 分,腐败)。

1.3.2 营养价值测定 青贮结束后开袋取样。称取 150 g 样品置于 65℃烘箱中持续烘干至恒重,测定其干物质(Dry matter, DM)含量;干燥样品进一步粉碎后用于测定粗蛋白(Crude protein, CP)(测定方法参照 GB/T 6432-2018)、中性洗涤纤维(Neutral detergent fiber, NDF)和酸性洗涤纤维(Acid detergent fiber, ADF)(测定方法分别参照 GB/T 20806-2022 和 NY/T 1459-2022);采用蒽酮-硫酸法测定可溶性碳水化合物(Water soluble carbohydrates, WSC)^[12];计算相对饲喂价值(Relative feed value, RFV), $RFV=120/NDF \times (88.9-0.779ADF)/1.29$ 。

1.3.3 发酵品质测定 取 20 g 青贮样品加 80 mL 蒸馏水,4℃浸提 24 h 后过滤,测定滤液的 pH 值;将滤液高速离心后留取上层清液,采用高效液相色谱法(大连依利特分析仪器有限公司)测定乳酸(Lactic acid, LA)和乙酸(Acetic acid, AA)的含量,

并计算 LA/AA 的比值;采用凯氏定氮法(FOSS Kjeltac™ 8400 全自动凯氏定氮仪)测定氨态氮(NH₃-N)和总氮(Total nitrogen, TN)的含量,并计算 NH₃-N/TN 的比值。

1.3.4 微生物群落结构分析 采用 DNA 提取试剂盒(美国 Omega Bio-tek 公司)提取青贮样品的微生物 DNA;通过 PCR 对细菌的 16S V3-V4 区进行扩增(引物:341F 5'-CCTAYGGGRBGCASCAG-3', 806R 5'-GGACTACNNGGGTWTCTAAT-3');PCR 产物纯化后利用 Qubit® 3.0 (Life Invitrogen 公司)进行定量;按照 Illumina 公司的基因组 DNA 文库制备流程构建 Illumina 双端测序文库并测序(上海凌恩生物科技有限公司)。应用 fastp 软件处理原始数据,经质控、去嵌合体,获得有效数据用于物种注释和多样性分析。

1.4 数据统计分析

所有数据采用 SPSS 20.0 软件进行统计分析。感官质量、营养成分、发酵品质指标以及微生物多样性数据的组间差异,均通过单因素方差分析(One-way ANOVA)进行检验。若处理组间差异显著($P<0.05$),则采用 Duncan's 多重比较法进行事后分析。微生物数据分析使用 QIIME 软件,Alpha 多样性基于操作性分类单元(Operational taxonomic units, OTUs)计算,主坐标分析(Principal co-ordinates analysis, PCoA)和相关性分析在 R 软件中完成。

2 结果与分析

2.1 添加剂对茶梗与蚕豆秸秆混合青贮感官质量的影响

经过 60 d 的青贮发酵,各组青贮料品质均良

好,未出现霉变情况。感官质量评定结果如表 3 所示,CK 组总分为 15 分,属 2 级(尚好);各处理组评分 18~20 分,均达 1 级(优良),表明添加剂显著改善了茶梗与蚕豆秸秆混合青贮的感官接受性。

表 3 感官质量评定结果

Table 3 Sensory quality evaluation results

项目 Items	色泽 Color		气味 Smell		结构 Texture		综合评价 Comprehensive evaluation	
	描述 Description	得分 Score	描述 Description	得分 Score	描述 Description	得分 Score	总分 Total score	等级 Grade
CK	棕偏暗褐色 Dark brownish-tan	1	酸味明显,带茶清香 SHASHTF	10	茎叶结构保持良好,搅拌完松散 GSLSTL	4	15	2
T ₁	棕褐色 Tan	2	酸香舒适,带茶清香 CASHTF	14	茎叶结构保持良好,搅拌完松散 GSLSTL	4	20	1
T ₂	棕褐色 Tan	2	酸香舒适,带茶清香 CASHTF	14	茎叶结构保持良好,搅拌完松散 GSLSTL	4	20	1
T ₃	棕褐色 Tan	2	酸香较淡,带茶清香 CASHTF	12	茎叶结构保持良好,搅拌完松散 GSLSTL	4	18	1
T ₄	棕褐色 Tan	2	酸香舒适,带茶清香 CASHTF	14	茎叶结构保持良好,搅拌完松散 GSLSTL	4	20	1

注:表中 CK 为对照组, T₁ 为嗜酸乳杆菌组, T₂ 为植物乳杆菌组, T₃ 为枯草芽孢杆菌组, T₄ 为植物乳杆菌+枯草芽孢杆菌组。下同 SHASHTF:酸味明显,带茶清香;CASHTF:酸香舒适,带茶清香;GSLSTL:茎叶结构保持良好,搅拌完松散

Note: In the table, CK denotes the control group, T₁ denotes the *Lactobacillus acidophilus* group, T₂ denotes the *Lactobacillus plantarum* group, T₃ denotes the *Bacillus subtilis* group, and T₄ denotes the combination group of *Lactobacillus plantarum* and *Bacillus subtilis*. The same as below SHASHTF: Slight harsh acid smell with a hint of tea fragrance; CASHTF: Comfortable acid smell with a hint of tea fragrance; GSLSTL: Good stem and leaf structure, Stirred loose (GSLSTL)

