DOI:10.11686/cyxb2025496 http://cyxb.magtech.com.cn
陈姝妍, 陶思印, 杜金舆, 等. 不同微生物协同黑曲霉对木薯渣发酵品质和微生物多样性的影响. 草业学报, 2026, 35(12): 103－112.
CHEN Shu-yan, TAO Si-yin, DU Jin-yu, *et al*. Effects of different microorganisms in synergy with *Aspergillus niger* on the fermentation quality and microbial diversity of cassava residue. Acta Prataculturae Sinica, 2026, 35(12): 103－112.

不同微生物协同黑曲霉对木薯渣发酵品质和微生物多样性的影响

陈姝妍,陶思印,杜金舆,李耀坤,柳广斌,孙宝丽,郭勇庆,刘德武,邓铭*
(华南农业大学动物科学学院,广东 广州 510642)

摘要:为研究不同微生物协同黑曲霉对木薯渣发酵品质及微生物多样性的影响,试验以新鲜木薯渣为原料,添加0.7%尿素、8%米糠和3×10^6 CFU·g^{-1}黑曲霉为对照组(CK),在此基础上分别添加布氏乳杆菌(LB组)、植物乳杆菌(LP组)、鼠李糖乳杆菌(LR组)、枯草芽孢杆菌(BS组)、酿酒酵母菌(SC组),共设计5个处理,每个处理3个重复,不同微生物添加量均为1.0×10^8 CFU·g^{-1},密封发酵60 d后,开包进行感官评定、品质鉴定及微生物测定。结果显示:1)各处理组的感官评分均高于16分,且pH低于4.2,其中BS组综合评分最高,发酵效果优良。2)从品质鉴定来看,各处理组的粗蛋白(CP)含量与粗脂肪(EE)含量显著提高($P<0.05$),中性洗涤纤维(NDF)、酸性洗涤纤维(ADF)与NH_3-N含量均较CK组显著降低($P<0.05$),其中LP组与BS组的CP含量显著高于CK组($P<0.05$),且BS组CP含量最高,NDF与ADF含量最低。3)各处理组与CK组的优势菌门均为厚壁菌门(占比87%～90%)、变形菌门(占比6%～9%);与CK组相比,各处理组的乳杆菌属、乳球菌属等发酵有益菌属相对丰度有所增加($P>0.05$)。综上所述,不同微生物协同黑曲霉处理均能够改善木薯渣发酵品质,其中以黑曲霉和枯草芽孢杆菌混合使用效果最佳。

关键词:木薯渣;黑曲霉;协同作用;发酵品质;微生物多样性

Effects of different microorganisms in synergy with *Aspergillus niger* on the fermentation quality and microbial diversity of cassava residue

CHEN Shu-yan, TAO Si-yin, DU Jin-yu, LI Yao-kun, LIU Guang-bin, SUN Bao-li, GUO Yong-qing, LIU De-wu, DENG Ming*
College of Animal Science, South China Agricultural University, Guangzhou 510642, *China*

Abstract: This research investigated the effects of different microorganisms in combination with *Aspergillus niger* on the fermentation quality and microbial diversity of cassava (*Manihot esculenta*) residue. Fresh cassava residue was used as the raw material, and 0.7% urea, 8% rice bran, and 3×10^6 CFU·g^{-1} *A. niger* were added as the control treatment (CK). Using this base substrate, five silage fermentation treatments using *Lactobacillus buchneri* (LB), *Lactobacillus plantarum* (LP), *Lactobacillus rhamnosus* (LR), *Bacillus subtilis* (BS), or *Saccharomyces cerevisiae* (SC) were set up, each with 3 replicates. In each case, 1.0×10^8 CFU·g^{-1} of the test microorganism were added. After sealing and fermenting for 60 days, the packages were opened for sensory evaluation, quality determination,

收稿日期:2025-12-03;改回日期:2026-02-04
基金项目:广东省科技支撑"百千万工程项目"(2025A03011005)资助。
作者简介:陈姝妍(2000－),女,贵州铜仁人,在读硕士。E-mail: 2996421141@qq.com
*通信作者 Corresponding author. E-mail: dengming@scau.edu.cn

and microbial determination. It was found that: 1) For all treatments, the mean sensory score was higher than 16 points, and pH was lower than 4.2. Among the treatments, the BS treatment had the highest multivariate score for fermentation parameters. 2) With respect to feed quality, the crude protein (CP) content and ether extract (EE) content of all treatments were significantly increased ($P<0.05$), and the neutral detergent fiber (NDF), acid detergent fiber (ADF), and NH_3-N content were significantly reduced ($P<0.05$), compared to the CK. Among the five treatments, BS had the highest CP content and lowest NDF and ADF, while LP and BS had significantly higher ($P<0.05$) CP content than CK. 3) The dominant bacterial phyla in all treatments and also the CK were Firmicutes (accounting for 87% to 90%) and Proteobacteria (accounting for 6% to 9%). Compared with the CK, the relative abundance of beneficial fermentation bacteria such as *Lactobacillus* and *Lactococcus* in each treatment was increased ($P>0.05$). In conclusion, the combined use of different microorganisms with *A. niger* improved the fermentation quality of cassava residue, and the combination of *A. niger* and *B. subtilis* had the best effect.

