红豆草膜受体激酶 OvLRR_RLKs 调控其耐寒性的分子机制 ..... 1
醉马草-内生真菌共生体叶片解剖结构对干旱胁迫的响应 ..... 2
防治苜蓿黄萎病的生防菌初筛选 ..... 3
粮草轮作促进特定根际细菌类群的定殖以提高作物生产力 ..... 4
共生体改变内生真菌菌丝浓度介导醉马草抗旱继代效应 ..... 5
高寒草地优良豆科牧草的促生菌筛选及促生特性研究 ..... 6
去除种子内生真菌对黄花棘豆生长和苦马豆素含量的影响 ..... 7
*Epichloë*内生真菌对醉马草叶际可培养真菌群落组成与多样性的影响 ..... 8
中国的一种木豆新病害 ..... 9
中国燕麦新纪录病害 ..... 10
灌木移除对生态系统服务的影响 ..... 11
基于胆碱离子液体的氯虫苯甲酰胺空心介孔二氧化硅微胶囊缓释剂的开发及其在沙葱萤叶甲防治上的应用研究 ..... 12
甜高粱饲草资源在我国饲草产业中的发展潜力 ..... 13
Effects of Flumulamide Spraying on Alfalfa Physiological Characteristics and Seed Yield Composition Factors ..... 14
Physiological Characteristics of Exogenous MT on two Alfalfa Plants Under Salt Stress the Effect of the Cellular Ultrastructure ..... 15
高温胁迫及恢复对紫花苜蓿叶片光合作用及光系统的影响 ..... 16
黑麦草营养特性及其在畜牧业的利用现状 ..... 16
PSI photoprotection mechanism of Alfalfa under low temperature and light stress ..... 16
喷施二氢卟吩铁对发草花前干物质转运和种子产量的影响 ..... 17
甜菜碱缓解低温苜蓿种子萌发不同呼吸途径作用机制 ..... 19
浅谈牧草在奶牛养殖中的价值与应用 ..... 19
禁牧对微生物生活史策略及土壤有机碳的影响 ..... 20
甜菜碱缓解低温苜蓿种子萌发不同呼吸途径作用机制 ..... 21
干旱胁迫下紫花苜蓿光合碳同化影响机制 ..... 21
草原资源的发展现状及其对畜牧业的影响 ..... 22
基于胆碱离子液体的氯虫苯甲酰胺空心介孔二氧化硅微胶囊缓释剂的开发及其在沙葱萤叶甲防治上的应用研究 ..... 23
一种野生白颖苔草愈伤组织诱导和再生体系的建立 ..... 24
新疆狗牙根根系对不同干旱胁迫时间的转录组分析 ..... 25
狗牙根在碱性盐胁迫下的转录组响应及耐盐碱机制解析 ..... 25

狗牙根的生长、光合作用及离子稳态对碱性盐胁迫的响应 ..... 27
温度胁迫对冬虫夏草菌形态学特征和生理生化特性的影响 ..... 28
21 份无芒雀麦农艺性状与种子产量的综合评价 ..... 30
伊犁绢蒿响应干旱胁迫的生理及转录组分析 ..... 31
Contribution of the AOX respiratory pathway on spring rejuvenation of alfalfa ..... 32
甜高粱青贮饲料及其在牛羊日粮中的应用进展 ..... 33
紫花苜蓿的营养价值及在奶牛生产上的应用 ..... 33
基于祖先性状演化和叶绿体基因组的马先蒿形态特征分析 ..... 34
Morphological Analysis of *Pedicularis* Based on Ancestral Character Evolution and Chloroplast Genome ..... 34
Diverse Rangelands and Pastoralists in Ethiopia Facing Climate Change and Bush Encroachment ..... 36
封育对伊犁绢蒿荒漠土壤酶活性及其化学计量特征的影响 ..... 38
模拟氮沉降和放牧对温性荒漠草原植被群落特征的影响 ..... 41
狗牙根叶片相对含水量高光谱反演估算 ..... 44
氮肥和牛粪添加对煤矿补播区植物和土壤养分的恢复效果研究 ..... 46
伊犁绢蒿叶片凋落物分解动态及其碳氮磷生态化学计量特征研究 ..... 49
叶部病原真菌对青藏高原高寒草甸群落结构和多样性的调节作用 ..... 53
长叶车前链格孢叶斑病病原新种的发现与鉴定 ..... 54
Soil fungi communities and their co-occurrence patterns response to grazing exclusion in different grassland types ..... 57
草地植物多样性沿海拔梯度分布特征及其驱动因素——以天山北坡东段为例 ..... 60
榆阳区草产业发展中存在的问题及对策 ..... 63
不同混合比例对玉米、大豆青贮饲料发酵品质及体外消化的影响 ..... 65
添加不同浓度绿原酸对柱花草青贮发酵品质的影响 ..... 68
不同添加剂对高寒地区燕麦青贮品质的影响 ..... 71
乳酸菌接种剂对全株玉米青贮发酵品质的影响 ..... 74
联合利用土壤生物结皮、微生物和牧草治理荒漠草原氮沉降 ..... 77
甲酸杀菌剂对象草青贮发酵品质的影响 ..... 81
沙福芽孢杆菌和伊朗纤维单胞菌对竹粉青贮发酵品质的影响 ..... 84
布氏乳杆菌对全株玉米青贮品质和有氧稳定性的影响 ..... 88
不同饲养方式对肉羊代谢组学的影响 ..... 91

基于 CiteSpace 对冬虫夏草寄主蝙蝠蛾的研究热点及趋势的可视化分析 .96
植物乳杆菌与酶对中药渣青贮发酵品质的影响 .....99
国外玉米籽粒复水青贮的最新研究进展 .....103
收割时间对羊草青贮中吡哆醇含量的影响 .....108
不同复合菌酶添加对中药渣青贮饲料的营养价值及发酵品质的影响 ..... 113
添加黄粱木、樟木和桉树精油对构树叶青贮品质的影响 .....117
不同饲养方式对肉羊生长性能血液抗氧化指标以及瘤胃发酵参数的影响 ..... 120
泽曲国家湿地公园被子植物区系分析 ..... 127
不同饲养方式对肉羊繁殖性能以及瘤胃微生物数量的影响 .....132
不同管理模式对科右前旗草地生产力的影响 .....139
饲草大豆耐盐碱种质资源的评定与筛选 .....145
压实密度及添加剂对甜高粱青贮饲料发酵品质的影响 .....149
不同燕麦品种在三江源区的引种适应性评价 .....153
不同添加剂和含水量对副产物莲蓬壳青贮发酵品质的影响 .....159
黄粱木叶提取物对柱花草青贮品质的影响 .....163
含水量和乳酸菌制剂对鲜食玉米副产物混合青贮发酵品质和营养价值的影响 ..... 166
菌酶协同对柠条青贮品质及体外发酵特性的影响 .....170
增温和施氮对短花针茅荒漠草原土壤氮含量的影响 .....173
利用已知秋眠级苜蓿评定未知秋眠　　级苜蓿品种试验 .....179
乳酸菌添加剂对燕麦青贮饲料营养成分影响的 Meta 分析 ..... 185
紫花苜蓿根系形态特征对不同播期的响应 .....189
“粮改饲”试点政策效果评价—基于农户收入的视角 ..... 194
甘肃兰州新区 5 个燕麦品系适应性及种子生产性能比较研究 ..... 204
四倍体蒙农 5 号新麦草倍性相关特征的研究 .....210
巴彦淖尔地区植物多样性与常见种药用价值 .....214
‘龙牧茶’秣食豆选育报告 ..... 218
饲喂箭筈豌豆对黄淮肉羊生长性能、血液免疫指标及甲烷排放的影响 ..... 225
饲用籽粒苋可溶性碳水化合物含量及糖组成变动的影响因素 ..... 232
不同苜蓿青贮发酵剂对青贮苜蓿营养品质及发酵品质的影响 ..... 235
三江源地区小花棘豆表型性状多样性及其与部分环境因子的相关性分析 ..... 242
ARTP 处理对直立型扁蓿豆植株生长的影响 .....248
内蒙古荒漠草原不同载畜率对绵羊生长性能和瘤胃发酵的影响 ..... 252

饲用杂交大豆与全株青贮玉米间作对其生长特性和发酵品质的影响 ..... 257
不同刈割强度下亲缘识别对赖草克隆生长的影响 ..... 267
荒漠草原优势种群对围封的响应 ..... 272
三江源地区野生多枝黄耆资源表型性状多样性分析 ..... 279
粮饲轮作阻控土壤侵蚀评价及机制研究 ..... 284
不同羊茅属种质坪用性评价 ..... 288
呼和浩特干旱雨养条件下 81 份燕麦种质资源适应性评价 ..... 299
利用新麦草回交群体定位分蘖相关性状 QTL ..... 310
青藏高原地区不同老芒麦资源饲草生产性能综合评价 ..... 314
种植密度对燕麦茎秆理化性质的影响及对倒伏的调控机制 ..... 326
1981-2015 年内蒙古植被 NDVI 指数动态变化 ..... 337
达乌里胡枝子根瘤菌的促生作用及高效根瘤菌的筛选 ..... 346
不同载畜率对典型草原蝗虫多样性的影响 ..... 351
不同品种苜蓿人工草地地下碳储量比较研究——以阿鲁科尔沁旗为例 ..... 356
羊板粪与枯草芽孢杆菌配施对退化高寒草甸土壤养分及酶活性的影响 ..... 362
葫芦巴种子萌发期对不同盐分类型胁迫的响应 ..... 368
高寒区不同施肥处理对燕麦生物量及土壤养分的影响 ..... 380
耐盐植物促生菌 W-1 鉴定及其对红豆草耐盐性的影响 ..... 393
内蒙古温带草甸草原牧草营养品质与土壤氮含量对不同氮肥添加方式的响应 ..... 399
生态奖补政策对果洛州牧民收入与支出的影响 ..... 411
饲喂箭筈豌豆对黄淮肉羊瘤胃代谢组学及转录组学的影响 ..... 419
基于 CRISPR/Cas9 系统的柳枝稷 *PvMYB106* 基因敲除及功能分析 ..... 431
海拔高度对高加索三叶草开花进程和花序生理指标的影响 ..... 437
青海高原优势禾草-麦宾草内生真菌最佳培养条件筛选的研究 ..... 444
青藏高原禾本科牧草混播对牧草产量、土壤养分和土壤微生物群落的影响 ..... 458
新麦草 *PjIPT* 基因的功能验证 ..... 464
越冬期苜蓿根系生理特性研究 ..... 467
羊草（*Leymus chinensis*）根茎扩繁能力研究 ..... 470
m$^6$A 结合蛋白 PvECT9 提高柳枝稷耐盐性 ..... 479
不同固持材料对矿山边坡植被重建及水土流失的影响 ..... 483
Feeding Common Vetch with Rice Straw to Fattening Lambs: Effects on Growth Performance, Ruminal Fermentation and Microbiota, and Economic Efficiency ..... 490

青藏高原植物生长调节剂对老芒麦落粒性影响研究.....501
舍饲藏羊瘤胃微生物及代谢产物对不同粗饲料的响应.....512
干旱胁迫下不同紫花苜蓿生长及生理生化综合响应评价.....515
基于可见光影像的木里矿区排土场植被覆盖度提取研究.....524
皮燕麦籽粒颜色对籽粒营养的影响.....530
不同放牧强度对蝗虫生态位的影响.....537
氮添加对草甸草原退化割草地植物群落结构的影响.....541
氮添加对燕麦/豌豆间作体系碳氮磷化学计量特征的影响.....555
燕麦成熟胚组织培养体系的建立.....571

# 红豆草膜受体激酶 OvLRR_RLKs 调控其耐寒性的分子机制[1]

楚孟娇[2]，雷蕾*，南志标*

（兰州大学草种创新与草地农业生态系统全国重点实验室，兰州大学草地农业科技学院，甘肃 兰州 730020）

**摘要：** 青藏高原是我国重要的畜牧业基地和生态屏障，但因其高寒的气候特点，豆科牧草地建植困难，严重制约着该地区畜牧业的可持续发展。红豆草 (*Onobrychis viciaefolia*) 是一种多年生的豆科牧草，高产优质，但现有品种越冬困难。本研究结合不同的红豆草品种在甘南地区的生长表现，探讨其生长特性、根系结构与高寒适应性的关系，进而对红豆草传导并响应冷信号的机制进行解析。首先，在甘南夏河开展田间试验，结果显示，越冬后，新品系红豆草的存活率、生物量、根系形态指标均显著高于对照品种 10.96%～43.65%。其次，对该耐寒品种进行冷响应转录组测序分析，筛选到红豆草响应冷胁迫的 50 个差异表达基因 (Differentially Expressed Genes, DEGs)，其中存在 7 个 *LRR_RLK* (Leucine rich repeat-receptor like kinase) 受体激酶。对这些 DEGs 进行 RT-qPCR 验证，结果表明，这 7 个 *OvLRR_RLK*s 冷处理后均显著上调表达。同时利用酵母外源表达 *OvLRR_RLK*s，结果表明，冷处理后，转 *OvLRR_RLK*s 酵母菌落长势显著优于空载对照菌落。以上结果表明，OvLRR_RLKs 参与红豆草对低温信号的感应和耐寒性的调控。本研究结果有助于进一步揭示红豆草响应冷胁迫的信号传导机制，为进一步利用分子育种手段精准改良红豆草耐寒性提供理论依据。

**关键词：** 新品系红豆草；耐寒；田间表现；LRR_RLKs

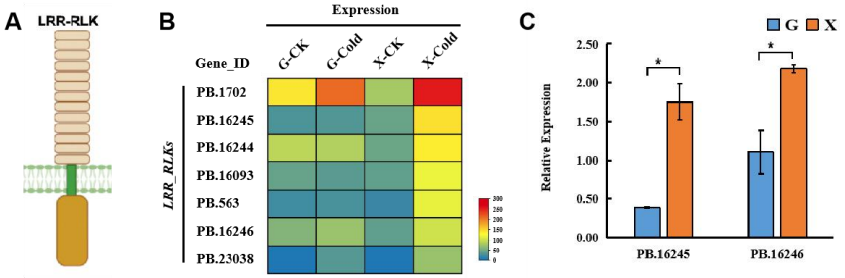



图 1 *OvLRR_RLK* 调控红豆草响应冷胁迫

注：图 A 为 LRR-RLK 受体激酶模式图，图 B 为新品系红豆草相较对照品种显著上调表达的 7 个 LRR-RLKs 基因热图分析，图 C 为受体激酶 PB.16245（左）和 PB.16246（右）的相对表达量。数据为平均值（Mean）±标准误差（SE），*表示各品种之间差异显著（P<0.05）。

[1] 基金项目：甘肃省科技重大专项计划（纵向）“草类植物种质创新与品种选育”资助

[2] 作者简介：楚孟娇(1998-)，女，汉族，山东济宁人，博士研究生，主要从事牧草栽培学研究，E-mail: chumj21@lzu.edu.cn；*通讯作者 Author for correspondence, E-mail: leilei@lzu.edu.cn, zhibiao@lzu.edu.cn.

# 醉马草-内生真菌共生体叶片解剖结构对干旱胁迫的响应

崔龙轩，何文，夏超*

（草种创新与草地农业生态系统全国重点实验室；兰州大学草地农业科技学院；兰州大学，甘肃 兰州 730020）

**摘要：**醉马草（*Achnatherum inebrians*）广泛分布于我国西北地区，在自然界中与香柱菌属（*Epichloë*）内生真菌形成互利互惠的共生体，表现出较强的抵御生物和非生物胁迫的能力。植物可通过叶片解剖结构变化影响水分的散失，干旱条件下，内生真菌是否通过影响共生体叶片结构结构，实现增强其抗旱能力的目的尚不得而知。本研究以具有相同遗传背景的带内生真菌（Endophyte-infected, EI）和不带内生真菌（Endophyte-free, EF）的醉马草为试验材料，设置不同水分梯度，探究了供试植物叶片解剖结构的变化，主要发现：（1）在干旱胁迫下，内生真菌显著降低了醉马草的叶脉厚度（$P<0.05$）。干旱胁迫导致 EI 醉马草维管束周长和面积低于 EF 醉马草，在严重干旱时差异显著（$P<0.05$），植物维管组织厚度和木质部导管直径减少，致使叶片总厚度减少。叶脉厚度变薄是植物适应干旱环境的表现，表明内生真菌可以促进植物叶脉厚度减小来提高植物的抗旱能力。干旱胁迫也导致 EI 醉马草叶片泡状细胞面积更小。泡状细胞控制叶片的内卷和折叠，泡状细胞面积越小，叶片的卷曲程度越大。在干旱缺水时，醉马草为防止植物体内水分的散失，通过减小泡状细胞面积来增加叶片的收缩程度以便叶片在缺水情况下迅速卷起，减少水分的蒸腾面积，这是醉马草应对干旱胁迫的策略之一。（2）干旱胁迫下，EI 醉马草泡状细胞周长面积比更小，周长与面积之比的值越小，越有利于物质与能量的转换，泡状细胞能够有效地通过快速失水达到控制叶片的卷缩。严重干旱时，EI 植株的泡状细胞变化较大，细胞排列变密也会降低植株在干旱下的水分散失，使得 EI 植株更适应水分亏缺，对干旱有更强的耐受性。在 15%土壤相对饱和含水量（极度干旱）条件下，EI 醉马草植株泡状细胞组高度/叶脉厚度显著高于 EF 醉马草（$P<0.05$），表明内生真菌极大缓解了干旱胁迫对叶脉厚度、维管束周长、维管束面积、泡状细胞周长面积比和泡状细胞组高度/叶脉厚度等指标的消极影响，提高了共生体的抗旱能力。研究结果有助于了解叶片的生理解剖结构和理解代际间植物调节和水分策略，为有效地利用内生真菌培育抗旱牧草新品种提供理论基础。

关键词：内生真菌；醉马草；干旱；叶片解剖结构

基金项目：国家自然科学基金面上项目(32001387);“双一流”引导专项-队伍建设经费-科研启动费(561119208)资助。

作者简介：崔龙轩(2001-)，男，河南新乡人，在读硕士，主要从事禾草内生真菌研究，E-mail:cuilx2023@lzu.edu.cn

*通信作者, E-mail: xiac@lzu.edu.cn

# 防治苜蓿黄萎病的生防菌初筛选

张梨梨，李彦忠*

（兰州大学草地农业生态系统国家重点实验室/兰州大学草地农业科技学院，甘肃 兰州，730000）

**摘　要**：苜蓿黄萎病是毁灭性土传病害，在我国属于 A 类检疫性病害。但是该病害在我国河西走廊大面积发生已成为重要事实。此前，国外用溴甲烷和氯化苦对病田土壤进行熏蒸具有很好的防治效果，但由于溴甲烷对大气层会造成严重的破坏，该方法在 2015 年被禁用，此外国内尚未筛选出对苜蓿黄萎病抗性较好的抗性品种，进而寻找一种绿色环保且可对河西地区大面积防治苜蓿黄萎病的防治方法非常重要。故本论文是筛选了 6 个苜蓿黄萎病发病率不同的苜蓿品种(甘农 4 号(1.86%)、WL343HQ(2.22%)、旱地(15.22%)、巨能 2 号(16.30%)、新牧 1 号(34.50%)和 Saranac(37.33%))，对其根际土壤进行了高通量测序、对根际土壤和苜蓿茎秆进行了可培养微生物分离，同时对已分离培养的不同种细菌进行了 PDA 平板对峙试验。高通量结果表明，细菌门水平，甘农 4 号品种中放线菌门(Actinobacteria)和绿弯菌门(Chloroflexi)相对丰度高于其它品种；属水平，甘农 4 号品种中食酸菌属(*Acidovorax*)显著高于新牧 4 号($P$<0.05)；WL343HQ 中 *Abiotrophia* 和酸土单胞菌属(*Aciditerrimonas*)显著高于新牧 4 号($P$<0.05)。真菌门水平，甘农 4 号品种中子囊菌门(Ascomycota)相对丰度显著高于其它品种($P$<0.05)。Alpha 多样性分析发现甘农 4 号品种的 Sob 指数显著低于旱地品种和 Saranac 品种($P$<0.05)，甘农 4 号品种的 Chao1 指数显著低于旱地品种和 Saranac 品种($P$<0.05)，品种 Saranac 的 ace 指数显著高于品种巨能 2 号和品种甘农 4 号($P$<0.05)。可培养微生物分离鉴定中从苜蓿茎秆中共分离 231 个细菌菌株鉴定到 5 个属的 22 种，其中发病率较高的新牧 4 号品种中分离到的细菌总菌株数少于甘农 4 号、WL343HQ、旱地和巨能 2 号；从根际土壤中共鉴定到 13 个属 29 种细菌。PDA 平板对峙结果表明，4 种细菌对苜蓿轮枝菌的抑菌率大于 70%，分别是加 *Streptomyces galilaeus*LYZ1124、*Bacillus amyloliquefaciens*LYZ1125、*Bacillus velezensis*LYZ1126 和 *Bacillus atrophaeus*LYZ1127。以期上述结果可对后续苜蓿黄萎病生物防治提供理论依据。

**关键词**：苜蓿黄萎病、根际土壤、苜蓿茎秆、高通量测定、菌物分离鉴定、抑菌率

# [4]粮草轮作促进特定根际细菌类群的定殖以提高作物生产力

贺鹏[1] 林曦照[1] 刘博文[1] 凌宁[1] 南志标[1,*]

1 草种创新与草地农业生态系统全国重点实验室，兰州大学草地农业科技学院，兰州大学草地微生物研究中心，甘肃兰州，73000

**摘要：**粮草轮作是加快草地农业可持续发展的重要农业措施，然而这种轮作制度下作物生产力与土壤特征和土壤微生物组的相互作用机制仍然存在争议，导致评估农业生态系统的稳定性存在较大的不确定性。本研究目的是探究粮草轮作对根际微生物群落、土壤性质和作物生产力的影响以及它们之间的复杂关系。为解决这一问题，研究通过收集不同田间种植系统（苜蓿或玉米的轮作和连作系统）的苜蓿和玉米根际土壤，以分析微生物群落变化，并进一步评估它们在参与土壤养分循环和促进作物生产力方面的重要作用。粮草轮作显著影响根际微生物群落组成，而不是微生物群落的多样性，并进一步导致微生物种间相互作用的加剧。粮草轮作模式下作物生产力的提高与细菌群落的变化更相关，而不是真菌群落，这一过程由土壤pH 的变化所驱动。此外，一些重要的细菌类群在轮作模式下被招募，并表现出潜在的磷循环和氮同化功能。具体来说，粮草轮作富集了根际有益细菌类群包括具有潜在的拮抗活性，如：*Brevundimonas*（短波单胞菌属）、*Gemmatimonas*（芽孢单胞菌属）、*Lysobacter*（溶杆菌属）、*Pseudonocardia*（假诺卡氏菌属）和 *Pseudomonas*（假单胞菌属）以及积极参与生物合成代谢的相关细菌类群，如，*Luteolibacter*（黄杆菌属）、*Hyphomicrobium*（生丝微菌属）和 *Sphingomonas*（鞘氨醇单胞菌属）。研究表明粮草轮作系统可以有效塑造根际土壤微生物的群落结构，特别是可以积极招募一类根际有益细菌，这将为草地农业优质高产的发展提供重要理论依据。

**关键词：**粮草轮作，根际土壤，细菌群落，土壤特性，作物生产力

**基金项目：**国家牧草产业体系（CARS-34）和甘肃省优秀博士生项目（23JRRA1164）资助。

**作者简介：**贺鹏（1997-），男，陕西眉县人，在读博士。E-mail: hep18@lzu.edu.cn

*通信作者 Corresponding author. E-mail: zhibiao@lzu.edu.cn

# 共生体改变内生真菌菌丝浓度介导醉马草抗旱继代效应

沈锦慧，岳金凤，夏超*

（草种创新与草地农业生态系统全国重点实验室，草地农业科技学院，兰州大学，甘肃 兰州 730020）

**摘要：**醉马草（*Achnatherum inebrians*）是广泛分布在我国西北干旱半干旱草原的禾本科芨芨草属多年生草本植物，通常与香柱菌属（*Epichloë*）内生真菌互惠共生，使共生体在干旱的自然生境中表现出明显的生长优势以及较强的适应能力。但限于多种因素的影响，这种互惠关系并不稳定。已有研究表明，随种子进行垂直传播的内生真菌，可通过介导宿主植物继代效应（Transgenerational effects）调控子代的抗旱能力，且以往关于禾草-内生真菌共生体抗逆能力的研究，多只注重内生真菌的有无，鲜有针对内生真菌菌丝浓度，探究其与共生体抗性强弱关系的相关探索。本研究以具有相同遗传背景的，收集自干旱和湿润两种生境型的带内生真菌（Endophyte-infected, EI）的醉马草种子为供试材料，通过连续两年的大田干旱试验，探究干旱胁迫对醉马草种子菌丝浓度的影响，以期能够明确内生真菌介导宿主植物TGEs 的途径，及菌丝浓度与宿主抗旱能力的关系。研究发现：①干旱生境型醉马草种子的菌丝密度均随年份的增加，表现出显著增加的趋势（$P<0.05$），而湿润生境型醉马草种子的菌丝含量均随年份的增加，表现出下降的趋势。表明面对干旱胁迫，醉马草植株向种子中传递了更多的菌丝，为其子代应对逆境做好了准备。②胁迫第一年，干旱生境型醉马草种子的菌丝密度较湿润生境型种子显著增加了 27.16%。胁迫第二年，干旱生境型醉马草种子的菌丝密度较湿润生境型种子显著增加了 69.05%（$P<0.05$）。结合对每代幼苗的抗旱能力分析，发现内生真菌菌丝浓度与宿主植物抗旱性之间，存在正相关关系。且当植株面临持续干旱胁迫后，其子代往往具有更强的抗旱能力，这一能力的获得，与种子中提升的内生真菌菌丝浓度有较大的关系。本研究结果，进一步明确了内生真菌增强宿主植物抗旱能力的机制，为有效利用内生真菌培育抗旱牧草新品种提供理论基础。

**关键词：**醉马草；干旱胁迫；内生真菌；菌丝浓度

# 高寒草地优良豆科牧草的促生菌筛选及促生特性研究

田原，李春杰，南志标*

（兰州大学草地微生物研究中心，草种创新与草地农业生态系统全国重点实验室，兰州大学草地农业科技学院，甘肃兰州 730020）

**摘要：**植物促生菌（Plant growth-promoting microbes,PGPM）能够对植物发挥促生、抗逆防病以及对土壤发挥改良修复作用。箭筈豌豆、歪头菜和紫花苜蓿是高寒草地农业系统中重要的优良豆科牧草，其优良微生物可为生产适宜的微生物菌肥提供菌种资源。本研究采用基础和选择性培养基筛选获得一批 PGPM，经 16S 和 ITS rDNA 测序鉴定及进化分析确定其分类；测定促生特性并验证植株促生效果以筛选优良 PGPM 菌株。结果表明，3 种豆科牧草共分离 402 株菌，其中细菌 327 株（含根瘤菌 20 株、固氮菌 46 株和溶磷菌 64 株），真菌 75 株，潜在 PGPM 菌株分属于芽胞杆菌属、假单胞菌属、根瘤菌属等。选取 134 株 PGPM 菌测定其促生特性，发现分别有 78 和 128 株菌具备产生长素和产氨能力，同时 120 株菌对紫花苜蓿具有显著促生作用（$P$<0.05）。研究结果有助于更深入地理解 PGPM 在高寒草生态系统的促生功能，为高效利用 PGPM 改善牧草生长提供理论依据和应用潜力。

**关键词：**植物促生菌；促生特性；高寒草地；箭筈豌豆；歪头菜；紫花苜蓿

**作者简介：**田原（1992-），女，汉族，甘肃康县人，博士，主要从事草地有益微生物研究，E-mail: tianyun@lzu.edu.cn；*通信作者 E-mail: zhibiao@lzu.edu.cn

# 去除种子内生真菌对黄花棘豆生长和苦马豆素含量的影响

王家庭，张全成，李彦忠，南志标*

（兰州大学草地农业生态系统国家重点实验室/兰州大学草地农业科技学院，甘肃 兰州，730000）

**摘　要**：高寒牧区作为重要的畜牧业基地，普遍存在毒草泛滥现象，其中黄花棘豆含生物碱毒素（苦马豆素）导致家畜采食后中毒，给畜牧业造成严重损失。对黄花棘豆脱毒处理有助于缓解高寒牧区牧草资源短缺，对保障畜牧业健康发展和生态平衡具有重要意义。为了探究内生真菌对黄花棘豆牧草产量和生物碱毒素含量的影响，本论文在探明黄花棘豆种子发芽条件的基础上，在温室和田间条件下建植黄花棘豆，处理组通过去除种皮使用胚萌发的方法培育无疯草内生真菌（*Alternaria oxytropis*）植株，对照组使用完整种子培育植株，测定处理组和对照组植株生物量、苦马豆素、激素含量、光合指标和抗氧化酶活性等指标。结果表明：（1）温室条件下，处理组植株的苦马豆素含量为 2.80 μg/g，对照组植株苦马豆素含量为 572.93 μg/g。田间条件下，处理组植株的苦马豆素的含量为 0.70 μg/g，对照组植株的苦马豆素的含量为 260.74 μg/g。相较于对照组，温室和田间处理组植株的苦马豆素含量分别降低了 99.51%、99.73%。（2）与田间相比，温室内去除内生真菌提高了黄花棘豆生物量，两者的处理组与对照组在光合参数、相对电导率、叶绿素、植物激素、脯氨酸、可溶性糖含量和抗氧化酶活性上均无显著差异。田间的连续 3 个月的根系生长指标测定结果中，仅第 2 个月处理组的根系平均直径和根系总体积显著高于对照，其余指标均无显著差异。（3）相关性分析和偏最小二乘路径模型（PLS-PM）表明，*A. oxytropis* 含量与苦马豆素含量（$R^2 = 0.12$，$P < 0.0001$）和植物蒸腾速率（$R^2 = 0.04$，$P = 0.0029$）呈显著正相关关系；植物蒸腾速率与植株地上部生物量呈显著负相关关系（$R^2 = 0.11$，$P = 0.0003$）；植株地上部生物量与地下部生物量呈显著正相关关系（$R^2 = 0.74$，$P < 0.0001$）。因此，内生真菌可能通过调节植物的气体交换和光合作用影响寄主植物的生长和发育。关于 *A. oxytropis* 对寄主蒸腾速率的影响机理还有待进一步研究。综上所述，研究认为通过去除黄花棘豆中的内生真菌，可以在温室条件下提升其牧草产量，并显著降低植株内苦马豆素的含量；进一步证实，通过去除种皮处理可以有效去除内生真菌，从而培育出无毒的黄花棘豆幼苗。本研究为培育无毒优质豆科牧草新种质奠定了基础，具有重要的实践意义和应用价值。

关键词：黄花棘豆、内生真菌、苦马豆素、光合指标、生物量

# *Epichloë*内生真菌对醉马草叶际可培养真菌群落组成与多样性的影响

王美君，夏超*

（草种创新与草地农业生态系统全国重点实验室，草地农业科技学院，兰州大学，甘肃 兰州 730020）

**摘要：**醉马草（*Achnatherum inebrians*）是广泛分布在我国西北干旱半干旱草原的多年生草本植物，其与香柱菌属（*Epichloë*）内生真菌互惠共生，使之具备了一定的抗旱优势，但这种关系因受多种因素影响而并不稳定。微生物组被称为植物的“第二套基因组”，在植物生长、发育过程中发挥着重要的作用，叶际（phyllosphere）由植物的地上部分组成，是微生物广阔且重要的栖息地，香柱菌属内生真菌常定殖于宿主禾草茎叶部，具备独特的时空优势，它的存在对禾草叶际微生物多样性产生不同的作用和影响，发挥着“核心微生物”的作用。本研究以带香柱菌属内生真菌(Endophyte-infected, EI)和不带香柱菌属内生真菌(Endophyte-free, EF)的醉马草为材料，通过通过田间试验结合传统分离培养方法，探究干旱与香柱菌属内生真菌互作对对醉马草叶际可培养真菌群落组成与多样性的影响。试验结果表明：1）从醉马草叶际共分离得到 31 个可培养真菌菌株，其鉴定为 16 种，隶属 2 门、12 属。其中子囊菌门（Ascomycota）为主要优势菌门；2）在干旱处理下，香柱菌属内生真菌显著增加了醉马草叶际真菌的菌落分离率和曲霉属（*Aspergillus*）的丰度（$P<0.05$），曲霉属的丰度的增加会产生对抗恶劣生存环境的代谢产物，这可能是内生真菌提高醉马草对干旱逆境耐受力的原因之一；3）香柱菌属内生真菌显著提高了干旱处理下叶片内生真菌群落的香农、辛普森和 ACE 多样性指数（$P<0.05$），湿润处理下的 EI 醉马草植株叶片内生真菌群落香农、辛普森和 Chao1 多样性指数显著高于干旱处理下 EI 醉马草植株（$P<0.05$），表明内生真菌对醉马草叶际可培养真菌群落多样性的影响与土壤水分变化密切相关。本研究结果有助于进一步了解叶际重要微生物在胁迫中的变化情况，从而为进一步理解内生真菌提高植株抗旱性的微生物学机制提供一定的帮助，但仍需进一步开展试验，明确植物-微生物在不同组织部位以及代际间的互作提高宿主抗旱性及其遗传稳定性的机制，为有效利用香柱菌属内生真菌培育抗旱牧草新品种提供理论基础。