2.2 添加剂对茶梗与蚕豆秸秆混合青贮营养成分的影响

由表 4 可知,与 CK 组相比, T₂、T₃、T₄ 组的 CP 含量均显著升高($P<0.05$),各处理组的 WSC 含量

均显著提高($P<0.05$),但各组间的 DM、NDF、ADF 含量及 RFV 无显著差异。以上结果说明,不同添加剂处理对茶梗与蚕豆秸秆混合青贮中 CP 和 WSC 的影响较为明显。

表 4 添加剂对青贮营养成分的影响

Table 4 Effects of additives on nutritional components of silage

项目 Items	干物质 DM/%FW	粗蛋白 CP/%DM	中性洗涤纤维 NDF/%DM	酸性洗涤纤维 ADF/(%DM)	可溶性碳水化合物 WSC/(%DM)	相对饲喂价值 RFV
CK	39.82±0.99 ^a	17.30±0.53 ^c	51.36±2.74 ^a	40.72±1.63 ^a	1.54±0.15 ^c	103.84±7.92 ^a
T ₁	39.45±0.25 ^a	17.78±0.15 ^{bc}	49.32±1.22 ^a	39.47±0.94 ^a	2.36±0.10 ^b	109.75±4.13 ^a
T ₂	39.66±0.98 ^a	18.39±0.03 ^a	49.33±3.66 ^a	37.84±3.33 ^a	2.46±0.16 ^b	112.72±13.55 ^a
T ₃	38.79±0.35 ^a	18.14±0.25 ^{ab}	51.54±2.08 ^a	39.08±0.66 ^a	2.38±0.44 ^b	105.65±4.93 ^a
T ₄	39.94±0.52 ^a	18.07±0.12 ^{ab}	48.33±1.28 ^a	37.87±1.84 ^a	3.11±0.04 ^a	114.42±5.71 ^a

注:同列不同小写字母表示差异显著($P<0.05$),下同

Note: Different lowercase letters in the same column mean significant different($P<0.05$), the same as below

2.3 添加剂对茶梗与蚕豆秸秆混合青贮发酵品质的影响

由表 5 可知,各添加剂处理组的 pH 值均较 CK 组显著降低($P<0.05$);与 CK 组相比,各添加剂处理组的 LA 含量均有不同程度的提高,AA 含量无明显变化,但 T₁、T₂ 和 T₄ 组的 LA/AA 比值显著高于 CK 组($P<0.05$)。这些结果表明,添加剂处理对茶梗和蚕豆秸秆混合青贮发酵品质的影响主要是降低 pH 值和促进 LA 产生,其中添加植物乳杆菌处理对茶梗与蚕豆秸秆混合青贮发酵品质的改善效果相对更好。

2.4 添加剂对茶梗与蚕豆秸秆混合青贮微生物群落结构的影响

2.4.1 茶梗与蚕豆秸秆混合青贮菌群的物种分布情况 (1)在属水平上(图 1),相对丰度排名前 10 的微生物为乳植杆菌属(*Lactiplantibacillus*)、弧菌状单胞菌属(*Vibrionimonas*)、罗河杆菌属(*Rhodanobacter*)、中慢生根瘤菌属(*Mesorhizobium*)、慢生根瘤菌属(*Bradyrhizobium*)、分歧杆菌属(*Mycobacterium*)、沉积物杆菌属(*Asinibacterium*)、伴生乳杆菌属(*Companilactobacillus*)、甲基杆菌属(*Methylovirgula*)和促生乳杆菌属(*Levilactobacillus*),这是茶梗与蚕豆秸秆混合青贮的优势菌群;其中, T₃ 组乳植杆菌属的总相对丰度最高,为 37.48%。

表 5 添加剂对青贮发酵品质的影响

Table 5 Effects of additives on fermentation quality of silage

项目 Items	pH 值	乳酸 LA/(%DM)	乙酸 AA/(%DM)	乳酸/乙酸 LA/AA	氨态氮/总氮 NH ₃ -N/TN/(%DM)
CK	3.75±0.01 ^a	1.54±0.18 ^b	0.29±0.03 ^a	5.50±0.78 ^c	13.98±0.60 ^{ab}
T ₁	3.64±0.01 ^c	1.97±0.69 ^{ab}	0.29±0.01 ^a	6.84±2.55 ^b	11.76±2.78 ^b
T ₂	3.64±0.01 ^c	2.29±0.20 ^a	0.28±0.03 ^a	8.10±0.32 ^a	14.30±0.83 ^a
T ₃	3.73±0.01 ^b	1.60±0.15 ^b	0.28±0.01 ^a	5.64±1.06 ^c	13.90±0.44 ^{ab}
T ₄	3.64±0.01 ^c	1.87±0.16 ^{ab}	0.27±0.02 ^a	6.98±1.12 ^b	13.36±0.47 ^{ab}