Key words: cassava residue; *Aspergillus niger*; synergistic effect; fermentation quality; microbial diversity

木薯(*Manihot esculenta*)作为继玉米(*Zea mays*)、小麦(*Triticum aestivum*)、水稻(*Oryza sativa*)、马铃薯(*Solanum tuberosum*)、大豆(*Glycine max*)后的第六大粮食作物,同时也是一种重要的工业原料[1],广泛种植于我国华南亚热带地区[2]。据相关数据统计,截至2024年,广东省与广西地区木薯年产量已分别为130.91万与160.00万t[3-4],相关研究表明,加工1 t木薯可以产生约0.7 t的木薯渣[5]。木薯渣(cassava residues,CR)是木薯加工后的副产物,主要由棕褐色外皮和内部白色的薄壁组织组成,富含丰富的淀粉、纤维素和少量蛋白质[6]。目前木薯渣大多被加工为畜禽饲料,由于木薯渣木质素含量高,导致畜禽对养分的吸收程度降低,且水分含量偏高,在保存过程中易发霉变质,严重限制了木薯渣作为动物饲料的使用[7]。

微生物发酵是改善饲料质量的常用方法之一[8],主要是通过密封厌氧环境,抑制好氧微生物(如霉菌、腐败菌)的生长,从而防止发酵木薯渣腐烂变质,同时提高蛋白质、有机酸等营养成分,降低纤维含量,改善其适口性[9]。微生物添加剂对于饲料发酵工艺至关重要,选择添加不同菌种及菌种组合是影响木薯渣发酵品质的关键点。唐庆凤等[10]将布氏乳杆菌、黑曲霉、热带假丝酵母、枯草芽孢杆菌和植物乳杆菌5种菌株混合发酵木薯渣时效果最佳,该处理pH、中性/酸性洗涤纤维含量比对照组显著下降,粗蛋白含量增加。Shinya等[11]利用4株不同的酵母菌与木薯渣混合发酵,粗蛋白含量从1.8%~1.9%显著提升至5.6%~11.8%。黄金华等[12]研究表明,先让黑曲霉单独发酵48 h,然后添加植物乳酸菌混合发酵,能显著提高木薯渣的粗蛋白和真蛋白含量,分别增加了76.27%和36.11%。多项研究表明,单一菌株的使用在木薯渣发酵的过程中具有一定的局限性,主要是由于不同的菌种有不同的作用,如乳酸菌发酵速度快,在发酵过程中能生成抑制腐败微生物的乳酸,但其产酶量存在局限;真菌的产酶量较高,但发酵所需时间更长,还可能产生异味[13]。

纤维素降解菌能够产生纤维素酶,有效地降解纤维素。因此在此基础上,本试验选择以黑曲霉为统一的发酵微生物,以新鲜木薯渣为发酵原料,由于木薯渣水分含量较高,故添加8%米糠当作吸水剂;菌群生长发育需要外源氮源进行补充,故加入0.7%尿素作为氮营养。试验统一以每袋(500 g)3.0×10^6 CFU·g^{-1}黑曲霉对木薯渣进行喷洒,待发酵48 h后,再分别加入植物乳杆菌、布氏乳杆菌、枯草芽孢杆菌、鼠李糖乳杆菌、酿酒酵母菌,通过测定发酵料的营养成分、发酵品质及微生物结构,考察不同微生物协同黑曲霉对木薯渣的发酵效果。与以往多菌种混合发酵研究不同,本试验以黑曲霉为统一基准发酵微生物,系统对比了5种不同功能微生物的协同效应,为木薯渣发酵饲料的菌种筛选提供了更具针对性的参考。

1 材料与方法

1.1 试验材料

试验所用新鲜木薯渣由广东温氏乳业股份有限公司提供,米糠购买自广东省广州市某农贸市场,均属于饲料

级，其营养成分见表 1。尿素购买自天津市致远化学试剂有限公司；黑曲霉购买自济宁祥园生物科技有限公司；布氏乳杆菌（*Lactobacillus buchneri*，LB）、枯草芽孢杆菌（*Bacillus subtilis*，BS）均购买自西安米先尔生物科技有限公司；酿酒酵母菌（*Saccharomyces cerevisiae*，SC）、植物乳杆菌（*Lactobacillus plantarum*，LP）、鼠李糖乳杆菌（*Lactobacillus rhamnosus*，LR）均购买自郑州百益宝生物技术有限公司。

表 1　木薯渣和米糠的营养成分

Table 1　Nutritional composition of cassava residue and rice bran

原料 Ingredient	干物质 Dry matter（DM，%）	粗蛋白 Crude protein（%DM）	粗脂肪 Ether extract（%DM）	中性洗涤纤维 Neutral detergent fiber（%DM）	酸性洗涤纤维 Acid detergent fiber（%DM）
木薯渣 Cassava residue	15.16±0.10	2.36±0.08	6.67±0.44	53.46±0.98	25.43±1.38
米糠 Rice bran	91.00±0.14	12.78±0.57	1.37±0.29	32.82±1.44	15.35±0.90

1.2　试验设计

本试验于 2025 年 1 月 10 日－2025 年 3 月 10 日进行，采用单因素试验设计，共设 6 个分组，试验以新鲜木薯渣为发酵原料，添加 0.7% 尿素、8% 米糠和 3×10^6 CFU·g^{-1} 黑曲霉为对照组（CK），在此基础上分别添加布氏乳杆菌（LB 组）、植物乳杆菌（LP 组）、鼠李糖乳杆菌（LR 组）、枯草芽孢杆菌（BS 组）、酿酒酵母菌（SC 组），每组 3 个重复。以 500 g 新鲜木薯渣为发酵原料，按木薯渣干物质质量的 8% 添加米糠，改善其初始高含水状况；按干物质含量加 0.7% 尿素作为微生物氮源；黑曲霉添加量为 3×10^6 CFU·g^{-1}，配套菌剂添加 1×10^8 CFU·g^{-1}。

试验称取 9 kg 新鲜木薯渣、720 g 米糠、63 g 尿素，进行搅拌混匀，黑曲霉（*Aspergillus niger*，AN）以 3×10^6 CFU·g^{-1} 喷洒混匀，发酵 48 h 后，再分别接种 LP、LB、BS、LR、SC，每种菌种的接种量为 1.0×10^8 CFU·g^{-1}。混合均匀后，装入聚乙烯薄膜袋，通过负压抽吸把袋内空气抽成真空，在自然温度条件下，日均温度 25 ℃进行密封发酵，以发酵密封日为基准日，根据发酵饲料常规周期发酵 60 d 后进行开包检测。