**关键词：**内生真菌；醉马草；干旱胁迫；叶际真菌；微生物多样性

基金项目：国家自然科学基金青年项目(32001387)；“双一流”引导专项-队伍建设经费-科研启动费(561119208)资助。

作者简介：王美君(2000-)，女，陕西咸阳人，在读硕士，主要从事禾草内生真菌研究，E-mail:220220902350@lzu.edu.cn

*通信作者, E-mail: xiac@lzu.edu.cn

# 中国的一种木豆新病害

徐茜，李彦忠*

（兰州大学草地农业生态系统国家重点实验室/兰州大学草地农业科技学院，甘肃兰州，730000）

**摘要：**木豆广泛种植于热带与亚热带地区，为世界六大可食用豆类之一，也是唯一的多年生粮饲兼用的豆科木本植物，成熟籽粒、嫩枝、叶片是草食动物的优质饲料，利用价值极高。印度、非洲等地区将木豆作为主要粮食作物，国内则作为饲用兼药物开发作物种植于海南省等华南地区和西南地区。木豆籽实中蛋白质与淀粉含量高，木豆叶片的有效成分木豆素制成的木豆素制剂可有效消炎镇痛。然而，木豆病害随种植年限的增加可严重影响植株正常生长，导致产量显著减少，但国内对病害相关研究相对较少。海南省儋州市热带农业科学院试验基地以育种和高药用活性为目标种植大量木豆，但本研究于 2023 年 2 月发现一种木豆枯萎病，是该地区发生最严重的一类病害，发病率可达 80%。典型症状为植株在水分充足条件下仍表现出缺水状萎蔫干枯，主茎茎基部镶嵌由向上蔓延的黑色条带，木质部具黑色病变。通过组织分离、病原菌鉴定与致病性测定明确了其为镰刀菌（*Fusarium udum*）引致的木豆枯萎病，为中国新病害。其中，在温室条件下接种镰刀菌时，植株发病率和死亡率均为 81.25%，对植株正常生长发育造成严重影响。木豆枯萎病最早于 1908 年在印度发现，是分布最广泛、危害最严重的真菌性疾病，流行年份可造成木豆毁灭性伤害。目前尚无有效防治措施用于预防或抑制该病害的发生，后续应加强对枯萎病的防治研究。

**关键词：**木豆、镰刀菌、枯萎病

# 中国燕麦新纪录病害

王彤彤，李彦忠*

（草种创新与草地农业生态系统国家重点实验室/兰州大学草地农业教育部工程研究中心/兰州大学草地农业科技学院, 甘肃 兰州 730020）

摘　要：燕麦（*Avena sativa*）为禾本科一年生草本植物，因其具有高含量的蛋白质、脂肪与可消化纤维等营养物质，且兼具产量高、适口性好、耐旱、耐寒、耐盐碱、耐贫瘠、适应性广等特点，而成为一种重要的优质饲用牧草，在畜牧业与草业中具有广泛的应用的和研究价值。本研究于 2023 年 8 月于内蒙古自治区赤峰市阿鲁科沁旗燕麦栽培草地上发现一种燕麦叶部病害。发病初期病斑中央白色，病健交界处黄褐色，病斑多呈梭状，发病后期病部形成灰绿色霉层。挑取霉层制片可观察到分生孢子，倒梨形，2 隔膜，无色。菌落初期圆形，规则，正面白色，背面中央浅黄色至浅灰色，外圈白色，后期圆形，规则，正面中央灰色，边缘呈灰白色，菌丝棉絮状，背部中央橄榄色，边缘白色。利用 CAL、EF-1α和 NUT1 共 3 对基因联合构建系统发育树，确定病原菌为稻梨孢（*Pyricularia oryzae*）。本研究首次通过组织分离，致病性测定并结合形态和分子生物学特征确定引起中国内蒙古燕麦灰斑病病原菌为稻梨孢（*Pyricularia oryzae*），这是我国燕麦新纪录病害。应持续密切关注燕麦灰斑病在调查地的发生传播情况，当发生普遍时应及时采取铲除病株、喷施药剂等防控措施，避免传播至其他燕麦种植区，造成更大的产量损失。

关键词：内蒙古、燕麦、灰斑病、稻梨孢

# 灌木移除对生态系统服务的影响

丁婧祎[1]，David Eldridge[2]

1 北京师范大学地理科学学部 地表过程与资源生态国家重点实验室，北京 100875

2 Centre for Ecosystem Science, School of Biological, Earth and Environmental Sciences, University of New South Wales, Sydney, New South Wales

**摘要：**在气候变化和人类活动的影响下，全球范围内灌木的迅速增加极大影响了草业的可持续发展。移除灌木被认为是恢复灌丛化生态系统的有效措施。但是灌木移除是否能够提升生态系统服务？在什么环境下移除灌木，什么阶段移除，采用什么方法移除能够使得多种生态系统服务达到最优？解决这些问题有助于灌丛化生态系统的可持续恢复管理。本研究用全球灌木移除数据库 204 项研究的 5,086 组数据，在全球尺度上量化了灌木移除对 8 种生态系统服务的影响（牧草产量，土壤稳定性，水文调节，养分循环，碳固定，动物多样性，植物多样性，初级生产力）以及移除的环境（草地，稀树草地，灌木地，开阔林地），移除的阶段（轻度、中度、重度灌丛化），和移除的方式（物理，化学，火烧，放牧和综合移除措施）对生态系统服务及其关系的影响。研究发现移除灌木整体上能提升牧草产量、植物多样性和初级生产力，但是会降低土壤稳定性和动物多样性。在草地中移除灌木能提高牧草产量，但是减弱了水文调节。而在热带稀树草原中，灌木移除会降低动物多样性但是会提升碳固存、养分循环和土壤稳定性。在不同灌丛化阶段移除灌木也会导致服务之间发生权衡。在轻度、中度、重度灌丛化样地移除灌木会增强植物多样性，但是会分别以降低土壤稳定性、水文调节和养分循环为代价。不同因素也交互影响着灌木移除对生态系统服务的影响。例如在草地中，采用火烧移除的方式，移除低灌丛化阶段的样地能够增强养分循环，而移除重度灌丛化样地则会降低养分循环。本研究强调了灌木管理策略对草地生态系统服务提升的重要性，为有效恢复灌丛化生态系统提供了科学依据。

**关键词：**灌丛化管理，管理策略，生态系统服务，权衡，人类福祉

# 基于胆碱离子液体的氯虫苯甲酰胺空心介孔二氧化硅微胶囊缓释剂的开发及其在沙葱萤叶甲防治上的应用研究

李淼[1]，杨佳乐[2]，谭瑶[2]，韩国栋*

（内蒙古农业大学草原与资源环境学院，内蒙古呼和浩特 010010）

**摘要：**化学杀虫剂严重威胁着薄弱的草原生态环境，因此近年来研究人员开发了基于小尺寸有机或无机聚合物载体的农药缓控释制剂。多孔空心二氧化硅（Porous hollow silica，PHS）是一种理想的杀虫剂载体，具有多孔结构、较高的比表面积和良好的生物相容性。然而在制备PHS的典型软模板法的有机溶剂具有较强的毒性和易挥发性，对人体健康及生态环境造成严重危害。本文以一种新合成的离子液体作为溶剂和软模版，以氯虫苯甲酰胺（CHL）为模式杀虫剂，成功构建了一种简单、绿色的软模板法用于制备农药微囊控释剂（IMI-CHL-PHS）。制备的IMI-CHL-PHS微胶囊具有良好的光稳定性。盆栽试验表明IMI-CHL-PHS对黑麦草生长无不良影响。毒力测定结果显示IMI-CHL-PHS微胶囊可提高CHL对沙葱萤叶甲的药效，有效减少农药的使用量。

**关键词：**软模板聚合法；氯虫苯甲酰胺；沙葱萤叶甲；离子液体

**Abstract：** Chemical pesticides seriously threaten the weak grassland ecological environment. Therefore, in recent years, researchers have developed slow-release formulations of pesticides based on small-sized organic or inorganic polymer carriers. Porous hollow silica (PHS) is an ideal insecticide carrier with porous structure, high surface area and good biocompatibility. However, the organic solvents in the typical soft-template method for the preparation of PHS are highly toxic and volatile, causing serious harm to human health and the ecological environment. In this paper, a simple and green soft-template method for the preparation of pesticide microencapsulated controlled release agents (IMI-CHL-PHS) was successfully constructed by using a newly synthesized ionic liquid as a solvent and a soft-template, and chlorothalonil (CHL) as a model insecticide. The prepared IMI-CHL-PHS microcapsules had good photostability. The pot test indicated that IMI-CHL-PHS had no adverse effect on the growth of ryegrass. The results of toxicity assay showed that IMI-CHL-PHS microcapsules could improve the efficacy of CHL against Galeruca daurica and effectively reduce the use of pesticides.

**Keywords：** Soft-template method;Chlorothalonil;Galeruca daurica;Ionic liquid

# 甜高粱饲草资源在我国饲草产业中的发展潜力

**朱元芳**

**黑龙江省农业科学院畜牧兽医分院，齐齐哈尔，161005**

**摘要：**甜高粱是全球公认的优质的饲草资源，属于禾本科高粱属，是一种一年生草本植物，具有可再生、耐旱、耐涝、耐盐碱、氮肥利用率高等特点，而我国国情决定了饲草生产不能与粮争地，利用盐碱和干旱地等边际性土地发展草牧业对填补我国优质饲草需求缺口，减轻对进口优质饲草的依赖具有重要意义。作为一种典型的 C4 植物，可以在各种土壤类型和气候区种植，同时也可以作为饲料提供高生物量和高糖含量，提供高水平的总可消化营养素。基于此本文对甜高粱作为优质饲草方面的研究进行了归纳总结，主要综述了甜高粱饲草的价值、饲料化利用方式、甜高粱在我国的利用情况、饲草效益以及未来的展望，进而推动草食畜牧业和饲草产业的发展，以期为甜高粱优质饲草在我国进一步应用推广提供参考。

**关键词：**甜高粱；饲草资源；盐碱地；优质饲草；

# Effects of Flumulamide Spraying on Alfalfa Physiological Characteristics and Seed Yield Composition Factors

Wang Xinyao[1], Sui Xiaoqing[1*], Liu Yixin[1], Jier Erge[1], Shi Guoqing[1], Yang Jing[1], Zhou Yifan[1]

(1 College of Grassland Industry, Xinjiang Agricultural University, Key Laboratory of Grassland Resources and Ecology, Ministry of Education in Western Arid Desert Region, Key Laboratory of Grassland Resources and Ecology, Xinjiang, Urumqi, Xinjiang 830052)

**Abstract:** In order to reveal the effect of CAG on the physiological and agronomic traits of alfalfa, "Novel No.4" alfalfa (*Medicago sativa* L. XinMu No.4) was selected as the material in this experiment, and CAG was sprayed every 7 days during the branching period twice. The spray concentration was set to 0.5 g/L, 1.0 g/L and 1.5 g/L, and spray water was used as the control (CK). The results of this test show that 1 CAG spraying is better than 2 times, Spray with CAG at a concentration of 1.0 g/L once, The maximum activities of sucrose convertase (Inv), sucrose synthase (SS), sucrose phosphate synthetase (SPS), α-amylase (α-AMY), β-amylase (β-AMY), nitrate reductase (NR), glutamate dehydrogenase (GDH), glutamine synthetase (GS) in the alfalfa, 22.06 μg/min/mgprot, 41.09 μg/min/mgprot, 10.69 μg/min/mgprot, 412.21 μg/min/mgprot, 264.31 μg/min/mgprot, 66.09 μg/min/mgprot, 4.68 μg/min/mgprot, 12.16 μg/min/mgprot, Moreover, the highest seed yield was 151.383 kg/hm$^2$. In conclusion, the single spray injection of 1.0 g/L CAG was the best physiological index and seed yield composition factor of alfalfa.

**Key words:** alfalfa; CAG; physiological characteristics; constituent factor of seed yield

# Physiological Characteristics of Exogenous MT on two Alfalfa Plants Under Salt Stress the Effect of the Cellular Ultrastructure

Liu Yixin[1],Wang Xinyao[1],Sui Xiaoqing[1*],Li Peiying[1], Zhang Qianbing[2],XuBo[3]
（College of Grassland Industry, Xinjiang Agricultural University, Key Laboratory of Grassland Resources and Ecology of the Ministry of Education in the Western Arid Desert Area, Key Laboratory of Grassland Resources and Ecology of Xinjiang, Urumqi, Xinjiang 830052;School of Animal Science and Technology, Shihezi University, School of Forestry and Grassland Science, Jilin Agricultural University）

**Abstract:**Alfalfa (*Medicago sativa* L.) is an important and widely cultivated perennial legume grass, and its productivity and quality are susceptible to severe restriction by salt stress. *Melatonin* (MT) is a bioactive molecule with a variety of physiological functions and plays an important role in responding to various biotic and abiotic stresses. In this study, different concentrations of exogenous MT were applied to explore its effects on the physiological characteristics and cellular ultrastructure of alfalfa under salt stress. The results showed that the external application of different concentrations of MT could effectively reduce the physiological damage caused by salt stress on alfalfa seedlings. Among them,150μmol·$L^{-1}$MT treatment could significantly increase the activity of antioxidant enzymes,osmoregulatory substances and hydroxyl radical clearance efficiency in seedlings,and effectively reduce the content of MDA, RC and $H_2O_2$ under salt stress. Further studies revealed that MT alleviated the salt damage to the ultrastructure of alfalfa mesophyll cells by maintaining the integrity of the mesophyll cell membrane in alfalfa seedlings. This study shows that MT plays a major role as an antioxidant in scavenging hydroxyl radical content.

**Key words:**alfalfa; melatonin; physiological characteristics; salt stress; ultrastructure

# 高温胁迫及恢复对紫花苜蓿叶片光合作用及光系统的影响

张政[1],刘美君[1*],王婕[1],赵尧尧[1],安长奇[1],王跳霞[1]

(1.新疆农业大学草业学院，新疆草地资源与生态重点实验室，西部干旱荒漠区草地资源与生态教育部重点实验室，新疆 乌鲁木齐 8320052）

**摘要：**紫花苜蓿作为优质牧草在新疆广泛种植，新疆处于高纬度地区，夏季高温炎热，昼夜温差大，紫花苜蓿易受到高温胁迫及恢复过程。因此本研究以新牧 4 号和甘农 5 号为研究对象，研究高温胁迫及解除后的光合作用的变化以及各光破坏防御途径在恢复过程中的响应。研究结果表明高温胁迫下两品种紫花苜蓿气孔关闭，光合速率显著下降，叶绿素含量显著下降。PSⅡ活性显著下降，供、受体侧电子传递均受阻，OEC 受到显著伤害。恢复 72h 后，气孔开度、净光合速率有所缓解但未恢复至处理前；PSII 活性及 OEC 伤害缓解但不显著；受体侧伤害得到缓解并恢复到处理前状态。OEC 的伤害是高温解除后紫花苜蓿恢复的重要因素。高温对于 PSII 供体侧的限制使由于 OEC 活性下降。

**关键词：**紫花苜蓿；高温胁迫；光系统

# 黑麦草营养特性及其在畜牧业的利用现状

**张建胜**

**黑龙江省农业科学院畜牧兽医分院，齐齐哈尔，161005**

**摘要：**畜牧业在传统和现代农业中都占有重要地位，畜牧业是当地社会经济发展的基石。饲草，是畜牧业不可或缺的一部分，直接或间接地为牲畜和家禽提供必要的营养和能量，是畜牧业的可持续和高质量发展的重要一环。同时在维持生态平衡和保护生物多样性方面发挥着关键作用。黑麦草是全球重要的牧草资源，广泛分布于温带、热带和亚热带地区，是温带气候中反刍动物最重要和最常见的牧草之一。作为放牧反刍动物的常见牧草，它的特点是牧草产量高、营养价值高、消化率高、青贮质量好，黑麦草含有特别高水平的可溶性和可降解的氮和碳水化合物。本文首先阐述黑麦草特性及其种植分布情况，然后，探讨黑麦草在我国畜牧业的利用现状及其在我国畜牧业高质量发展的策略并提出建议，以期推进黑麦草高质量可持续发展，为黑麦草在我国畜牧业的可持续利用提供参考。

**关键词：**黑麦草；牧草：畜牧业；反刍动物

# PSI photoprotection mechanism of Alfalfa under low temperature and light stress

Meijun Liu[123], Zheng Zhang[123], Miao Yu[123], Yuxiang Wang[123*], Jie

作者简介：张建胜，男，汉族，山东曹县人，硕士，主要从事动物营养研究，E-mail：252996616@qq.com；

Wang[123]

(1College of Grassland Science, Xinjiang Agricultural University; 2Key Laboratory of Grassland Resources and Ecology of Western Arid Region, Ministry of Education; 3Xinjiang Key Laboratory of Grassland Resources and Ecology, Urumqi 830052, Xingjiang, China)

**Abstracts:** Alfalfa often suffers from low-temperature damage during spring rejuvenation, so the recovery of photosynthesis after low temperature is particularly important for the successful rejuvenation, which is related to the fall dormancy of alfalfa. Photosystem I (PSI) photoinhibition and its slow activity recovery, are the limitation of the restoration of photosynthesis after exposure to low temperature-light condition. In this study，PSI activity and its photoprotection mechanisms were examined in alfalfa with different fall dormancy ratings, to elucidate the contribution of PSI photoprotection on the successful rejuvenation of alfalfa, and clarify the relationship of PSI photoprotection and fall dormancy of alfalfa. The result showed that two alfalfa varieties exhibited a slight but not significant decline in PSI activity, though the net photosynthetic rate (Pn) and maximum photochemical efficiency of PSII (Fv/Fm) were decreased significantly under low temperature-light conditions. It indicated that the decline of PSII was the main reason for photosynthsis decrease, while the activity the PSI activity was stable by the effective protection in alfalfa under low temperature-light condition PSI. Both the Light-harvesting protein (Lhcb1) and core protein (D1) of PSI were decreased, and the quantum yield of non-regulated energy dissipation (Y(NO)) were increased in two alfalfa varieties, indicating the photoinhibition of PSII declined the electron transport from PSII to PSI. The quantum yield of non-photochemical energy dissipation due to the donor side limitation (Y(ND)), the quantum yield of energy dissipation of PSII (Y(NPQ)) and Cyclic electron flow (CEF) were increased, which alleviated the electron accumulation around the PSI and lightened the photodamage of PSI. Moreover, the constancy of Light-harvesting protein (Lhca1) and core protein (PsaA) of PSI contributed to the resistance of PSI to low temperature-light condition. The multiple photoprotection of PSI, especially, the more serious photoinhibition of PSII and more higher Y(NPQ） and Y(ND) that mitigated electron transfer from PSII to PSI and increased the energy dissipation around PSI, contributed to the low temperature-light condition resistance of PSI in alfalfa with low fall dormancy rating during rejuvenation.

**Keywords**: PSI photoinhibition; PSII; light trapping protein; ROS; alfalfa

# 喷施二氢叶酚铁对发草花前干物质转运和种子产量的影响

张敏，何斌，马源，王彦龙，刘颖，马玉寿，王晓丽，秦金萍

(青海省高寒草地适应性管理重点实验室，青海大学/青海省畜牧兽医科学院，青海 西宁 810016)

**摘要**：青藏高原的高寒湿地生态系统因全球气候变暖和人类活动等因素面临退化的危机，发草(*Deschampsia cespitosa*)作为治理高寒沼泽湿地退化的理想牧草，研究发草种子扩繁技术，推进发草种子产业化，有助于加速发草种子应用于实际高寒湿地治理中。为探究二氢叶酚铁对发草产量和生理性状的影响，于抽穗期叶面喷施二氢叶酚铁(CK: 0 mg·L$^{-1}$，A: 0.02 mg·L$^{-1}$，

B: 0.04 mg·L$^{-1}$，C: 0.06 mg·L$^{-1}$)。研究结果表明：喷洒二氢卟吩铁后 A,B,C 处理的发草旗叶叶面积和叶绿素均高于 CK。处理 A，B 和 C 的叶片气体交换参数在发草生长后期(30d 和 43d)明显高于 CK。处理 B,C 的糖类物质显著高于 CK。处理 B 收获期种子产量最高为 6.59 g/100 株。处理 C 收获期干物质量最高，为 36.67 g/100 株。处理 A，B，C 的干物质转运量，干物质转运效率，干物质对籽粒产量的贡献率，收获指数均显著高于 CK($P$＜0.000，$P$＜0.000，$P$＜0.000，$P$＜0.000)。RDA 分析表明可溶性糖，蔗糖，净光合速率相互作用可显著影响发草干物质转运和种子产量。研究结果认为二氢卟吩铁可以增加发草干物质量和种子产量。但值得注意的是，喷洒二氢卟吩铁的浓度会对发草的产生不同的影响。因此在具体实践中可以本试验为参考，根据具体需求对二氢卟吩铁的浓度进行调整。
**关键词**：发草，干物质转运，种子，生理特性，二氢卟吩铁

# 甜菜碱缓解低温苜蓿种子萌发不同呼吸途径作用机制

王婕[1]，刘美君[1*]，张政[1]，安长奇[1]，王跳霞[1]

([6].新疆农业大学草业学院；西部干旱区草地资源与生态教育部重点实验室；
新疆草地资源与生态重点实验室，新疆，乌鲁木齐，830052)

**摘要：**呼吸作用是种子萌发过程中的唯一能量来源。本实验以‘新牧 4 号’紫花苜蓿（*Medicago sativa* L.‘Xinmu No.4’）为实验材料，探究了甜菜碱对低温下苜蓿不同萌发时期种子不同呼吸途径的影响。结果表明：低温（5℃）较常温（25℃）显著抑制了种子的发芽率，延长种子萌发时间，施加 10 mmol·$L^{-1}$ 甜菜碱后能有效缓解低温对种子萌发的影响，种子活力显著提升。低温环境下不同萌发时期底物呼吸途径和电子呼吸传递链作用不同，施加甜菜碱后可显著增强分解糖类生成丙酮酸并释放能量的糖酵解（EMP）途径、可产生三磷酸腺苷（ATP）的细胞色素氧化酶（COX）途径的呼吸速率，进而提高α-淀粉酶活性，促进淀粉水解，此时大量 ATP 产生，能量合成速率加快，促进种子萌发，为种子抵御低温胁迫形成了有效防御机制，缓解低温对种子萌发的抑制作用。

**关键词：**甜菜碱；低温萌发；底物呼吸途径；COX 呼吸途径；α-淀粉酶

# 浅谈牧草在奶牛养殖中的价值与应用

张建胜

**（黑龙江省农业科学院畜牧兽医分院，黑龙江齐齐哈尔 161000）**

**摘要：**牧草作为奶牛饲料来源之一，对奶牛生长发育具有重大影响作用。牧草对奶牛生产性能的影响是多方面的，其中最为显著的是对奶产量和奶质量的影响。在严重饲料短缺期间，改善奶牛饲喂的一种潜在策略是使用改良的牧草品种并提高可用作物残茬的质量。可以通过提高牧场利用率和更有效地将牧草转化为牛奶来实现盈利能力的提高。此外，更集约化的畜牧业奶养殖的成功放牧管理是关键，以确保在不改变牛群特性的情况下提供充足的优质牧草，并战略性地补充低成本饲料，以支持每公顷牛奶产量和牛奶固体的增加。因此，在奶牛养殖中，合理种植和利用牧草，可以为奶牛提供充足、优质的饲料，从而提高奶牛的生产效益和经济效益。在奶牛养殖中，应该重视牧草的应用和管理，实现牧场的多样化，引入牧草草本植物是集约化畜牧业奶牛生产系统中重要措施。本文首先阐述介绍牧草种植，加工技术以及不同牧草的营养价值。同时阐述优质牧草在我国奶牛养殖上的利用现状及其对奶牛养殖的影响，以供养殖者参考。

**关键词：**奶牛；牧草；营养价值

作者简介：张建胜，男，汉族，山东曹县人，硕士，主要从事动物营养研究，E-mail：252996616@qq.com；

# 禁牧对微生物生活史策略及土壤有机碳的影响

于冰洁，孙宗玖，郑丽，周磊，周晨烨

**摘要：**众所周知，微生物生活史策略在土壤有机碳（SOC）周转起着至关重要的作用。然而，几乎没有试验证明封育下微生物 r/K 策略是否可以发挥与多样性相同的作用来反映 SOC。在这里，我们探讨了 SOC 含量和微生物 r/K 选择组成和相互作用对 GE 的响应及微生物 r/K 策略的性状与 SOC 之间的关系。我们发现，GE 并没有改变蒿类荒漠草地 SOC 的含量，促进了 r-策略的变形杆菌的生长和竞争能力，而降低了 Gemmatimonadetes 和 Chloroflexi 的相对丰度，分别为 0.81%和 0.59%（$P$<0.05）。禁牧将从微生物 K-略向 r-策略转变，其特征在于 Oligotrophs/Copiotrophs 的比率和 EMC 真菌/腐生真菌的比例低。我们还发现 r-和 K-策略细菌和真菌网络关键类群、模块集线器和连接器均以 Copiotroph 为主。GE 导致 SOC 与 r-策略真菌密切相关，增强了 Gram-positive/Gram-negative ratio 与 SOC 的关系，并削弱了其他指标与 SOC 的关系。综上所诉，我们的研究揭示了微生物 r-/K-策略与 SOC 之间的密切联系，为放牧排斥后 SOC 积累机制的解析提供新见解。

**关键词：**微生物 r-/K-策略；土壤有机碳；EMC 真菌/腐生真菌

# 甜菜碱缓解低温苜蓿种子萌发不同呼吸途径作用机制

王婕[1]，刘美君[1*]，张政[1]，安长奇[1]，王跳霞[1]

([7].新疆农业大学草业学院；西部干旱区草地资源与生态教育部重点实验室；
新疆草地资源与生态重点实验室，新疆，乌鲁木齐，830052)

**摘要：**呼吸作用是种子萌发过程中的唯一能量来源。本实验以‘新牧 4 号’紫花苜蓿（*Medicago sativa* L.‘Xinmu No.4’）为实验材料，探究了甜菜碱对低温下苜蓿不同萌发时期种子不同呼吸途径的影响。结果表明：低温（5℃）较常温（25℃）显著抑制了种子的发芽率，延长种子萌发时间，施加 10 mmol·$L^{-1}$ 甜菜碱后能有效缓解低温对种子萌发的影响，种子活力显著提升。低温环境下不同萌发时期底物呼吸途径和电子呼吸传递链作用不同，施加甜菜碱后可显著增强分解糖类生成丙酮酸并释放能量的糖酵解（EMP）途径、可产生三磷酸腺苷（ATP）的细胞色素氧化酶（COX）途径的呼吸速率，进而提高α-淀粉酶活性，促进淀粉水解，此时大量 ATP 产生，能量合成速率加快，促进种子萌发，为种子抵御低温胁迫形成了有效防御机制，缓解低温对种子萌发的抑制作用。

**关键词：**甜菜碱；低温萌发；底物呼吸途径；COX 呼吸途径；α-淀粉酶

# 干旱胁迫下紫花苜蓿光合碳同化影响机制

安长奇 新疆农业大学

**摘要：**干旱胁迫显著影响了苜蓿正常生长进而限制了其在新疆的广泛种植。干旱胁迫会抑制苜蓿光合作用，但不同程度的干旱胁迫对紫花苜蓿光合作用尤其是光合碳同化的具体影响机制尚不明确。本研究以新牧 4 号和 WL525HQ 紫花苜蓿为试验材料，探究了不同干旱胁迫对紫花苜蓿光合碳同化的影响。研究结果表明干旱胁迫导致紫花苜蓿保卫细胞发生变形，气孔变窄、缩短，出现畸形气孔，气孔宽度、长度以及孔径宽度、长度显著下降；干旱胁迫显著抑制了紫花苜蓿叶片净光合速率（Pn）、气孔导度（Gs）、胞间 $CO_2$ 浓度（Ci）及蒸腾速率（E）。在不同干旱处理中，轻度干旱胁迫下气孔限制是两品种紫花苜蓿净光合速率降低的主要原因，中度和重度干旱胁迫下 RuBisCO 酶活性和 RuBisCO 活化酶显著下降，表明在中度及重度胁迫下，非气孔限制因素是净光合速率降低的主要原因。对比两品种发现，新牧 4 号苜蓿叶片气孔对水分胁迫更加不敏感，其抗旱性更强。

**关键词：**干旱胁迫；紫花苜蓿；光合碳同化；气孔结构

# 草原资源的发展现状及其对畜牧业的影响

张建胜

**（黑龙江省农业科学院畜牧兽医分院，黑龙江齐齐哈尔 161000）**

**摘要：**草原的是饲草的重要生产基地。为畜牧业的发展提供饲草资源基础。草原质量和生产力水平直接影响着畜牧业的发展状况。草原是我国最大的陆地生态系统（占陆地总面积的41%）。原生草生态系统具有气候调节、水土保持、生物多样性保护、养分循环、休闲娱乐等多种服务功能。但由于过度放牧、采矿和旅游开发导致的草原退化，对大多数半干旱地区，土地退化既抑制了草地的生态功能，又对当地经济和社会发展产生了负面影响。同时也对我国畜牧业和环境可持续性构成威胁。目前，退化草原的初级生产力仅为健康草原生态系统的50%，在严重退化地区饲养牲畜的经济回报甚至为负。通常，在一定范围内，放牧和采矿能够促进牧民福祉的改善，但一旦越过这条线，牧民生活水平的提高就会受到抑制。在保持土地面积和土壤养分含量相对稳定的前提下，为了确保畜牧业的可持续发展，提高牧草产量和营养品质非常重要。当务之急是探索一种方法，在不造成进一步土地退化的情况下更可持续地利用草原资源。本文首先介绍我国草原发展现状，然后，总结了我国草原退化对我国畜牧养殖业的影响，最后，探讨了促进草原恢复以及可持续发展的策略可行性和优势，以期为我国的草原和畜牧业可持续发展提供参考。

**关键词：**草原；可持续发展：放牧；畜牧业

作者简介：张建胜，男，汉族，山东曹县人，硕士，主要从事动物营养研究，E-mail：252996616@qq.com；

# 基于胆碱离子液体的氯虫苯甲酰胺空心介孔二氧化硅微胶囊缓释剂的开发及其在沙葱萤叶甲防治上的应用研究

李淼[1]，杨佳乐[2]，谭瑶[2]，韩国栋*

（内蒙古农业大学草原与资源环境学院，内蒙古呼和浩特 010010）

**摘要：**化学杀虫剂严重威胁着薄弱的草原生态环境，因此近年来研究人员开发了基于小尺寸有机或无机聚合物载体的农药缓控释制剂。多孔空心二氧化硅（Porous hollow silica，PHS）是一种理想的杀虫剂载体，具有多孔结构、较高的比表面积和良好的生物相容性。然而在制备PHS的典型软模板法的有机溶剂具有较强的毒性和易挥发性，对人体健康及生态环境造成严重危害。本文以一种新合成的离子液体作为溶剂和软模版，以氯虫苯甲酰胺（CHL）为模式杀虫剂，成功构建了一种简单、绿色的软模板法用于制备农药微囊控释剂（IMI-CHL-PHS）。制备的IMI-CHL-PHS微胶囊具有良好的光稳定性。盆栽试验表明IMI-CHL-PHS对黑麦草生长无不良影响。毒力测定结果显示IMI-CHL-PHS微胶囊可提高CHL对沙葱萤叶甲的药效，有效减少农药的使用量。

**关键词：**软模板聚合法；氯虫苯甲酰胺；沙葱萤叶甲；离子液体

**Abstract：** Chemical pesticides seriously threaten the weak grassland ecological environment. Therefore, in recent years, researchers have developed slow-release formulations of pesticides based on small-sized organic or inorganic polymer carriers. Porous hollow silica (PHS) is an ideal insecticide carrier with porous structure, high surface area and good biocompatibility. However, the organic solvents in the typical soft-template method for the preparation of PHS are highly toxic and volatile, causing serious harm to human health and the ecological environment. In this paper, a simple and green soft-template method for the preparation of pesticide microencapsulated controlled release agents (IMI-CHL-PHS) was successfully constructed by using a newly synthesized ionic liquid as a solvent and a soft-template, and chlorothalonil (CHL) as a model insecticide. The prepared IMI-CHL-PHS microcapsules had good photostability. The pot test indicated that IMI-CHL-PHS had no adverse effect on the growth of ryegrass. The results of toxicity assay showed that IMI-CHL-PHS microcapsules could improve the efficacy of CHL against Galeruca daurica and effectively reduce the use of pesticides.

