

分类号: Q93
学号: 20212106054

密级: 公开
单位代码: 10759

石河子大学

硕士学位论文



不同添加剂对玉米秸秆青贮发酵品质及微生物多样性的影响

学位申请人	何大轮
指导教师	孙燕飞 副教授
申请学位类别	生物与医药硕士
专业名称	生物与医药
研究领域	生物技术与工程
所在学院	生命科学学院

中国·新疆·石河子
2024年7月

分类号: Q93
学号: 20212106054

密级: 公开
单位代码: 10759

石河子大学

硕士学位论文



不同添加剂对玉米秸秆青贮发酵品质及微生物多样性的影响

学位申请人	何大轮
指导教师	孙燕飞 副教授
申请学位类别	生物与医药硕士
专业名称	生物与医药
研究领域	生物技术与工程
所在学院	生命科学学院

中国·新疆·石河子

2024年7月

**Effects of different additives on the fermentation quality and microbial
diversity of corn stover silage**

A Dissertation Submitted to

Shihezi University

In Partial Fulfillment of the Requirements

for the Degree of

Master of Engineering

By

He Da-lun

Biotechnology and Engineering

Dissertation Supervisor: Associate Prof. Sun Yan-fei

July, 2024

石河子大学学位论文独创性声明及使用授权声明

学位论文独创性声明

本人所提交的学位论文是在我导师的指导下进行的研究工作及取得的研究成果。据我所知，除文中已经注明引用的内容外，本论文不包含其他个人已经发表或撰写过的研究成果。对本文的研究做出重要贡献的个人和集体，均已在文中作了明确的说明并表示谢意。

研究生签名：何大乾 时间：2024年7月8日

使用授权声明

本人完全了解石河子大学有关保留、使用学位论文的规定，学校有权保留学位论文并向国家主管部门或指定机构送交论文的电子版和纸质版。有权将学位论文在学校图书馆保存并允许被查阅。有权自行或许可他人将学位论文编入有关数据库提供检索服务。有权将学位论文的标题和摘要汇编出版。保密的学位论文在解密后适用本规定。

研究生签名：何大乾 时间：2024年7月8日
导师签名：孙慧飞 时间：2024年7月8日

摘要

青贮饲料是一种耐储存、富含营养、具有特殊芳香气味的饲料，其制备过程包括将新鲜的饲草、作物秸秆等进行切割、粉碎处理后装入密封容器，然后通过微生物的发酵作用完成。不同种类的牲畜对营养的需求存在差异，传统的饲料可能无法满足其需求，所以需要研究开发更为多样化和富含营养的饲料类型。青贮饲料的制作过程中涉及微生物的发酵作用，而微生物的种类和数量会影响饲料的质量和营养价值，因此需要深入研究微生物的作用机制和调控方法。

本研究从自然发酵青贮玉米中筛选鉴定附生产酸菌，阐明其生长特性和产酸特性等，并将其与 EDTA 和沙棘果渣复配成添加剂制作玉米秸秆青贮，测定不同青贮期内青贮饲料的发酵品质及营养成分，对比青贮前后微生物群落多样性变化，通过综合评价，筛选出适用于玉米秸秆青贮的优质添加剂组合，为农作物秸秆青贮饲料的发展提供了高质量的添加剂资源和科学依据。具体试验结果如下：

(1) 从青贮玉米自然发酵青贮中筛选分离获得 2 个单菌落，根据形态学鉴定和 16S rDNA 序列测序鉴定为植物乳杆菌 (*Lactobacillus plantarum*) H₁ 和类肠膜魏斯氏菌 (*Weissella paramesenteroides*) H₂，2 株产酸菌均有较快的生长速率和产酸速率，且能在较低 pH 值情况下生长繁殖与代谢。