1.3　测定指标及方法

1.3.1　营养成分测定　开包后将发酵样品放置于烘箱，先将温度调至 105 ℃烘 10 min 杀青使样品中的酶失活，然后再调至 65 ℃烘干 48 h 直至恒重，样品取出冷却后称重。将烘干的样品全部粉碎后过 0.425 mm 筛，密封保存于阴凉干燥处，用于营养成分的测定。按照国标[14]的方法测定营养成分，运用 Van Soest 纤维分析法检测酸性洗涤纤维（acid detergent fiber，ADF）与中性洗涤纤维（neutral detergent fiber，NDF）含量；利用凯氏定氮法检测粗蛋白质（crude protein，CP）含量；借助索氏提取装置分析粗脂肪（ether extract，EE）水平；通过高温恒重灼烧法测定粗灰分（crude ash，Ash）含量，同时把木薯渣发酵样品进行 105 ℃烘干操作，经 30 min 干燥器冷却后测定干物质（dry matter，DM）含量。

1.3.2　木薯渣发酵料感官评价　根据德国农业协会（German Agricultural Society，DLG）发酵饲料感官评定标准[15]对发酵木薯渣的色泽、结构、气味进行感官评定。

1.3.3　发酵品质测定　发酵样品开包后，每份样品中取 5 g 放入 50 mL 离心管，加入 45 mL 蒸馏水后放置于 4 ℃冰箱浸出 24 h 后，再用 4 层纱布分离固液，收集滤液用于测定发酵参数。使用 pB-10（Sartorius）pH 计测定发酵料提取物的 pH。采用对羟基联苯比色法[16]测定乳酸（lactic acid，LA）含量。采用苯酚－次氯酸钠比色法[17]测定氨态氮（NH_3-N）含量。利用高效气相色谱仪（安捷伦 7890B，上海）对挥发性脂肪酸含量（volatile fatty acids，VFA）进行测定，参数设置如下，毛细管色谱柱型号：30 m×0.32 mm，19091J-413；样品气化时，分流比为 40，进样体积 0.4 μL，温度设为 220 ℃；毛细管柱采用恒流模式，流量 2.0 mL·min^{-1}，线性流速 38 cm·s^{-1}；色谱柱加热采用分段升温，先 120 ℃持续 3 min，接着以 10 ℃·min^{-1} 升至 180 ℃保持 1 min；氢气流量 40 mL·min^{-1}，空气流量 450 mL·min^{-1}，色谱柱和尾吹气合并流量控制在 45 mL·min^{-1}，火焰离子化检测器工作温度 250 ℃。

1.3.4　微生物多样性　发酵料开包后，用四分法的方式从每袋中取 5 g 左右样品装入 15 mL 冻存管，保存至

−80 ℃冰箱，送至诺禾生物有限公司进行测序处理。采用细菌基因组DNA试剂盒对发酵样品进行总DNA提取，通过PCR仪(Quantagene q225，北京)扩增细菌16S核糖体DNA，扩增的目标区域为16S rDNA的V3～V4可变区，用515F(5′-CCTAYGGGRBGCASCAG-3′)和806R(5′-GGACTACNNGGGTATCTAAT-3′)引物对目标区域进行扩增，每个样品做3个平行重复试验。用磁珠纯化筛选过的PCR产物，结合酶标定量分析结果，把PCR产物等量混合，混合好样本后，用2%琼脂糖凝胶电泳检测PCR产物，最后收集特异性扩增带，开展文库组建试验，用Qubit和qPCR手段测量制备好的文库浓度，文库筛选合格之后，使用NovaSeq6000系统开展PE250双端测序，依据Barcode序列和PCR引物对下机数据进行解析，截取Barcode和引物序列，使用Flash整合数据生成原始Tags，Tags序列和Silva数据库比对后鉴别嵌合体序列，最后把嵌合体序列剔除，获得筛选后的有效数据。

1.4 数据分析

使用Excel 2019对原始数据进行初步整理分析，使用SPSS 26.0软件对木薯渣发酵品质、营养物质等指标进行统计分析。使用单因素方差分析(one-way ANOVA)进行显著性分析，$P<0.05$表示差异显著。结果以“平均值±标准差”表示。利用QIIME2软件平台进行菌群的α多样性分析(Chao1、Shannon和Coverage指数)，采用诺禾云平台进行微生物多样性分析并作图。

2 结果与分析

2.1 不同微生物协同黑曲霉对发酵木薯渣感官评定的影响

各处理组的评分均在16分及以上，发酵等级均为优良(表2)。各组色泽变化不大，均呈黄色，具有较浓的芳香味，酸味适中，香气馥郁，结构保持完整，其中BS处理组的气味、结构和色泽均达到相对较好，综合评分18分，其次是LP处理组，综合评分为17分，而其他处理组的气味、结构和色泽相对较为一般，综合评分为16分。

表2 不同微生物协同黑曲霉对发酵木薯渣感官评价的影响

Table 2 Effects of different microorganisms synergized with *A. niger* on sensory evaluation of fermented cassava residue

处理 Treatment	气味 Scent	结构 Structure	色泽 Color	综合评分 Score	等级 Grade
CK	13	2	1	16	HQ
LB	12	2	2	16	HQ
LP	13	3	1	17	HQ
LR	12	2	2	16	HQ
BS	13	3	2	18	HQ
SC	12	2	2	16	HQ

CK：对照组，添加黑曲霉Control group (*A. niger* only)；LP：黑曲霉＋植物乳杆菌*A. niger*+*L. plantarum*；LB：黑曲霉＋布氏乳杆菌*A. niger*+*L. brevis*；LR：黑曲霉＋鼠李糖乳杆菌组*A. niger*+*L. rhamnosus*；BS：黑曲霉＋枯草芽孢杆菌*A. niger*+*B. subtilis*；SC：黑曲霉＋酿酒酵母菌*A. niger*+*S. cerevisiae*；HQ：优良High quality；下同The same below.