**Keywords：** Soft-template method;Chlorothalonil;Galeruca daurica;Ionic liquid

# 一种野生白颖苔草愈伤组织诱导和再生体系的建立

顾纪倩，翟晨元，李岩，张昆*

（黄河三角洲草地资源与生态国家林业和草原局重点实验室/青岛农业大学草业学院，山东青岛 266109）

**摘要：**白颖苔草（*Carex rigescens*）是莎草科苔草属植物，是我国一种重要的乡土草坪草种，主要分布在我国的东北、华北等北方地区，因其返青早、绿期长、耐践踏和营养繁殖能力强，被广泛用于城市绿化和固土护坡。因其具有极强的抗逆能力，目前针对白颖苔草的研究主要集中在耐逆生理和分子机理方面，但其再生体系目前仍为空白，严重限制了其抗逆分子育种的进程。此外，自然环境条件下白颖苔草种子发芽率较低，繁殖速度较慢。因此针对上述问题，急需建立一套适合白颖苔草的愈伤组织诱导和再生体系。本试验以白颖苔草种子（收集于青岛农业大学校园）为试验材料，设置不同的 NaClO 和 $HgCl_2$ 浓度和处理时间对其进行消毒，统计 45d 后种子的污染率和发芽率，筛选出最适的消毒方案为 5%NaClO 处理 2h。通过添加不同配比的植物激素，筛选出培养再生植株白颖苔草种子诱导愈伤的最佳培养基配方为 MS+2，4-D(6 mg/L)+6-BA(0.5 mg/L)+thiamine-HCI(4 mg/L)+a-ketoglutaric acid(100 mg/L)（45 d），最佳不定芽分化培养基为 MS+NAA(1 mg/L)+6-BA（1 mg/L）（4 w），生根培养基为 1/2 MS（3 w），生根培养 3 周后将再生苗进行炼苗后移栽至室外土培环境中，成活率可达 90％以上。本研究建立了一套基于白颖苔草种子为外植体的再生体系，为其快速扩繁技术和分子育种提供了重要技术基础。

**关键词：**白颖苔草，愈伤诱导，再生体系，组织培养

# 新疆狗牙根根系对不同干旱胁迫时间的转录组分析

李雯[1]，李硕[1]，汤丽斯[1]，喻启坤[1]，李培英[1,2,3]

新疆农业大学草业学院，新疆乌鲁木齐 830052；2.西部干旱荒漠区草地资源与生态教育部重点实验室，新疆乌鲁木齐 830052;3.新疆草地资源与生态重点实验室，新疆乌鲁木齐 830052）

**摘要：**在全球气候变暖的严峻背景下，干旱成为影响草坪草生长发育的重要影响因素。狗牙根（*Cynodon dactylon*）作为一种具有优良抗旱性能的草坪草种，其抗旱性的分子机制尚未得到全面揭示。本研究以筛选出的抗旱型狗牙根 C138 基因型为研究对象，通过模拟生理干旱胁迫条件，并利用 Illumina 高通量测序平台，深入探究了其在不同胁迫时间点（1h、6h、24h）下的根系转录组变化。实验结果显示，在模拟干旱胁迫下，C138 基因型的基因表达模式发生了显著变化。在胁迫开始后的 1h，与对照相比，差异表达基因数量达到 12817 个，其中上调基因 11181 个，下调基因 1636 个。随着胁迫时间的延长至 6h，差异表达基因数量增加至 21241 个，其中上调基因 16872 个，下调基因 4369 个。然而，在胁迫持续至 24h 时，差异表达基因数量减少至 1820 个，其中上调基因 585 个，下调基因 1235 个。这一数据变化模式表明，C138 基因型主要通过基因的正调控来快速响应干旱胁迫，并在长时间胁迫下逐渐调整其基因表达模式。进一步通过 GO 富集分析发现，这些差异表达基因主要涉及分子功能、细胞过程和新陈代谢等生物过程。KEGG 通路分析则显示，在不同干旱胁迫时间点下，C138 基因型的基因主要参与翻译、碳水化合物代谢等关键通路。随着胁迫时间的延长，狗牙根参与的代谢途径也发生了变化。在胁迫初期（1h），主要涉及乙醛酸和二羧酸代谢途径；而在胁迫中期（6h），则主要富集在淀粉和蔗糖代谢途径；到了胁迫后期（24h），主要集中在谷胱甘肽代谢途径。综上所述，本研究通过高通量测序技术深入探究了狗牙根 C138 基因型在干旱胁迫下的转录组变化，揭示了其抗旱性的分子机制。C138 基因型狗牙根通过正调控基因表达来响应干旱胁迫，并在不同胁迫时间点下参与不同的代谢途径。这一研究结果为深入理解狗牙根的抗旱性能及草坪草耐逆性改良提供了重要依据。

**关键词：**干旱胁迫；狗牙根；根系；转录组

# 狗牙根在碱性盐胁迫下的转录组响应及耐盐碱机制解析

汤丽斯[1]，李雯[1]，喻启坤[1]，李培英[1,2,3*]，孙宗玖[1,2,3]

新疆农业大学草业学院，新疆乌鲁木齐 830052；2.西部干旱荒漠区草地资源与生态教育部重点实验室，新疆乌鲁木齐 830052;3.新疆草地资源与生态重点实验室，新疆乌鲁木齐 830052）

**摘要：**盐碱胁迫是植物生长的主要抑制因素，其影响日益加剧，归因于气候变化、海水入侵及不合理的灌溉方式。虽然中性盐胁迫研究相对丰富，但碱性盐胁迫研究仍显不足。鉴于狗牙根，特别是新疆野生狗牙根，在重度盐碱土上的出色表现，其成为研究碱性盐胁迫响应机

制的理想材料。本研究选取耐盐种质 C14 和敏碱种质 C40 为对象，通过全长+二代转录组测序，深入分析了两种种质在不同程度碱性盐胁迫下的生理和基因表达变化。转录组分析显示，C14 在中度（MA）和重度（SA）碱性盐胁迫下，差异基因数分别为 5674 和 5200 条，较 C40 的 6276 和 6387 条少，表明 C40 对胁迫更为敏感。值得注意的是，C14 在中度胁迫时上调基因数量远多于 C40，特别是在碳固定和磷酸肌醇代谢等关键通路中显著富集。进一步挖掘出与植物 MAPK 信号转导相关的 TPI(k01803)和 WRKY33 等核心基因，以及调控 ATP 结合信号传导、糖酵解/糖元生成的 MYB、AP2/ERF、WRKY 等关键转录因子家族。其中，AP2/ERF 家族的上调表达对调控机制至关重要。利用加权基因共表达网络分析（WGCNA），本研究鉴定了形态生理指标与转录组分析的相关性。通过 MEtan 模块，筛选出 8 条与根系形态、乳酸和 $Ca^{2+}$等显著相关的核心差异基因，涉及质体染色体包装、硫化物氧化等通路。MEmidnightblue 模块则筛选出 6 条与根系形态、甜菜碱、$Na^{+}$和 $Ca^{2+}$等显著相关的基因，主要涉及内质网蛋白质输出、细胞内运输等通路，调控根系发育和生理功能。最后，本研究确认了 EF1α作为最稳定的内参基因，并通过 qRT-PCR 验证了随机挑选的 15 个核心差异基因的转录组数据准确性。这些结果为揭示禾草耐碱性盐机制奠定了坚实基础，并为耐盐碱植物育种提供了宝贵资源。

**关键字：**碱性盐胁迫；新疆狗牙根；转录组测序；基因表达变化；耐盐碱机制

# 狗牙根的生长、光合作用及离子稳态对碱性盐胁迫的响应

汤丽斯[1]，喻启坤[1]，李雯[1]，孙宗玖[1,2,3]，李培英[1,2,3*]

（新疆农业大学草业学院，新疆乌鲁木齐 830052；2.西部干旱荒漠区草地资源与生态教育部重点实验室，新疆乌鲁木齐 830052;3.新疆草地资源与生态重点实验室，新疆乌鲁木齐 830052）

**摘要：**盐碱是影响植物生长发育的主要非生物胁迫因子之一，且碱性盐对植物伤害高于中性盐，其响应碱性盐胁迫的生理机制仍有待揭示。本研究以狗牙根（*Cynodon dactylon*（L.）Pers.）为对象，对碱性盐胁迫下耐碱型（C14）和敏碱型（C40）基因型的生理适应策略进行研究。实验设置 CK (蒸馏水, pH 7.0)、MS (100 mmol/L, $NaHCO_3$, pH 8.4)，SA (100 mmol/L, $NaHCO_3$: $Na_2CO_3$=1:1, pH 9.9)共 3 个处理，对其形态特征、叶绿素含量、光合特性、叶绿素荧光以及离子含量进行测定。结果显示，碱性盐胁迫下，C14 在碱性盐胁迫下展现出更强的生长能力。在中度胁迫下，C14 的叶面积、叶长和叶宽分别较 C40 高出 65.21%、52.34%和 11.30%；在重度胁迫下，这一优势更为明显，分别高出 78.92%、60.72%和 17.66%。株高和地下生物量基本稳定，而 C40 的株高分别下降了 18.26%和 22.39%，地下生物量更是显著降低了 48.35%和 85.54%。叶绿素含量方面，C14 在 MS 处理下，叶绿素 a、叶绿素 b 和总叶绿素含量分别上升了 7.65%、5.32%和 6.84%，而 C40 则分别下降了 3.21%、4.56%和 3.84%。在 SA 处理下，虽然 C14 的叶绿素含量也有所下降，但降幅远小于 C40，分别为 11.12%、15.23%和 13.45%，而 C40 则分别下降了 17.66%、23.45%和 20.32%。这表明 C14 在盐碱胁迫下能够维持较高的叶绿素含量，有利于光合作用的进行。光合方面，光合荧光参数进一步揭示了两种基因型在光合效率上的差异。在对照条件下，C14 和 C40 的 Fv/Fm 值分别为 0.82 和 0.81，无显著差异。但在 SA 处理下，C14 的 Fv/Fm 值仅下降了 2.44%，而 C40 则下降了 12.35%。此外，C14 的φD、PSII 和 TRo/CSo 等参数在胁迫下也保持相对稳定，而 C40 则出现显著下降。这些数据说明 C14 在盐碱胁迫下能够维持较高的光合效率，而 C40 则受到较大影响。离子含量分析显示，C14 在盐碱胁迫下具有较强的离子平衡能力。在 SA 处理下，C14 叶片的 $Na^+$含量和 $Na^+/K^+$比分别为对照的 1.65 倍和 1.98 倍，而 C40 则分别达到了对照的 3.45 倍和 4.23 倍。同时，C14 根系中的 $Na^+$含量和 $Na^+/K^+$比增长幅度也远低于 C40。这表明 C14 在盐碱胁迫下能够更有效地限制 $Na^+$从根到叶的运输，维持细胞内的离子平衡。这表明耐碱型种质和敏碱型种质在碱性盐胁迫下的关键差异涵盖了生长特征、光合色素、光合色素荧光参数以及排钠保钾能力等方面，为改良耐盐植物品种和盐碱地区土壤管理提供了重要参考。

**关键字：**碱性盐胁迫，狗牙根，生长指标，光合作用，叶绿素荧光，$Na^+$、$K^+$离子含量

# 温度胁迫对冬虫夏草菌形态学特征和生理生化特性的影响

曹正飞　青海大学

**摘要：**冬虫夏草是我国名贵的中药材，与人参、鹿茸齐名并称之为“中药三宝”。为明确不同温度条件下冬虫夏草菌的形态学特征和生理生化特性。本研究以青海省黄南州河南县采集的野生冬虫夏草所分离出的菌株为材料，设置不同的温度处理，8℃（T1）、13℃（T2）、18℃（T3）、23℃（T4）和 28℃（T5）。从菌落形态、生长速率以及生理生化特性探究冬虫夏草菌对温度胁迫的响应机制。结果表明，不同温度条件下，冬虫夏草菌的形态学特征产生显著差异。低温（T1）与高温（T4 和 T5）时冬虫夏草菌的生长受到抑制，T5 环境下菌落生长最差，原基形成数量最少，表面为观察到气生菌丝，菌丝体呈网络状排列并且分生孢子量也较低，T3、T4 环境下生长最好。随着温度升高，抗氧化酶和氨基酸 CAT、SOD 和 PRO 的含量呈上升趋势，在 T5 时骤减至最低；MDA 和 POD 含量呈降低趋势，在 T5 时重新积累上升。因此，本研究发现冬虫夏草菌在 18℃和 23℃环境下生长最好，为冬虫夏草菌最佳培养温度的范围提供初步的依据。

**关键词：**冬虫夏草菌；温度胁迫；形态学；生理生化

# Effects of temperature stress on morphological and physiological and biochemical characteristics of Cordyceps sinensis

**Abstract:** Cordyceps is one of the most valuable Chinese medicinal materials in China. It is named as "three treasures of Chinese Medicine" along with ginseng and antler. To determine the morphological and physiological and biochemical characteristics of Cordyceps sinensis at different temperatures. In this study, strains isolated from wild cordyceps sinensis collected in Henan County, Huangnan Prefecture, Qinghai Province were treated at different temperatures, 8℃ (T1), 13℃ (T2), 18℃ (T3), 23℃ (T4) and 28℃ (T5). The response mechanism of Cordyceps sinensis to temperature stress was investigated from colony morphology, growth rate, physiological and biochemical characteristics. The results showed that the morphological characteristics of Cordyceps sinensis were significantly different under different temperature conditions. The growth of Cordyceps sinensis was inhibited at low temperature (T1) and high temperature (T4 and T5). In the T5 environment, the colony growth was the worst, the amount of primordium formation was the least, the surface was observed to be aerated mycelium, the mycelium was arranged in a network and the conidium amount was also low, and the growth was the best in the T3 and T4 environment. The contents of antioxidant enzymes and amino acids CAT, SOD and PRO increased with the increase of temperature, and dropped to the lowest at T5. MDA and POD contents showed a decreasing trend and increased again at T5. Therefore, this study found that cordyceps grows best at 18℃ and 23℃, which provides a preliminary basis for the range of optimal culture temperature of Cordyceps sinensis.

**Key words:** Cordyceps sinensis; Temperature stress; Morphology; Physiology and biochemistry

# 21 份无芒雀麦农艺性状与种子产量的综合评价

蒋昂辰[1,2,3]，于爱萍[8,2,3]，张永强[1,2,3]，陈爱萍[1,2,3*]

新疆农业大学草业学院，新疆 乌鲁木齐 830052；2. 西部干旱荒漠区草地资源与生态教育部重点实验室，新疆 乌鲁木齐 830052；3. 新疆草地资源与生态实验室，新疆 乌鲁木齐 830052）

**摘要:**本研究以 21 份来自不同地区的无芒雀麦材料为对象，对其农艺性状、种子产量进行了研究，并运用变异系数估算、相关性分析、主成分分析以及隶属函数分析对 21 份无芒雀麦材料进行了综合评价，为筛选出适合新疆地区生长且种子产量高的无芒雀麦品种奠定基础。结果表明，21 份无芒雀麦农艺性状变异丰富，变异系数在 12.17%～36.72%，小穗数变异系数最大，茎粗变异系数最小。通过相关性分析可知小穗数、小花数/小穗、有效分蘖数、穗长和千粒重对种子产量有显著影响，其中有效分蘖数与种子产量间的正相关性最大（$P<0.01$）。主成分分析表明，前三个主成分累积贡献率达到 78.63%，小穗长、旗叶宽和有效分蘖数具有较大的特征向量值。利用隶属函数法、综合评价 D 值分析可知，材料 D9、D15、D18 和 D20 种子产量在 1.41-1.62 t/ hm$^2$ 之间，可作为选育适宜新疆地区生长的无芒雀麦材料。

**关键词：**无芒雀麦；农艺性状；种子产量；综合评价

# Comprehensive Evaluation of Agronomic Traits and Seed Yield of 21 *Bromus inermis*

JIANG Ang-chen[1,2,3] YU Ai-ping[1,2,3] ,, ZHANG Yong-qiang[1,2,3] , CHEN Ai-ping[1,2,3*]

(1. College of Grassland Science, Xinjiang Agricultural University, Urumqi 830052, Xinjiang,China; 2. Ministry of Education Key Laboratory for Western Arid Region Grassland Resources and Ecology, Urumqi 830052, Xinjiang, China; 3. Xinjiang Key Laboratory of Grassland Resources and Ecology, Urumqi 830052, Xinjiang, China)

**Abstract:**In this study, the agronomic traits and seed yield of 21 *B.inermis* materials from different regions were studied, and the comprehensive evaluation of 21 *B.inermis* materials was carried out by using coefficient of variation estimation, correlation analysis, principal component analysis and membership function analysis, which laid a foundation for screening *B.inermis* varieties materials for growth and high seed yield in Xinjiang. The results showed that the agronomic traits of 21 *B. inermis* were rich in variation, with a coefficient of variation ranging from 12.17% to 36.72%. The coefficient of variation of spikelet number was the largest, and the coefficient of variation of stem diameter was the smallest. Correlation analysis showed that spikelet number, number of florets per spikelet, effective tiller number, spike length and 1000-grain weight had significant effects on seed yield, and the positive correlation between effective tiller number and seed yield was the largest ($P<0.01$). The principal component analysis showed that the cumulative contribution rate of the first three principal components reached 78.63 %, and the spike length, flag leaf width and effective tiller number had large feature vector values. According to the analysis of membership function method, weight coefficient and comprehensive evaluation D value, the seed yields of materials D9, D15, D18 and D20 were between 1.41 and 1.62 t/ hm$^2$, which can be used as a breeding material suitable for the growth of B.inermis in Xinjiang.

**Keywords:** *Bromus inermis*; Agronomic traits; Seed yield; Comprehensive evaluation

*通信作者，E-mail：xjauchenaiping@sina. com

**收稿日期：**

基金项目：财政部和农业农村部：国家现代农业产业技术体系资助

作者简介：蒋昂辰（1997—），男，新疆库尔勒人，在读硕士，研究方向为牧草种质资源开发与利用，E-mail：572075155@qq.com;

# 伊犁绢蒿响应干旱胁迫的生理及转录组分析

张永强[1,2,3]，韩喆[1,2,3]，于爱萍[9,2,3]，蒋昂辰[1,2,3]，陈爱萍[1,2,3*]

（新疆农业大学草业学院，新疆 乌鲁木齐 830052；2. 西部干旱荒漠区草地资源与生态教育部重点实验室，新疆 乌鲁木齐 830052；3. 新疆草地资源与生态实验室，新疆 乌鲁木齐 830052）

**摘要：**为了探究伊犁绢蒿幼苗对干旱胁迫的响应，本研究采用控制实验，通过干旱胁迫和复水处理下 2 月龄幼苗叶片生理特性和转录组学方面的研究，明确该物种对干旱环境的响应机制。结果表明，重度干旱胁迫下幼苗叶片的相对电导率，丙二醛、脯氨酸、可溶性糖和可溶性蛋白的含量均显著高于轻度干旱胁迫处理，且抗氧化酶活性也显著高于轻度干旱胁迫处理，复水 3 d 后，渗透调节物质含量和抗氧化酶活性均有所下降，说明了伊犁绢蒿幼苗具有很强的干旱适应能力。通过对差异表达基因（DEGs）分析发现，重度干旱胁迫下 DEGs 的数量明显多于轻度干旱胁迫和复水处理。通过 GO 和 KEGG 富集分析，叶片的 DEGs 在次生代谢物的生物合成，糖代谢，能量代谢，氨基酸代谢，脂肪代谢，萜类和多酮类的代谢中显著富集。通过 WGCNA 分析，在叶片中筛选出与生理指标呈显著正相关的 2 个模块，对模块内的基因进行 GO 注释，在膜的组成部分、膜、激酶等 Term 中显著富集。综合分析可知，干旱胁迫影响伊犁绢蒿相关功能基因表达，进而影响其生理特征，研究结果可为进一步研究伊犁绢蒿抗旱机制提供参考。

**关键词：**伊犁绢蒿幼苗；干旱胁迫；复水；生理响应；转录组分析

# Physiological and Transcriptomic Analysis of *Seriphidium transiliense* in Response to Drought Stress

ZHANG Yong-qiang[1,2,3], HAN Zhe[1,2,3], YU Ai-ping[1,2,3], JIANG Ang-chen[1,2,3], CHEN Ai-ping[1,2,3*]

(1. College of Grassland Science, Xinjiang Agricultural University, Urumqi 830052, Xinjiang,China; 2. Ministry of Education Key Laboratory for Western Arid Region Grassland Resources and Ecology, Urumqi 830052, Xinjiang, China; 3. Xinjiang Key Laboratory of Grassland Resources and Ecology, Urumqi 830052, Xinjiang, China)

**Abstract:** To order to explore the response of *Seriphidium transiliense* seedlings to drought stress, the study clarifies the response mechanisms of the species to arid environments through research on the physiological characteristics and transcriptomics of leaves of two-month-old seedlings under drought stress and rehydration treatments using the potting method. The results indicated that the relative conductivity, the contents of malondialdehyde, proline, soluble sugar, and soluble protein in the leaves under severe drought stress were significantly higher than those under mild drought stress, and the activity of antioxidant enzymes was also significantly higher under severe drought stress. After rehydration for 3 days, the contents of osmotic adjustment substances and the activity of antioxidant enzymes decreased, demonstrating that *S. transiliense* seedlings had strong drought adaptability. The analysis of differentially expressed genes (DEGs) revealed that the number of DEGs under severe drought stress was significantly higher than that under mild drought stress and rehydration treatments. Through GO and KEGG enrichment analysis, the DEGs in the leaves were found to be significantly

*通信作者，E-mail：xjauchenaiping@sina. com

收稿日期：

基金项目：干旱胁迫下伊犁绢蒿幼苗形态、生理响应及分子机制（2021D01A94）

作者简介：张永强（1999—），男，宁夏西吉人，在读硕士，研究方向为草种质资源遗传与育种，E-mail：1586892268@qq.com;

enriched in the biosynthesis of secondary metabolites, sugar metabolism, energy metabolism, amino acid metabolism, lipid metabolism, as well as the metabolism of terpenes and polyketides. Through WGCNA analysis, two modules with significant positive correlation with physiological indexes were screened out in leaves, and the genes in the modules were annotated by GO, which were significantly enriched in Terms such as membrane components, membranes and kinases. Comprehensive analysis showed that drought stress affected the expression of related functional genes in *S. transiliense*, and then affected its physiological characteristics. The results could provide reference for further study on the drought resistance mechanism of *S. transiliense*.

**Keywords:** *Seriphidium transiliense* seedlings; Drought stress; Rehydration; Physiological response; Transcriptomic analysis

# Contribution of the AOX respiratory pathway on spring rejuvenation of alfalfa

安长奇 新疆农业大学

**Abstract:** Alfalfa often suffers from low-temperature stress during spring rejuvenation, so it is important to improve the cold resistance of alfalfa leaves for its smooth rejuvenation, and the mitochondrial alternate oxidase (AOX) respiration pathway can effectively improve the plant's resistance. In this study, the contribution of AOX respiration pathway on spring rejuvenation of alfalfa was investigated in Xinmu No. 4 and Gannong No. 5 with different fall dormancy levels. Though the protein and AOX respiration rate were decreased during the rejuvenation, the ratio of AOX to total respiration rate were increased in two alfalfa varieties, compared to those in alfalfa before overwintering. This indicated that AOX responds positively to alfalfa rejuvenation. The limitation of AOX significantly affected the leaf length, leaf width and growth rate of greening alfalfa, showing that AOX had an important role in the rejuvenation of alfalfa. Inhibition of AOX during rejuvenation of alfalfa resulted in a significant decrease in Pn rate, Ci, Gs and stomatal structure deformity, and the decrease was greater in Xinmu No.4 with a low level of fall dormancy. This suggests that AOX affects photosynthesis by influencing stomatal structure during rejuvenation stage.This suggests tha t AOX affects photosynthesis by influencing stomatal structure during rejuvenation stage. AOX can reduce electron leakage and increase the activity of active oxygen scavenging enzymes, thus reducing the accumulation of ROS, reducing the inhibition of ROS on PSII core protein repair in alfalfa leaves to optimize photosynthetic electron transport. Xinmu No.4, which has a lower fall dormancy level, has a higher proportion of AOX respiratory pathway, which makes it more resistant to low temperature for rejuvenation.

**Keywords**: Alfalfa; AOX; Photosynthetic activity; Spring rejuvenation

# 甜高粱青贮饲料及其在牛羊日粮中的应用进展

朱元芳，韩永胜*，张建胜，李旭业，王蕊

黑龙江省农业科学院畜牧兽医分院，齐齐哈尔，161005

**摘要：**甜高粱是一种多用途作物，除了可以作为粮食、饮料、生物能源原料，还可以作为优质饲草饲喂牛羊。因其具有耐盐碱、抗倒伏、高生物量和高光合性能等特性；茎秆积聚了大量的汁液和糖分，使其成为具有发展潜力的重要青贮作物，且甜高粱青贮具有营养丰富，转化率高、适口性好等的优点，是其他饲料来源的替代品。已有研究报道，甜高粱是半干旱、干旱和高盐度地区的主要青贮饲料，正日益成为世界上仅次于玉米的最重要的青贮作物。因此，本文主要对甜高粱的营养特性、甜高粱作为青贮饲料的优势以及在牛羊日粮中的应用进行了综述，旨在为甜高粱作为青贮饲料在牛羊日粮中的高效应用提供参考。

**关键词：**甜高粱；青贮饲料；牛羊；优质饲草；

# 紫花苜蓿的营养价值及在奶牛生产上的应用

朱元芳[10]

黑龙江省农业科学院畜牧兽医分院，齐齐哈尔，161005

**摘要：**随着草食畜牧业的蓬勃发展以及对优质饲草需求的增加，优质饲料资源的短缺加剧。目前，国内优质粗饲料主要依赖进口。牧草是草食畜牧业发展的基础和保障，是大食物观下重要的粮食资源。作为“牧草之王”，紫花苜蓿一种多年生豆科作物，在许多国家被认为是用于乳制品口粮的最常见和商业饲料。因其更高浓度的可溶性糖类和更容易获得的蛋白质而备受关注。目前，饲喂紫花苜蓿的奶牛比玉米秸秆或羊草干草表现出更好的生产性能。因此，本文主要总结了紫花苜蓿的营养价值、产量以及利用方式以及近年来在奶牛生产上的应用，以期进一步推动紫花苜蓿产业化发展，稳步提高紫花苜蓿在奶牛上的应用，保障草食畜牧业健康稳定发展。

**关键词：**紫花苜蓿；优质饲料：草食畜牧业；奶牛

[10] 作者简介：朱元芳，女，汉族，山东曹县人，硕士，主要从事动物营养研究，E-mail：1716227340@qq.com；

# 基于祖先性状演化和叶绿体基因组的马先蒿形态特征分析

王涛，徐成体，唐楚煜，曹正飞，肖梦君，何敏，李秀璋*，李玉玲*

（青海大学畜牧兽医科学院，三江源区高寒草地生态教育部重点实验室，青海 西宁 810016）

**摘要：**为了探究马先蒿属（*Pedicularis*）植物的关键形态特征，为 *Pedicularis* 植物的辨别与鉴定提供参考。本研究采用祖先性状演化推测了 *Pedicularis* 最保守的形态特征，并基于中国马先蒿（*Pedicularis chinensis*）（Genbank：OQ587614）和甘肃马先蒿（*Pedicularis kansuensis*）（Genbank：OQ587613）的完整叶绿体基因组，探讨了 *Pedicularis* 植物形态的变异原因。基于花序类型（总状花序）的形态学祖先性状演化分析和系统发育分析支持 *Pedicularis* 隶属于列当科（Orobanchaceae）的分类地位，而花序位置、花叶类型的形态学演化分析发现 *Pedicularis* 在 Orobanchaceae 和玄参科（Scrophulariaceae）之间无显著分类差异；甚至苞片形状的分类结果倾向于 *Pedicularis* 隶属于 Scrophulariaceae 的发育地位。叶绿体基因组变异分析发现多个 Pi 值较高的变异基因（*rpl22*、*rps19*、*rpl12*、*ycf1*、*trnH*、*psbA* 和 *ndhH*）和变异区域（*trnS-GGA*、*trnV-UAC*、*ndhJ-trnV*、*ycf4-cemA*、*ndhE-nhdG* 和 *rpl32-trnL*），且多分布在大单拷贝区（large single copy region，LSC）和小单拷贝区（small single copy region，SSC）区。反向重复区（inverted repeat，IR）区的 *rps19* 和 *ycf1* 基因跨越了区域边界造成 IR 区基因数量的丢失。因此，总状花序成为 *Pedicularis* 较为保守的形态特征，为 *Pedicularis* 植物分类的关键形态特征。而 IR 区的扩张导致 *rps19* 和 *ycf1* 基因跨越了区域边界造成 IR 区基因数量的丢失，同时提高 LSC 和 SSC 区叶绿体基因组的多样性，导致二者成为 *Pedicularis* 植物叶绿体基因组的高变异区，可能是 *Pedicularis* 植物形态改变的诱因之一。这些结果将促进 *Pedicularis* 植物系统分类和种间进化的研究。

**关键词：**马先蒿属；叶绿体基因组；系统发育；祖先形态

中图分类号：

# Morphological Analysis of *Pedicularis* Based on Ancestral Character Evolution and Chloroplast Genome

WANG Tao， XU Cheng-ti， TANG Chu-yu， CAO Zheng-fei， XIAO Meng-jun， HE Min， LI Xiu-zhang*， LI Yu-ling*

（Key Laboratory of the Alpine Grassland Ecology in the Three Rivers Region， Ministry of Education， Qinghai University， Xining 810016 China）

**Abstract：** To explore the key morphological characteristics of *Pedicularis* plants and provide reference for the identification and identification of *Pedicularis* plants. In this study, the most conserved morphological characteristics of *Pedicularis* were inferred by the evolution of ancestral traits. Based on the complete chloroplast genomes of *Pedicularis chinensis*（Genbank: OQ587614）and *Pedicularis kansuensis*（Genbank: OQ587613）, the

收稿日期 Received： 修回日期

基金项目：国家自然科学基金（232360349）资助

作者简介：王涛，男，博士研究生，研究方向为草学。E-mail：13085500761@163.com；*通讯作者 Author for correspondence，E-mail: yulingli2000@163.com

causes of morphological variation of *Pedicularis* plants were discussed. The phylogenetic analysis based on inflorescence type（raceme）supported that *Pedicularis* belonged to Orobanchaceae, while there was no significant difference between Orobanchaceae and Scrophulariaceae in inflorescence location and mocaic type. Even the classification results of bract morphology tend to *Pedicularis* belonging to the developmental position of Scrophulariaceae. The variation analysis of chloroplast genome showed that multiple variable genes（*rpl22*, *rps19*, *rpl12*, *ycf1*, *trnH*, *psbA*, and *ndhH*）and variable regions（*trnS-GGA*, *trnV-UAC*, *ndhJ-trnV*, *ycf4-cemA*, *ndhE-nhdG*, and *rpl32-trnL*） with high Pi values were found, and most of them were distributed in LSC and SSC regions. The *rps19* and *ycf1* genes in the IR region crossed the regional boundary and caused the loss of the number of genes in the IR region. Therefore, raceme has become a more conservative morphological feature of *Pedicularis*, which is the key morphological feature of *Pedicularis* plant classification. The expansion of the IR region led to the loss of the number of genes in the IR region caused by the *rps19* and *ycf1* genes crossing the regional boundary, and increased the diversity of the chloroplast genomes in the LSC and SSC regions, resulting in the two becoming highly variable regions of the chloroplast genomes of *Pedicularis* plants, indirectly lead to changes in the morphology of *Pedicularis* plants. These results will promote the study of phylogenetic classification and interspecific evolution of *Pedicularis* plants.