(2) 分析了不同添加剂组合对玉米秸秆青贮发酵品质及营养成分的动态变化。处理组和对照组 pH 值都呈现下降趋势。氨态氮含量所有处理组均低于 10% TN，青贮 60 d 时 H₁、H₂E 组氨态氮浓度最低 ($P < 0.05$)，相较于青贮 1 d 增加量最小。乳酸和乙酸含量各组均增加，青贮 60 d 时 H₁ 组乳酸含量最高 ($P < 0.05$)，达到 9.54 ± 1.04 (% DM)；青贮 60 d 时 SJ 组乙酸含量最高 ($P < 0.05$)，达到 4.14 ± 0.25 (% DM)；青贮 14 d 后才检测出丙酸，且含量较低，整个青贮过程中未检测出丁酸。与新鲜玉米秸秆相比，青贮 60 d 后添加沙棘果渣的处理组 SJ、SE、H₁S、H₂S、H₁SE、H₂SE 组的干物质显著提高 ($P < 0.05$)，H₁S 组干物质含量达到最高值 28.48% FM；青贮 60 d 后处理组的酸性洗涤纤维含量均显著低于 CK 组，与青贮 1 d 相比 H₂、SE、H₁S、H₁E、H₂S 组的酸性洗涤纤维含量显著下降 ($P < 0.05$)；青贮 60 d 后 H₁S、H₂S、H₁SE、H₂SE 组中性洗涤纤维含量显著低于 CK 组，所有处理组中性洗涤纤维含量均显著下降 ($P < 0.05$)。相较于新鲜玉米秸秆，青贮 60 d 后，所有处理组粗蛋白含量均显著高于 CK 组，其中 SE 组 CP 含量达到 14.91 ± 0.54 (% DM) 最高 ($P < 0.05$)；青贮 60 d 后所有处理组可溶性碳水化合物含量均显著下降，所有处理组可溶性碳水化合物含量均显著低于 CK 组 ($P < 0.05$)。

(3) 根据第三代高通量测序结果表明，不同添加剂处理改变了玉米秸秆青贮中的微生物多样性。青贮后所有处理组共有的细菌 OTU 数目下降。玉米秸秆青贮优势菌门为厚壁菌门 (Firmicutes) 和变形菌门 (Proteobacteria)，在属水平上的优势菌群为魏斯氏菌属 (*Weissella*)，而类肠膜魏斯氏菌

(*Weissella paramesenteroides*) 是玉米秸秆青贮青贮发酵过程中的细菌群落在种水平上的优势种。与青贮 1 d 相比, 青贮 60 d 时 H₂、SJ、H₂SE 组克雷伯氏菌属 (*Klebsiella*) 相对丰度下降, SE、H₁SE 组乳杆菌属 (*Lactiplantibacillus*) 相对丰度有所增加; H₂、SJ、EDTA、H₂S、H₁SE、H₂SE 组 *Klebsiella_pneumoniae* 相对丰度减小, CK、SE、H₁SE 组植物乳杆菌 (*Lactobacillus_plantarum*) 相对丰度增加。Alpha 多样性指数分析显示, 青贮后 H₁、H₂、SJ、H₁S、H₂S 组 Ace 指数、Chao1 指数和 Simpson 指数减小, Shannon 指数 EDTA、SE、H₁SE 组减小, 其余各组增加。主坐标分析法显示, 青贮后 H₂SE、H₂S、H₁E、SJ 组与 CK 组相比群落组成发生较大改变。相关性分析表明, 乳酸含量与玉米秸秆青贮里的优势菌属魏斯氏菌属成正相关。干物质和粗蛋白含量与一些不利于玉米秸秆发酵的物种 *Klebsiella_variicola*、*Enterobacter_cloacae* 等成负相关, pH 值与乳杆菌属呈负相关。

通过发酵试验对玉米秸秆青贮发酵参数和化学成分动态变化的监测, 结合青贮饲料中细菌群落多样性的分析, 可以得出: 复合添加剂对于降低 pH 值、酸性洗涤纤维及中性洗涤纤维含量、提高粗蛋白含量和乳酸含量、减少干物质的损失等有更好的发酵质量; 还能增加有益微生物的丰富度、降低有害微生物的丰富度, 青贮效果更好, 综合评定得出添加植物乳杆菌 H₁+沙棘果渣+EDTA 的复合添加剂 H₁SE 组对于玉米秸秆青贮效果最佳。这项研究在推动畜牧业可持续发展具有积极意义的同时, 也在保护环境和节约资源方面发挥重要作用。