2.2 不同微生物协同黑曲霉对木薯渣发酵品质的影响

各组pH均小于4.2，与CK组相比，各处理组的pH均有所降低，其中LB与SC处理组显著降低(表3，$P<0.05$)；与pH相反，各处理组的LA含量均较CK组有所提高($P>0.05$)；与CK组相比，各处理组的PA、BA含量均显著下降($P<0.05$)；除LR与BS处理组外，各处理组的AA含量均较CK组有所下降($P>0.05$)；除LR处理组外，各处理组的NH_3-N含量均较CK组显著下降($P<0.05$)。

2.3 不同微生物协同黑曲霉对发酵木薯渣营养成分的影响

相较于CK组，不同微生物协同黑曲霉组合发酵的效果大于黑曲霉单独使用(表4)。除LB与LR处理组外，各处理组的DM较CK组均有提高($P>0.05$)；与CK组相比，LP和BS处理组的CP含量显著提高($P<0.05$)；此外，各处理组的NDF与ADF含量均较CK组显著下降($P<0.05$)，其中BS处理组表现出了更高的CP含量与更低的NDF含量。

2.4 不同微生物协同黑曲霉对木薯渣发酵微生物多样性的影响

2.4.1 不同微生物协同黑曲霉对木薯渣发酵微生物α多样性的影响 各组的覆盖率均大于0.99，说明本次测序结果能够反映出样本的真实情况(表5)。与CK组相比，LP的Chao1指数有所降低，但差异不显著($P>0.05$)，

表 3　不同微生物协同黑曲霉对木薯渣发酵品质的影响

Table 3　Effects of different microorganisms synergized with *A. niger* on fermentation quality of cassava residue

处理 Treatments	pH	乳酸 Lactic acid (g·kg^{-1} DM)	乙酸 Acetic acid (g·kg^{-1} DM)	丙酸 Propionic acid (g·kg^{-1} DM)	丁酸 Butyric acid (g·kg^{-1} DM)	氨态氮 NH_3-N (g·kg^{-1} DM)
CK	3.73±0.01a	27.34±1.94a	19.83±0.74a	25.42±1.23a	15.26±3.37a	0.81±0.22a
LB	3.48±0.03b	31.63±0.95a	17.34±0.33a	16.73±2.79bc	9.23±0.93c	0.19±0.02b
LP	3.57±0.08ab	30.34±0.91a	17.46±0.99a	14.37±2.00bc	9.16±1.21c	0.24±0.02b
LR	3.63±0.12ab	31.34±0.32a	20.56±0.71a	17.78±0.40b	13.41±1.14b	0.66±0.12ab
BS	3.60±0.05ab	30.28±1.21a	21.64±0.33a	12.77±4.41c	5.94±3.29c	0.28±0.05b
SC	3.52±0.08b	31.36±1.30a	15.82±0.17a	16.58±1.04bc	14.66±2.14b	0.38±0.03b
*P*值 *P*-value	0.013	0.289	0.743	<0.001	0.001	<0.001

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 difference ($P<0.05$), the same below.

表 4　不同微生物协同黑曲霉对发酵木薯渣营养成分的影响

Table 4　Effects of different microorganisms synergized with *A. niger* on nutritional components of fermented cassava residue

处理 Treatment	干物质 Dry matter (DM，%)	粗蛋白质 Crude protein (%DM)	粗脂肪 Ether extract (%DM)	粗灰分 Crude ash (%DM)	中性洗涤纤维 Neutral detergent fiber (%DM)	酸性洗涤纤维 Acid detergent fiber (%DM)
CK	30.96±0.24a	11.18±0.25c	6.83±0.77bc	0.24±0.19b	51.47±0.54a	20.83±0.87a
LB	30.95±0.34a	11.22±0.10bc	8.45±0.41ab	2.89±0.07a	45.85±0.93c	17.56±0.64b
LP	31.21±0.28a	11.58±0.22ab	6.76±0.50bc	2.84±0.05a	45.72±0.73c	17.61±0.15b
LR	30.95±0.14a	11.25±0.16bc	8.74±1.21a	2.88±0.05a	46.28±0.25b	16.46±0.49c
BS	31.29±0.36a	11.82±0.26a	6.46±1.14c	2.98±0.10a	44.16±0.07c	16.21±0.80bc
SC	31.07±0.15a	11.31±0.08bc	7.46±1.12bc	2.99±0.06a	46.24±0.59b	17.30±0.51bc
*P*值 *P*-value	0.473	0.009	0.044	0.001	0.001	0.001

表 5　不同微生物协同黑曲霉对发酵木薯渣微生物 α 多样性的影响

Table 5　Effects of different microorganisms synergized with *A. niger* on microbial alpha diversity of fermented cassava residue

项目 Item	CK	LB	LP	LR	BS	SC	SEM	*P*值 *P*-value
覆盖率 Coverage	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	0.00	<0.010
Chao1指数 Chao1 index	206.62	228.42	201.62	212.05	228.62	229.72	7.11	0.833
香农指数 Shannon index	4.85	4.82	4.67	4.68	4.79	4.76	0.03	0.647
辛普森指数 Simpson index	0.94	0.93	0.92	0.93	0.93	0.93	0.02	0.547

SEM：标准误 Standard error of mean.