**Keywords:** *Pedicularis*; Chloroplast genome; Ancestral shape evolution; Phylogeny

# Diverse Rangelands and Pastoralists in Ethiopia Facing Climate Change and Bush Encroachment

Minyahel Tilahun[1,2], Zenghui Liu[1], Ayana Angassa[3], and Jianshuang Wu[1]
[1]Institute of Environment and Sustainable Development in Agriculture, China Academy of Agricultural Science, Beijing, China;
[2]College of Agriculture and Natural Resources, Wolkite University, Wolkite, Ethiopia;
[3]Botswana University of Agriculture and Natural Resources, Department of Range and Forest Resources, Botswana, Gaborone

**Abstract**

Sub-Saharan Africa is home to 41.7% of the world's pastoralists, with over 30 million pastoralists living in the East Africa region, including Ethiopia. In Ethiopia alone, rangelands provide livelihoods for more than 12 million pastoral communities such as Somalia (53%), Afar (29%), Borana (9%), and other pastoral communities (9%). The diverse array of herbaceous plants, shrubs, and tree species found in rangelands has been contributing to their ecological resilience and ability to sustain the needs of both livestock and wildlife populations. These pastoral communities in Ethiopia own 40% of the country's cattle, 25% of the sheep, 75% of the goats, and almost all of the country's camel population. In these pastoral areas, the human population density is below 10 people per square km and each pastoral household holds more than 15 livestock on average. The climate conditions in these rangeland areas are characterized by elevated temperature and erratic precipitation. Consequently, the rangelands and their inhabitants are facing worsening environmental challenges, such as land degradation, climate change, and habitat and/or biodiversity loss. There is an emergent recognition of the unique contributions that indigenous knowledge plays in the implementation of climate policies for sustainable environmental management and biodiversity conservation. The community-based knowledge that is acquired by the local people through generations keeps them resilient for centuries. However, in the past four decades, the combined and intense effects of climate change, bush encroachment (aggressive invasion of bushes like *Prosopis juliflora*) and unforeseen intervention have increased livestock mobility, rangeland degradation, and migration by more than 5% each year. The frequency of drought occurrence has gradually increased. Therefore, rangeland rehabilitation and conservation programs that focus on key drought and bush encroachment governing factors are crucial. It is essential to emphasize the interdependence between humans, livestock, and plants to better understand the sensitivity of rangelands to internal and external factors.

**Keywords**: Bush Encroachment, Climate Change, Ethiopia, Pastoralists, Rangelands, Sub-Saharan Africa

# 埃塞俄比亚多样的草原和牧民族群面临气候变化和灌木入侵

Minyahel Tilahun[1,2], 刘增辉[1], Ayana Angassa[3], 武建双[1]

[1]农业环境与可持续发展研究所, 中国农业科学院, 北京, 中国;
[2]农业与自然资源学院, 沃尔凯特大学, 沃尔凯特, 埃塞俄比亚;
[3]博茨瓦纳农业与自然资源大学, 牧场和森林资源部, 博茨瓦纳, 哈博罗内

**摘要：**撒哈拉以南的非洲是全球41.7%的牧民的家园，超过3000万牧民生活在包括埃塞俄比亚在内的东非地区。在埃塞俄比亚，草原支撑着超过 1200 万牧民的生计，例如Somalia (53%)、Afar (29%), Borana (9%)以及其他牧民族群 (9%)。牧场中多种多样的草本植物、灌木和乔木物种有助于提高其生态恢复力以及维持家畜和野生动物生存需求的能力。这些牧区，拥有埃塞俄比亚全国 40%的牛、25% 的绵羊、75% 的山羊以及几乎所有的骆驼；人口密度每平方千米不足10人，户均饲养的牲畜数量超过15头；气候条件呈现气温升高和降水不稳定的特征。导致这里的牧场和牧民面临着日益恶化的环境挑战，例如土地退化、气候变化以及栖息地和/或生物多样性的丧失等。人们逐渐认识到本土知识在可持续环境管理和生物多样性保护相关的气候政策实施过程中发挥着独特的贡献。牧民族群传承数代本土知识确保他们生存的韧性持续数百年。然而，在过去的四十年中，气候变化、灌木丛入侵 (比如：*Prosopis juliflora* 等)以及不可预见干扰的综合影响导致牲畜流动、草场退化和迁徙每年增加 5% 以上。干旱发生频率也越来越多。因此，关注干旱和灌木丛入侵相关的关键控制因素的牧场恢复和保护项目日益重要。辨识人类、牲畜和植物之间的相互依赖对于理解牧场对内外干扰的敏感性也十分必要。

# 封育对伊犁绢蒿荒漠土壤酶活性及其化学计量特征的影响

吴悦[11]，董乙强[1,2,3*]，周时杰[1]，聂婷婷[1]，姜安静[1]，柳泽宇[1]

（1.新疆农业大学草业学院，乌鲁木齐 830052；2.新疆草地资源与生态自治区重点实验室，乌鲁木齐 830052；3.西部干旱区草地资源与生态教育部重点实验室乌鲁木齐 830052）

**摘要：**为明确荒漠草地恢复过程中与生态系统碳、氮和磷循环密切相关的土壤酶与环境因子的关系，本研究以玛纳斯县伊犁绢蒿荒漠草地为研究对象，研究了封育（8 年）对草地植物群落特征、土壤理化性质及土壤酶活性及其化学计量特征的影响。结果表明：1）与放牧区相比，封育显著提高草地植物平均高度及地上生物量（$P$<0.05），植物密度、地下生物量对封育的响应不显著（$P$>0.05）；2）土壤理化性质各指标对封育的响应均不显著（$P$>0.05）；与放牧区相比，封育显著降低土壤β-1,4-N-乙酰氨基葡糖糖苷酶及土壤亮氨酸氨肽酶活性（$P$<0.05），同时也提高土壤 C:N、C:P 酶活性比，前者与 pH、电导率、全磷呈极显著正相关关系（$P$<0.01）；后者与电导率呈极显著正相关关系（$P$<0.01）；N:P 酶活性比特征值下降，并与 pH、电导率、全磷、硝态氮呈极显著负相关关系，与土壤有机碳呈极显著正相关关系（$P$<0.01）；3）冗余分析结果表明引起土壤酶活性及其化学计量比变化的主要因素为碱解氮、电导率、有机碳及土壤全氮，其他环境因子对土壤酶活性计量比的影响相对较弱。综上，封育能提高植物群落高度和地上生物量，冗余分析结果表明电导率可能是影响伊犁绢蒿荒漠草地土壤酶活性及其化学计量特征的主要因子。

**关键词：**围栏封育；伊犁绢蒿荒漠；酶活性；化学计量特征

**Effects of enclosure on enzyme stoichiometric characteristics of desert soil of *Seriphidium transiliense***

**WU Yue[1], DONG Yi-qinag[1,2,3*], ZHOU Shi-jie[1], NIE Ting-ting[1], JIANG An-jing[1], LIU Ze-yu[1]**

**(1. School of Grassland, Xinjiang Agricultural University, Urumqi, 830052; 2. Key Laboratory of Grassland Resources and Ecology Autonomous Region, Xinjiang, Urumqi, 830052; 3. Key Laboratory of Grassland Resources and Ecology, Ministry of Education, Western Arid Region, Urumqi, 830052.)**

**Abstract:** In order to clarify the relationship between soil enzymes, which are closely related to ecosystem carbon, nitrogen and phosphorus cycling, and environmental factors in the process of desert grassland restoration, the present study investigated the effects of sealing (8 years) on the characteristics of grassland plant communities, soil physicochemical properties, and the activities of soil enzymes and their stoichiometric characteristics in the desert grassland of Artemisia serrata in Manas County, with the target of the study. The results showed that: (1) compared with the grazing area, the average height and above-ground biomass of grassland plants were significantly increased ($P$<0.05), and the responses of plant density and below-ground biomass to the closure were not significant ($P$>0.05); (2) the responses of soil physicochemical properties to the closure were not significant ($P$>0.05); and the response of soil enzymes and their stoichiometric characteristics to the closure was not significant ($P$>0.05); and the response of soil enzymes and their stoichiometric characteristics were not significant ($P$>0.05), and the responses of soil enzymes and their stoichiometric characteristics were not significant ($P$>0.05). glucosidase and soil leucine aminopeptidase activities ($P$<0.05), and also increased soil C:N and C:P enzyme activity ratios, with the former showing a highly significant positive correlation with pH, conductivity, and total phosphorus (P<0.01), and the latter showing a highly significant positive correlation with conductivity (P<0.01); the characteristic value of the N:P enzyme activity ratio declined and showed a highly significant negative correlation with

作者简介：吴悦（1999-），女，新疆巩留人，在读硕士研究生，主要从事草地资源与生态研究。E-mail：1403219681@qq.com.
通讯作者：董乙强(1989-)，男，江苏邳州人，副教授，硕导，博士，主要从事草地资源与生态研究。
E-mail：xjdyq1210@163.com.

pH, conductivity, total phosphorus, and nitrate nitrogen, and a highly significant negative correlation with soil organic matter ($P$<0.01). The N:P enzyme activity ratio eigenvalue decreased and showed a highly significant negative correlation with pH, conductivity, total phosphorus and nitrate nitrogen, and a highly significant positive correlation with soil organic carbon ($P$<0.01); (3) The results of redundancy analysis showed that the main factors that caused the changes of soil enzyme activity and its stoichiometric ratio were alkaline dissolved nitrogen, electrical conductivity, organic carbon and soil total nitrogen, and the effects of other environmental factors on the stoichiometric ratio of soil enzyme activity were relatively weak. The results of redundancy analysis showed that the conductivity might be the main factor affecting the soil enzyme activity and its stoichiometric characteristics in the desert grassland of *Seriphidium transiliense*.

**Key words:** Fencing; *Seriphidium transiliense* desert; Enzyme activity; Redundancy analysis

**本研究部分结果如下：**

**封育对伊犁绢蒿荒漠土壤酶活性及酶计量特征的影响**

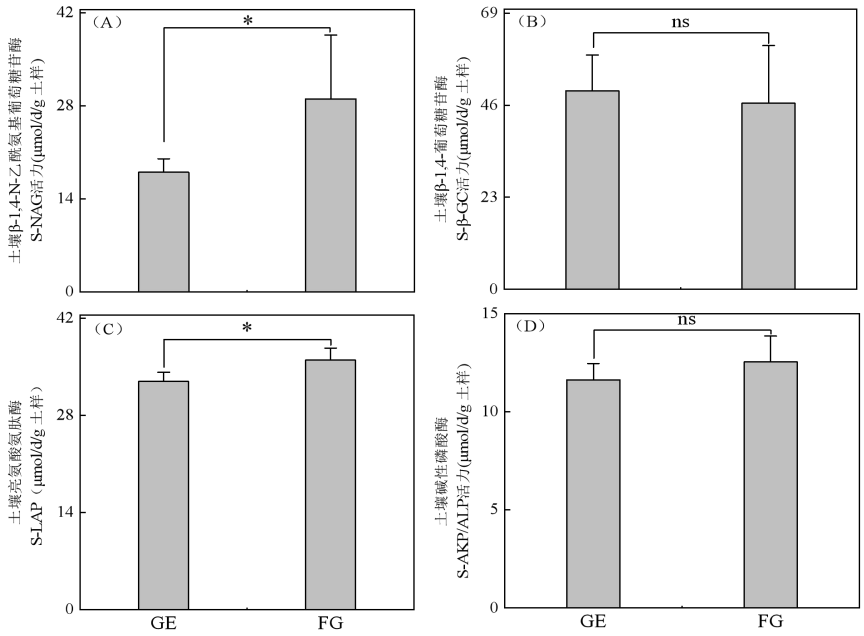



**图 3 封育对伊犁绢蒿荒漠草地土壤酶活性的影响**

**Figure 3 Effects of enclosure on soil enzyme activity of *S.* desert grassland**

**注：*表示封育区与放牧区在 0.05 水平下存在显著差异，ns 表示封育区与放牧区在 0.05 水平下无显著差异**

**Note: * indicates that there is a significant difference between the fenced and grazed areas at the 0.05 level, and ns indicates that there is no significant difference between the fenced and grazed areas at the 0.05 level.**

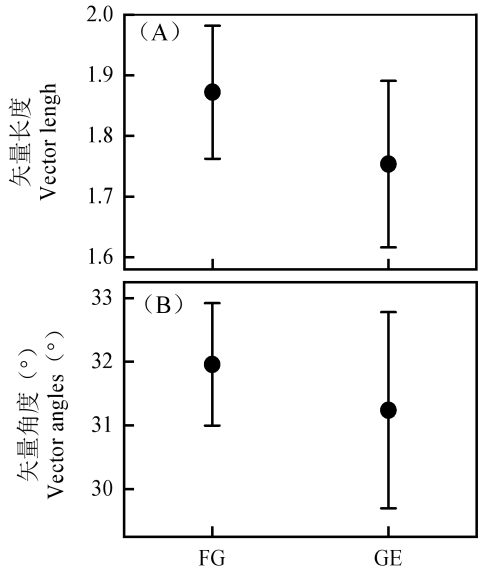
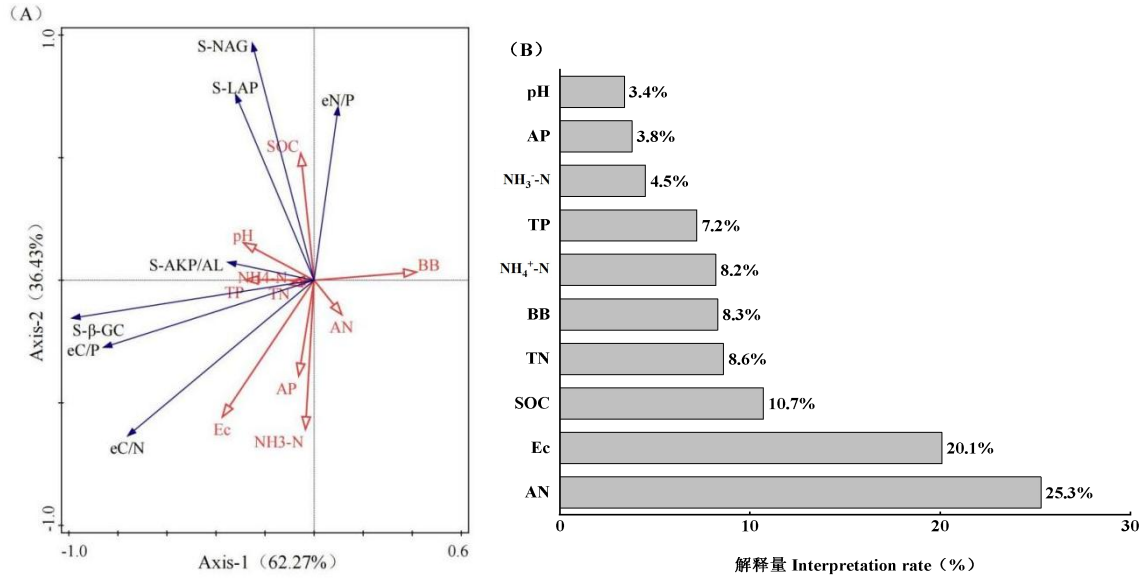



**图 4 基于土壤酶活性比值的矢量长度和角度**

**Figure 4 Vector length and Angle based on soil enzyme activity ratio**

**环境因子与土壤酶、土壤酶活性计量比的冗余分析**




**注：eC/N：土壤酶活性碳氮比；eC/P：土壤酶活性碳磷比；eN/P：土壤酶活性氮磷比；SOC：土壤有机碳；AP：速效磷；AN：碱解氮；$NH_3^-$-N：硝态氮；$NH_4^+$-N：铵态氮；TP：全磷；BB：地下生物量；TN：全氮；Ec：电导率。**

**Note: eC/N: soil enzyme active carbon nitrogen ratio; eC/P: soil enzyme active carbon and phosphorus ratio; eN/P: N/P ratio of soil enzyme activity; SOC: Soil organic carbon; AP: Rapidly available phosphorus; AN: alkali-hydrolyzed nitrogen; $NH_3^-$-N: nitrate nitrogen; $NH_4^+$-N: ammonium nitrogen; TP: total phosphorus; BB: Underground biomass; TN: total nitrogen; Ec: electrical conductivity.**

**图 5 环境因子与土壤酶、土壤酶活性计量比之间的冗余分析**

**Figure 5 Redundancy analysis between environmental factors and soil enzymes and the quantitive ratio of soil enzyme activity**

# 模拟氮沉降和放牧对温性荒漠草原植被群落特征的影响[12]

柳泽宇[1]，董乙强[1,2,3*]，张勇娟[4]，周时杰[1]，聂婷婷[1]，姜安静[1]，吴悦[1]，雷雅欣[1]，安沙舟[1,2,3]

(1.新疆农业大学草业学院，新疆乌鲁木齐 830052； 2.新疆草地资源与生态自治区重点实验室，新疆乌鲁木齐 830052；3.西部干旱区草地资源与生态教育部重点实验室，新疆乌鲁木齐，830052 4.乌鲁木齐市林业和草原局（乌鲁木齐市园林绿化工程质量监督站），新疆乌鲁木齐 830018)

**摘要：**为明确模拟氮沉降和放牧对荒漠草原植物群落数量特征及多样性的影响，探索植物群落数量特征及多样性的变化规律，为该类荒漠草原的科学经营管理提供理论依据。本研究以乌鲁木齐市榆树沟温性荒漠草原为研究对象，采用野外调查取样的方法，对放牧区和非放牧区不同施氮梯度（N0：0 g/m$^2$；N1：2.5 g/m$^2$；N2：5.0 g/m$^2$；N3：10.0 g/m$^2$；N4：15.0 g/m$^2$；N5：20.0 g/m$^2$）植物群落数量特征和物种多样性的测定分析。（1）在 N0 和 N1 添加水平下模拟放牧区比不放牧区的植物群落高度分别显著降低了 15.46%和 20.33%（$P$<0.05），在 N1、N2 和 N5 处理下，模拟放牧区比不放牧区的植物群落盖度分别显著降低了 25.18%、23.21%和 30.00%（$P$<0.05）；（2）在 N1、N2 和 N5 添加水平下放牧区比不放牧区的禾本科重要值显著增加了 60.89%、52.34%和 57.55%（P<0.05）；在 N1、N2、N4 和 N5 速率下，放牧区比不放牧区的杂类草重要值显著降低了 21.29%-70.21%（$P$<0.05）。（3）放牧区和不放牧区禾本科重要值与群落多样性呈负相关（$P$<0.05）；放牧区和不放牧区杂类草重要值与群落多样性呈正相关（P<0.05）。模拟放牧降低了群落数量特征，提高了作为优势科的禾本科重要值，以及一定程度上恢复了氮沉降背景下草地群落多样性。

**关键词：**氮沉降；模拟放牧；群落特征；重要值

# The effects of simulated nitrogen deposition and grazing on vegetation community characteristics in temperate desert grasslands

LIU Ze-yu[1]，DONG Yi-qinag[1,2,3*]，ZHANG Yong-juan[4], ZHOU Shi-jie[1], NIE Ting-ting[1], JIANG An-jing[1], WU Yue[1], LEI Ya-xin[1], AN Sha-zhou[1,2,3]

(1. School of Grassland, Xinjiang Agricultural University, Urumqi, 830052; 2 Key Laboratory of Grassland Resources and Ecology Autonomous Region, Xinjiang, Urumqi, 830052; 3 Key Laboratory of Grassland Resources and Ecology, Ministry of Education, Western Arid Region, Urumqi, 830052; 4. Urumqi Forestry and Grassland Bureau (Urumqi Landscape Engineering Quality Supervision Station), Urumqi 830018, Xinjiang)

**Abstract:** In order to clarify the effects of simulated nitrogen deposition and grazing on the quantitative characteristics and diversity of plant communities in desert grasslands, and to explore the changes in the quantitative characteristics and diversity of plant communities, theoretical basis is provided for the scientific management of this type of desert grassland. This study takes the Yushugou Warm Desert Grassland in Urumqi City as the research object, and uses field survey sampling method to determine and analyze the quantitative characteristics and species diversity of plant communities in different nitrogen application gradients (N0:0 g/m$^2$; N1:2.5 g/m$^2$; N2: 5.0 g/m$^2$; N3:10.0 g/m$^2$; N4:15.0 g/m$^2$; N5:20.0 g/m$^2$) in grazing and non grazing areas. (1) At the levels of N0 and N1 addition, the height of plant communities in simulated grazing areas significantly decreased by 15.46% and 20.33%

[12]**基金项目：**新疆维吾尔自治区自然科学基金项目（2020D01B29）资助

**作者简介：柳泽宇**（2000-），男，新疆乌鲁木齐人，在读研究生，主要研究方向为草地资源与生态研究，E-mail：1738571778@qq.com.

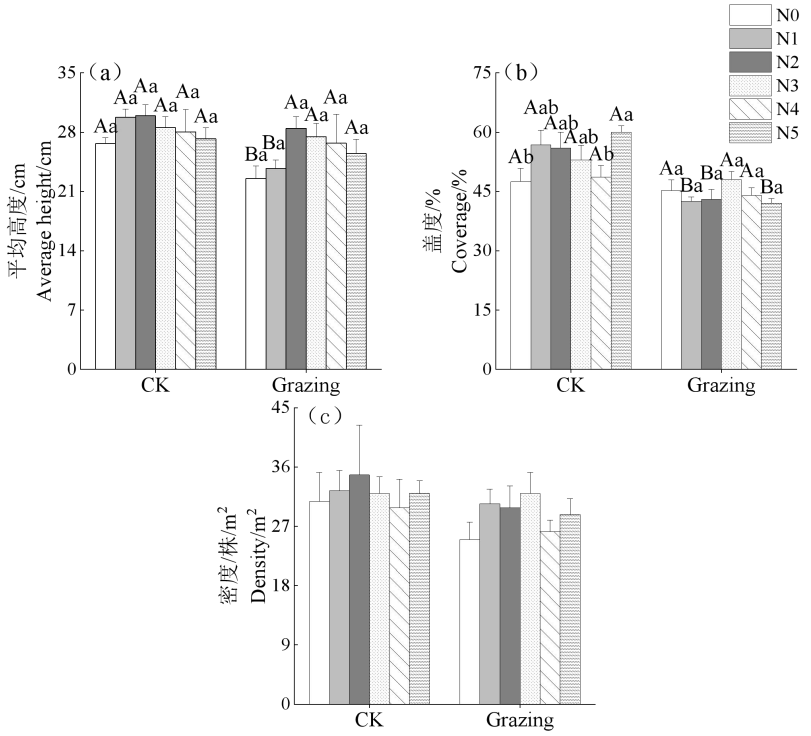
**通讯作者：**董乙强（1989-），男，江苏邳州人，副教授，硕导，主要从事草地资源与生态研究，E-mail：xjdyq1210@163.com.

compared to non grazing areas (P<0.05). Under N1, N2, and N5 treatments, the coverage of plant communities in simulated grazing areas significantly decreased by 25.18%, 23.21%, and 30.00% compared to non grazing areas (P<0.05); (2) Under the levels of N1, N2, and N5 addition, the important values of Poaceae in grazing areas significantly increased by 60.89%, 52.34%, and 57.55% compared to non grazing areas (P<0.05); At the rates of N1, N2, N4, and N5, the importance value of miscellaneous grass in grazing areas significantly decreased by 21.29% -70.21% compared to non grazing areas (P<0.05). (3) The important values of Poaceae in grazing and non grazing areas were negatively correlated with community diversity (P<0.05); The importance value of mixed grass in grazing and non grazing areas is positively correlated with community diversity (P<0.05). Simulated grazing reduced the numerical characteristics of the community, increased the important value of the dominant family, Poaceae, and to some extent restored the diversity of grassland communities under nitrogen deposition background.

**Keywords**: nitrogen deposition; Simulated grazing; Community characteristics; Important value

部分结果如下：

## 2.1 模拟氮沉降和放牧对植物群落数量特征的影响




注：不同大写字母表示相同施氮处理下模拟放牧与对照处理差异显著（$P$＜0. 05）；不同小写字母表示相同处理间差异显著（$P$＜0. 05），下同。

Note: Different capital letters indicate significant differences between simulated grazing and control treatments under the same nitrogen application treatment (P<0 05); Different lowercase letters indicate significant differences between the same treatments (P<0 05), the same below.

图 1 不同模拟氮沉降水平和模拟放牧下群落的高度，盖度和密度

Figure 1: Community height, coverage, and density under different levels of simulate nitrogen depositio and simulated grazing

## 2.2 模拟氮沉降和放牧对植物功能群重要值和群落物种多样性相关性分析




图 2 放牧区和非放牧区植物功能群和群落物种多样性相关性分析

Figure 2 Correlation analysis of plant functional groups and community species diversity in grazing and non grazing areas

# 狗牙根叶片相对含水量高光谱反演估算

喻启坤[1],李雯[1],汤丽斯[1],韩宇[1],李培英[1,2,3*],孙宗玖[1,2,3]

（1.新疆农业大学草业学院，新疆 乌鲁木齐 830052；2.新疆草地资源与生态自治区重点实验室，新疆 乌鲁木齐 830052；3.西部干旱区草地资源与生态教育部重点实验室，新疆 乌鲁木齐 830052）

**摘要：**为了探讨高光谱技术在监测植物受干旱胁迫程度及筛选抗旱材料中的应用，本研究以 18 个狗牙根基因型为材料，进行为期 12 d 的自然干旱，测定各材料土壤含水量和叶片相对含水量，同时利用美国 SVC HR-768 便携式光谱仪，获取不同干旱时间各材料的高光谱相片，以经过高光谱 SG 平滑和 SG 平滑+一阶导数结合处理的光谱反射率作为自变量，经 Person 相关性分析和连续投影筛选与叶片相对含水量相关性较好且各材料共有的特征波段，并利用方差膨胀因子检验其共线性，之后通过 BP 神经网络、支持向量机和随机森林三种机器学习算法建立狗牙根叶片相对含水量的反演模型。结果表明：（1）通过连续投影算法共筛选出 5 个 SG 平滑+一阶导数特征波段，分别为 406、569、706、736、786 nm，与叶片相对含水量的相关性较高（P>0.5），且波段间共线性较弱，可作为抗旱监测的敏感波段。（2）以敏感波段为基础建立的随机森林反演模型，决定系数（$R^2$）和均方根误差（RMSE）分别为 0.939 和 8.552，相较于支持向量机和 BP 神经网络，$R^2$ 分别提高了 5 %和 8 %，表现出最好的预测效果和普适性，其测试集的 $R^2$ 为 0.925，RMSE 为 9.008。本研究可为未来利用高光谱进行广谱性狗牙根叶片相对含水量无损高精监测提供技术支撑。

**关键词：**狗牙根；不同基因型；叶片相对含水量；高光谱技术

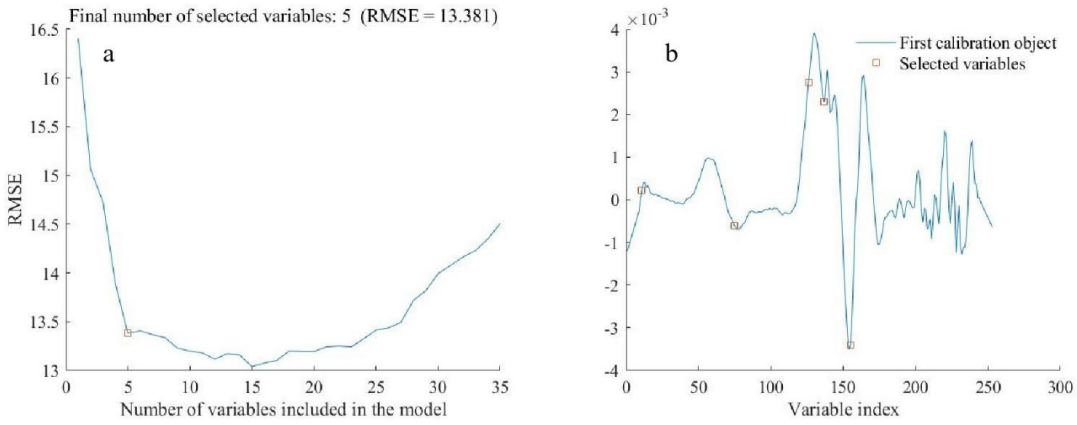



**图 1 SPA 算法提取 SG 平滑+一阶导数结合特征波长过程**

（a）：变量数目（b）：变量位置

**Fig 6 SPA algorithm to extract SG smoothing + first order derivatives combined with the characteristic wavelength process**

(a): number of variables (b): location of variables

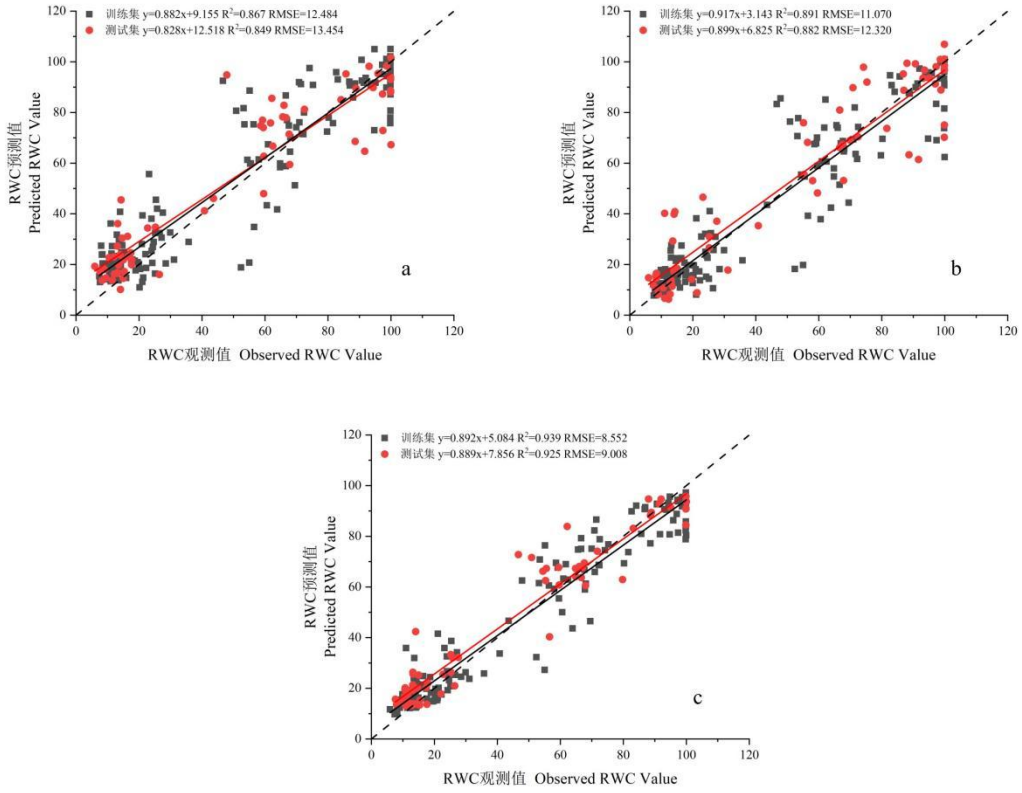



**图 2 验证机器学习算法的模型分析散点图**

（a）：BP 神经网络；（b）：支持向量机；（c）：随机森林

# 氮肥和牛粪添加对煤矿补播区植物和土壤养分的恢复效果研究

聂婷婷[13] ，董乙强[1,2,3*]，周时杰[1]，姜安静[1]，柳泽宇[1]，吴悦[1]，安沙舟[1]