关键词: 产酸菌; 添加剂; 青贮饲料; 发酵品质; 微生物多样性

Abstract

Silage is a storage-resistant, nutrient-rich feed with a special aromatic odor, and the preparation process includes cutting and crushing fresh forage and crop residues into sealed containers, followed by microbial fermentation. Different types of livestock have different nutritional needs that may not be met by traditional feeds, so research is needed to develop more diverse and nutritious types of feeds. The process of silage production involves the fermentation of microorganisms, and the type and number of microorganisms affect the quality and nutritional value of the feed, so in-depth study of the mechanism of microbial action and regulation methods are needed.

In this study, we screened and identified acid-producing bacteria from naturally fermented corn silage, elucidated their growth characteristics and acid-producing characteristics, and compounded them with EDTA and sea buckthorn pomace to form additives to make corn stover silage, determined the fermentation quality and nutrient composition of silage during different silage periods, and compared the changes in the diversity of microbial communities before and after silage, and screened out the high-quality additives suitable for corn stover silage through comprehensive evaluation. Through comprehensive evaluation, high quality additives suitable for corn stover silage were selected, which provided high quality additive resources and scientific basis for the development of crop stover silage. The specific experimental results are as follows:

(1) Two single colonies of *Lactobacillus plantarum* H₁ and *Weissella paramesenteroides* H₂ were isolated from the natural fermentation silage of corn silage and identified as *Lactobacillus plantarum* H₁ and *Weissella paramesenteroides* H₂ according to the morphology and 16S rDNA sequence sequencing, and the two strains of acid-producing bacteria had a faster growth rate and acid production rate. Both strains of acid-producing bacteria have faster growth rate and acid production rate, and can grow, reproduce and metabolize at lower pH.

(2) The dynamic changes of different additive combinations on the fermentation quality and nutrient composition of corn stover silage were analyzed. The pH values of both treatment and control groups showed a decreasing trend. The ammoniacal nitrogen content of all treatment groups was lower than 10% TN, and the ammoniacal nitrogen concentration of the H₁ and H₂E groups was the lowest ($P < 0.05$) at 60 d of silage, and the increase was the smallest compared with that at 1 d of silage. Lactic and acetic acid contents increased in all groups, with the highest lactic acid content in the H₁ group at 60 d of silage ($P < 0.05$), reaching 9.54 ± 1.04 (% DM); the highest acetic acid content in the SJ group at 60 d of silage ($P < 0.05$), reaching 4.14 ± 0.25 (% DM); propionic acid was detected only after 14 d of silage, and its content was relatively low, and butyric acid was not detected throughout the whole process of silage. Compared with fresh corn stover, the

dry matter of the treatment groups SJ, SE, H₁S, H₂S, H₁SE and H₂SE with added seabuckthorn pomace was significantly increased after 60 d of silage ($P < 0.05$), and the dry matter content of the H₁S group reached the highest value of 28.48% FM; the acid detergent fiber content of the H₂, SE, H₁S, H₁E and H₂S groups was significantly decreased after 60 d of storage, and the acid detergent fiber content was obviously declined. The acid detergent fiber content of H₂, SE, H₁S, H₁E and H₂S groups decreased significantly after 60 d of silage, and the acid detergent fiber content of all treatment groups was significantly lower than that of CK group ($P < 0.05$); the neutral detergent fiber content of H₁S, H₂S, H₁SE, H₂SE groups was significantly lower than that of CK group, and the neutral detergent fiber content of all treatment groups was significantly lower than that of CK group after 60 d of silage ($P < 0.05$). Compared with fresh corn stover, the crude protein content of all treatment groups was significantly higher than that of the CK group after 60 d of silage, with the highest CP content of 14.91 ± 0.54 (% DM) in the SE group ($P < 0.05$); the soluble carbohydrate content of all treatment groups decreased significantly after 60 d of silage, and the soluble carbohydrate content of all treatment groups was significantly lower than that of the CK group ($P < 0.05$).