其 LB、LR、BS、SC 组的 Chao1 指数均较 CK 组有所增加（$P>0.05$），而各处理组的 Shannon、Simpson 指数均较 CK 组有所降低（$P>0.05$）。综上表明添加不同微生物与黑曲霉组合发酵影响了发酵木薯渣微生物群落结构。

2.4.2　不同微生物协同黑曲霉对木薯渣发酵微生物群落结构的影响　　木薯渣发酵在门水平的微生物群落组成表现为厚壁菌门（Firmicutes）在各处理组中占主要地位（图 1），其次是变形菌门（Proteobacteria）、蓝细菌门（Cyanobacteria）和拟杆菌门（Bacteroidetes）。LB、LP、BS、LR 和 SC 组的厚壁菌门相对丰度均较 CK 组（90.26%）有所下降，其分别达到 88.33%、89.99%、88.88%、88.76% 和 87.97%。厚壁菌门相对丰度的降低导致变形菌门相对丰度的增加，各处理组的变形菌门相对丰度均较 CK 组（6.08%）有所增加，分别达到 8.97%、6.87%、

7.83%、7.76%和7.26%，说明添加不同微生物后改变了微生物群落结构。

CK组的优势菌属为乳酪杆菌属(*Lacticaseibacillus*)、二次发酵乳杆菌属(*Secundilactobacillus*)和慢生乳杆菌属(*Lentilactobacillus*)，相对丰度分别为29.11%、17.75%和14.14%(图2)。各处理组的优势菌属与CK组保持一致，其中LP组的乳酪杆菌属和慢生乳杆菌属的相对丰度趋于相近，其相对丰度分别为25.03%和24.63%，表明微生物群落结构发生了变化。发酵木薯渣菌群在属水平上表现为LP和LR组的乳酪杆菌属相对丰度显著低于CK组(表6，$P<0.05$)，各处理组的二次发酵乳杆菌属、寡碳乳杆菌属、乳杆菌属和液体乳杆菌属的相对丰度均较CK组无显著变化($P>0.05$)。

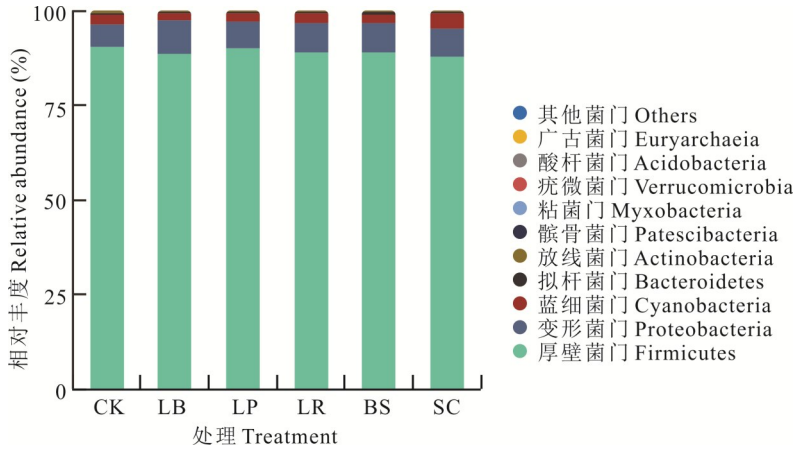

图1 基于门水平的微生物群落结构分析

Fig. 1 Analysis of the microbial community structure based on phylum level

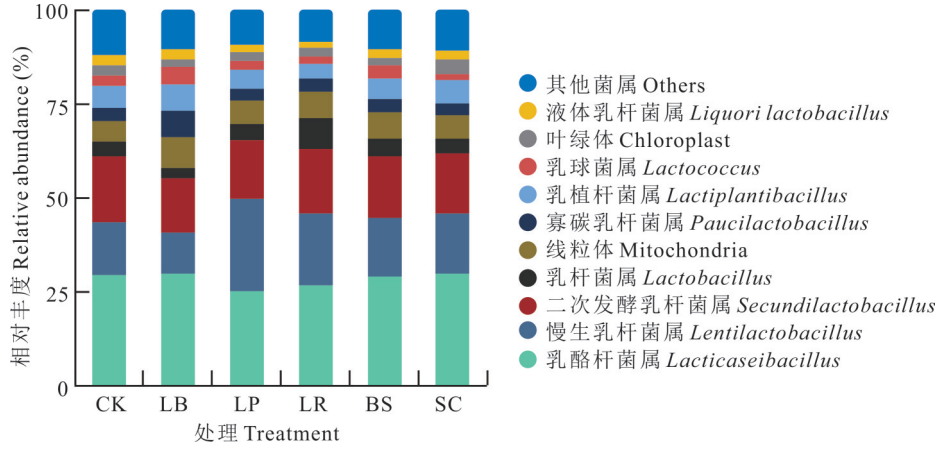

图2 基于属水平的微生物群落结构分析

Fig. 2 Analysis of microbial community structure based on genus level

3 讨论

3.1 不同微生物协同黑曲霉对发酵木薯渣感官评定的影响

感官评定由多人在现场完成，具有简单迅速、容易操作等特点[18]。在本试验中，各处理组在气味、结构和色泽方面均优于CK组，其中BS组在气味、结构和色泽均达到相对较好的效果，综合评分最高，达到18分，可能是因为BS能够分泌纤维素酶、半纤维素酶和蛋白酶，进一步提升了发酵品质。这与Benjamim等[19]的研究结果相一致，不同微生物发酵饲料的应用效果优于菌株的单独使用。

表 6　发酵木薯渣菌群在属水平上的比较分析

Table 6　Comparative analysis of fermenting cassava residue microbiota at the genus level