(1.新疆农业大学草业学院，新疆 乌鲁木齐 830052；2.新疆草地资源与生态自治区重点实验室，新疆 乌鲁木齐 830052；3.西部干旱区草地资源与生态教育部重点实验室，新疆 乌鲁木齐 830052)

**摘要：**为探究施肥对煤矿补播区草地植被、土壤养分的恢复效果，本试验以煤矿补播草地为研究对象，采用裂区试验设计，设置 5 个氮肥水平（尿素：CK:0 g/m$^2$，N1:5 g/m$^2$，N2:10 g/m$^2$，N3:20 g/m$^2$ 和 N4:30 g/m$^2$）和两种牛粪添加模式（0 g/m$^2$，300 g/m$^2$）。调查分析不同氮肥施用量和牛粪添加模式下矿区植被群落数量特征、多样性指数和土壤理化性质的变化差异，并通过灰色关联度分析确定最佳氮肥施用量和牛粪添加模式，以期为此类废弃矿山的修复和改良提供一定的理论依据。研究结果表明：（1）施用氮肥和牛粪对煤矿补播区植被数量影响显著，植被盖度、密度和地上生物量随施氮水平的增加呈先增后降的变化趋势，且 N1、N2 施肥水平下其值分别高于 CK42.62%～88.80%、16.83%～37.08%、81.80%～106.93%（$P$<0.05），而施肥对植物多样性的影响较小。植物氮（N）含量增加 1.57%～49.94%，植物磷（P）含量降低 9.61%～23.39%，进而导致 C∶N 降低，C∶P 和 N∶P 增加。（2）施肥后，煤矿补播区土壤养分含量变化大体趋势如下：有机碳（SOC）含量呈波动性下降 1.32%～41.39%、全氮（TN）含量呈波动性增加 2.28%～63.52%，进而导致土壤 C∶N、C∶P 降低，N∶P 增加；土壤硝态氮（$NO_3^-$-N）含量显著增加 156.23%～845.28%、碱解氮（AN）增加 46.66%～123.07%，铵态氮（$NH_4^+$-N）含量降低 21.69%～39.43%，速效磷（AP）含量增加 64.10%～87.97%。（3）灰色关联度分析结果表明，N1（5 g/m$^2$）+牛粪、N2（10 g/m$^2$）+牛粪施肥处理对废弃矿山煤矿补播区草地植被、土壤养分恢复效果相对较好。综上，适量施氮肥（5 g/m$^2$～10 g/m$^2$）和牛粪有机肥有效促进煤矿补播草地植被的恢复与生长，有助于土壤养分的恢复与提升，是矿区生态修复和环境改善的有效措施。

**关键词：**施肥；土壤养分；植物特征；煤矿补播草地；最佳施肥量

# Research on the Restoration Effect of Nitrogen Fertilizer and Cow Dung Addition on Plant and Soil Nutrients in Coal Mine Supplementary Sowing Areas

NIE Tingting[1], DONG Yiqiang [1,2,3*], ZHOU Shijie[1], JIANG Anjing[1], LIU Zeyu[1], WU Yue[1], AN Shazhou[1,2,3]

College of Grassland Science, Xinjiang Agricultural University, Urumqi 830052, Xinjiang; 2.Xinjiang Key Laboratory of Grassland Resources and Ecology, Urumqi 830052, Xinjiang; 3. Key Laboratory of Grassland Resources and Ecology of the Ministry of Education of the Western Arid Zone, Urumqi 830052, Xinjiang )

[13] **收稿日期：　　；修回日期:**

**基金项目：**新疆农业大学 2023 年自治区研究生创新项目；新疆维吾尔自治区高校科研计划项目（XJEDU2021Y021）资助

**作者简介：**聂婷婷（1996-），女，新疆库尔勒人，硕士研究生，主要从事草地资源与生态研究。E-mail：1783239058@qq.com.

**通讯作者：**董乙强(1989-)，男，江苏邳州人，讲师，硕导，博士，主要从事草地资源与生态研究。E-mail：xjdyq1210@163.com.

**Abstract:** In order to investigate the effect of fertiliser application on the restoration of vegetation and soil nutrients in grassland of coal mine replanting area, this experiment was conducted with coal mine replanting grassland as the research object, and a split-zone experimental design was used to set up five levels of nitrogen fertiliser (urea: CK: 0 g/m$^2$, N1: 5 g/m$^2$, N2: 10 g/m$^2$, N3: 20 g/m$^2$, and N4: 30 g/m$^2$ ) and two modes of cow dung addition (0 g/m$^2$, 300 g/m$^2$ ). We investigated and analyzed the differences in the quantitative characteristics of the vegetation communities, diversity index and physical and chemical properties of the soil under different nitrogen fertilizer application and cow dung addition modes, and determined the optimal nitrogen fertilizer application and cow dung addition modes through grey correlation analysis, with a view to providing a certain theoretical basis for the restoration and improvement of this kind of abandoned mines. The results of the study showed that: (1) the application of nitrogen fertilizer and cow dung had a significant effect on the amount of vegetation in the coal mine replanting area, and the vegetation cover, density and aboveground biomass showed an increasing and then decreasing trend with the increase of the nitrogen application level, and the values of them were higher than those of the CK42.62% ~ 88.80%, 16.83% ~ 37.08%, and 81.80% ~ 106.93% at the levels of N1 and N2 fertilizers, respectively ( $P$<0.05). 0.05), while fertiliser application had less effect on plant diversity. Plant nitrogen (N) content increased by 1.57% ~ 49.94% and plant phosphorus (P) content decreased by 9.61% ~ 23.39%, which in turn led to a decrease in C:N and an increase in C:P and N:P. (2) After fertiliser application, the general trend of soil nutrient content changes in the coal mine replanting area was as follows: organic carbon (SOC) content showed a fluctuating decrease of 1.32% ~ 41.39%, total nitrogen (TN) content showed a fluctuating increase of 2.28% ~ 63.52%, which led to a decrease in soil C:N, C:P and an increase in N:P. The content of soil nitrate nitrogen ( $NO_3^-$-N ) was significantly increased by 156.23% ~ 845.28%, alkaline dissolved nitrogen (AN) increased by 46.66% ~ 123.07%, ammonium nitrogen ( $NH_4^+$-N ) content decreased by 21.69% ~ 39.43%, and quick-acting phosphorus (AP) content increased by 64.10% ~ 87.97%. (3) The results of grey correlation analysis showed that N1 (5 g/m$^2$ ) + cow dung and N2 (10 g/m$^2$ ) + cow dung fertilization treatments had relatively better effects on the restoration of grassland vegetation and soil nutrients in the replanting area of the abandoned mine coal mine. In conclusion, the moderate application of N2 (5 g/m$^2$ ~ 10 g/m$^2$ ) and cow dung organic fertiliser effectively promotes the recovery and growth of grassland vegetation in coal mine replanting area, and also helps to recover and enhance soil nutrients, which is an effective measure for ecological restoration and environmental improvement in mining areas.

**Keywords:** Fertiliser application; Soil nutrients; Plant characteristics; Coal mine replanted grassland; Optimal fertiliser application rate

**部分结果如下：**

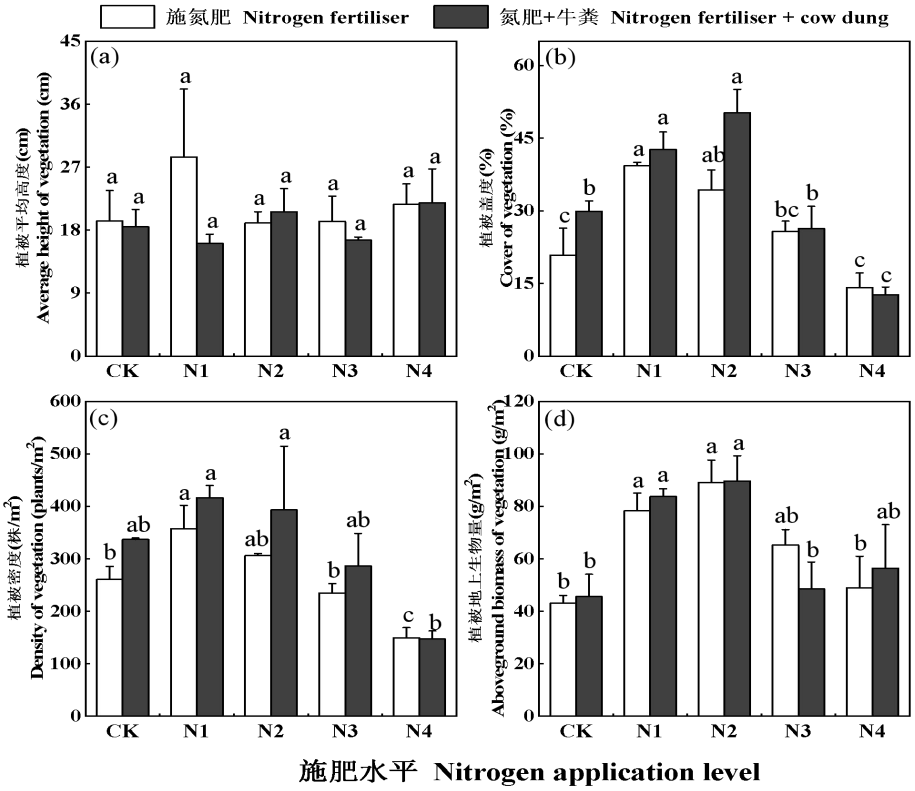



图 1 施氮和牛粪添加对煤矿补播区植物数量特征的影响

Fig. 1 Effect of nitrogen application and cattle manure addition on plant population characteristics in coal mine replanting areas

注：不同小写字母表示相同施肥条件下不同施氮水平之间存在显著差异（$P$<0. 05）；

*表示施氮肥和氮肥+牛粪两种施肥模式间存在显著差异。

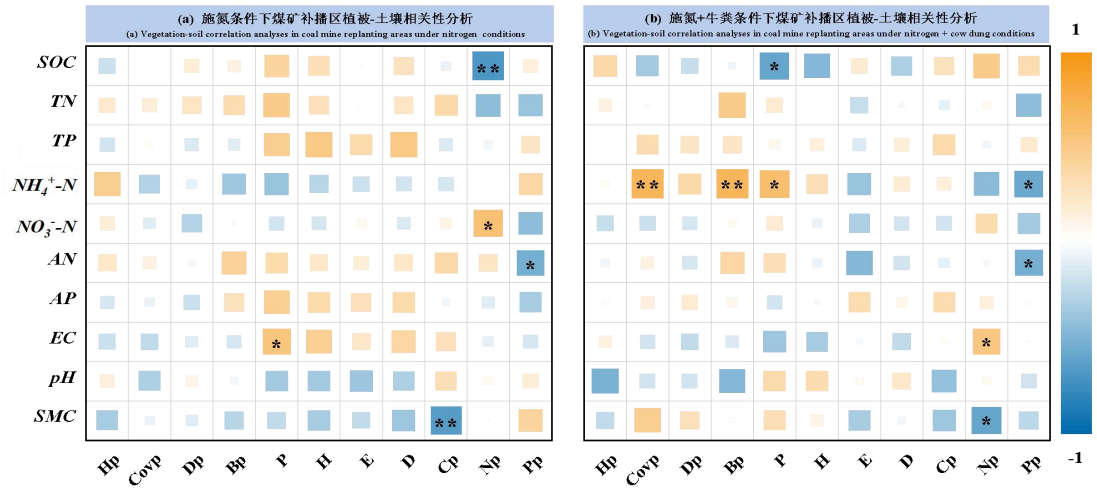



图 5 施用氮肥条件下煤矿补播草地植被植物-土壤特征相关性分析

Fig. 5 Correlation analysis of plant-soil characteristics of coal mine replanted grassland vegetation under nitrogen fertiliser application conditions

注：Hp、Covp、Dp、Bp 分别表示植被高度、盖度、密度、地上生物量；P、H、E、D 分别表示 Patrick 丰富度指数、Shannon-Wiener 多样性指数、Pielou 均匀度指数、Simpson 优势度指数；Cp、Np、Pp 分别表示植物碳、氮、磷含量； *表示 $P$ 在 0.05 级别显著, **表示 $P$ 在 0.01 级别显著。

# 伊犁绢蒿叶片凋落物分解动态及其碳氮磷生态化学计量特征研究

周磊[14] ，孙宗玖[1,2,3*]，聂婷婷[1]，于冰洁[1]，郑丽[1]，周晨烨[1]

(1.新疆农业大学草业学院，新疆 乌鲁木齐 830052；2.新疆草地资源与生态自治区重点实验室，新疆 乌鲁木齐 830052；

3.西部干旱区草地资源与生态教育部重点实验室，新疆 乌鲁木齐 830052)

**摘要：**为阐明凋落物添加量对凋落物分解、养分释放及化学计量比的影响，以伊犁绢蒿（Seriphidium transiliense）叶凋落物为对象，采用梅森瓶室外培养法进行了为期 500d 的凋落物分解模拟试验，研究了添加量（2.5，5.0，7.5g）对凋落物质量残留率、碳（C）、氮（N）、磷（P）及其化学计量比的影响。结果表明：凋落物量对凋落物分解的前期（0-320 d）没有影响，而后期（410 - 500 d）凋落物量越少分解速率越快，凋落物分解 50%和 95%所需的时间均表现为 2.5 g＜5.0g＜7.5 g。凋落物分解过程中 C 含量均大致表现为持续释放过程，N 含量与其分解速率均呈显著负相关，表现为富集-释放-富集趋势，富集均出现在分解较快的阶段，而 P 含量与 N 含量变化基本一致，表现为 N 释放促进 P 的释放，氮富集则 P 富集。从储量看，凋落物分解过程中除 7.5 g 处理 N 储量的后期呈富集现象外，其余处理的 C、N、P 储量均表现为持续释放过程。不同添加量凋落物叶 C 与 C∶N、C∶P、叶残留率均显著正相关，而凋落物叶 N 与 C∶N、C∶P、叶残留率则均显著负相关。综上所述，凋落物的分解、养分的释放和化学计量比均受到添加量的影响，该研究结果有助于深入理解凋落物分解过程中的物质循环和生态学过程。

**关键词：**凋落物；残留率；土壤碳氮磷；化学计量比；蒿类荒漠草地；

# Effects of Litter Additions on Soil Carbon, Nitrogen and Phosphorus Contents and Their Stoichiometric Characteristics in Sagebrush Desert Grassland

ZHOU Lei[1], SUN Zong-jiu[1,2,3*], NIE Ting-ting[1], YU Bing-jie[1], ZHENG Li[1], ZHOU Chen-ye[1]

(1. College of Grassland Science, Xinjiang Agricultural University, Urumqi , Xinjiang 830052; 2. Xinjiang Key Laboratory of Grassland Resources and Ecology, Urumqi, Xinjiang 830052; 3. Ministry of Education Key Laboratory for Western Arid Region Grassland Resources and Ecology, Urumqi, Xinjiang 830052, China)

**Abstract：** In order to elucidate the effects of litter additive quantity on litter decomposition, nutrient release and stoichiometric ratios, a simulation experiment on litter decomposition was carried out for a period of 500 d using

**收稿日期：**

**基金项目：**新疆维吾尔自治区高校基本科研业务费(XJEDU2022J006)；新疆维吾尔自治区重点实验室开放课题（2022D04003）；国家自然科学基金（32060408）资助

**作者简介：**周磊（1996-），男，汉族，新疆乌鲁木齐人，硕士研究生，主要从事草地资源与生态研究。E-mail: 1042791363@qq.com；

*通信作者 Author for correspondence，E-mail：nmszj@21cn.com

the Mason bottle outdoor incubation method with the leaf litter of *Seriphidium transiliense*, and the effects of additive amounts (2.5, 5.0, and 7.5 g) on the mass residual rate of litter, carbon (C) , nitrogen (N), phosphorus (P) and their stoichiometric ratios. The results showed that The amount of litter had no effect on the first period of litter decomposition (0-320 d), whereas in the later period (410 - 500 d) the lower the amount of litter the faster the rate of decomposition, and the time required for 50% and 95% of litter decomposition were both shown to be 2.5 g<5.0 g<7.5 g. In the decomposition process of litters, C content generally showed a continuous release process, and N content and its decomposition rate showed a significant negative correlation, showing a trend of enrichment - release - enrichment, and enrichment occurred in the decomposition stage, while the change of P content and N content was basically the same, showing that N release promoted P release, and nitrogen enrichment resulted in P enrichment. In terms of storage, the C, N, and P of the litter decomposition process showed a continuous release process, except for the late stage of the N storage of the 7.5 g treatment, which showed an enrichment phenomenon. Leaf C was positively correlated with C∶N, C∶P and leaf residual rate, while leaf N was negatively correlated with C∶N, C∶P and leaf residual rate. In summary, litter decomposition, nutrient release and stoichiometric ratios were all affected by the amount of additions, and the results of this study contribute to an in-depth understanding of the material cycling and ecological processes involved in litter decomposition.

**Keywords:** Additive quantity; Nutrient releasing; Decomposition rate; Stoichiometric characteristics

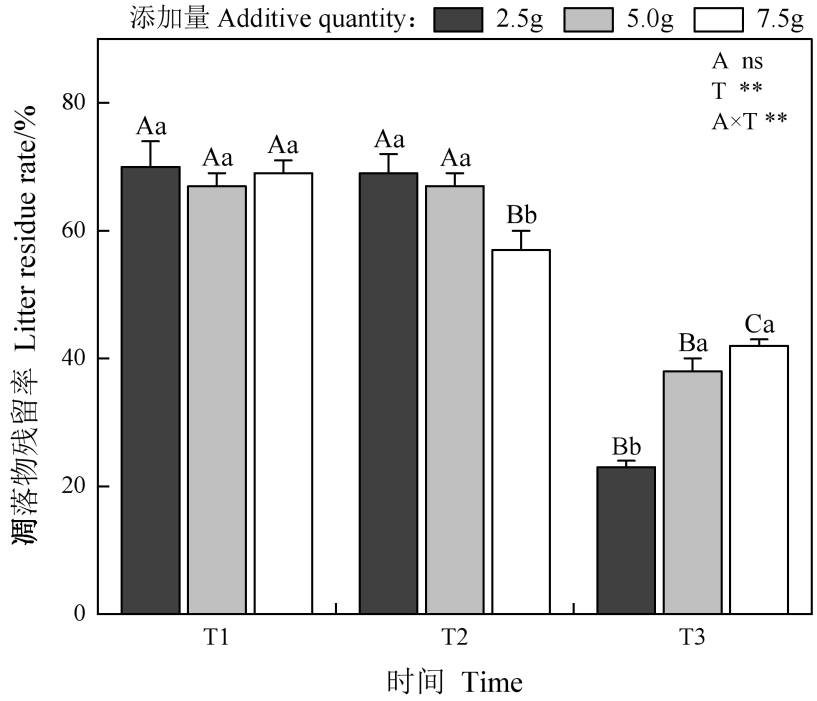



**图 1 凋落物残留率**

**Fig. 1 Litter residue rate**

A：添加量，T：时间，双因素方差分析结果以 A、T、A × T 表示，* *P*<0.05，** *P*<0.01。不同大写字母表示凋落物分解阶段之间差异显著（*P*＜0.05）；不同小写字母表示凋落物添加量之间的显著差异（*P*＜0.05），下同。

A: additive quantity; T: time; results of two-way ANOVA are expressed as A, T, A × T, * *P*<0.05; ** *P*<0.01. Different capital letters indicate significant differences between the stages of litter decomposition (*P*<0.05); Different lower case letters indicate significant differences between litter additions (*P*<0.05), the same below.

**表 1 凋落物分解残留率的 Olson 模型**

**Table 1 Olson model for residual rates of litter decomposition**

| 添加量 /g<br>additive quantity | 回归方程<br>regression equation | 相关系数<br>correlation coefficient | 分解系数 k<br>decomposition rate | $T_{50\%}$ / a | $T_{95\%}$ / a |
|---|---|---|---|---|---|
| 2.5 | $y = 1.621\ e^{-0.713t}$ | $R^2$=0.707 | 0.713 | 1.136 | 1.565 |
| 5.0 | $y = 2.099\ e^{-1.122t}$ | $R^2$=0.702 | 1.122 | 1.197 | 2.086 |
| 7.5 | $y = 2.792\ e^{-1.662t}$ | $R^2$=0.985 | 1.662 | 1.216 | 2.569 |

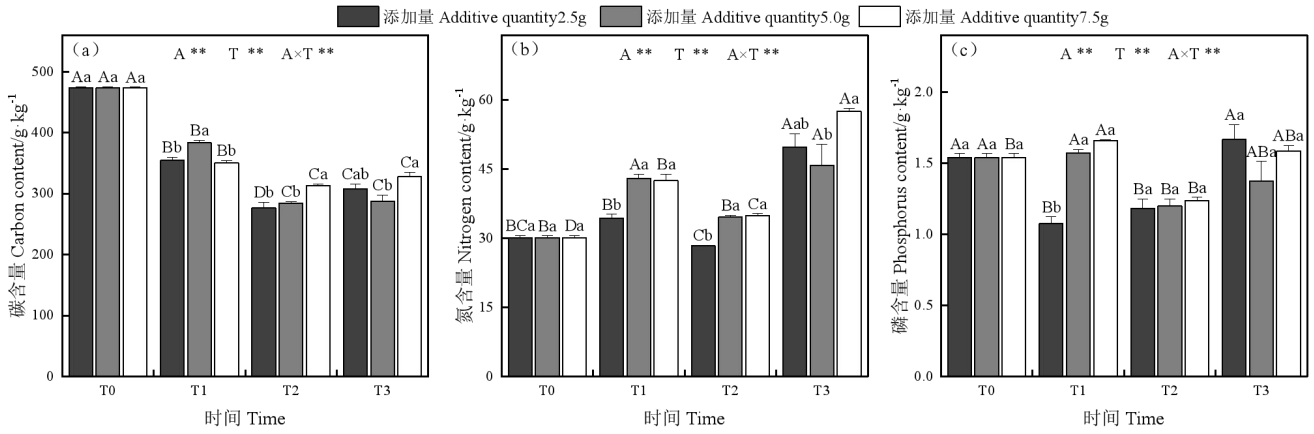



**图 2 不同分解阶段 3 种添加量的凋落物叶养分残留变化**

**Fig. 2 Changes in leaf nutrient residues of litter at different stages of decomposition with the three additions**

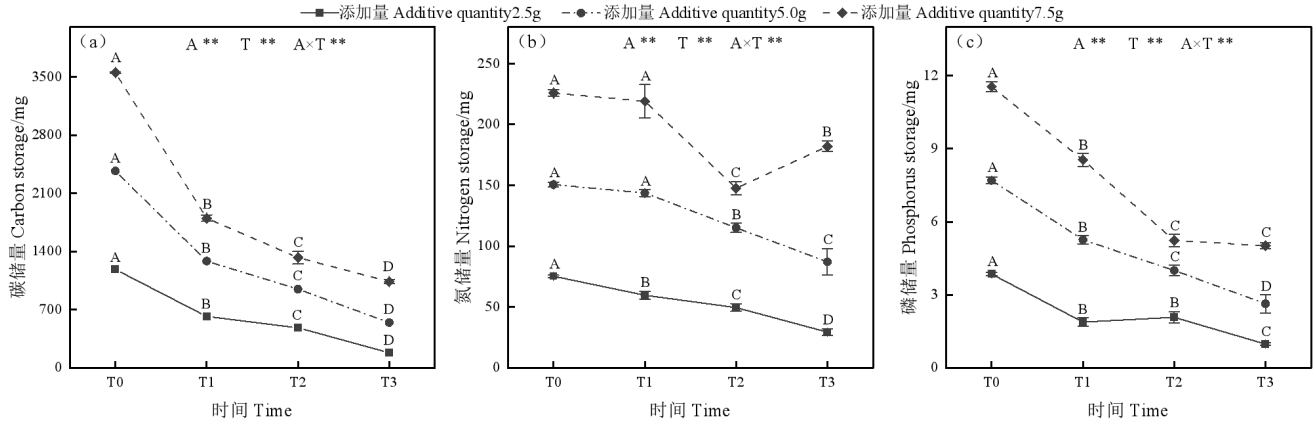



**图 3 不同分解阶段 3 种添加量的凋落物叶碳氮磷储量变化**

**Fig. 3 Changes in leaf carbon, nitrogen and phosphorus stocks in litter leaves at different stages of decomposition with three types of additions**

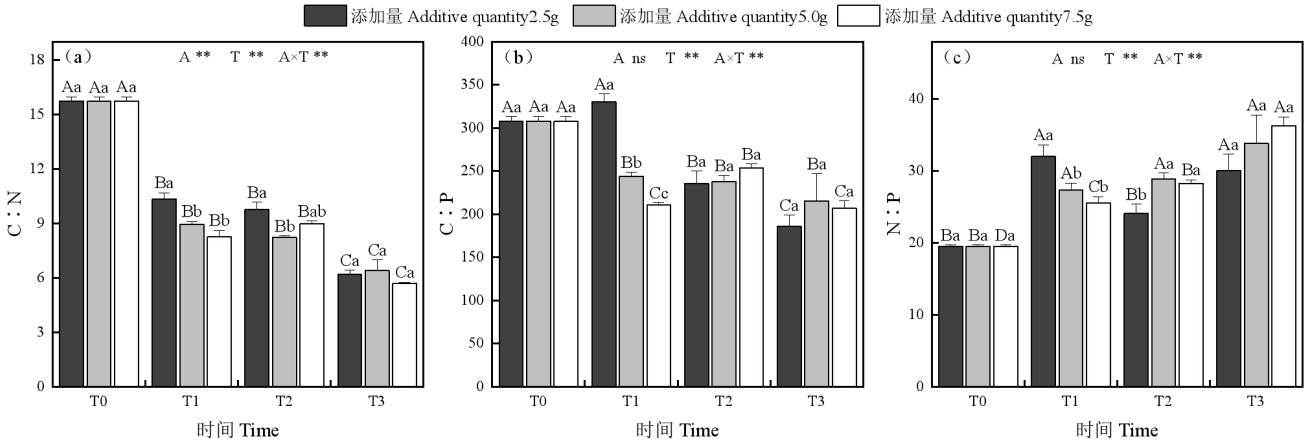



**图 4 凋落物叶剩余质量化学计量比的变化**

**Fig. 4 Variation in the stoichiometric ratio of residual mass of litter leaves**

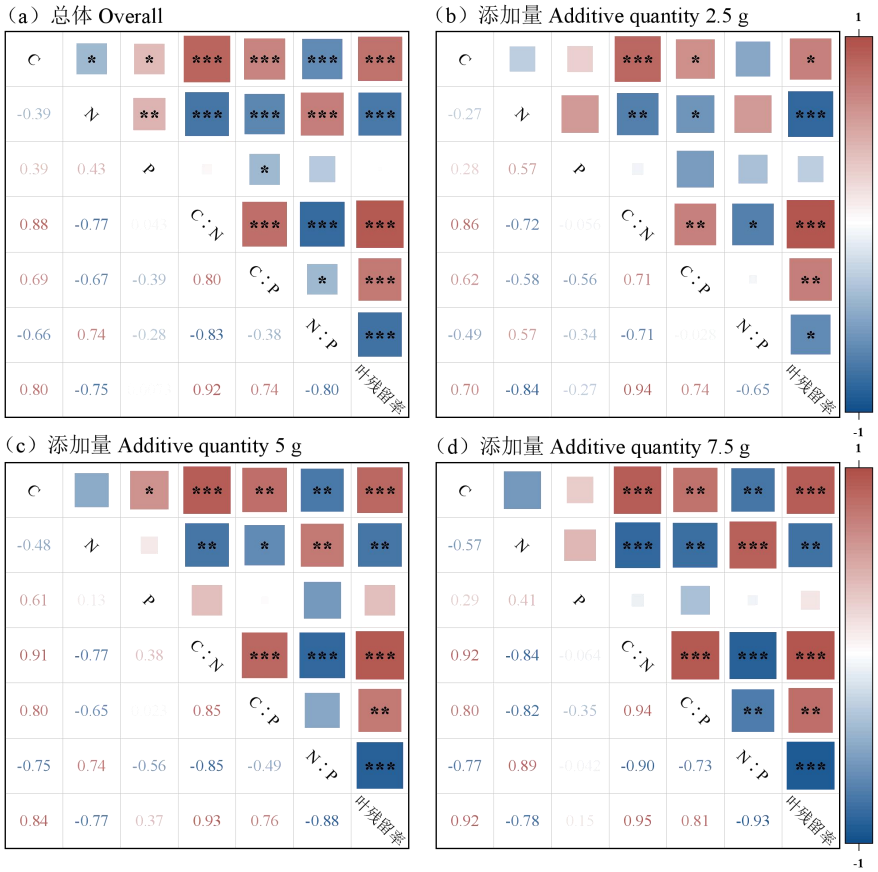



**图 5 凋落物残留率与碳氮磷化学计量学特征间的相关性分析**

**Fig. 5 Correlation analysis of litter residue rates with carbon, nitrogen, phosphorus and stoichiometric ratios**

* $P$<0.05，** $P$<0.01，*** $P$<0.01。

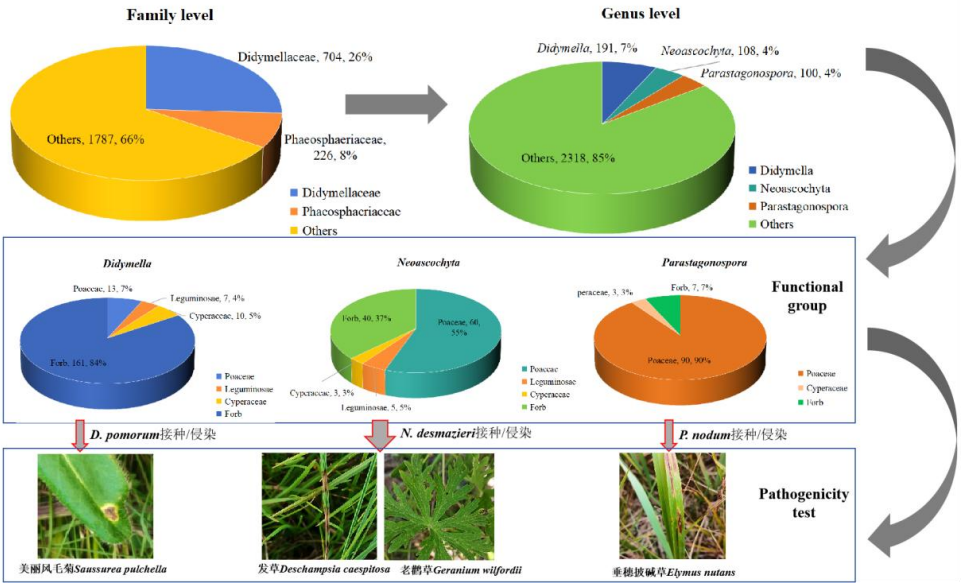
# 叶部病原真菌对青藏高原高寒草甸群落结构和多样性的调节作用

许玲玲[2]，薛龙海[1*]，李春杰[1,2*]

兰州大学草种创新与草地农业生态系统全国重点实验室/草地农业科技学院/草地微生物研究中心，甘肃 兰州 730020； 2. 中国林业科学研究院生态保护与修复研究所/草原中心，北京 100091）