(3) According to the results of third-generation high-throughput sequencing, different additive treatments altered the microbial diversity in corn stover silage. The number of bacterial OTUs common to all treatment groups decreased after silage, and the dominant groups of bacterial communities during corn stover silage fermentation were Firmicutes and Proteobacteria at the phylum level, and the dominant group of *Weissella* at the genus level, while *Weissella paramesenteroides* was the dominant group of corn stover silage fermentation, and *Weissella paramesenteroides* was the dominant group of corn stover silage fermentation, while *Weissella paramesenteroides* was the dominant group of corn stover silage fermentation. *Weissella paramesenteroides*) was the dominant species at the species level of the bacterial community during corn stover silage fermentation. Compared with 1 d of silage, the relative abundance of *Klebsiella* decreased in the H₂, SJ, and H₂SE groups at 60 d of silage, and increased in the SE and H₁SE groups; the relative abundance of *Klebsiella pneumoniae* decreased in the H₂, SJ, EDTA, H₂S, H₁SE, and H₂SE groups; and the relative abundance of *Klebsiella pneumoniae* decreased in the H₂, SJ, EDTA, H₂S, H₁SE, and H₂SE groups. *pneumoniae* relative abundance decreased, and the relative abundance of *Lactobacillus plantarum* increased in the CK, SE, and H₁SE groups. Alpha diversity index analysis showed that the Ace index, Chao1 index, and Simpson index decreased in the H₁, H₂, SJ, H₁S, and H₂S groups after silage, and the Shannon index EDTA, EDTA, H₂S, H₁SE, and H₂SE groups decreased. Shannon index EDTA, SE and H₁SE groups decreased and the rest of the groups increased. Principal coordinate analysis showed that the community composition of H₂SE, H₂S, H₁E, and SJ groups changed considerably after silage compared to CK group. Correlation analysis showed that lactic acid content was positively correlated with *Weissella* spp, the dominant genus in corn stover silage. The dry matter and crude protein contents were negatively correlated with some unfavorable species of corn stover fermentation, such as *Klebsiella variicola* and

Enterobacter_cloacae, and the pH value was negatively correlated with *Lactobacillus* spp.

Through the monitoring of the dynamic changes in the fermentation parameters and chemical composition of corn stover silage by fermentation experiments, combined with the analysis of the diversity of bacterial communities in silage, it can be concluded that: the complex additives have a better fermentation quality for lowering the pH value, the content of acidic detergent fibers and neutral detergent fibers, increasing the content of crude proteins and lactic acid content, and decreasing the loss of dry matter; they also increase the abundance of beneficial microorganisms and decrease the abundance of It can also increase the abundance of beneficial microorganisms and decrease the abundance of harmful microorganisms, and the silage effect is better, and the comprehensive evaluation concluded that adding *Lactobacillus plantarum* H₁ + sea buckthorn pomace + EDTA composite additive H₁SE group has the best effect for corn stover silage. This study has a positive significance in promoting the sustainable development of animal husbandry and also plays an important role in protecting the environment and saving resources.

Key words: acid-producing bacteria; additives; silage; fermentation quality; microbial diversity

目录

摘要.....	I
Abstract	III
目录.....	VI
缩略词表.....	IX
第1章 绪论	1
1.1 青贮技术	1
1.1.1 青贮原理	1
1.1.2 青贮过程	1
1.1.3 青贮的优点	2
1.2 秸秆资源利用现状	3
1.2.1 秸秆的利用	3
1.2.2 玉米秸秆青贮研究现状	3
1.3 青贮添加剂	4
1.3.1 添加剂对青贮的影响	4
1.3.2 添加剂的种类	5
1.3.3 复合添加剂	8
1.4 青贮微生物多样性研究现状	8
1.5 影响青贮饲料发酵的其它因素	9
1.5.1 青贮原料	9
1.5.2 贮藏时间及温度	9
1.6 青贮的质量评价	10
1.7 研究目的与意义	10
1.8 技术路线	11
第2章 产酸菌的筛选鉴定及生长特性的表征	12
2.1 试验材料	12
2.1.1 试验原料及溶液配方	12
2.1.2 试验仪器与试剂	13
2.2 试验方法	15
2.2.1 产酸菌的分离及纯化	15
2.2.2 产酸菌的形态学鉴定	15