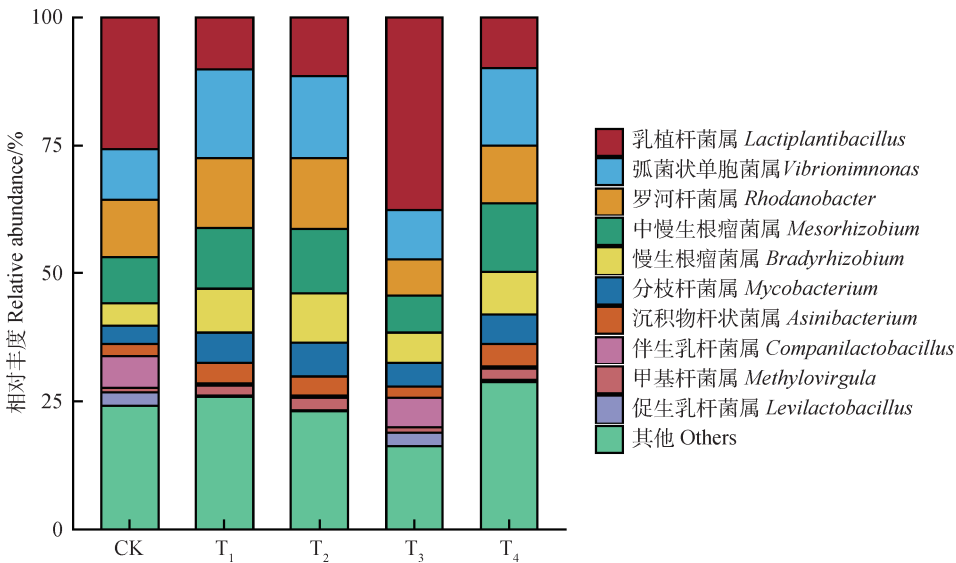


图 1 茶梗与蚕豆秸秆混合青贮的优势菌属

Fig. 1 The dominant bacterial genera in mixed silage composed of tea stems and broad bean straws

注:图中CK为对照组,T₁为嗜酸乳杆菌组,T₂为植物乳植杆菌组,T₃为枯草芽孢杆菌组,T₄为植物乳植杆菌+枯草芽孢杆菌组。下同
Note: In the figure, CK denotes the control group, T1 denotes the *Lactobacillus acidophilus* group, T2 denotes the *Lactobacillus plantarum* group, T3 denotes the *Bacillus subtilis* group, and T4 denotes the combination group of *Lactobacillus plantarum* and *Bacillus subtilis*. The same as below

(2)由图2可知,在茶梗与蚕豆秸秆混合青贮的优势菌群中,T₁、T₂和T₄组的伴生乳杆菌属、乳植杆菌属和促生乳杆菌属的相对丰度显著低于CK组($P<0.05$),T₃组与CK组无显著差异;其余菌属无组间差异显著性。

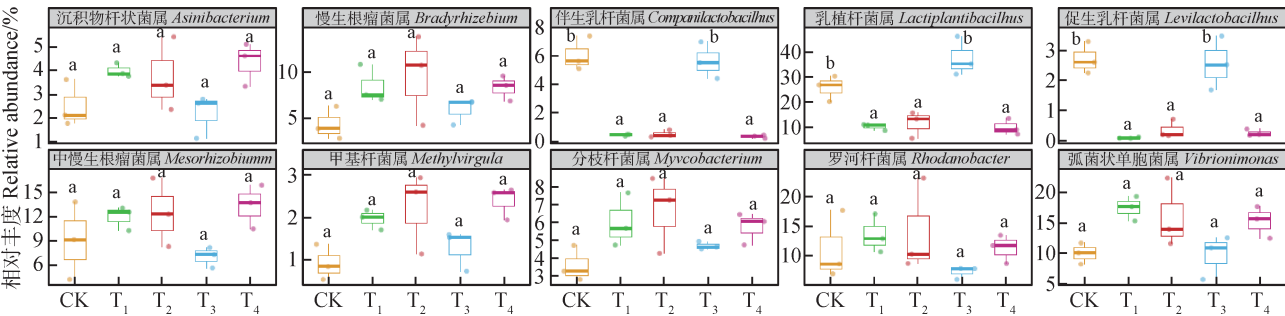


图 2 茶梗与蚕豆秸秆混合青贮微生物在属水平上的比较分析

Fig. 2 Comparative analysis of microbial communities in the mixed silage of tea stems and broad bean straws at the genus level

注:不同小写字母表示处理间差异显著($P<0.05$),下同
Note: Different lowercase letters indicate significant differences among treatments ($P<0.05$), the same as below