**摘要：**叶斑病是青藏高原高寒草甸上一种常见的植物真菌病害，不仅能直接影响植物群落组成和分布，还间接影响土壤微生物和养分，然而叶部病原真菌对青藏高原高寒草甸地上植物群落结构和多样性影响的主要调节作用，以及叶部病原真菌如何通过影响地下生态过程（土壤-微生物）及其相互作用进而反馈于地上叶斑病发生等科学问题尚未得到充分揭示。为了探究不同叶部病原真菌对我国青藏高原高寒草甸群落结构和多样性的调节作用，2021-2023 年间对青藏高原高寒草甸叶斑病进行调查，筛选出了三种危害不同功能群类型的优势叶部病原真菌，分别是 *Didymella pomorum*（杂类草）、*Neoascochyta desmazieri*（杂类草和禾本科）和 *Parastagonospora nodorum*（禾本科）。通过叶片喷洒病原菌菌丝悬浮液的接种方法在甘南玛曲开展试验，初步研究发现在叶部病原真菌添加下，短时间内地上生物量有下降趋势，而群落多样性无明显变化，但显著增加了植物群落的发病率和病原载荷。植物功能群在病害的发生以及群落多样性中起主导作用，其中杂类草和莎草科在受病原菌的侵染下对群落叶斑病的发生有关键的调节作用。通过本研究将明确不同叶部病原真菌对高寒草甸植物群落结构及多样性的影响，阐述不同病原菌作用下土壤微生物与土壤养分对叶斑病的响应机制和适应策略，为制定精准和高效的防控高寒草甸叶斑病的策略提供科学依据。

**关键词：**高寒草甸；叶斑病；叶部病原真菌；群落结构；调节作用




不同叶部病原菌分别在科、属和寄主功能群水平上的占比及引起的病症图

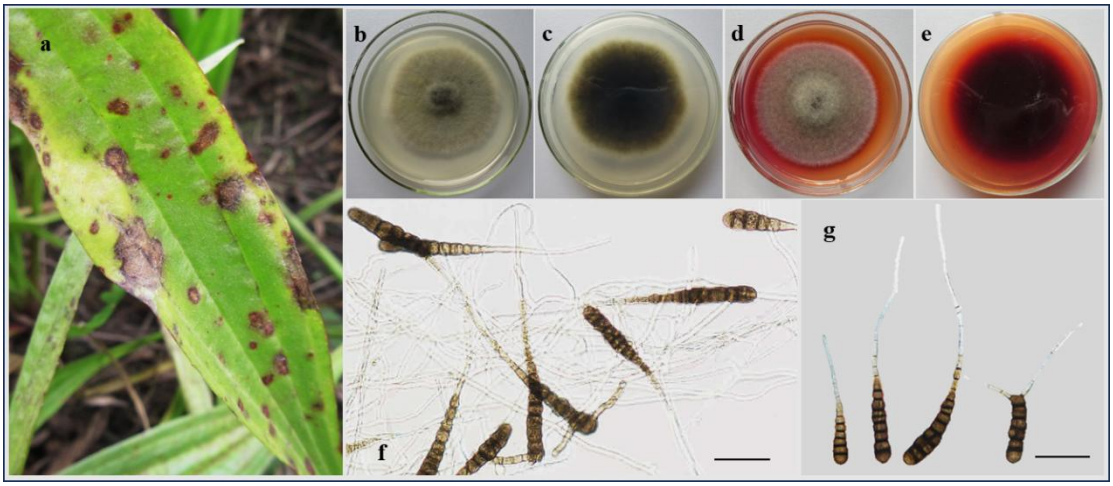
# 长叶车前链格孢叶斑病病原新种的发现与鉴定

龙嘉惠，徐志婷，薛龙海*

（兰州大学草种创新与草地农业生态系统全国重点实验室/草地微生物研究中心/草地农业科技学院，甘肃兰州 730020）

**摘要：**长叶车前草（*Plantago lanceolata L.*）因其饲用品质高、适应性强、药用价值高，近年来越来越多作为饲用作物种植。2015 年至 2023 年期间，长叶车前链格孢叶斑病（Alternaria leaf spots，ALS）在四川成都地区发生普遍，典型症状表现为红褐色坏死斑，病斑中间凹陷，中心呈灰白色至淡褐色。为了明确 ALS 的病原菌种类，对四川成都 ALS 进行系统研究。利用组织分离法获得 139 株初始链格孢菌株，通过纯培养技术获得 6 株典型代表性纯培养菌株进行深入研究。通过形态学和多基因序列（SSU, LSU, ITS, gapdh, rpb2, tef1, endoPG, OPA10-2, alt a 1, KOG1058 和 KOG1077）等现代多相分类技术分析，命名了 1 个链格孢新种-车前链格孢（*Alternaria lanceolatae* sp. nov.），发现了我国长叶车前上的 3 个新纪录种，即 *A. alternata*, *A. arborescens* SC 和 *A. gossypina*。致病性测定实验表明 *Alternaria lanceolatae* 具有很强的致病力，是 ALS 上主要的病原菌，而其他 3 种链格孢对长叶车前无致病性。本研究发现并命名了长叶车前上的 1 个病原新种，为 ALS 的田间诊断、病原鉴定及未来防控提供依据。

**关键词：**长叶车前；叶斑病；车前链格孢；病原鉴定




车前链格孢（*Alternaria lanceolatae* sp. nov.）新种的形态学特征及引起的症状图

# Microbiomass phosphorus and soil phosphorus drive rhizosphere microbial diversity after fencing in temperate desert[15]

Zhou Shijie [1], Dong Yiqiang [1,2,3,*], Nie Tingting [1], Jiang Anjing [1], Liu Zeyu [1], Wu Yue 1, An Shazhou [1,2,3]

(1 School of Grassland, Xinjiang Agricultural University, Urumqi, 830052; 2 Key Laboratory of Grassland Resources and Ecology Autonomous Region, Xinjiang, Urumqi, 830052; 3 Key Laboratory of Grassland Resources and Ecology, Ministry of Education, Western Arid Region, Urumqi, 830052.)

**Abstract:** The composition and diversity of rhizosphere microorganisms is a hot topic in microbiological research and one of the most fascinating and elusive topics in microbial ecology, but the effects of long-term active restoration of degraded desert grasslands on rhizosphere microbes are not clear. We determined the effects of 8 a of degraded *Seriphidium transiliense* desert grassland on vegetation community characteristics, soil nutrients, soil enzyme activities, microbial community structure and diversity, and analysed the driving mechanisms of rhizosphere microbial diversity in combination with biotic and abiotic factors. It was found that fencing after the relative abundance of Myxococcota in rhizosphere bacteria and Agaricostilbomycetes and Cystobasidiomycetes in rhizosphere fungi increased significantly, and the Chao1 index ($P$<0.05) in rhizosphere fungi also increased significantly. Co-occurrence network analyses indicated that fencing was more favourable for rhizosphere fungal network connectivity, but significantly reduced the degree of rhizosphere bacterial modularity and network connectivity. Structural equation modelling suggested that fencing had a direct effect on rhizosphere fungal diversity and indirectly regulated rhizosphere fungal diversity by modulating plant carbon and soil available phosphorus. For rhizosphere bacteria, microbial biomass phosphorus was the main factor affecting rhizosphere bacterial diversity after fencing. In conclusion, our study provides a long-term perspective for better understanding and management of temperate desert grasslands, as well as a scientific basis for future conservation of grassland resources and research on grass-soil-microbial balance and interactions in grassland ecosystems.

**Keywords**: Fencing; Rhizosphere microbial diversity; Microbial co-occurrence network; Driving factor

[15]**Fund Project:** Supported the 2022 National Natural Science Foundation(32260355); Xinjiang Agricultural University Graduate Student Research and Innovation Programme.

**First author :** ZHOU Shijie (1998-), female, Altay, Xinjiang, Master's degree, main research direction is grassland resources and ecological research, E-mail: 577235068@qq.com.

*** Corresponding author:** DONG Yiqiang (1989-), male, native of Pizhou, Jiangsu, lecturer, master supervisor, doctor, mainly engaged in grassland resources and ecological research, E-mail: xjdyq1210@163.com.

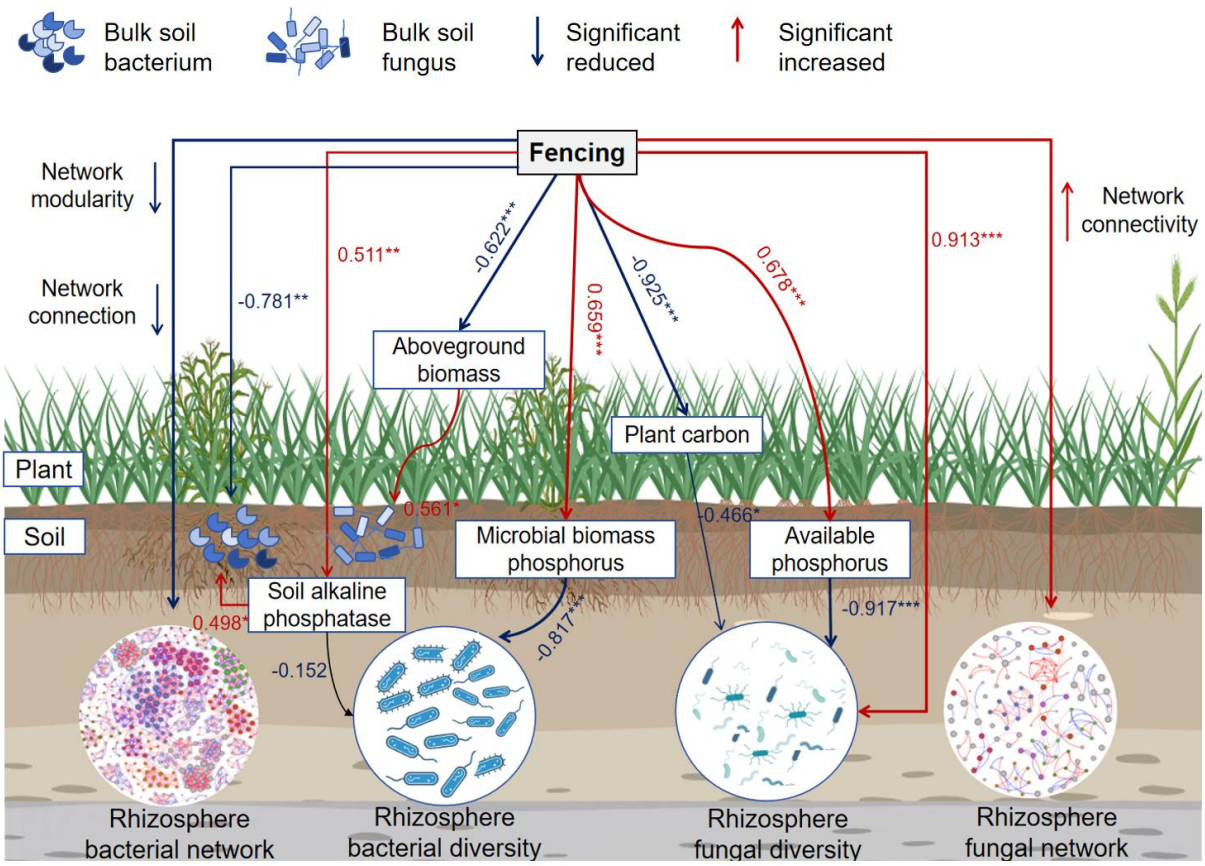



Fig. 1 A conceptual diagram illustrating the main effects of fencing on rhizosphere microbial co-occurrence network and diversity in *Seriphidium transiliense* desert.

# Soil fungi communities and their co-occurrence patterns response to grazing exclusion in different grassland types

Jiang Anjing [1], Dong Yiqiang [1,2,3,4*], Asitaiken·Julihaiti [1], Zhou Shijie [1], Nie Tingting [1], Wu Yue [1], Liu Zeyu [1], An Shazhou [1,2,3], Yang Kailun [5]

(1 School of Grassland, Xinjiang Agricultural University, Urumqi, 830052; 2 Key Laboratory of Grassland Resources and Ecology Autonomous Region, Xinjiang, Urumqi, 830052; 3 Key Laboratory of Grassland Resources and Ecology, Ministry of Education, Western Arid Region, Urumqi, 830052. 4 Post-doctoral Mobile Station of Xinjiang Agricultural University, Urumqi, 830052; 5 College of Animal Science,Xinjiang Agricultural University, Urumqi, Xinjiang Province, China)

**Abstract:** Overgrazing and climate change are the main causes of grassland degradation, and grazing exclusion is one of the most common measures for restoration of degraded grasslands worldwide, but the response of different grassland types to grazing control has not been uniformly determined. Use of three grassland types (temperate desert, temperate steppe grassland, mountain meadow) that have been closed to grazing exclusion for nine years, to study the effects of grazing exclusion on soil nutrients as well as fungal community structure in three grassland types. The results showed that (1) grazing exclusion significantly reduced soil nutrients in mountain meadow grassland in the 0-5 cm soil layer ($P$<0.05), and had no significant effect on temperate desert and temperate steppe grassland; (2) although grazing exclusion did not have a significant effect on the abundance and α-diversity of soil fungal communities in the three types of grassland, it significantly affected the β-diversity of soil fungi ($P$<0.05), and changed the composition of soil fungi of the three types of grassland; (3) The module number of the three grassland types increased under grazing exclusion treatment, which improved the ability to resist external disturbances, among which the temperate steppe grassland with low connectivity and high network modules had higher stability under grazing exclusion treatment; (4) pH is the main driving factor affecting soil fungal community structure, TP is a key environmental factor affecting soil community composition, and grazing exclusion indirectly affects soil fungal communities by affecting soil nutrients. The above results suggest that grazing exclusion may regulate microbial ecological processes by changing the composition of soil fungal communities in the three grassland types rather than their abundance as well as diversity, and that grazing exclusion are not conducive to the recovery of soil nutrients in mountain meadow meadows but improve the stability of soil fungi in temperate steppe meadows, so suitable restoration programmes need to be formulated in conjunction with the type of degraded meadows when grazing exclusion measures are implemented. The results of this study provide new insights into the response of soil fungal communities to grazing exclusion, with a view to providing a theoretical basis for the management of degraded grassland restoration.

**Keywords:** Grazing exclusion; Soil fungi; Grassland type

Some of the results are as follows:

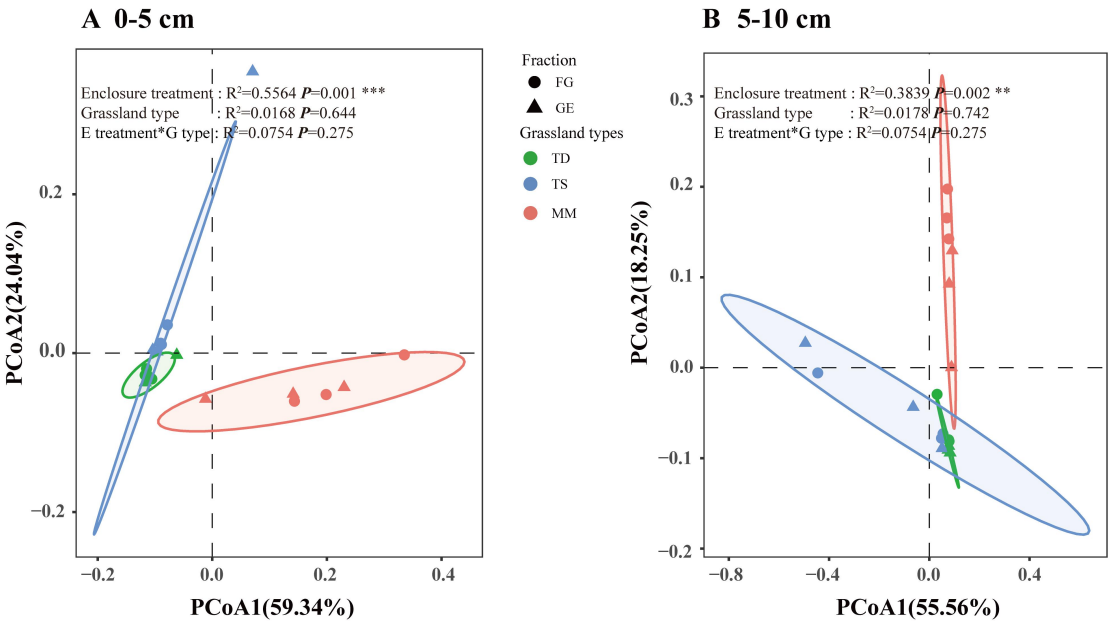



Figure 3 Fungi community structure assessed by β-diversity patterns using the principal coordinate analysis plots of Bray–Curtis distances. Different color represents exclusion or grazing soils and shape represents grassland types: temperate desert, temperate steppe and meadow steppe. ANOSIM similarity analysis was used to test the significance between groups.

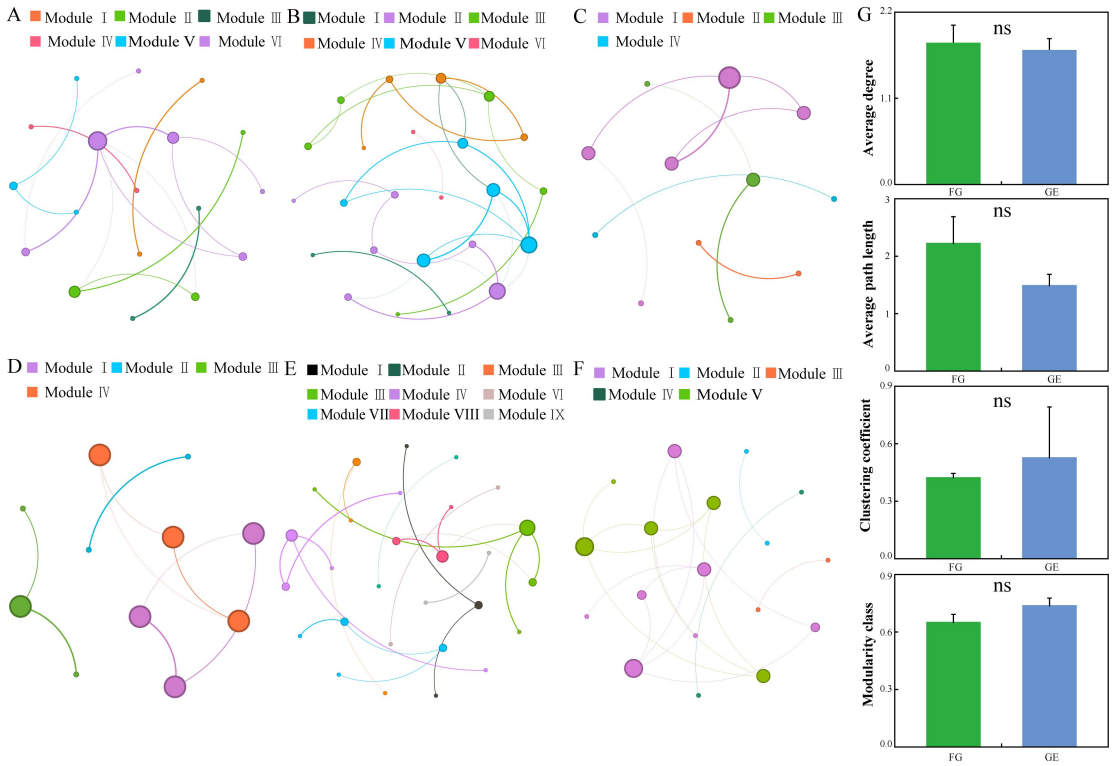



Figure 1 Overall co-occurrence networks of soil fungi and changes in topological parameters of soil fimgi and bacteria across diferent treatmentsand growth stages. The node size indicates connectivity degree. The colors of the nodes and edges are grouped by modularity class. Different colors refer to different modules. ns indicate $P>0.05$.

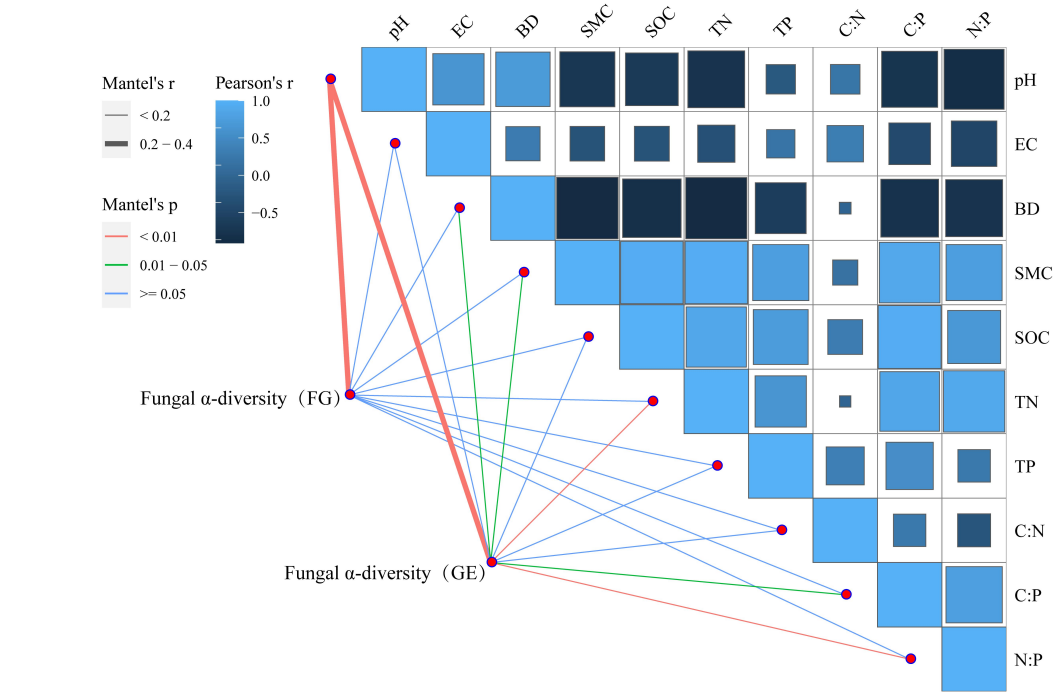



Figure 2 Mantel's correlations between community compositions of soil fungi and soil environmental factors.

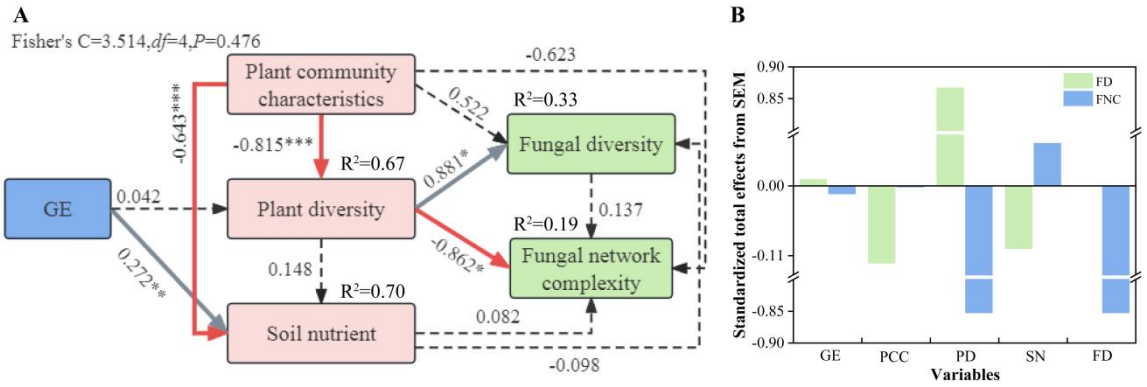



Figure 3 Structural equation modeling showing the direct and indirect effects of plant community characteristics, plant diversity and soil nutrient on fungal diversity and network complexity(A). Standardized total effects of fraction, plant community characteristics, plant diversity and soil nutrient on fungal diversity and network complexity(B). The solid line means the correlation is significant, the dashed line means the correlation is not significant. The gray and red arrows indicate negative and positive relationships, respectively. The numbers adjacent to the arrows represent the standardized path coefficients.FD,fungal diversity; FNC,fungal network complexity; PCC,plant community characteristics; PD,plant diversity; SN,soil nutrient.

# 草地植物多样性沿海拔梯度分布特征及其驱动因素——以天山北坡东段为例*

姜安静[1]，董乙强[1,2,3*]，周时杰[1]，聂婷婷[1]，吴悦[1]，柳泽宇[1]，单兴芸[1]，雷雅欣[1]，吴凯[1]，安沙舟[1,2,3]
（1.新疆农业大学草业学院，新疆乌鲁木齐，830052；2.新疆草地资源与生态自治区重点实验室，新疆乌鲁木齐，830052；3.西部干旱区草地资源与生态教育部重点实验室，新疆乌鲁木齐，830052）

**摘要：**探究山地草地生态系统物种多样性沿海拔梯度的分布规律及其驱动因素，对揭示区域植物的环境适应性、区域多样性的保护及修复治理等具有重要意义。本研究以天山北坡东段奇台县山地草地为研究对象，采用野外原生境实地调查取样的方法，对不同海拔梯度（1246-3147 m）植物群落数量特征和物种多样性的测定分析。结果表明：1）随海拔梯度的增加，草地植物群落盖度和密度均呈增加趋势，而植物高度呈降低趋势，生物量呈先降后升的趋势（$P$<0.05）；2）植物α多样性沿海拔梯度均呈先升后降的“单峰”分布规律（$P$<0.05），相邻海拔间相似度指数整体呈现先下降后上升的波动变化，相反物种替代率 Sorenson 指数呈先下降后上升的变化趋势；3）植物盖度、生物量以及 Patrick 指数均与气候呈显著相关关系（$P$<0.05），植物多样性主要受盖度的直接正影响，海拔通过显著影响气候，进而间接影响植物密度，植物密度又显著正向影响植物盖度。综上，海拔通过影响气候间接影响植物群落特征，使其具有明显的垂直分布特征。本研究为了解天山北坡东段植物群落分布的空间格局及其多样性的保护具有重要意义，为促进草地植被合理利用，草地畜牧业可持续发展提供参考。

**关键词：**海拔；植物多样性；驱动因素

# Distribution characteristics of grassland plant diversity along the altitudinal gradient and its driving factors - A case study of the eastern section of the northern slope of Tianshan Mountain

JIANG An-jing[1], DONG Yi-qinag[1,2,3*], ZHOU Shi-jie[1], NIE Ting-ting[1], WU Yue[1], LIU Ze-yu[1], SHAN Xing-yun[1], LEI Ya-xin[1], WU Kai[1], AN Sha-zhou[1,2,3]

(1.College of Grassland Science, Xinjiang Agricultural University; 2.Xinjiang Key Laboratory of Grassland Resources and Ecology; 3.Key Laboratory of Grassland Resources and Ecology of Western Arid Region,Ministry of Education)

**Abstract:** Exploring the distribution pattern of species diversity in mountain grassland ecosystems along the altitudinal gradient and its driving factors is of great significance in revealing the environmental adaptability of regional plants, the conservation of regional diversity and restoration and management. In this study, the quantitative characteristics and species diversity of plant communities at different altitudinal gradients (1246-3147 m) were determined and analysed using field survey and sampling of in situ habitats in the mountain grasslands of Qitai County, the eastern section of the northern slope of Tianshan Mountain. The results showed that: 1) With the increase of altitudinal gradient, the grassland plant community cover and density showed an increasing trend, while the plant height showed a decreasing trend, and the biomass showed a decreasing and then increasing trend ($P$<0.05); (2) The α-diversity of plants along the altitudinal gradient showed a "single-peak" distribution pattern

**作者简介：**姜安静(2000-)，女(汉族)，新疆石河子人，在读研究生，主要从事草地资源与生态研究。E-mail：1452805901@qq.com

**通讯作者：**董乙强(1989-)，男，江苏邳州人，讲师，硕导，博士，主要从事草地资源与生态研究。E-mail：xjdyq1210@163.com.

(*P*<0.05), and the similarity index between neighbouring altitudes showed an overall fluctuation of decreasing and then increasing, while the Sorenson index of species substitution rate showed a tendency of decreasing and then increasing; (3) Plant cover, biomass, and Patrick index were all significantly correlated with climate (*P*<0.05), with plant diversity mainly positively and directly affected by cover, and elevation indirectly affecting plant density by significantly affecting climate, which in turn significantly and positively affects plant cover. In summary, altitude indirectly affects the characteristics of plant communities by influencing climate, giving them a distinct vertical distribution. This study is of great significance for understanding the spatial pattern of plant community distribution and the conservation of its diversity in the eastern section of the northern slope of Tianshan Mountain, and provides a reference for promoting the rational use of grassland vegetation and the sustainable development of grassland animal husbandry.

**Keywords:** Altitude; Plant diversity; Driving factor

**本研究部分结果如下：**

### 1.1 植物数量特征、海拔及气候对植物多样性的影响

随机森林和相关性都一致表明，海拔、植物数量特征和气候因子均与植物多样性显著关联，其中海拔、气温、降水和生物量对解释不同海拔植物多样性的贡献率最大（图 1）。

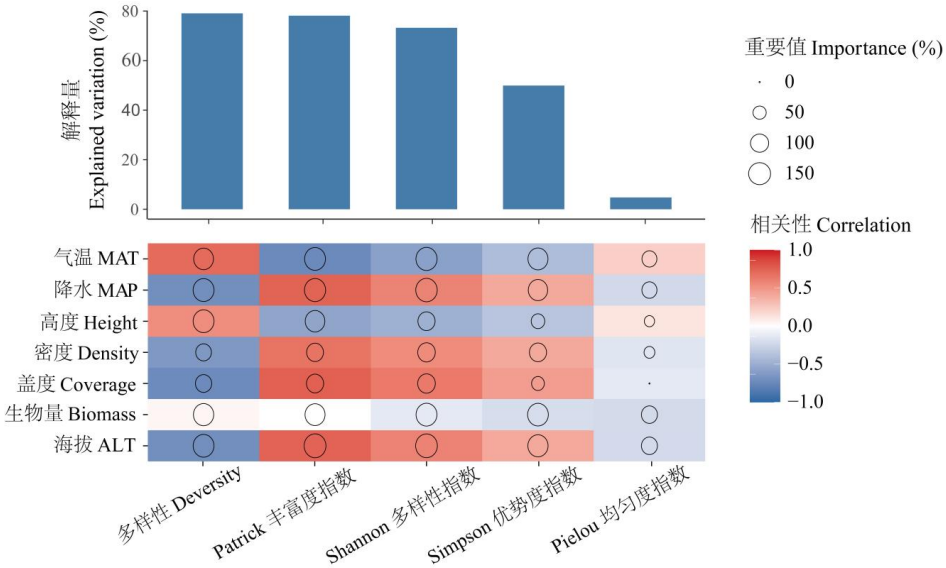



图 1 基于相关性和随机森林模型的非生物因子和生物因子对植物α多样性的贡献。

Fig. 1 Contribution of abiotic and biological factors to plant alpha diversity based on correlation and random forest models

圆圈大小表示变量的重要性（即，通过随机森林模型计算的均方误差增加的百分比）。颜色代表斯皮尔曼的相关性。Circle size represents the variable importance（that is, proportion of explained variability calculated via multiple regression modeling and variance decomposition analysis）. Colors represent Spearman correlations.