项目 Item	CK	LB	LP	LR	BS	SC	*P* 值 *P*-value
乳酪杆菌属 *Lacticaseibacillus*	0.291±0.007a	0.295±0.020a	0.250±0.012bc	0.266±0.003ab	0.296±0.007a	0.295±0.011a	<0.010
慢生乳杆菌属 *Lentilactobacillus*	0.141±0.018cd	0.111±0.007d	0.246±0.019a	0.191±0.001b	0.155±0.022bcd	0.160±0.021bc	<0.010
二次发酵乳杆菌属 *Secundilactobacillus*	0.177±0.023a	0.143±0.016a	0.157±0.009a	0.169±0.001a	0.161±0.006a	0.160±0.009a	0.106
寡碳乳杆菌属 *Paucilactobacillus*	0.036±0.011a	0.038±0.007a	0.029±0.007a	0.033±0.001a	0.034±0.005a	0.028±0.002a	0.508a
乳杆菌属 *Lactobacillus*	0.039±0.015a	0.028±0.007a	0.043±0.000a	0.060±0.007a	0.048±0.017a	0.041±0.009a	0.080
乳植杆菌属 *Lactiplantibacillus*	0.057±0.010ab	0.069±0.006a	0.051±0.001ab	0.039±0.002b	0.054±0.009ab	0.063±0.006a	0.004
乳球菌属 *Lactococcus*	0.028±0.003ab	0.034±0.007a	0.022±0.006ab	0.019±0.005b	0.034±0.011a	0.016±0.003b	0.027
液体乳杆菌属 *Liquorilactobacillus*	0.028±0.014a	0.011±0.000a	0.015±0.002a	0.012±0.001a	0.019±0.007a	0.021±0.010a	0.177

3.2　不同微生物协同黑曲霉对木薯渣发酵品质的影响

饲料发酵工艺，主要是依靠乳酸菌发酵产生大量的有机酸，形成一个较低的 pH 环境，低 pH 是抑制有害微生物繁殖和减少蛋白质等营养物质被分解的重要因素，因此 pH 是衡量饲料发酵品质的重要指标之一[20]。优质发酵饲料的 pH 应不高于 4.2[21]，本试验各处理组的 pH 为 3.48～3.73，均低于 CK 组，表明添加不同微生物与黑曲霉协同作用显著降低了发酵木薯渣的 pH（$P<0.05$），与黄金华等[12]的研究结果一致。研究中各处理组的 LA 含量均较 CK 组有所提高但无显著差异（$P>0.05$），可能与发酵过程中各菌种产酸速率互补、底物中碳源分配均衡有关，其中 LB 处理组 pH 最低，LA 含量最高，可能是在布氏乳杆菌发酵阶段，除产生乳酸外，还合成乙酸（acetic acid，AA）、二氧化碳（CO_2）和乙醇，乙酸可降低发酵底物的 pH，增强好氧系统的稳定性能，与张涛等[22]的研究结果一致。乙酸作为饲料的防腐剂，有利于降低发酵底物的 pH，抑制有害微生物的生长繁殖[23]。本研究中 BS 处理组的 AA 含量最高，LR 组次之，其他处理组的 AA 含量均较对照组有所下降，但下降趋势不显著（$P>0.05$），均可能是由于添加菌种剂量、发酵条件以及发酵组合方式不同导致。与 CK 组相比，各处理组的 BA 含量显著下降（$P<0.05$），且 BS 处理组最低。综上，添加不同微生物与黑曲霉复合发酵均能够降低发酵底物木薯渣的 pH 与 BA 含量，提高 LA 与 AA 含量，这与魏立民等[24]的研究结果相符。

3.3　不同微生物协同黑曲霉对发酵木薯渣营养品质的影响

营养品质是衡量发酵饲料饲用价值与商业价值的重要指标[25]。发酵饲料品质优劣可由 DM 含量动态变动反映，主要是由于植物呼吸以及好氧菌群代谢导致发酵饲料干物质含量出现变化[26]。在本试验中，木薯渣原料干物质含量为 15.16%，CK 组与各处理组的 DM 含量均在 30% 以上，其中 BS 组的 DM 含量最高，达到 31.29%，其原因可能是黑曲霉在发酵过程中主导了微生物发酵，导致其各组 DM 含量变化差异不大。CP 含量低也是限制木薯渣作为饲料利用的原因之一，木薯渣原料 CP 含量为 2.36%，本研究中各个处理组均在 11% 以上，与 CK 组相比，LP 和 BS 处理组的 CP 含量显著提高（$P<0.05$）。本研究结果与张云翔[27]的研究结果类似，但其 CP 含量提高程度有所差异，推测原因可能是发酵原料以及添加菌剂含量不同所导致。ADF 与 NDF 是营养成分评定的重要指标，通常 NDF 含量越低其适口性更好，ADF 含量过高则会影响饲料 DM 消化率[28]。本研究中各处理组的 NDF 与 ADF 含量均较 CK 组显著下降（$P<0.05$），与唐庆凤等[10]的研究结果一致。

3.4　不同微生物协同黑曲霉对发酵木薯渣微生物多样性的影响

发酵过程本质上是由乳酸菌类微生物参与的无氧发酵过程，同时也是一个复杂的微生物群落演变过程[29]。

Alpha多样性用于描述微生物群落的丰富度和均匀度。在本试验中,除LP组外,LB、BS、SC组的Chao1指数均较CK组有所增加($P>0.05$),而各处理组的Shannon、Simpson指数均较CK组有所降低($P>0.05$),微生物多样性无显著差异可能是由于黑曲霉作为优势菌主导了群落结构,添加菌种未改变核心群落的丰富度与均匀度,由此表明添加LP、LB、BS、LR、SC分别与黑曲霉混合使用对发酵木薯渣的微生物群落结构影响不大。