2.2.3 产酸菌基因组 DNA 的提取.....	15
2.2.4 琼脂糖凝胶电泳	15
2.2.5 产酸菌 16S rDNA 片段的 PCR 扩增与测序	16
2.2.6 生长曲线的测定	17
2.2.7 产酸曲线的测定	17
2.3 数据处理与统计分析	17
2.4 结果与分析	17
2.4.1 产酸菌的形态学鉴定	17
2.4.2 产酸菌的分子生物学鉴定	18
2.4.3 产酸菌的生长曲线	19
2.4.4 产酸菌的产酸曲线	21
2.5 讨论	21
2.6 本章小结	22
第 3 章 不同添加剂对玉米秸秆青贮发酵品质及营养成分的影响	23
3.1 试验材料	23
3.1.1 原料与添加剂	23
3.1.2 试验仪器与试剂	23
3.2 试验方法	25
3.2.1 玉米秸秆青贮的制备	25
3.2.2 发酵品质的测定	25
3.2.3 营养成分的测定	26
3.3 数据处理与统计分析	26
3.4 结果与分析	26
3.4.1 新鲜玉米秸秆及沙棘果渣的营养成分	26
3.4.2 不同添加剂对玉米秸秆青贮发酵品质的影响	27
3.4.3 不同添加剂对玉米秸秆青贮营养成分的影响	33
3.5 讨论	40
3.6 本章小结	42
第 4 章 不同添加剂对玉米秸秆青贮微生物多样性的影响	44
4.1 试验材料	44
4.2 试验方法	44
4.2.1 测序样品制备	44
4.2.2 高通量测序与生物信息学分析	44
4.3 结果与分析	45

4.3.1 测序数据的分析	45
4.3.2 OTU 聚类分析	46
4.3.3 玉米秸秆青贮中的细菌群落组成	47
4.3.4 玉米秸秆青贮中细菌群落的 Alpha 多样性	50
4.3.5 玉米秸秆青贮中细菌群落的 Beta 多样性	52
4.3.6 玉米秸秆青贮发酵质量与细菌群落的相关性分析	53
4.4 讨论	56
4.5 本章小结	58
第 5 章 总结与展望	59
5.1 总结	59
5.2 创新点	60
5.3 展望	60
参考文献	61
附录	71
致谢	73
作者简介	74

缩略词表

缩写	英文名称	中文名称
d	day	天
h	hour	小时
min	minute	分钟
DNA	Deoxyribonucleotide	脱氧核糖核酸
PCR	Polymerase chain reaction	聚合酶链式反应
bp	Base Pair	碱基对
kg	kilogram	千克
g	gram	克
L	litre	升
mL	milliliter	毫升
μL	microliter	微升
mol	mole	摩尔
CFU	colony forming units	菌落形成单位
FM	fresh matter	鲜物质
DM	dry matter	干物质
CP	crude protein	粗蛋白
WSC	water soluble carbohydrates	可溶性糖
NH ₃ -N	ammonia nitrogen	氨态氮
TN	Total nitrogen	总氮
ADF	acid detergent fiber	酸性洗涤纤维
NDF	neutral detergent fiber	中性洗涤纤维
CK	control check	空白对照
EDTA	Ethylene Diamine Tetraacetic Acid	乙二胺四乙酸
LA	Lactic acid	乳酸
AA	Acetic acid	乙酸
PA	Propionic acid	丙酸
BA	Butyric acid	丁酸
pH	pH value	pH 值