### 1.2 海拔、气候以及植物数量特征与植物多样性拟合的结构方程模型

通过偏最小二乘路径模型分析海拔对植物多样性的影响及其潜在驱动机制（图 2A），结果表明：植物盖度和生物量分别通过正向和负向直接影响植物α多样性，并解释植物多样性变异的 54%。海拔通过显著影响气候，进而间接影响植物密度（*P*<0.05），同时，植物密度又显著正向影响植物盖度（*P*<0.01）。此外，综合来看，海拔和盖度对植物多样性影响的总效应最好，其中海拔是通过间接效应影响植物多样性，而盖度是通过直接正效应影响植物多样性（图 2B）。

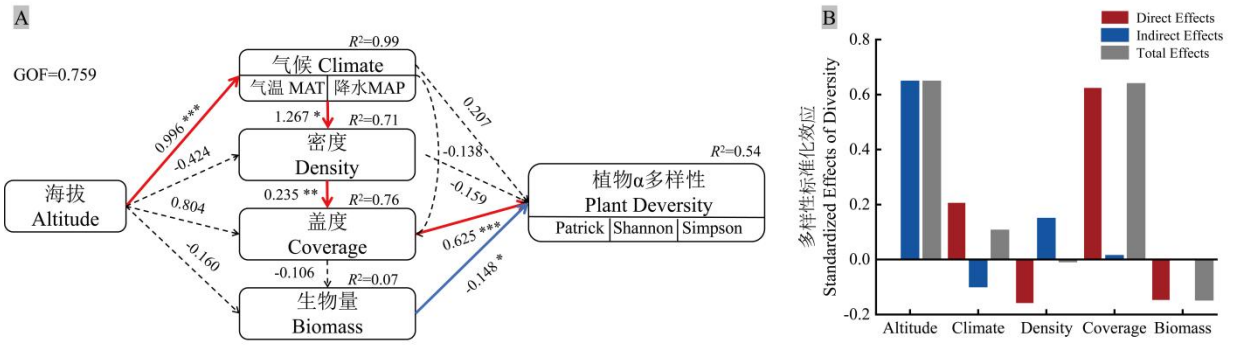



图 2 海拔对植物群落多样性的影响及其潜在调控路径

Fig. 2 Effect of altitude on plant community diversity and its potential regulatory pathways

A 图中红色实线表示显著正相关，蓝色实线表示显著负相关，黑色虚线表示无显著相关性（$P$>0.05）；B 图中 Direct Effexts: 直接效应; Indirect Effexts: 间接效应; Total Effexts: 总效应。*$P$<0.05, **$P$<0.01, ***$P$<0.001。In Figure A, the solid red line indicates a significant positive correlation, the solid blue line indicates a significant negative correlation, and the dashed black line indicates no significant correlation（$P$>0.05）.

# 榆阳区草产业发展中存在的问题及对策

乔文军　　杨军卫　刘宇飞　温燕　张利平

榆林市榆阳区草原工作站，陕西榆林　719000

**【摘要】**榆阳区位于陕西省北部，晋陕蒙宁接壤核心位置，资源富集，地域辽阔，养殖历史悠久。近年来，家畜饲养量特别是草食家畜饲养数量逐年上增，受新的耕地保护政策约束，农田耕地上不得种植紫花苜蓿等优质饲草非农作物，为破解区域内草畜供需矛盾，本文主要结合榆阳区实际情况，对草产业今后发展方向进行了阐述，为今后行业发展提供参考和借鉴。

**【关键词】**榆阳区　草产业　发展　问题　对策

草业是以草为基础进行生产、加工、经营、保护、管理的生态、经济和社会型产业，党的十八大以来，榆阳区草产业已从单纯的种草养畜，逐步发展成为涵盖资源与生态保护、草地畜牧业、草地农业、城乡绿化、草业科技教育以及草产品生产、加工、经营等多领域的新兴产业。

榆阳区位于榆林市中心，地处农牧交错地带，地域辽阔，自古就有种草养畜历史，特别是在党的十三五时期，榆阳区积极响应国家振兴奶业苜蓿行动计划，规模化多年生高产优质牧草种植进入了快速发展时期。2018 年，榆阳区首次将草产业列入农业新型主导产业，全国率先将地方区级财政资金列入政策奖补拉动全区草产业发展，从 2019 年开始计划投入 1 个亿，三年时间累计新种植苜蓿 10 万亩，形成配套仓储、加工、种管、物流为一体的规模化产业发展格局。国家耕地保护红线政策出台后，受耕地非农化、非粮化条件制约，榆阳区在高标准农田上除耕种农作外不得种植牧草等其他作物，草产业发展受到严重影响，没有地可以种草无法继续实施规模化种植。为破解榆阳区草产业发展瓶颈，突出重围，寻求一条兼顾生态功能与饲用功能为一体加生产路径，我们将从以下方面着手推进：

## 一、充分利用天然草地，巩固提升绿色生态效益

根据国土三调显示，榆阳区境内天然草地面积为 113.23 万亩，绝大部分都分布在全区的南部丘陵沟壑山区，这些草地土地资源丰富，气候条件适宜，且日照时间长、充足强烈，牧草生长气温高、昼夜温差大，这种资源优势有利于草产业的发展。榆阳区南部山区历来靠天吃饭，降雨量小，空气干燥，可为牧草收割提供连续七天以上无雨的适宜天气，是高产优质苜蓿最佳种植区之一。在这一类型天然草地区域，榆阳区委政府可以参照宁夏德隆、甘肃定西等地区的山地梯田苜蓿发展情况，大力开发利用平整土地以及宽幅梯田项目，种植山地苜蓿并将沟底坝下沟渠水源引水上山，配套中小型管种收割机械，集中种植杜绝分散，为优质牧草生产量的提升找出新路径。

## 二、加强对农作物秸秆的加工与利用，拓宽饲草来源

榆阳区是一个养殖大区，草食家畜近年来发展迅猛。很多传统的养殖户依然利用农作物秸秆饲喂牛羊，这些枯玉米秸秆经过简单的切割就是肉牛羊子的主要饲草来源，种类单一而且几乎没有多少营养成分。据农业部门统计，全区 130 万亩耕地内，85%左右基本以大田玉米为主，剩余部分为土豆、杂粮等作物。这些农作物秸秆在南部山区，大部分都被白白浪费掉。我们呼吁政府通过引导、专业部门的技术协作，在南部山区将农作物秸秆集中回收进行精细加工，北部草滩地区要将配套的秸秆粉碎、拉丝、揉丝等机械深入推广并普及到广大农户家中，进而将枯玉米秸秆全面加工利用，既能有效杜绝焚烧秸秆工作压力，又能弥补饲草严重不足的巨大缺口。

## 三、大力推广一年生与多年生牧草的多元种植模式

榆阳区过去的几年时间内，规模种植多年生牧草特别是苜蓿种植确实取得一定的成就，有目共睹的“榆阳苜蓿”已逐步形成区域内地理标识品牌。但我们更要深知草食家畜的营养学原理，饲草种类必须要多样

化，营养种类要精粗搭配，元素成分混合才能互补得于实现均食平衡。我们要在发展多年生牧草的基础上，适当鼓励广大种养殖户发展一年生禾本科与豆科牧草，这样所生产出的榆阳牛肉和榆阳羊肉更具风味和品质。

## 四、加强本地区乡土草种的开发与利用

经过几年的生态建设和退耕还林（草）工程的实施，以苜蓿为主的多年生牧草种植发展很快，但由于品种混乱，质量差异较大。随着国家种质资源政策的出台，地方草种将达到广泛的发展空间，我们一方面规范国内外草种引进的监督与管理，另一方面应该加大对乡土草种的选育与扩繁壮大，事实证明，陕北苜蓿是本地区适应性最好，越冬返青、抗寒抗旱耐贫瘠十分理想的草种之一，我们应发挥地方种质资源优势，利用现代种业技术，发挥草咱杂交选育优势，将这些地方草种的优特性能延续利用。

## 五、广泛组织群众，完善草产业服务体系

过去我们经常讲发展农业要打造龙头企业、树立典型、幅射带动。实践证明这些龙头企业也确实起到了一定的标杆示范作用，但完全是市场化运作，随意压级压价垄断伤害农民利益也时有发生。其次这些龙头企业根本无法进行跨区作业，经常出现一边牧草割不倒，一边饲草没人买，一边羊子无草吃的局面。所以我们要组织群众，大力发展中小型牧草管种收等机械，为广大小农户配备中小型牧草收割机、播种机更发迫切，因为土地流转目前大部分行政村还是形式上的流转，剥夺了农民的工作将土地流转到大户手中暂时还得一个过程，由其是像我们榆阳区这样一个非主粮生产区，实现完全流转还有一定的距离，就如同近几年的养猪行业一样被动，发展十个中小型牧草机械服务队远远比重金打造一个龙头企业更实慧，更具有服务功能。

## 六、发展多种涉草领域，规范行业归属

随着我国社会经济发展水平的提高，人们对健康和居住环境的需求也在发生着根本性变化。我们草业部门应该将草坪绿化种植、中草药的种植与加工开发等等涉草行业纳入草业的监督与管理，这样既兼顾生态加生产也符合行业的规范化运作管理。我国草坪业存在着巨大发展空间，未来的市场主要有城市园林绿化草坪建植、运动场建设、草坪养护、草坪机械、灌溉设备、肥料及药剂等的生产与贸易等多个方面，应该统一起来更具专业性。

## 七、改变农作物轮作模式，增加经济收入

农作制度创新是建设现代农业的有效途径，榆阳区多年以来的连茬种植玉米模式，仍然是“以粮为纲”的单一种植模式，即停留在二元结构上（粮食作物，经济作物），又破坏了土地的修养生息倒茬轮作功能。发展粮、经、饲多元种植结构，不仅能改善农田生态环境，提高土壤肥力，增加经济收入，而且能较好地解决人畜争粮、粮饲争地的矛盾，实现现代特色草产业富民强区具有重要的理论和实践意义。

总之，榆阳区草业发展必须经过长期的探索和经验总经，我们不能只停留在过去的成绩上一成而就，必须在加强新品种的引进深入开展牧草新品种的试验示范基础上，加强科技理论支撑与实际情况有效携接，广泛宣传引导并激发全区农民群众积极性，以非常之举谋划全区饲草产业发展，明晰饲草产业发展的新路径和新举措。

**参考文献**

［1］ 邓芸.西部苜蓿产业化发展中存在的问题及对策.农业经济与科技，2008 年第 1 期.总第 189 期.

［2］ 杨云贵，李广艳，咎林森.陕西苜蓿产业的发展现状与对策.中国牛业科学，2016.42（4）：47-50.

［3］ 林伟.我国苜蓿产业发展瓶颈在哪里.农业知识•科学养殖，2012 年第 12 期.

# 不同混合比例对玉米、大豆青贮饲料发酵品质及体外消化的影响

李雨嘉[1]，吉方财[1]，张洪瑞[1]，王磊[1]，玉柱[1*]

（1.中国农业大学草业科学与技术学院，北京 100193）

**摘要：**通过研究玉米与大豆混合青贮的发酵品质和体外消化率，探究玉米与大豆混合青贮的最适比例。将玉米、大豆按鲜重 0:10(R0)、8:2(R1)、6:4(R2)、4:6(R3)、2:8(R4)、0:10(S0)不同比例混合后青贮，发酵 120 d 后，测定发酵品质及体外消化率。结果表明：混合青贮饲料相较于大豆青贮饲料，pH 值、PA 和 $NH_3$-N/TN 含量显著降低($P<0.05$)，LA 含量显著升高($P<0.05$)，具有良好的发酵效果。玉米与大豆混合比例为 4:6 时，发酵品质和体外消化率均较优，为最适混贮比例。

**关键词：**混合青贮；玉米；大豆；发酵品质；体外消化

# Effects of different mixing ratios on fermentation quality and *in vitro* digestion of corn and soybean silage

Yu jia Li[1],Fang cai Ji[1],Hong rui Zhang[1],Lei Wang[1],Zhu Yu[1*]

(1.College of Grassland Science and Technology, China Agricultural University, Beijing 100193, China;[16])

**Abstract:** By studying the fermentation quality and *in vitro* digestibility of corn and soybean mixed silage, the optimum ratio of corn and soybean mixed silage was investigated. Corn and soybean were mixed in different proportions of fresh weight 0:10(R0), 8:2(R1), 6:4(R2), 4:6(R3), 2:8(R4), 0:10(S0), silage, fermentation quality and *in vitro* digestibility were determined after fermentation for 120 days. The results showed that compared with soybean silage, the contents of pH, PA and NH3-N/TN were significantly lower and the contents of LA were significantly higher, and the mixed silage had good fermentation effect. When the mixing ratio of corn to soybean was 4:6, the fermentation quality and *in vitro* digestibility were better, which was the best mixing ratio.

**Key words:** mixed silage; Corn; Soybeans; Fermentation quality; In vitro digestion

## 前言

宁夏畜牧产业发达，滩羊、肉牛及奶牛养殖业呈现持续稳定发展的态势，粗饲料需求量逐步增加，随之出现饲草缺口大，供需不平衡的问题。近年来，大豆玉米复合种植作为农业部主推技术大面积推广，通过“两协同，一调控”资源利用和株型调控理论，基本实现了玉米基本不减产的同时增收一季大豆，为玉米大豆混合青贮开拓了广阔的前景。全株玉米营养成分以纤维和淀粉为主，在进行 TMR 调制时需添加高蛋白饲料来保持能氮平衡。大豆蛋白质含量高、适口性好，但青贮发酵时常因发酵品质差而导致散发难闻的气味。玉米大豆混合青贮不仅能有效改善大豆青贮品质，同时也能起到提升玉米青贮营养价值的效果。因此，本研究在宁夏红寺堡地区展开玉米大豆最佳混合青贮比例的筛选，以期为当地畜牧养殖业的提质增效提供科学理论依据。

## 1 材料与方法

基金项目：国家重点研发计划“政府间国际科技创新合作”重点专项(2022YFE0111000)；青海省玉树州杂多县特色养殖业提质增效关键技术集成与示范(2022YFD1602305)；草食畜牧业增量提质科技创新合作（DL2023108002L）

作者简介：李雨嘉(2001-)，女，汉族，四川绵阳人，硕士研究生，主要从事饲草加工与利用研究，E-mail：2075940801@qq.com;*通讯作者：玉柱，E-mail：yuzhu33150@sian.com

### 1.1 试验地概况

试验地位于宁夏回族自治区吴忠市红寺堡区优质饲草高产高效栽培示范基地(106°05'E，37°45' N)，平均海拔 1316 m，试验基地土壤沙化及盐渍化严重，属温带大陆性气候，年均温 8.7℃。

### 1.2 试验设计

试验将蜡熟期玉米（高玉 98）、成熟期大豆（辽豆 15）分别刈割后切碎至 1-2 cm，按玉米与大豆鲜重 10∶0(R0)、8∶2(R1)、6∶4(R2)、4∶6(R3)、2∶8(R4)、0:10（S0）比例混合均匀，以 800 kg/m$^3$ 的密度装填于 3L 的青贮罐中，压实后盖上内外盖，用胶带密封，在室内保存 120 d。

### 1.3 测定指标及方法

#### 1.3.1 发酵品质

取 20 g 样品加入 180 mL 水，用榨汁机搅碎 1 min，先用 4 层纱布过滤得到浸出液，测定 pH 值、氨态氮($NH_3$-N)、乳酸(lactic acid，LA)、乙酸(acetic acid，AA)、丙酸(propionic acid，PA)含量。

测定方法如下：使用 pH 仪（METTLED TOLEDO 型号）测定浸出液 pH 值；采用苯酚-次氯酸钠比色法测定氨态氮(NH3-N)浓度；采用高效液相色谱法测定有机酸含量。

#### 1.3.2 体外消化

采用模拟瘤胃消化实验测定体外干物质消化率(IVDMD)、体外中性洗涤纤维消化率(IVNDFD)、体外粗蛋白质消化率(IVCPD)。

### 1.4 数据统计和分析

使用 Excel 2017 进行数据整理，SPSS 27 软件进行单因素方差分析并以 Tukey's 进行事后检验，结果以“平均值±标准差”表示，$P$<0.05 则差异显著。

## 2 结果和分析

### 2.1 不同混合比例对玉米大豆青贮饲料发酵品质的影响

由表 1 可知，混贮比例对玉米大豆混合青贮饲料 pH 值、LA、PA 以及 $NH_3$-N/TN 含量具有显著影响($P$＜0.05)，对 AA 含量影响不显著($P$＞0.05)。随着大豆所占比例的减少，pH 值、PA 及 $NH_3$-N/TN 含量逐渐降低，LA 含量呈现先增加后将降低的趋势。其中，LA 含量 R2、R3、R4 组显著高于 R0 和 S0($P$＜0.05)。

表 1 不同混合比例对玉米大豆青贮饲料发酵品质的影响

| 混贮比例 | pH | LA%DM | AA%DM | PA%DM | $NH_3$-N/TN% |
|---|---|---|---|---|---|
| R0 | 3.86±0.02$^{f}$ | 5.05±0.20$^{cd}$ | 1.76±0.19 | 0.45±0.09$^{d}$ | 5.60±0.45$^{c}$ |
| R1 | 3.98±0.03$^{e}$ | 6.13±0.20$^{bc}$ | 2.02±0.06 | 0.69±0.06$^{cd}$ | 5.72±0.16$^{c}$ |
| R2 | 4.06±0.02$^{d}$ | 7.26±0.25$^{ab}$ | 2.23±0.03 | 1.05±0.13$^{bc}$ | 5.37±0.70$^{bc}$ |
| R3 | 4.15±0.01$^{c}$ | 8.00±0.22$^{a}$ | 2.34±0.04 | 1.26±0.10$^{ab}$ | 6.16±0.05$^{bc}$ |
| R4 | 4.20±0.01$^{b}$ | 8.54±0.47$^{a}$ | 2.36±0.12 | 1.38±0.12$^{ab}$ | 7.16±0.25$^{a}$ |
| S0 | 4.71±0.05$^{a}$ | 4.67±1.03$^{d}$ | 2.33±0.58 | 1.48±0.27$^{a}$ | 6.73±0.58$^{ab}$ |
| $P$-value | ＜0.001 | ＜0.001 | 0.078 | ＜0.001 | 0.002 |

### 2.2 不同混合比例对玉米大豆青贮饲料体外消化率的影响

体外消化实验结果显示，R3 组 IVDMD 和 IVNDFD 显著高于 R1、R2 和 R4 组($P$＜0.05)；同时，混合青贮随着大豆比例的增加 IVCPD 呈现增加的趋势($P$＜0.05)。

表 2 不同混合比例对玉米大豆青贮饲料体外消化的影响

| 混贮比例 | IVDMD | IVNDFD | IVCPD |
|---|---|---|---|
| R0 | 59.94±1.38$^{b}$ | 45.68±1.68$^{b}$ | 61.2±1.17$^{b}$ |
| R1 | 59.73±0.89$^{b}$ | 45.13±2.14$^{b}$ | 70.10±3.97$^{b}$ |

| | | | |
|---|---|---|---|
| R2 | 60.85±0.75[b] | 49.05±1.76[b] | 68.12±2.73[b] |
| R3 | 65.42±0.99[a] | 54.75±2.24[a] | 70.04±2.95[b] |
| R4 | 61.64±0.79[b] | 46.74±2.67[b] | 79.33±3.32[a] |
| S0 | 65.04±0.85[a] | 54.73±0.77[a] | 82.81±4.43[a] |
| *P*-value | ＜0.001 | ＜0.001 | ＜0.001 |

# 3 讨论

玉米、大豆混合青贮后 pH 值均低于 4.2，有机酸含量相较于单独青贮有所增加，发酵品质优良，有效避免大豆 WSC 含量低导致发酵效果差的情况。倪奎奎等发现玉米大豆混合青贮能提高乳酸菌丰度，这可能是混合青贮后 LA 含量较高的主要原因。同时，玉米大豆混合青贮的各处理中，除高比例大豆（玉米大豆 2:8）外，其他混合比例青贮均能降低 $NH_3$-N/TN 含量，表明玉米、大豆混合青贮对抑制不良微生物降解蛋白质具有一定作用。玉米、大豆按鲜重 4:6 混合青贮时相较于其他混合比例发酵品质更好。

通常蛋白质在瘤胃中相较于淀粉具有更高的消化率，本试验的青贮原料中，大豆相较于全株玉米具有更适宜反刍动物消化的蛋白组成，这可能是随着大豆在混合青贮中比例增加，IVCPD 逐渐升高的原因。此外，能量物质比例不当会对营养物质消化率产生影响，当玉米大豆混合比例为 6:4 时 IVDMD、IVNDFD 更高，可能是该比例青贮发酵后能氮比更有利于反刍动物瘤胃微生物消化，从而具有更高的消化率。

# 4 结论

相较于玉米大豆单独青贮，玉米大豆混合青贮能提高青贮品质及体外消化率。本试验条件下，玉米大豆混合比例为 4:6 时体外消化率高、青贮品质最优，该比例可作为宁夏地区调制玉米大豆混合青贮饲料的参考。

## 参考文献

略

# 添加不同浓度绿原酸对柱花草青贮发酵品质的影响

王垚[17]，陈丹丹[1]，张庆[1*]

（1.华南农业大学林学与风景园林学院，广东 广州，510642）

**摘要**：为探究绿原酸对柱花草青贮发酵品质的影响，新鲜的柱花草分别用 CGA(0.2%和 0.4%)进行添加处理，以不添加组作为对照(CK)。青贮 82 天后，开袋取样测定发酵品质和蛋白组分。结果表明：添加绿原酸可以改善柱花草的发酵品质，与对照相比，添加 0.2%和 0.4%的绿原酸能显著降低柱花草青贮（$P<0.01$）pH 值、大肠菌群数量、非蛋白氮和氨态氮的含量，其中氨态氮在 0.4%的绿原酸添加后下降更为明显；干物质以及乳酸和乙酸含量显著提高($P<0.01$)。总的来说，添加绿原酸有助于改善柱花草青贮发酵品质和蛋白保存，和其他处理组相比，以 0.4%CGA 的添加效果最为显著。

**关键词**：柱花草青贮；绿原酸；青贮品质

# Effects of different concentrations of chlorogenic acid on fermentation quality of Stylosanthes guianensis silage

WANG Yao[1], CHEN Dan-dan[1], Qing Zhang[1]

College of Forestry and Landscape Architecture, South China Agricultural University, Guangdong Guangzhou 510642)

**Abstract:** In order to explore the effect of chlorogenic acid on the fermentation quality of Stylosanthes, fresh Stylosanthes were treated with CGA ( 0.2 % and 0.4 % ), and the non-added group was used as the control ( CK ). After 82 days of ensiling, the fermentation quality and protein components were measured. The results showed that the addition of chlorogenic acid could improve the fermentation quality of Stylosanthes guianensis, and the addition effects of 0.2 % and 0.4 % were more obvious. Compared with the control, the addition of 0.4 % chlorogenic acid could significantly reduce the pH value, coliform group number, non-protein nitrogen and ammonia nitrogen content of Stylosanthes guianensis silage ( $P < 0.01$ ), and the ammonia nitrogen decreased more significantly after the addition of 0.4 % chlorogenic acid. The contents of dry matter, lactic acid and acetic acid were significantly increased ( $P < 0.01$ ). In general, the addition of chlorogenic acid helped to improve the fermentation quality and protein preservation of Stylosanthes silage. Compared with other treatment groups, the addition of 0.4 % CGA had the most significant effect.

**Key words**: Stylosanthes silage ; chlorogenic acid ; silage quality

柱花草（*Stylosanthes guianensis*）是原产自南美洲的豆科牧草，因在酸性和瘠薄土壤的适应性强、产量高、营养价值丰富，成为热带和亚热带地区的重要饲用牧草[1]。柱花草生长迅速，其地上生物量不但可以直接牧养家畜或刈割用做畜禽青饲料[2]，还可以制成青贮饲料来有效延长储存时间，提高适口性，以供饲草料短缺时饲用[3]。然而柱花草的适口性较差，且在生长过程中存在季节性生产的影响，如若未在夏季产量、营养价值均处于顶峰期及时刈割利用，持续生长的柱花草会随着时间的变化导致营养价值降低、饲

[17]**基金项目**：广东省基础与应用基础研究基金项目（2020A1515011253）资助

**作者简介**：王垚（2000-），男，汉族，山西长治人，研究方向牧草青贮加工，在读硕士，电话：15234274620，E-mail: 2656417168@qq.com；*通讯作者 Author for correspondence，E-mail:zqing1988@126.com

用价值下降，冬春季节所供应的柱花草饲料无法满足反刍家畜所需的营养要求[4]，而且以柱花草等豆科牧草作为青贮原料时，因材料本身缓冲能高、所含水溶性碳水化合物低和表面附生的乳酸菌数量少，导致直接进行青贮时无法得到高品质的青贮饲料[5-6]。柱花草生长迅速，它的地上部分的生物量不仅可以直接牧养家畜或刈割用做畜禽青饲料，还可以被用来作为青贮原材料来增加它的储藏时间，不仅可以达到提高适口性的目的，还可以解决饲草料短缺时的饲料投喂问题。但当柱花草作为青贮原料的时候，它自身经常存在着一些问题，比如：材料本身缓冲能高、所含水溶性碳水化合物低和表面附生的乳酸菌数量少，导致直接进行青贮时无法得到高品质的青贮饲料。绿原酸是植物体在有氧呼吸过程中经莽草酸途径合成的一种苯丙素类物质，自然存在于多种中药材和食物中，杜仲、金银花和咖啡等植物中含量较高，具有抗菌、抗炎、抗氧化、抗癌和免疫调节等多种药理活性。因其抗菌谱广，对多种细菌和真菌均有较好的抗菌活性，可以大大缓解柱花草青贮过程中的一系列问题。

## 1 材料和方法

试验所用的柱花草，于华南农业大学启林北试验田种植后采集得到，用铡刀切成 2~3cm 的小段。在鲜样基础上添加 0.2%和 0.4%CGA，并以不添加作为对照组，混合均匀后装到聚乙烯塑料袋（20cm×30cm）中，每袋 180g 左右[7]，真空封口机除去空气并室温密封保存。在青贮发酵 82 天后，开袋测定干物质、粗蛋白、非蛋白氮、pH 值、氨态氮、有机酸（乳酸，乙酸，丙酸和丁酸）。采用平板计数法测定微生物（乳酸菌、酵母菌、霉菌和大肠杆菌）数量。

## 2 结果和分析

柱花草在添加 0.2%和 0.4%植物绿原酸青贮 82 天后，发酵参数和微生物数目如表 1 所示。与对照组相比，添加植物绿原酸在整个青贮过程中显著降低了柱花草青贮饲料的 pH（P<0.01）、酵母菌和大肠杆菌的数量。此外在青贮发酵的过程中，与对照相比，虽然乳酸的含量无明显变化，但干物质含量在添加植物绿原酸处理的青贮饲料中显著增加（P<0.01），同时改善了干物质含量。植物绿原酸的添加对于蛋白保存也有明显的改善作用，显著减少了氨态氮的含量，除此之外添加绿原酸之后对于发酵过程中的乳酸和乙酸含量增加有一定的作用并且有效的降低了丙酸的含量，其添加 0.4%绿原酸的效果更加明显。

**表 1　添加绿原酸对柱花草青贮的发酵参数和微生物数量的影响**

| 项目 Item | Treatment | | | SEM | P-value |
|---|---|---|---|---|---|
| | CK | 0.2%CGA | 0.4%CGA | | |
| pH | 4.91$^{a}$ | 4.76$^{b}$ | 4.77$^{b}$ | 0.04 | <0.01 |
| 干物质 Dry matter (DM %FM) | 47.51$^{b}$ | 48.17$^{a}$ | 48.20$^{a}$ | 0.39 | <0.01 |
| 乳酸菌 Lactic acid bacteria (LAB $log_{10}$cfu·$g^{-1}$ FM) | 6.84 | 6.94 | 6.59 | 0.07 | 0.15 |
| 大肠杆菌 Coliform bacteria (CB $log_{10}$cfu·$g^{-1}$ FM) | <3 | <2 | <2 | - | - |
| 酵母菌 Yeasts ($log_{10}$cfu·$g^{-1}$ FM) | <3 | <2 | <2 | - | - |
| 霉菌 Molds ($log_{10}$cfu·$g^{-1}$ FM) | <3 | <2 | <2 | - | - |
| 乳酸 Lactic acid (LA %DM) | 0.01$^{b}$ | 0.10$^{a}$ | 0.02$^{b}$ | 0.02 | <0.01 |
| 乙酸 Acetic acid(AA %DM) | 0.12$^{b}$ | 0.30$^{b}$ | 0.75$^{a}$ | 0.06 | <0.01 |
| 丙酸 propionic acid (PA %DM) | 0.58$^{a}$ | 0.23$^{b}$ | 0.27$^{ab}$ | 0.08 | 0.08 |

| | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|
| 丁酸 Butyric acid (BA %DM) | 0.35 | 0.56 | 0.12 | 0.10 | 0.25 |
| 粗蛋白 Crude protein (CP %DM) | 10.50 | 10.12 | 10.39 | 0.08 | 0.18 |
| 真蛋白 True protein (TP %TN) | 6.44 | 6.91 | 6.83 | 0.09 | 0.40 |
| 非蛋白氮 Non-protein nitrogen (NPN %TN) | $4.41^{a}$ | $3.23^{b}$ | $3.55^{ab}$ | 0.34 | 0.05 |
| 氨态氮 Ammonia nitrogen ($NH_3$-N%TN) | $10.70^{a}$ | $9.19^{b}$ | $8.58^{c}$ | 0.29 | <0.01 |

注：同列不同字母表示差异显著（$P$<0.05）,*表示差异显著 $P$<0.05，**表示差异极显著 $P$<0.01，NS 表示无显著性差异。D:青贮天数;T:添加剂;D×T:青贮天数和添加剂的交互作用。

## 3 讨论

青贮主要是乳酸菌代谢可溶性糖产生有机酸、快速降低 pH，从而抑制不良微生物生长减少饲草营养损失的厌氧发酵过程。本试验中，添加植物绿原酸后，减少的酵母菌和大肠杆菌可能是由于较低的 pH 值的抑制作用。霉菌的数量在对照组中也比较低，这可能是由于绿原酸的抑菌作用。此外，植物绿原酸添加处理组中，不良微生物的减少使柱花草青贮饲料中的营养成分得到了良好保存，很大程度上减少了蛋白的分解和氨态氮以及丙酸的生成。

## 4 结论

绿原酸的添加可以改善柱花草的青贮品质，并且随着浓度的增加青贮效果有所提高，本研究中 4%CGA 对柱花草青贮有着最优的效果。

## 参考文献

[1] 唐燕琼,吴紫云,刘国道,易克贤.柱花草种质资源研究进展.植物学报,2009,44(6):752-762.

[2] 严琳玲,张瑜,白昌军.13 份柱花草品系生产性能比较.草业科学,2018,35(4):867-875.

[3] Bao J, Wang L, Yu Z. Effects of Different Moisture Levels and Additives on the Ensiling Characteristics and In Vitro Digestibility of Stylosanthes Silage[J]. Animals. 2022, 12(12): 1555.

[4] 王坚,李雪枫,王学梅,邬树乾.添加剂对柱花草青贮过程中蛋白降解及营养成分影响.饲料研究,2020,43(10):84-89.

[5] 吴硕,邹璇,王明亚,张庆.陈皮柑汁对柱花草和水稻秸秆青贮品质的影响.草地学报,2021,29(7):1565-1570.

[6] 文兴金,杨继芝,肖启银,耿嘉良,辛亚芬,李嘉怡,闫艳红.川西北高原全株玉米和大豆混贮比例对青贮品质的影响.中国草地学报,2022,44(8):115-120.

[7] 李阳昱,李庆蓉,陈孝红等.绿原酸抗菌作用及机制的研究进展[J/OL].中国抗生素杂志,2024(02):141-150[2024-02-23].https://doi.org/10.13461/j.cnki.cja.007632.

# 不同添加剂对高寒地区燕麦青贮品质的影响

郝迎辰[18]，张洪瑞[1]，李雨嘉[1]，秦子旸[1]，玉柱[12*]

（1.中国农业大学草业科学与技术学院，北京 100193）

**摘要：**本试验旨在探究不同添加剂对燕麦青贮品质的影响。选用试验品种为“贝勒II”，于抽穗期收获。试验设置空白对照组(CK）和植物乳杆菌(*Lactobacillus plantarum*，LP)、布氏乳杆菌(*Lactobacillus buchneri*，LB)及苯甲酸钠（Sodium benzoate，SB）4 种添加剂处理，袋装青贮 45 d 后取样分析。结果表明：不同添加剂对高寒地区燕麦青贮饲料的 pH 值影响显著（$P<0.05$），添加 LB 能够显著降低氨态氮含量，提高乳酸和乙酸含量（$P<0.05$）。不同添加剂均能显著降低 NDF 和 ADF 含量（$P<0.05$）。综上所述，3 种添加剂对燕麦青贮品质均有不同程度的改善作用，以添加 LB 效果最好。

**关键词：**燕麦；添加剂；青贮；高寒地区

# Effects of Different Additives on the Quality of Oat Silage in Cold Regions

Yingchen Hao[1], Hongrui Zhang[1], Yujia Li[1], Ziyang Qin[1], Zhu Yu[12]*

(1.Institute of Grassland Science and Technology, China Agricultural University, Beijing 100193)

**Abstract:** The aim of this experiment was to investigate the effect of different additives on the silage quality of oats. The selected test variety was “Belle II”, which was harvested at the tassel stage. A blank control group (CK) and four additive treatments of *Lactobacillus plantarum* (LP), *Lactobacillus buchneri* (LB) and sodium benzoate (SB) were set up in the experiment, and the samples were taken and analysed after 45d of bag silage. The results showed that different additives significantly ( $P < 0.05$) affected the pH of zone oat silage, including ammoniacal nitrogen, lactic acid and acetic acid content, and the addition of LB had a significant ( $P < 0.05$) effect. Different additives reduced NDF and ADF content and the difference was significant ( $P<0.05$). Three additives had different degrees of improvement on oat silage quality, with the best effect of LB.