(3)由图3可以看出,乳植杆菌属主要在CK组和T₃组聚集,并以T₃组分布密度更大,其余菌群在各组间的分布相对一致。

2.4.2 茶梗和蚕豆秸秆混合青贮菌群 Alpha 多样性分析
Alpha多样性指数用于表示样品中物种分布的多样性和均匀性,包括观测到的 OTUs 数目

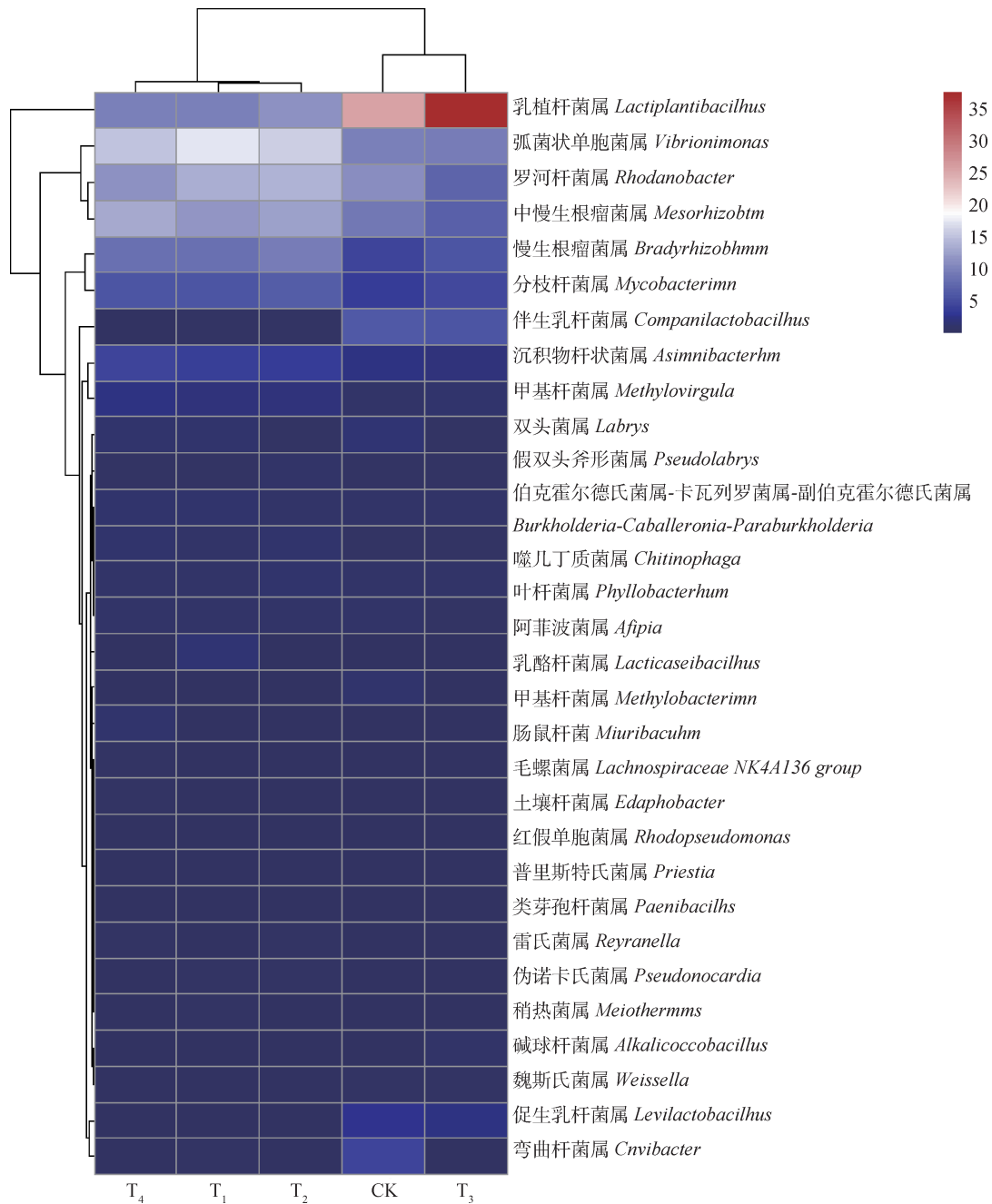


图3 茶梗与蚕豆秸秆混合青贮微生物在属水平上的物种聚类热图

Fig. 3 Heatmap of microbial communities in mixed silage of tea stems and broad bean straws at the genus level

(Observed_species)、Pielou 均匀度(J)指数、Shannon 指数、Simpson 指数等^[13]。图 4 显示, T_4 组的 Pielou_J 和 Shannon 指数均显著高于 CK 组和其他添加剂处理组 ($P < 0.05$), 说明植物乳杆菌与枯草芽孢杆菌联合处理可以提升茶梗与蚕豆秸秆混合青贮的物种丰富度和群落多样性。

2.4.3 茶梗和蚕豆秸秆混合青贮菌群 Beta 多样性分析 采用主坐标分析(PCoA)对不同样本的群落结构相似性进行评估^[14](图 5)。分析结果表明, T_3 组的微生物群落与 CK 组部分区域存在重叠, 说明

添加枯草芽孢杆菌处理对茶梗与蚕豆秸秆混合青贮的菌群结构未造成显著改变; 而 T_1, T_2, T_4 组的菌群区域相互重叠, 但均与 CK 组可明显区分, 表明这三组与 CK 组在 PC1、PC2 上的群落样本均存在明显差异。此外, 第一主坐标对样本间差异的贡献率约为 53%, 第二主坐标对样本间差异的贡献率约为 13%。

2.4.4 环境因子分析 通过冗余分析(RDA)(图 6)可知, 茶梗与蚕豆秸秆混合青贮微生物群与环境因子 WSC, RFV, $\text{NH}_3\text{-N}$, TN, $\text{NH}_3\text{-N}/\text{TN}$ 之间存