第1章 绪论

1.1 青贮技术

1.1.1 青贮原理

青贮饲料是一种耐储存、富含营养、具有特殊芳香气味的饲料，其制备过程包括将新鲜的饲草、作物秸秆等进行切割、粉碎等处理后装入密封容器，然后通过微生物的发酵作用完成^[1]。作为一种饲料储存技术，青贮主要应用于当饲草因水分较高而容易受到好氧微生物腐坏的情况，其目的在于通过厌氧储存，长时间保存甚至提高饲料中的营养成分。近年来，相关技术取得了显著进展，为解决寒冷季节饲草短缺和农作物秸秆的可持续利用提供了可行方案。这种技术被视为一种经济效益和生态效益相结合的农业生产利用方式^[2]。

青贮的核心原理是在厌氧条件下，乳酸菌等微生物将可溶性碳水化合物转化为乳酸、乙酸等有机酸，增加饲料的酸度^[1]。低 pH 值的环境不仅可以抑制腐败菌的生长繁殖，同时也能促使饲料达到相对稳定的发酵阶段，当 pH 值降至 4.2 以下时，乳酸菌的生长停止，青贮发酵随即进入相对稳定阶段，饲料因此能够长时间保存^[3]。在实际生产中，为了成功发酵，要尽可能确保青贮环境无氧，适宜的酸度、水分和可溶性糖是发酵的前提^[4]，足够数量的乳酸菌是抑制有害微生物的滋生的有效方案。

1.1.2 青贮过程

青贮饲料的发酵过程是复杂的生化反应，涉及各种微生物的生长繁殖、代谢途径以及它们之间的竞争^[5]。该过程自植物原料的收割、切碎、密闭发酵到开启使用前，根据微生物种类及其生理活性变化，可分为四个阶段：植物呼吸期、微生物竞争期、乳酸发酵期和发酵稳定期^[6]。

通常情况下，制作青贮饲料时青贮罐或青贮袋中会有部分未能排空的氧气残留。此时植物原料中附有的微生物以及自身尚未凋亡的活细胞会进行一定的呼吸作用，这个阶段被称为植物呼吸期。青贮设备内残留的空气会导致青贮原料的糖分大量分解，所以制作青贮时要尽量避免残留空气过多，这一阶段可能导致发酵设备内温度升高，对后续微生物竞争产生不利影响，导致青贮失败^[7]。

青贮饲料装填完成后，各种微生物展开种内竞争和种间竞争。一些好氧细菌和活着

的植物细胞、霉菌会利用青贮设备内残留的氧气生长与繁殖，影响乳酸菌等有益菌的厌氧发酵^[8]。随着残留氧气的逐渐消耗，厌氧菌通过新陈代谢产生乳酸、乙酸等有机酸降低青贮饲料的 pH 值，从而抑制不耐酸的有害微生物，此后乳酸菌逐渐成为优势菌群并对厌氧发酵发挥积极作用^[9]。

随后，兼性厌氧的乳酸菌开始快速发挥作用，进一步抑制植物呼吸病原微生物的增殖。乳酸发酵分为同型乳酸发酵和异型乳酸发酵两类，两者的差异在于底物和产物的种类不同，乳酸菌也依次分为两类。同型乳酸菌将葡萄糖等六碳糖分解只产生乳酸，而异型乳酸菌还可以利用非六碳糖发酵分解产生乳酸之外的醋酸、乙醇等物质^[6]。相同的是在两类乳酸菌的发酵均能使得青贮设备内的 pH 值快速降低，巩固自身优势菌地位。当青贮环境内 pH 值降低至一定水平时，乳酸发酵进入稳定期。

乳酸发酵期结束之后，窖内的酸度降至 3.8 以下，酵母菌、丁酸菌等几乎被完全抑制状态，此时乳酸菌的代谢活动也基本停止，从而进入相对稳定的阶段^[10]。在青贮罐密封良好没有氧气进入的情况下，青贮发酵将保持相对稳定，若设备维护得当及饲料取用正确，青贮饲料可以保存更长的时间。

1.1.3 青贮的优点

青贮饲料在制作过程中会保留大部分青贮原料的营养成分，制成后柔软多汁、有芳香味，能促进家畜消化吸收、提高饲料利用率。和一般粗饲料相比，青贮饲料优点众多，其中主要包括下列几个：