在门水平上,各组的优势菌门均为厚壁菌门、变形菌门及蓝细菌门,其中厚壁菌门占据最高比例。厚壁菌门是细菌中多样性最多的菌门之一,同时也是发酵微生物群落的核心组成。各处理组的厚壁菌门相对丰度均较CK组有下降趋势,但变化不显著($P>0.05$),说明不同微生物与黑曲霉组合发酵改变了木薯渣发酵的微生物群落。变形菌门是细菌中种类最多的菌门之一,涵盖了大量的革兰氏阴性细菌,各处理组的变形菌门相对丰度有所增加,其中LB组较CK组增加了2.89%。厚壁菌门与变形菌门在饲料发酵中具有降解纤维的作用,为微生物发酵提供更多的底物[30]。厚壁菌门相对丰度的轻微下降与变形菌门的增加,可能促进了纤维素降解酶的分泌,进而降低NDF、ADF含量。CK组的优势菌属是乳酪杆菌属、二次发酵乳杆菌属、慢生乳杆菌属,各处理组的优势菌属均与CK组一致,此外,乳杆菌属、乳植杆菌属、乳球菌属作为发酵饲料的有益菌属,各处理组三者的相对丰度均较CK组有所增加,说明不同微生物与黑曲霉混合使用后,增加了有益菌属的比例,并且乳杆菌属等有益菌属相对丰度增加,与CP含量提升呈正相关,推测其参与了氮源转化与蛋白质合成。

4 结论

本研究表明,黑曲霉分别与5种微生物(植物乳杆菌、布氏乳杆菌、枯草芽孢杆菌、鼠李糖乳杆菌、酿酒酵母菌)协同发酵的效果优于黑曲霉单独使用;各处理组均不同程度地改善了木薯渣的发酵品质,增加了营养成分含量,提高了发酵有益菌的相对丰度,其中,以枯草芽孢杆菌与黑曲霉协同使用效果最佳,植物乳杆菌次之。

参考文献 References:

[1] Wei Y X, Su B M, Huang J, *et al*. Effects of potassium application on yield, quality and absorption of macro-, meso-, and micro-nutrients of cassava. Journal of Northwest A&F University (Natural Science Edition), 2017, 45(9): 46-54.
魏云霞, 苏必孟, 黄洁, 等. 施钾对木薯产量和品质及大中微量元素吸收的影响. 西北农林科技大学学报(自然科学版), 2017, 45(9): 46-54.

[2] Zuo Q Q, Ma X D, Chen X L, *et al*. Research progress on feeding value of cassava and its application in livestock and poultry production. Feed Research, 2025(17): 149-154.
左清清, 马旭东, 陈秀龙, 等. 木薯的饲用价值及其在畜禽生产中的应用研究进展. 饲料研究, 2025(17): 149-154.

[3] Guangxi Zhuang Autonomous Region Bureau of Statistics, Guangxi Survey Corps of the National Bureau of Statistics. Guangxi statistical yearbook (2022). Beijing: China Statistics Press, 2022.
广西壮族自治区统计局, 国家统计局广西调查总队. 2022年广西统计年鉴. 北京: 中国统计出版社, 2022.

[4] Guangdong Provincial Bureau of Statistics. 2024 production situation of major crops in Guangdong. https://stats.gd.gov.cn/zynzwcl/content/post_4701411.html, 2025/9/21.
广东省统计局. 2024年广东主要农作物生产情况. https://stats.gd.gov.cn/zynzwcl/content/post_4701411.html, 2025/9/21.

[5] Tang C M, Wang Z S, Wan J H, *et al*. The influence of cassava residue diet on the production performance and blood biochemical indicators of fattening cattle in summer. Chinese Journal of Animal Science, 2011, 47(21): 38-40.
唐春梅, 王之盛, 万江虹, 等. 木薯渣日粮在夏季对育肥牛生产性能和血液生化指标的影响. 中国畜牧杂志, 2011, 47(21): 38-40.

[6] Ji F J, Wang D F, Hou G Y, *et al*. Nutrition value analysis of cassava residue. China Feed, 2016(6): 37-40.
冀凤杰, 王定发, 侯冠彧, 等. 木薯渣饲用价值分析. 中国饲料, 2016(6): 37-40.

[7] Oke O L. Problems in the use of cassava as animal feed. Animal Feed Science and Technology, 1978, 3(4): 345-380.

[8] He L Y, Nie A, Yao Y L. The safe use of residue feed. Hunan Agriculture, 2025(5): 23-24.
何凌云, 聂昂, 姚亚铃. 糟渣类饲料的安全使用. 湖南农业, 2025(5): 23-24.

[9] Bai X M, Fan Y, Wang D Y, *et al*. Cassava residue fermented feed and its fermentation technology and application. Swine Industry Science, 2021, 38(5): 86-89.

白秀梅，范彧，王丹玉，等．木薯渣发酵饲料及其发酵工艺与应用．猪业科学，2021，38(5)：86－89.

[10] Tang Q F，Peng K P，Wei S J，*et al*. Effects of solid-state fermentation with different combinations of mixed strains on quality of cassava residue. Chinese Journal of Animal Nutrition，2016，28(6)：1965－1974.
唐庆凤，彭开屏，韦升菊，等．不同微生物添加剂组合固态发酵对木薯渣品质的影响．动物营养学报，2016，28(6)：1965－1974.

[11] Shinya T Y，Elsner V H P，de Lima Júnior D S，*et al*. Bioprocess development with special yeasts for cassava bagasse enrichment nutritional to use in animal feed. Animal Feed Science and Technology，2022，290：115338.

[12] Huang J H，Wang S Z，Liang Z M，*et al*. Comparison of nutritional value of feeds for different treatments of cassava dregs. Journal of Southern Agriculture，2009，40(6)：768－771.
黄金华，王士长，梁珠民，等．不同处理对木薯渣饲料营养价值的比较．广西农业科学，2009，40(6)：768－771.

[13] Xiao L. Research progress on the feed utilization of fermented cassava residue. Guizhou Journal of Animal Husbandry & Veterinary Medicine，2024，48(1)：17－20.
肖林．发酵木薯渣饲料化利用研究进展．贵州畜牧兽医，2024，48(1)：17－20.

[14] Zhou R H，Yang X L，Wang G Y，*et al*. Laboratory animals，formula feeds with determination of routine nutrients. Beijing：China Standards Press，2001.
周瑞华，杨晓莉，王光亚，等．实验动物、配合饲料及常规营养成分的测定．北京：中国标准出版社，2001.