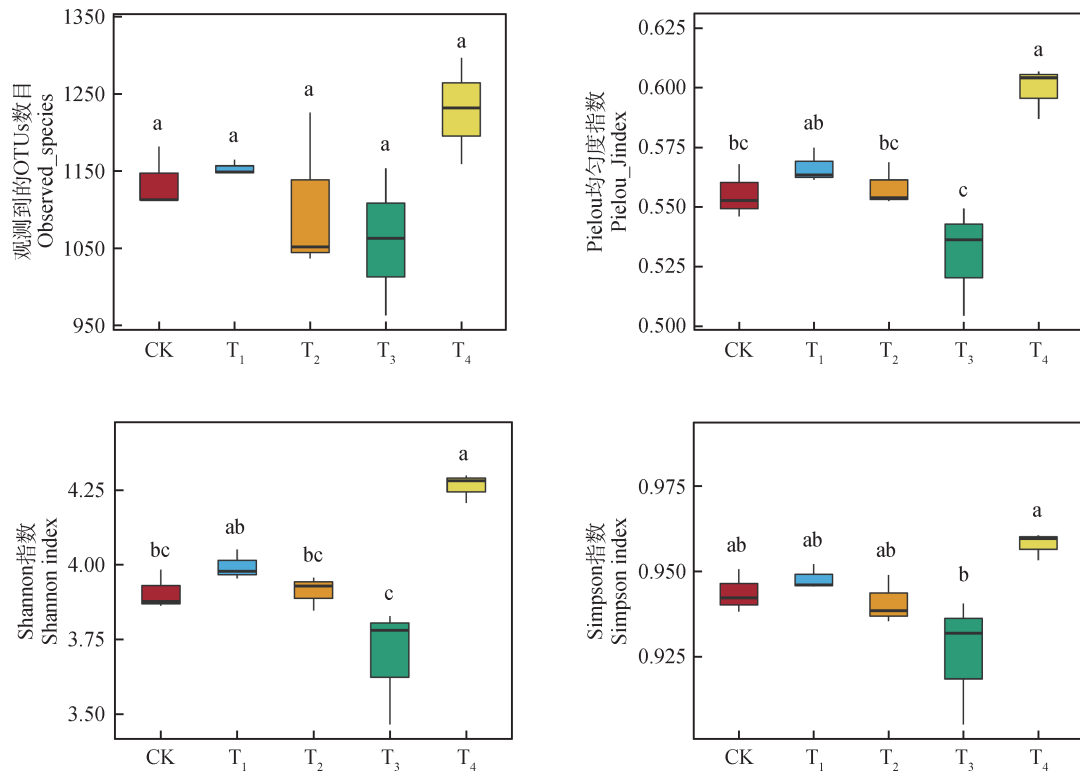


图 4 茶梗与蚕豆秸秆混合青贮微生物的 Alpha 多样性指数

Fig. 4 Alpha diversity indices of microbial communities in mixed silage of tea stems and broad bean straws

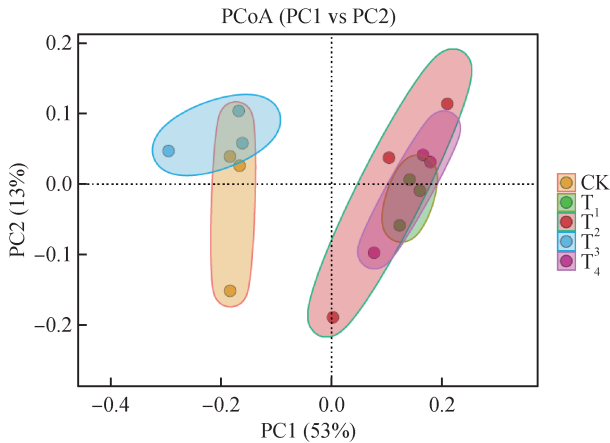


图 5 茶梗与蚕豆秸秆混合青贮微生物的 PCoA 图

Fig. 5 PCoA plot depicting the microbial community composition in the mixed silage of tea stems and broad bean straws

在相关性。具体而言, WSC 含量和 RFV 与第一排序轴 RDA1 呈正相关关系, $\text{NH}_3\text{-N}$, TN 及 $\text{NH}_3\text{-N}/\text{TN}$ 与 RDA1 呈负相关关系, 这表明 WSC 含量和 RFV 是影响微生物群落结构的主要正向环境因子, 而 $\text{NH}_3\text{-N}$, TN, $\text{NH}_3\text{-N}/\text{TN}$ 是主要的负向环境因子。在菌属层面, T_1 , T_2 , T_4 组样本的微生物群落分布在第一排序轴 RDA1 的正向区域, 表明这些菌属的生长和丰度可能受益于较高的 WSC 含量和 RFV。CK 组和 T_3 组样本的微生物群落明显聚集在代表高

$\text{NH}_3\text{-N}$ 、TN 及 $\text{NH}_3\text{-N}/\text{TN}$ 的区域, 而与较高的 WSC 含量和 RFV 表现出一定的负相关性。