(1) 营养丰富：青贮过程中青饲料的营养成分得以保留，如蛋白质、维生素、粗纤维等^[11]。杨云贵等^[12]研究发现青贮饲料里的微生物可以作为优质的菌体蛋白，这对维持反刍动物的健康体质和提高生产性能相当重要。青贮发酵中产生的乳酸还能杀死一些病原微生物，对家畜能起到一定的防病治病效果^[13]。

(2) 适口性好：任付平等^[14]研究表明青贮过程中产生的乳酸、乙酸等能改善家畜的适口性，还能与矿物质作用生成相应的盐促进家畜吸收和育膘。

(3) 制作简单：青贮的调制方法简单且耐贮藏，地域和气候等环境因素影响较小，且取用方便，因此被广泛应用。

(4) 低成本，高环保：青贮饲料可以利用当地丰富的青草、玉米秸秆等一些植物废弃资源进行生产，降低了养殖业的饲料成本，提高了资源利用效率。菊科类及马铃薯莲叶等植物资源也能制成青贮可有效提高利用率^[8]。

1.2 秸秆资源利用现状

1.2.1 秸秆的利用

我国地理环境多样、土壤类型丰富,加上南北气候差异明显,因此农作物资源丰富,玉米、小麦和水稻是主要的经济作物。然而,收获后产生的大量秸秆,尤其是玉米秸秆占据较大比例,目前仍有约30%的秸秆资源未得到合理利用而被焚烧^[15]。这种浪费不仅导致大量资源流失,同时焚烧产生的空气污染也对环境和人们的健康带来不良影响^[16]。目前,秸秆主要有五个用途:作为饲料、肥料、基料、原料和能源材料的使用^[17]。在我国,养殖业近年来发展迅猛,确保饲料供给尤为关键,但目前粗饲料供不应求,饲料成本也不断上升^[18]。因此,将秸秆转化为饲料既能解决秸秆资源浪费和环境污染,又能弥补畜牧业饲料短缺和粗饲料营养及品质较低带来的困扰^[19]。

农作物秸秆饲料化利用是最具经济价值的利用方式,根据不同的技术手段可以制作各种类型的秸秆饲料。每年我国产生大量的作物秸秆,其中适合作为饲料的秸秆占到了总量的80%以上,但只有10%的秸秆被加工为饲料^[20],其余直接切碎用于粗饲料饲喂牲畜。根据秸秆饲料的种类及特点主要分为两大类:青贮与黄贮。

黄贮是一种处理玉米秸秆的方法,其过程包括在含水率低的秸秆中添加适量水和微生物添加剂,通过将秸秆压实、减小秸秆之间的空隙并排出其中的空气,接着进行密封保存,实现对饲料营养价值的保护^[21]。通常在黄贮过程中,会添加一些辅助剂,如尿素和纤维复合酶等,以提高黄贮的效果^[22-24]。随后,将混合物均匀搅拌后装入发酵池中,经过微生物的发酵作用,制成具有口感良好、易于消化、饲喂方便等特点的饲料^[25]。这种处理方法更加注重在发酵过程中通过微生物的活动实现对秸秆的改良,以生产出对牲畜更为有益的饲料,然而这种方法只能处理秸秆含水量较低且营养成分不高的情况。农作物青绿时期有更高的含水量和化学成分,在青绿时期收割制作青贮能保留更多的营养成分。

1.2.2 玉米秸秆青贮研究现状

青贮玉米植株高大,营养丰富,含有丰富的糖类、蛋白质等营养成分,通常在玉米植株的青绿时期进行收割和加工,全株都可用作饲料原料。国内对青贮玉米有两种解释,第一种解释是指在玉米乳熟期至蜡熟期,收获全株玉米调制成饲料;而第二种解释则是先收获完成熟期的玉米果穗后,再刈割玉米的秸秆和茎叶来制作秸秆饲料^[26]。玉米秸秆中含有较高的粗纤维含量以及丰富的碳水化合物,虽然不如茎叶部分营养丰富,但仍然