[15] Guo X J，Guo W，Yang M，*et al*. Effect of *Bacillus* additives on fermentation quality and bacterial community during the ensiling process of whole-plant corn silage. Processes，2022，10(5)：https://doi.org/10.3390/pr10050978.

[16] Liang Q，Lu M B，Lu Z D，*et al*. Determination of lactic acid in fermentation broth by p-hydroxybiphenol colorimetry. Food Science，2008，29(6)：357－360.
梁琼，鲁明波，卢正东，等．对羟基联苯法定量测定发酵液中的乳酸．食品科学，2008，29(6)：357－360.

[17] Feng Z C，Gao M. Improvement of the method for determining ammonia nitrogen content in rumen fluid by colorimetry. Animal Husbandry and Feed Science，2010，31(6/7)：37.
冯宗慈，高民．通过比色测定瘤胃液氨氮含量方法的改进．畜牧与饲料科学，2010，31(6/7)：37.

[18] Li Y F，Wang X S，Zhu X F. Data analysis of deoxynivalenol in wheat stuff in 2021. Feed Review，2022(2)：47－50.
李艳芬，王晓珊，朱晓凤．2021年小麦原料呕吐毒素数据分析．饲料博览，2022(2)：47－50.

[19] Benjamim Da Silva É，Costa D M，Santos E M，*et al*. The effects of *Lactobacillus hilgardii* 4785 and *Lactobacillus buchneri* 40788 on the microbiome，fermentation，and aerobic stability of corn silage ensiled for various times. Journal of Dairy Science，2021，104(10)：10678－10698.

[20] Li G Y，Chen Y X，Lian H X，*et al*. Review on quality evaluating index system and measuring methods for alfalfa silage. Pratacultural Science，2010，27(8)：151－154.
李改英，陈玉霞，廉红霞，等．苜蓿青贮品质评定指标体系及测定方法的概述．草业科学，2010，27(8)：151－154.

[21] Ma N N，Zhang X Q，Yang C L，*et al*. Optimization and application evaluation of mixed bacteria in fermented feed. Shandong Agricultural Sciences，2020，52(12)：112－117，125.
马娜娜，张心青，杨传伦，等．发酵饲料的混菌复配优化及应用评价．山东农业科学，2020，52(12)：112－117，125.

[22] Zhang T，Cui Z J，Li J P，*et al*. The effect of different fermentation type of silage inoculants bacteria on the fermentation of silage. Acta Prataculturae Sinica，2005，14(3)：67－71.
张涛，崔宗均，李建平，等．不同发酵类型青贮菌制剂对青贮发酵的影响．草业学报，2005，14(3)：67－71.

[23] Liang Y C，Zhang X W，Shao T，*et al*. Effects of different lactic acid bacteria strains on fermentation quality and mycotoxin contents of whole-plant corn silage. Acta Prataculturae Sinica，2025，34(3)：123－133.
梁宇成，张晓雯，邵涛，等．乳酸菌对全株玉米青贮发酵品质和霉菌毒素含量的影响．草业学报，2025，34(3)：123－133.

[24] Wei L M，Liu Q W，Liu H L，*et al*. The influence of *Bacillus* complex butyric acid on the fermentation quality of cassava residue. Guangdong Feed，2016，25(11)：22－24.
魏立民，刘圈炜，刘海隆，等．复合酪酸芽孢杆菌对木薯渣发酵品质的影响．广东饲料，2016，25(11)：22－24.

[25] Zhao M Q E，Bao J，Wang Z J，*et al*. Effects of different lactic acid bacteria additives on silage quality of natural pasture grass silage. Chinese Journal of Animal Nutrition，2024，36(5)：3352－3362.
赵牧其尔，包健，王志军，等．不同乳酸菌添加剂对天然草地牧草青贮饲料青贮品质的影响．动物营养学报，2024，36(5)：3352－3362.

[26] Si B W，Xu W C，Zhang X L，*et al*. Influence of different additives on fermentation quality of hybrid paper mulberry silage.

Chinese Journal of Animal Nutrition, 2018, 30(11): 4670-4675.
司丙文, 徐文财, 张小利, 等. 不同添加剂对杂交构树青贮发酵品质的影响. 动物营养学报, 2018, 30(11): 4670-4675.

[27] Zhang Y X. Effect of different microorganisms on nutrient composition and *in vitro* digestibility of fermented cassava residue. Feed Research, 2022, 45(21): 113-117.
张云翔. 不同微生物对发酵木薯渣营养成分及体外消化率的影响. 饲料研究, 2022, 45(21): 113-117.

[28] Wang S N, Wang J L, Wu P X, *et al*. Effect of different stubble height on quality of Yayu Silage No. 8. Feed Research, 2023, 46(2): 100-104.
王胜男, 王嘉麟, 吴鹏鑫, 等. 不同留茬高度对雅玉青贮8号品质的影响. 饲料研究, 2023, 46(2): 100-104.

[29] Chen J Y, Tian H C, Liu J Y, *et al*. Effects of malic acid and citric acid on silage quality and microbial diversity of *Neolamarckia cadamba* leaves. Chinese Journal of Animal Nutrition, 2025, 37(2): 1312-1324.
陈金钰, 田汉晨, 刘金洋, 等. 苹果酸和柠檬酸对黄粱木叶青贮品质及微生物多样性的影响. 动物营养学报, 2025, 37(2): 1312-1324.

[30] Qiao J T, Guo R B, Yuan X Z, *et al*. Phylogenetic analysis of methanogenic corn stalk degrading microbial communities. Environmental Science, 2013, 34(4): 1531-1539.
乔江涛, 郭荣波, 袁宪正, 等. 玉米秸秆厌氧降解复合菌系的微生物群落结构. 环境科学, 2013, 34(4): 1531-1539.