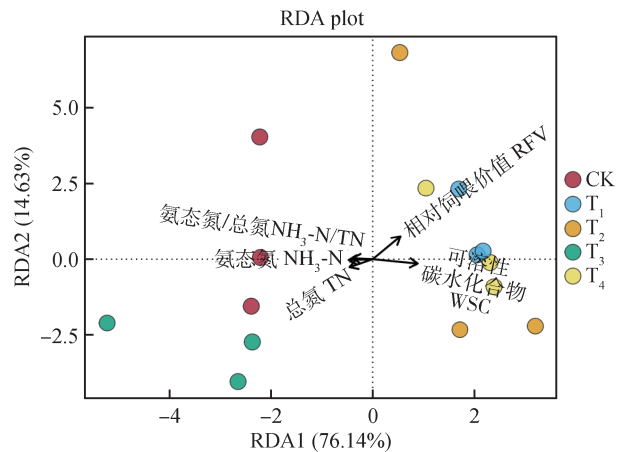


图 6 环境因子冗余分析

Fig. 6 Redundancy analysis of environmental factors

3 讨论

本研究系统评价了不同微生物添加剂对茶梗与蚕豆秸秆混合青贮品质及微生物群落结构的影响。结果表明, 添加剂处理不仅显著改善了青贮料的感官质量, 还优化了其营养组成、发酵特性及菌群结构, 说明微生物添加剂在调控非传统青贮原料发酵过程中具有重要作用。

3.1 添加剂对青贮感官质量的影响

本研究结果显示,所有添加剂处理组青贮料在感官评定中均达到1级优良标准,显著优于对照组。这与高文婧等^[15]在研究油菜与水稻秸秆混合青贮,以及罗俊杰等^[16]在研究苜蓿与羊草混合青贮时的发现一致,这些研究指出,添加乳酸菌制剂能有效改善青贮料的气味、色泽和质地。本研究中, T_1 、 T_2 和 T_4 组青贮料气味“酸香舒适,带茶清香”,说明添加乳酸菌类制剂有助于形成典型的乳酸发酵风味,而茶梗中的多酚类物质也可能在一定程度上抑制了不良微生物的生长,共同提升了青贮的感官接受性。

3.2 添加剂对青贮营养成分的影响

CP含量是评价混合青贮饲料的重要指标,本研究中 T_2 、 T_3 、 T_4 组的CP含量均显著高于CK组,这主要与添加植物乳植杆菌和枯草芽孢杆菌抑制了腐败菌对蛋白质的降解有关。WSC是维持青贮发酵的主要能量来源,对于混合青贮的保存至关重要^[17]。本研究中,各添加剂处理组的WSC含量均显著高于CK组,这与Zhu等^[18]研究结果相似。发酵过程中WSC含量的升高,一方面可能与添加剂中乳酸菌对纤维素的降解作用有关^[16]。另一方面,WSC作为乳酸菌的发酵底物虽然会被快速消耗以迅速降低pH值来抑制腐败菌,但非完全耗尽^[19-20];当微生物对WSC的消耗速率与其通过纤维降解的补充速率达到了一个相对平衡点,甚至在某些阶段补充大于消耗时,WSC含量则出现升高的现象。Chen等^[6]在油菜与苜蓿混合青贮中也发现,添加乳酸菌可提高WSC含量并促进乳酸发酵。尽管NDF和ADF在各组间无显著差异,但 T_2 和 T_4 组的ADF数值略有下降趋势,说明植物乳植杆菌可能在纤维降解中发挥一定作用。

3.3 添加剂对青贮发酵品质的影响

pH值和有机酸含量是衡量发酵品质的关键指标,也是评估发酵状态的重要依据^[21]。本研究发现CK组的发酵终点pH值降至较低水平。这可能是因为茶梗的WSC含量较高,其加入为发酵体系提供了优质的发酵底物和抗菌物质,使整个青贮体系具有同型乳酸发酵基础,能够快速产酸,降低pH值。在此基础上,添加剂处理进一步提高了LA含量及LA/AA比值,尤其 T_2 组提升水平显著。LA

是青贮发酵中最重要的有机酸,其含量的增加通常意味着更充分的同型乳酸发酵。本研究中 T_2 组LA/AA比值最高,说明外源添加乳酸菌促进了更高效的同型乳酸发酵,并抑制了AA途径,增加了LA相对于其他发酵产物的比例,这有助于提高青贮能值并改善适口性^[9]。 T_3 组在pH值和LA/AA比值方面的改善效果不及其他乳酸菌处理组,说明单一枯草芽孢杆菌在促进乳酸发酵方面的作用有限,但其在蛋白质保存和微生物多样性方面的作用仍不可忽视。

3.4 添加剂对微生物群落结构的影响

在属水平上,乳植杆菌属为各组优势菌群,其中 T_3 组其相对丰度最高,而 T_1 、 T_2 和 T_4 组中乳植杆菌属的相对丰度低于CK组。Lei等^[22]研究苜蓿中添加茶渣进行青贮时发现,无论添加茶渣如何影响青贮样品的细菌结构,乳植杆菌属均是属水平上的主要优势菌群。由此看来,茶梗的存在让CK组仍有较高的乳植杆菌属丰度,而外源添加的强势菌种通过创造一个极度酸性的环境,不仅抑制了有害菌,也“过筛”般地抑制了部分竞争力较弱的天然乳酸菌,从而在最终群落结构中表现为乳植杆菌属相对丰度的降低。Alpha多样性分析显示, T_4 组的Pielou_J和Shannon指数均显著高于其他组,说明复合菌剂处理有助于维持更高的物种丰富度和群落均匀性。这可能源于两种菌在代谢功能上的互补性:植物乳植杆菌主导乳酸发酵,枯草芽孢杆菌则可能通过产生抗菌物质或酶类,抑制腐败菌,促进多菌共生^[23-24]。Beta多样性(PCoA)分析进一步表明, T_1 、 T_2 和 T_4 组的菌群结构与CK组和 T_3 组明显分离,说明乳酸菌的添加显著改变了微生物群落组成,而枯草芽孢杆菌单独使用对菌群结构影响较小。

3.5 环境因子与微生物群落的关系

RDA分析表明,WSC和RFV与 T_1 、 T_2 、 T_4 组样本的菌群分布呈正相关,而 $\text{NH}_3\text{-N/TN}$ 等指标与CK组和 T_3 组相关。这说明高WSC含量和良好的RFV有助于促进乳酸菌的生长,进而优化发酵过程;相反,高 $\text{NH}_3\text{-N/TN}$ 通常反映蛋白质降解程度较高,可能与不良发酵或腐败相关菌群的活动有关。这些结果表明,环境因子是驱动青贮微生物群落演替的关键因素^[25]。

综上所述,植物乳杆菌单独或与枯草芽孢杆菌联用能有效优化茶梗和蚕豆秸秆混合青贮的综合品质,其机制不仅在于促进产酸和降低pH,还可能通过调节微生物群落功能来实现营养保存与发酵效率的双重提升。未来研究可进一步探索添加剂剂量优化及长期储存中菌群动态机制。

4 结论

本研究结果表明:添加剂处理可有效提升茶梗与蚕豆秸秆混合青贮的感官品质,显著降低青贮料pH值;尤其,植物乳杆菌处理能显著提高乳酸/乙酸比值,通过促进同型发酵主导的乳酸积累优化发酵途径,从而大幅提升混合青贮的发酵效率;而植物乳杆菌与枯草芽孢杆菌联用在增强微生物多样性方面表现更具优势。实际应用中推荐优先选用植物乳杆菌或与其与枯草芽孢杆菌的复合添加剂,以协同提升茶梗和蚕豆秸秆混合青贮的综合品质。

参考文献

- [1] 高立芳,徐远东. 蚕豆秸秆青贮前后营养成分及饲用价值比较研究[J]. 畜禽业,2024,35(3):11-14
GAO L F, XU Y D. Comparative study on nutritional components and feeding value of broad bean straw before and after silage[J]. Livestock and Poultry Industry, 2024, 35(3): 11-14
- [2] 赵小雪,王仕玉,郭凤根,等. 乳酸菌及纤维素酶对不同藜麦秸秆青贮发酵品质的影响[J]. 草地学报,2022,30(10):2827-2833
ZHAO X X, WANG S Y, GUO F G, et al. Effects of lactic acid bacteria and cellulase on fermentation quality of straw silage of different *Chenopodium quinoa* willd[J]. Acta Agrestia Sinica, 2022, 30(10): 2827-2833
- [3] 吴婷婷,周嘉欣,黄浩展,等. 牧草混合青贮技术及其在动物生产中的应用[J]. 中国饲料,2024(15):150-154
WU T T, ZHOU J X, HUANG H Z, et al. Forage grass mixed silage technology and its application in animal production[J]. China Feed, 2024(15): 150-154
- [4] FANG D, DONG Z H, WANG D L, et al. Evaluating the fermentation quality and bacterial community of high-moisture whole-plant quinoa silage ensiled with different additives[J]. Journal of Applied Microbiology, 2022, 132(5): 3578-3589
- [5] 张琴琴,张扬,王虎成,等. 尾菜和玉米秸秆混合青贮的营养特性和发酵品质研究[J]. 动物营养学报,2025,37(6):4176-4187
ZHANG Q Q, ZHANG Y, WANG H C, et al. Study of nutritional characteristics and fermentation quality of vegetable waste and corn stalk mixed silage[J]. Chinese Journal of Animal Nutrition, 2025, 37(6): 4176-4187
- [6] CHEN S W, WAN C, MA Y J, et al. Study on the quality of mixed silage of rapeseed with alfalfa or *Myriophyllum* [J]. International Journal of Environmental Research and Public Health, 2023, 20(5): 3884
- [7] 苏晓芹,程雨辰,张力莉,等. 微生物添加剂在玉米青贮中的应用研究进展[J]. 饲料研究,2025,48(7):161-164
SU X Q, CHENG Y C, ZHANG L L, et al. Research progress on application of microbial additives in corn silage[J]. Feed Research, 2025, 48(7): 161-164
- [8] 宋琦,王茜. 不同微生物添加剂对构树青贮感官评分、营养成分、发酵品质及有氧稳定性的影响[J]. 饲料研究,2025,48(8):122-126
SONG Q, WANG Q. Effects of different microbial additives on sensory score, nutritional components, fermentation quality, and aerobic stability of *Broussonetia papyrifera* silage[J]. Feed Research, 2025, 48(8): 122-126
- [9] MUCK R E, NADEAU E M G, MCALLISTER T A, et al. Silage review: recent advances and future uses of silage additives[J]. Journal of Dairy Science, 2018, 101(5): 3980-4000
- [10] 陈彦辉,李亚凤,李璞钰,等. 植物乳杆菌 YHG1-155 发酵沙棘汁促糖苷类多酚生物转化[J]. 中国食品学报,2024,24(11): 289-299
CHEN Y H, LI Y F, LI P Y, et al. The biotransformation of glycoside polyphenols in sea buckthorn juice by *Lactobacillus plantarum* YHG1-155 fermented[J]. Journal of Chinese Institute of Food Science and Technology, 2024, 24(11): 289-299
- [11] 闫威明,陈雅坤,杨鹏标,等. 青贮饲料质量评定方法研究进展[J]. 中国畜牧兽医,2024,51(1):135-144
YAN W M, CHEN Y K, YANG P B, et al. Research progress on quality assessment methods of silage[J]. China Animal Husbandry & Veterinary Medicine, 2024, 51(1): 135-144
- [12] 陈鑫珠,董朝霞,张建国. 饲草附生乳酸菌对碳源的选择性[J]. 福建农业学报,2024,39(5):512-521
CHEN X Z, DONG Z X, ZHANG J G. Silage carbon sources preferred by epiphytic lactic acid bacteria[J]. Fujian Journal of Agricultural Sciences, 2024, 39(5): 512-521
- [13] LI B, ZHANG X X, GUO F, et al. Characterization of tetracycline resistant bacterial community in saline activated sludge using batch stress incubation with high-throughput sequencing analysis[J]. Water Research, 2013, 47(13): 4207-4216
- [14] HUSON D H, WEBER N. Microbial community analysis using MEGAN[J]. Methods in Enzymology, 2013, 531: 465-485
- [15] 高文婧,罗雪宁,张佳俊,等. 不同添加菌剂对油菜与水稻秸秆混合青贮发酵品质的影响[J]. 中国草地学报,2025,47(1): 141-148
GAO W J, LUO X N, ZHANG J J, et al. Effects of different bacterial additives on the fermentation quality of mixed silage of oilseed rape and rice straw[J]. Chinese Journal of Grassland, 2025, 47(1): 141-148
- [16] 罗俊杰,肖燕子,侯美玲,等. 不同添加剂对苜蓿与羊草混合青贮品质及维生素含量的影响[J]. 草地学报,2025,33(3):992-1000
LUO J J, XIAO Y Z, HOU M L, et al. Effects of different addi-

- tives on quality and vitamin content of mixed silage of alfalfa and *Leymus chinensis* [J]. *Acta Agrestia Sinica*, 2025, 33(3): 992-1000
- [17] 任昱鑫,代寒凌,田新会,等. 添加剂对甘肃省高寒牧区不同刈割期小黑麦青贮饲料营养品质和青贮品质的影响[J]. *草业学报*, 2020, 29(3): 197-206
- REN Y X, DAI H L, TIAN X H, et al. Effects of different additives and cutting dates on nutritional and silage fermentation quality of *Triticale* silage in an Alpine pastoral area of Gansu Province [J]. *Acta Prataculturae Sinica*, 2020, 29(3): 197-206
- [18] ZHU Y C, XIONG H M, WEN Z Y, et al. Effects of different concentrations of *Lactobacillus plantarum* and *Bacillus licheniformis* on silage quality, in vitro fermentation and microbial community of hybrid *Pennisetum* [J]. *Animals*, 2022, 12(14), 1752
- [19] DESTA S T, YUAN X J, LI J F, et al. Ensiling characteristics, structural and nonstructural carbohydrate composition and enzymatic digestibility of Napier grass ensiled with additives [J]. *Bioresource Technology*, 2016, 221: 447-454
- [20] OLADOSU Y, RAFII M Y, ABDULLAH N, et al. Fermentation quality and additives: a case of rice straw silage [J]. *BioMed Research International*, 2016, 2016(1): 7985167
- [21] KUNG L, SHAVER R D, GRANT R J, et al. Silage review: interpretation of chemical, microbial, and organoleptic components of silages [J]. *Journal of Dairy Science*, 2018, 101(5): 4020-4033
- [22] LEI X C, NA B B, ZHOU T, et al. Effects of dried tea residues of different processing techniques on the nutritional parameters, fermentation quality, and bacterial structure of silaged *alfalfa* [J]. *Microorganisms*, 2024, 12(5), 889
- [23] CHEN Q Q, LIU B, LIU G H, et al. Effect of *Bacillus subtilis* and *Lactobacillus plantarum* on solid-state fermentation of soybean meal [J]. *Journal of the Science of Food and Agriculture*, 2023, 103(12): 6070-6079
- [24] SU J Q, XUE Y, ZHANG K L, et al. The effects of *Lactobacillus plantarum*, *Bacillus subtilis*, a lignocellulolytic enzyme system, and their combination on the fermentation profiles, chemical composition, bacterial community, and *in situ* rumen digestion of fresh waxy corn stalk silage [J]. *Animals*, 2024, 14(23), 3258
- [25] ZHU M, ZHENG J, XIE J, et al. Effects of environmental factors on the microbial community changes during medium-high temperature Daqu manufacturing [J]. *Food Research International*, 2022, 153: 110955

(责任编辑 刘婷婷)