**Keywords:** Oat; Additives; Silage; Cold Regions

燕麦（*Avena sativa L.*）一年生禾本科燕麦属植物。燕麦茎叶柔嫩多汁，含有丰富的蛋白质、脂肪和可消化纤维，同时富含铁、锌等矿物质，营养价值较高，适口性好，是种植范围广的优质饲-粮兼用型作物。青贮能够有效保存饲料作物原料营养成分，燕麦青贮后不仅可以长期保存，而且气味酸香，为各种家畜所喜食。温度过低会抑制乳酸菌活性，导致青贮发酵时间延长。而燕麦在青藏高原的收获时间一般在 8-9 月，这时每天的最高温度维持在 15-18 ℃左右，且昼夜温差较大，所以应用常规青贮方法处理燕麦后，其青贮饲料的品质可能不太理想。因此本试验通过添加植物乳杆菌(*Lactobacillus plantarum*, LP)、布氏乳杆菌(*Lactobacillus buchneri*, LB)和苯甲酸钠(Sodium benzoate, SB)后对燕麦青贮后的发酵品质和营养品质进行比较，以期筛选出对于高寒地区燕麦青贮调制较为适宜的添加剂。

## 1.材料与方法

### 1.1 试验材料

试验地位于青海省玉树藏族自治州杂多县萨呼腾镇，地理位置为北纬 32° 59'，东经 95° 51'，地处澜沧江扎曲河沿岸峡谷地带，平均海拔 4324 m。该地区属于高原大陆性气候，四季不分明，只有冷暖两季，年

基金项目：国家重点研发计划“政府间国际科技创新合作”重点专项(2022YFE0111000)；青海省玉树州杂多县特色养殖业提质增效关键技术集成与示范(2022YFD1602305)；草食畜牧业增量提质科技创新合作（DL2023108002L）

作者简介：郝迎辰，硕士在读，研究方向为饲草加工与利用。E-mail: 844168321@qq.com；*通信作者：玉柱，教授，博士生导师，E-mail:yuzhu33150@sina.com；

平均气温 0.5 ℃，年平均降雨量 540 mm，年平均日照时数为 2310.3 h，无绝对无霜期。供试燕麦品种“贝勒II”于抽穗期收获，添加剂为 LP、LB 和 SB。

### 1.2 测定内容与方法

#### 1.2.1 发酵品质的测定

青贮样开袋后将样品混匀取 20 g 样品，加入 180 mL 水，用榨汁机搅碎 1 min，先用 4 层纱布过滤得到浸出液，测浸出液 pH 值，取上清液测 $NH_3$-N 含量，用定性滤纸过滤后测有机酸含量。pH 值用 METTLED TOLEDO 型号的 pH 仪测定，用苯酚-次氯酸比色法测定 $NH_3$-N 含量，用高效液相色谱法测定有机酸含量，其流动相为 3 mmol·L-1 高氯酸，流速为 1 mL·min-1 ，进样量设置为 5 μL，柱温 50 ℃，检测波长为 210 nm，获得乳酸（lactic acid， LA）、乙酸（acetic acid，AA）、丙酸（propionic acid，PA）、丁酸（butyric acid，BA）的含量。

#### 1.2.2 营养品质的测定

按照饲料常规成分分析方法测定营养品质，包括干物质（dry matter，DM）、粗蛋白（crude protein， CP）、可溶性碳水化合物（water-soluble carbohydrate， WSC）、中性洗涤纤维（neutral detergent fiber， NDF）、酸性洗涤纤维（acid detergent fiber， ADF）、粗脂肪（ether extract， EE）。在开袋后取样 100 g，放入烘箱 65 ℃烘 48 h，测定其 DM 含量；CP 采用凯氏定氮法测定，WSC 采用蒽酮-硫酸比色法测定，NDF 和 ADF 采用 Van Soest 法测定，采用 AOAC 法测定 EE。

#### 1.2.3 数据分析

采用 Excel 2019 软件和 SPSS 22. 0 软件对数据进行统计分析和方差计算。数据使用平均值±标准差表示（$P<0.05$）。

## 2.结果与分析

### 2.1 不同添加剂对高寒地区燕麦青贮饲料发酵品质的影响

由表 1 可知，添加不同青贮添加剂可以显著降低高寒地区燕麦青贮饲料 pH 值（$P<0.05$），与 CK 和 SB 相比，添加 LB 和 LP 显著升高 LA 的含量（$P<0.05$）。三组添加剂均可以提高 AA 的含量（$P<0.05$）且显著降低 $NH_3$-N（$P<0.05$）含量，其中 LB 效果最好。此外，不同添加剂对 PA 均无显著影响（$P>0.05$）。

表 1 不同添加剂对高原地区燕麦发酵品质的影响

Table 1 Effect of different additives on fermentation quality of oats in plateau region

| Items | CK | LP | LB | SB | P- value |
|---|---|---|---|---|---|
| pH | 4.01±0.01$^{a}$ | 3.91±0.01$^{c}$ | 3.83±0.01$^{d}$ | 3.96±0.02$^{b}$ | ＜0.01 |
| LA/(% DM) | 2.93±0.08$^{c}$ | 3.78±0.16$^{a}$ | 3.85±0.13$^{a}$ | 3.46±0.10$^{b}$ | ＜0.01 |
| AA/(% DM) | 0.37±0.01$^{d}$ | 0.66±0.02$^{b}$ | 0.85±0.01$^{a}$ | 0.41±0.01$^{c}$ | ＜0.01 |
| PA/(% DM) | 0.01±0.01 | 0.02±0.01 | 0.02±0.01 | 0.01±0.01 | 0.876 |
| $NH_3$-N/(% TN) | 0.51±0.01$^{a}$ | 0.20±0.01$^{c}$ | 0.12±0.01$^{d}$ | 0.39±0.01$^{b}$ | ＜0.01 |

### 2.2 不同添加剂对高寒地区燕麦青贮饲料营养品质的影响

由表 2 可知，三组添加剂均可以显著提高高原地区燕麦 DM 的含量（$P<0.05$），其中添加 LB 后，高原地区燕麦青贮后提高 EE、CP 的含量（$P<0.05$），降低 WSC、NDF 和 ADF 的含量（$P<0.05$）。

表 2 不同添加剂对高原地区燕麦营养品质的影响

Table 2 Effect of different additives on nutritional quality of oats in highland areas

| Items | DM/% | WSC/%DM | EE/%DM | CP/%DM | NDF/%DM | ADF/%DM | *P*- value |
|---|---|---|---|---|---|---|---|
| CK | 16.71±0.21$^{c}$ | 2.39±0.06$^{b}$ | 2.27±0.18$^{c}$ | 8.25±0.16$^{b}$ | 41.31±0.27$^{a}$ | 24.41±0.34$^{a}$ | ＜0.01 |

| | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|
| LP | 17.83±0.17[a] | 1.91±0.04[c] | 3.07±0.21[b] | 8.88±0.26[a] | 39.86±0.20[c] | 23.49±0.37[b] | ＜0.01 |
| LB | 17.78±0.07[a] | 1.87±0.04[c] | 3.50±0.18[a] | 8.80±0.10[a] | 38.54±0.10[d] | 22.35±0.37[c] | ＜0.01 |
| SB | 17.46±0.17[b] | 3.44±0.17[a] | 2.45±0.16[c] | 8.56±0.03[a] | 40.34±0.16[b] | 23.47±0.29[b] | ＜0.01 |

## 3.讨论

燕麦青贮时加入青贮添加剂可显著提高青贮的品质。在青贮的微生物发酵初期，由于乳酸菌天然数量不足，致使发酵品质受到影响，发酵进度缓慢，添加乳酸菌制剂可增加乳酸菌数量，使燕麦青贮 pH 值降低。一般认为 pH 值为 3.8-4.2 的青贮饲料发酵品质优良，但 pH 值并不是评判发酵质量的唯一标准。在发酵早期，产酸的速度是青贮产品高质高效生产的重要因素。$NH_3$-N/TN 体现了蛋白质的分解情况，一般认为，$NH_3$-N 在 TN 中的占比越高，青贮发酵中蛋白质分解程度越大，青贮品质越差。青贮中 LA 生成比例的绝对增加阻止了梭菌的活动，抑制了 BA 的产生和蛋白的分解，使蛋白质和氨基酸分解较少，$NH_3$-N 含量降低。

WSC 是发酵过程中乳酸菌的重要底物，充足的 WSC 是提高青贮成功率、获得高质量青贮产品的关键因素。王磊等的研究发现在青贮玉米饲料中添加 LB 会使 WSC 含量降低，本试验中，添加 LB 后 WSC 含量降低，说明 LB 及时将 WSC 转化为 LA 等产物。添加 LB 后显著降低了 $NH_3$-N 含量，显著提高燕麦青贮饲料的 CP 含量，与张晴晴等的研究结果一致。本研究结果显示，乳酸菌组青贮的 NDF 和 ADF 含量均低于对照组，其中以添加 LB 最为显著，说明添加乳酸菌会改善青贮饲料的利用率。

## 4.结论

三种添加剂均会改善高寒地区燕麦的发酵品质和营养品质，其中 LB 处理组 LA、EE 含量高于其余各组，CP 含量显著高于 CK 组，pH 值、$NH_3$-N、NDF、ADF 含量显著低于其余各组。综上，本试验条件下认为 LB 是适用于高寒地区燕麦青贮的优质添加剂。

参考文献

# 乳酸菌接种剂对全株玉米青贮发酵品质的影响

杨丹[19]，尹含雪[1]，张庆[1*]

(1.华南农业大学林学与风景园林学院，广东 广州，510642)

**摘要：**为了探究乳酸菌（LAB）对全株玉米青贮发酵品质的影响，试验设计了 5 个处理：无添加（对照，CK）、*L*actoba*cillus plantarum* (LP) , *Pediococcus acidilactici* (P) , *Enterococcus faecium*(E)和 *Lactobacillus salivarius* (LS)。在青贮 30 天后，开袋取样测定其青贮品质和营养成分。结果显示，添加乳酸菌能显著降低 pH 值，氨态氮含量，以及酵母菌的数量，同时增加了粗蛋白含量，其中以 P 处理组的改善效果尤为显著。由此可知，添加乳酸菌可以加快乳酸积累，抑制有害微生物对蛋白质水解，改善青贮全株玉米的发酵品质。

**关键词：**全株玉米；青贮；乳酸菌

全株玉米（*Zea mays*）是一种重要的青贮饲料原料，拥有较高的营养价值，良好的适口性和消化率。因其表面附生大量的微生物及较高的水溶性碳水化合物含量，在发酵过程中受制约的条件最少，且青贮玉米有较高的能量含量和良好的发酵特性，是世界上许多地区反刍动物日粮中主要的粗饲料来源[1]。乳酸菌（Lactic Acid Bacteria，LAB）是指一群可发酵碳水化合物，产生大量乳酸的革兰氏阳性球菌或杆菌的统称。众所周知，LAB 作为益生菌，常被用作商品发酵剂，在青贮发酵中具有极其重要的意义[2]。然而，玉米青贮发酵过程复杂难以控制，很难保持厌氧条件，杂菌的生长繁殖往往会对青贮品质造成较大的影响。前人研究发现，在发酵过程中加入青贮添加剂进行质量调控，不仅可以改善发酵环境，还能抑制有害微生物活动，减少营养损失，防止青贮原料腐败霉变[3]。因此，本研究在全株玉米中添加不同类型的乳酸菌接种剂来分析全株玉米在青贮过程中的发酵品质，旨在为提高玉米青贮饲料的发酵品质提供技术参考。

## 1 材料和方法

全株玉米种植于华南农业大学增城试验田种植，于 2023 年 8 月收获，采集新鲜全株玉米原料，用切割机切成 2 cm 左右的小段，在新鲜的全株玉米中以不添加剂作为对照组(CK)，添加 *Lactobacillus plantarum* (LP) , *Pediococcus acidilactici* (P) , *Enterococcus faecium*(E)和 *Lactobacillus salivarius* (LS) 四种类型乳酸菌作为试验组。乳酸菌接种剂添加量为 $1\times10^6$CFU/g，CK 添加同等体积的蒸馏水。样品混合均匀后分装到聚乙烯塑料袋(20cm×30cm)中，每袋约 200g，用真空密封器除去空气并室温密封保存（25~30℃）。青贮 30 天后，开袋测定青贮饲料的发酵特性和化学成分。

## 2 结果与分析

表 1 显示了添加和不添加乳酸菌接种剂对全株玉米青贮饲料的化学成分和发酵特性。在发酵过程中，所有样本的 pH 值都小于 4，其中 LP 处理组的 pH 值显著下降（$p$ <0.05）。添加乳酸菌对乙酸和丙酸含量有显著影响（$p$ <0.05），与对照组相比，P 处理组的乙酸和丙酸含量显著增加，酵母菌数量显著降低（$p$ <0.05）。在本试验中暂时未检测到丁酸含量。青贮 30 天后，与对照组相比，接种四种乳酸菌均增加了青贮全株玉

[19]**基金项目：**国家重点研发项目（2022YFE0111000-2，2022YFD1300901）；
**作者简介：**杨丹(1999−)，女，硕士研究生，研究方向牧草青贮加工，ydycbwywtb@163.com；*通信作者 Author for correspondence，E-mail：zqing1988@126.com

米的 CP 含量，同时显著降低了（$p$ <0.05）氨态氮含量。其中，P 处理组改善全株玉米发酵品质效果更佳。

**表 1 乳酸菌接种剂对全株玉米的化学成分和发酵特性**

**Table1. Fermentation characteristics and chemical compositions of whole-plant corn silage with or without LABtreatment**

| Item | Treatment | | | | | *P*-value | SEM |
|---|---|---|---|---|---|---|---|
| | CK | LP | P | E | LS | | |
| 干物质 Dry Matter (% FM) | 33.10 | 32.57 | 31.58 | 33.40 | 32.80 | NS | 0.026 |
| pH | 3.69a | 3.63b | 3.68a | 3.67ab | 3.66ab | <0.01 | 0.033 |
| 乳酸菌 Lactic acid bacteria ($log_{10}$ CFU/g FM) | 6.56 | 6.12 | 6.78 | 6.40 | 6.42 | NS | 0.401 |
| 大肠杆菌 Coliform bacteria ($log_{10}$ CFU/g FM) | <2.00 | <2.00 | <2.00 | <2.00 | <2.00 | - | - |
| 酵母菌 Yeast ($log_{10}$ CFU/g FM) | 5.41b | 5.45ab | 5.38b | 5.53ab | 5.72a | <0.05 | 0.209 |
| 乳酸 Lactic acid(% DM) | 24.51 | 24.17 | 30.35 | 24.74 | 26.07 | NS | 0.832 |
| 乙酸 Acetic acid(% DM) | 11.12ab | 8.78c | 11.67a | 9.48bc | 9.40bc | <0.05 | 1.570 |
| 丙酸 Propionic acid(% DM) | 0.63b | 0.58b | 2.46a | 1.66a | 2.45a | <0.01 | 0.994 |
| 粗蛋白 Crude protein(% DM) | 8.39 | 8.55 | 8.59 | 8.54 | 8.58 | NS | 0.391 |
| 真蛋白 True protein(% DM) | 4.35ab | 4.22ab | 3.90c | 4.05b | 4.43a | <0.01 | 0.296 |
| 氨态氮 $NH_3$-N(g/kg DM) | 1.07a | 0.73b | 0.68b | 0.81b | 0.66b | <0.01 | 0.220 |

a~c，同行每个指标中不同大写字母表示差异显著，$P$ <0.05；DM，干物质；FM，鲜物质；CFU，菌落形成单位；SEM，平均值标准误差

Means in the same row (a–c) followed by different letters differ ($P$ < 0.05). DM, dry matter; FM, fresh matter; CFU, colony-forming units ; SEM, standard error of means

## 3 讨论

pH 值是反映青贮饲料发酵品质的重要指标之一，有研究表明，pH 值达到 4.2 以下是优良饲草的标准[4]。此外，乳酸菌的关键代谢产物乳酸也是 pH 值下降的主要因素。本研究中，添加与不添加乳酸菌 pH 值均保持在 4.2 以下，表明青贮发酵良好。与对照组相比，乳酸含量除了 LP 处理组，剩下处理组都有所增加，为青贮发酵提供良好的发酵条件。氨态氮含量作为不利于青贮发酵中影响因素，接种乳酸菌显著降低了氨态氮含量，抑制不良微生物，降低发酵过程中蛋白质的损失。乳酸菌的添加有助于加快乳酸的积累，降低 pH，从而抑制有害微生物对蛋白质的水解，改善了青贮玉米的发酵品质[5]。

## 4 结论

研究结果表明，添加乳酸接种剂可以提高全株玉米青贮乳酸的含量，降低 pH 值和氨态氮含量，减少营养损失。此外，乳酸菌作为青贮添加剂还可以抑制青贮发酵过程中有害微生物生长，提高青贮发酵品质。其中以 *Pediococcus acidilactici* 添加效果更为明显。

## 参考文献


[1] 张霞. 青贮饲料中抗生素抗性基因的分布特征与传播机制[D]. 兰州大学, 2023.

[2] 杨梅. 传统发酵乳制品中乳酸菌的抗生素抗性及相关抗性基因的研究[D]. 内蒙古农业大学, 2010.

[3] 马伊丹, 纪鹏, 安清聪, 等. 不同乳酸菌青贮剂对桥单 6 号全株玉米青贮品质的影响[J]. 养殖与饲料, 2024,23(01):41-46.

[4] He L, Lv H, Xing Y, et al. Intrinsic tannins affect ensiling characteristics and proteolysis of Neolamarckia cadamba leaf silage by largely altering bacterial community[J]. *Bioresour Technol*, 2020,311:123496.

[5] Xu D, Wang N, Rinne M, et al. The bacterial community and metabolome dynamics and their interactions modulate fermentation process of whole crop corn silage prepared with or without inoculants[J]. *Microb Biotechnol*, 2021,14(2):561-576.

# 联合利用土壤生物结皮、微生物和牧草治理荒漠草原氮沉降

张涛[20]

（内蒙古农业大学草原与资源环境学院，内蒙古 呼和浩特 010010）

**摘要：**内蒙古的荒漠草原区，位于荒漠与草原交界，对防风固沙和生态多样性保护至关重要。尽管物种和植被覆盖较低，该区域对气候变化极为敏感，生态安全和植被恢复引起广泛关注。氮沉降的增加对其生态产生复杂影响，是除气温、降水和二氧化碳变化外的重要因素。土壤和降水是该生态系统的基础，直接影响植被和微生物活动，进而影响营养循环。植被恢复和土壤功能改善是生态稳定和可持续的关键。需要加强草原保护，关注氮沉降趋势，减少其负面效应。生物土壤结皮和土壤微生物，如固氮细菌和丛枝菌根真菌，在氮循环中起至关作用，促进氮在生态系统中的流动。尽管对氮循环的基本理解存在，但需进一步研究，深入探索氮素动态和生态相互作用，为荒漠草原保护提供科学支持。

**关键词：**荒漠草原；氮沉降；生态稳定性；土壤微生物；植被恢复

# Combined use of soil biological crust, bacteria and pasture to control nitrogen deposition in desert steppe

Tao Zhang[1]

（College of Grassland, Resources and Environment, Inner Mongolia Agricultural University, Inner Mongolia Huhhot 010010）

**Abstract:** The Inner Mongolian desert grasslands, located at the junction of deserts and grasslands, are crucial for wind prevention and ecological diversity. Despite low species and vegetation cover, the region is highly sensitive to climate change, with ecological security and vegetation restoration attracting widespread attention. Increased nitrogen deposition has complexly affected the ecosystem, becoming a significant factor alongside temperature, precipitation, and CO2 changes.Soil and precipitation form the ecosystem's foundation, directly impacting vegetation and microbial activity, thereby affecting nutrient cycling. Restoration of vegetation and soil function is key to ecological stability and sustainability. Enhanced grassland protection is needed, with attention to nitrogen deposition trends to mitigate its adverse effects.Biological soil crusts and soil microbes, such as nitrogen-fixing bacteria and arbuscular mycorrhizal fungi, play vital roles in the nitrogen cycle, facilitating nitrogen flow in the ecosystem. Although there is a basic understanding of the nitrogen cycle, further research is necessary to explore nitrogen dynamics and ecological interactions, providing scientific support for desert grassland conservation.

**Key words:** Desert Grasslands; Nitrogen Deposition; Ecological Stability; Soil Microbes; Vegetation Restoration

内蒙古荒漠草原作为荒漠和草原之间的过渡带，具有重要意义，可以阻止风沙运移并维持生态系统的多样性。然而，荒漠草原的物种数量和覆盖率较低，被认为是脆弱的草地生态系统，极易受到气候变化的影响[1]。草原生态系统中的土壤是草原植物和土壤微生物生存、生长代谢的物质基础。近年来，随着我国

①基金项目（资助项目名称及编号）；②作者简介（第一作者姓名，性别，民族，出生年，职称，学位，研究方向和联系方式（电话和 E-mail），以及通信作者联系方式（E-mail）。

生态安全意识的逐渐增强和生态屏障保护与建设，荒漠草原地区植被的恢复和稳定性受到越来越多的关注。进入 21 世纪以来，随着人类工业排放和农业生产的增加，全球大气氮沉降日渐增加，对陆地上各类生态系统产生了复杂的影响，是继气温上升、降水变化和 $CO_2$ 浓度富集之后影响陆地生态系统结构和功能的第四大因素[2]。

荒漠草原地区地带性植被以浅根植物为主，这里长期以来形成的生态系统高度依赖水源，降水可以影响荒漠植被的生长和分布，间接影响着进入土壤的有机质（凋落物）含量，还会激发微生物的活动，影响土壤营养元素的迁移和转化，最终完成菌-土壤-植物三者之间的元素交换[3]。

因此，荒漠草原地区的植被恢复和土壤生态功能的改善对于维护生态系统的稳定性和可持续性非常重要。这需要我们加强对草原生态系统的保护和管理，以确保土壤的养分循环和供应，从而促进草原植被的生长和更新。此外，还应密切关注全球大气氮沉降的趋势，并制定相应的措施来减少氮沉降对荒漠草原生态系统的影响，以保护其脆弱性和生态功能。

对于整个生态系统而言，氮沉降会造成生物多样性的丧失、碱性阳离子损失和硝酸盐淋滤，过量的氮沉降更会导致土壤酸化，但是大气氮沉降同时可以增加了植物光合作用对二氧化碳的吸收，刺激植物生长，从而增加植物生物量和土壤碳库中的碳固存[4, 5]。土壤有机碳（SOC）的循环和储存也受到氮供应的影响，颗粒有机碳（POC）和矿物结合有机碳（MAOC）都会因为氮的添加显著增加 3.7%和 16.4%，MAOC 与 SOC 的比率以及 MAOC 与 POC 的比率都因氮的富集而分别明显下降 4.1%和 10.1%，所以氮沉积可在一定程度上促进土壤固碳，但它可能会降低 SOC 库的养分密度、周转时间和抗干扰能力[6]。

## 1.土壤生物结皮的组成和功能

生物土壤结皮(Biological Soil Crust, BSC)是土壤颗粒与不同比例的光自养(如蓝藻、藻类、地衣、苔藓)和异养(如细菌、真菌、古生菌)生物之间密切联系的结果，这些生物生活在土壤最上面几毫米的土壤中或上面,土壤颗粒通过这些通常具有极端耐受性的生物群的存在和活动而聚集起来，这些生物群经常干燥，由此形成的活地壳覆盖在地面表面，形成一个连贯的层[7]。在全球范围内，生物结皮的多种形式由物种组成、生物结皮生物的生物量、内部物理结构、(微)气候、土壤和扰动历史等多种因素决定，并且这些因素以及由此产生的外部形态，共同决定了生物结皮在给定生态系统中将发挥的功能。生物土壤结皮是土壤生态功能研究的理想模型系统，不同类型的生物结皮代表不同的发育演替阶段，对当地土壤生态系统的稳定性和生态功能有显著影响。一般情况下，随着潜在蒸发量(PET)的下降，地衣和苔藓植物的盖度和覆盖度增加，蓝藻覆盖的下降，但是干扰和土壤类型等其他驱动因素可以超越基于气候的概括[8]。

生物土壤结皮是一种能够在土壤表面形成覆盖层的生物群落，同时与多种微生物和植物共生。这些结皮中的微生物，如细菌和真菌，可通过固氮作用将大气中的氮气转化为可供植物吸收利用的铵离子。同时，牧草作为土壤中的植物，能够通过根系吸收土壤中的铵离子和硝酸盐进行养分吸收。牧草的养分吸收过程也会受到土壤中的细菌和其他微生物的影响，它们参与硝化、反硝化和厌氨氧化等转化过程。

## 2.土壤微生物在氮循环中的作用

土壤微生物在氮循环中扮演着至关重要的角色，它们通过各种生化过程参与氮的转化和循环，从而促进氮元素在大气、土壤、植物和微生物之间的转化和流动。

最古老以及最广泛的植物共生者（包括 70%-90%的现存物种）是起源于 4.6 亿年前的 Glomeromycota 门的丛枝菌根真菌(AMF）[9]。在一立方厘米的土壤中，丛枝菌根真菌（AMF）的外生菌丝可达 100 米长，可渗透至植物根系难以触及的微小土壤空间。植物通过光合作用产生的碳，有 20%转给 AMF 的菌丝。近年来，对 AMF 仅提供磷给宿主植物的看法已经转变，现证据显示 AMF 能从土壤吸收硝酸盐、铵盐和有机氮，并转移给植物。这一氮素供应过程主要源于植物对 AMF 的碳分配[10]。

除真菌外，还有许多细菌有能力通过生物固氮过程将大气中的 $N_2$ 转化为铵盐，而植物为了获取这一生物学过程所产生的铵盐则会通过释放各类次生代谢物质的信号分子吸引固氮细菌进入根系，最终建立起

互惠互利的根瘤或者茎瘤的共生关系。豆类为根瘤菌提供固定氮的场所及光合产物，例如，苹果酸、单酯酰甘油等。而作为交换，根瘤菌为宿主提供无机铵态氮。植物可利用谷氨酰胺合成酶将其同化形成谷氨酰胺，供植物生长发育[11]。固氮细菌具有 *nif H* 基因，用于编码固氮酶的结构成分，在固氮过程中发挥关键作用[12]。还可以通过检测豆科牧草的结瘤素基因(nodulin gene)的表达情况来查看根瘤的形成、生长和发育情况[13]。所以我们可以通过观测这两个基因的表达情况，来查看植物与细菌共同促进氮循环的效果。

## 3.牧草在氮循环中的作用

牧草在草原氮沉降治理中的作用不可忽视，它通过对氮的吸收和转化、增强土壤结构和保水性、增加生物多样性、维持碳固存和氮稳定，以及减缓氮沉降的负面效应等途径促进氮的有效利用和循环，同时维护和恢复草原生态系统的健康和稳定。

可以通过种植适当的牧草组合，如种植可以深根的物种苜蓿或者柳枝稷以达到减少氮损失的目的，在这个基础上依靠适当施氮和精心的牧场管理使牧草实现快速生长[14]。Ayodele 等人发现经过 24 年草地管理的土壤在孔隙连续性方面的变化最为明显，水力传导性增加，孔隙大小分布改善，这都有利于根系生长、养分和水分的获取[15]。改善后的土壤条件有利于微生物活动，促进氮的生物转化过程，如固氮、硝化和反硝化作用，进一步提高氮循环的效率。健康的牧草生态系统可以支持更丰富的生物多样性，包括地面植物和土壤微生物。生物多样性的提高有助于维持生态系统的稳定性和恢复力，增强对外部干扰的抵抗能力，包括氮沉降的影响。SOC 在大聚合体和微聚合体中的稳定和保护是固碳的一个重要机制，以豆科植物为主的禾本科牧场有可能促进聚合体的形成和稳定，从而实现 SOC 的固定[16]。通过上述机制，牧草和微生物可以减缓氮沉降对草原生态系统的潜在负面效应，如土壤酸化、生物多样性丧失等。通过有效管理牧场生态环境，可以提高草原生态系统对氮沉降的适应性和恢复力。

## 4.结论

我们目前对氮循环的理解主要局限在化学和单个生物层面。从经典观点包括固氮、硝化和反硝化作用，到同化和异化的分类，再到氨化、硝化、反硝化、厌氨氧化和 $NO^{2-}$-$NO^{3-}$相互转化的分类。在群落一级，虽然已经做出了与生态过程相关的推论，但是从生态学的角度来看，我们对氮素丰度和转化过程中的相关性了解有限。不同的环境因素如氧化还原电位、pH、$NH_4^+$、$NO^{3-}$和 C：(N:P)可以影响不同的转化途径，但大多数研究集中在单一途径上，尚不清楚这些因素如何在氮循环中驱动整体模式以及如何在不同的生物组合中高效搭配利用[17]。

因此，生物土壤结皮和土壤微生物在氮循环中起着重要的作用，它们能够通过氮沉降和转化过程，促进氮的有效利用和循环。同时，牧草作为氮循环的另一个关键参与者，通过吸收土壤中的铵离子和硝酸盐，将氮元素纳入植物体内，并在生态系统中提供养分。这种生物土壤结皮、土壤微生物和牧草之间的相互作用，可以进一步加深我们对氮循环在生态系统中的整体模式的理解。

## 参考文献

[1] 吕广一, 贺梦婷, 李宏宇, 等. 荒漠草原植物群落特征及土壤碳氮含量对增温和增水的响应 [J]. 中国草地学报, 2024, 46(03): 60-9.

[2] LI W, WANG W, SUN R, et al. Influence of nitrogen addition on the functional diversity and biomass of fine roots in warm-temperate and subtropical forests [J]. Forest Ecology and Management, 2023, 545(

[3] 宋一凡, 卢亚静, 刘铁军, 等. 荒漠草原不同雨量带土壤-植物-微生物 C、N、P 及其化学计量特征 [J]. 生态学报, 2020, 40(12): 4011-23.

[4] LI W, JIN C, GUAN D, et al. The effects of simulated nitrogen deposition on plant root traits: A meta-analysis [J]. Soil Biology and Biochemistry, 2015, 82(112-8.

[5] GAO Y, HE N, ZHANG X. Effects of reactive nitrogen deposition on terrestrial and aquatic ecosystems [J]. Ecological engineering, 2014, 70(312-8.
[6] TANG B, ROCCI K S, LEHMANN A, RILLIG M C. Nitrogen increases soil organic carbon accrual and alters its functionality [J]. Global Change Biology, 2023, 29(7): 1971-83.
[7] WEBER B, BELNAP J, BüDEL B, et al. What is a biocrust? A refined, contemporary definition for a broadening research community [J]. Biological Reviews, 2022, 97(5): 1768-85.
[8] BOWKER M A, BELNAP J, BüDEL B, et al. Controls on distribution patterns of biological soil crusts at micro-to global scales [J]. Biological soil crusts: an organizing principle in drylands, 2016, 173-97.
[9] PARNISKE M. Arbuscular mycorrhiza: the mother of plant root endosymbioses [J]. Nature Reviews Microbiology, 2008, 6(10): 763-75.
[10] 魏芙蓉. 氮添加影响白羊草草地土壤碳氮转化的机制 [D]; 西北农林科技大学, 2023.
[11] 李祖冰. 固氮菌组合的促生作用及持续效应研究 [D]; 西北农林科技大学, 2023.
[12] ININBERGS K, BAY G, RASMUSSEN U, et al. Composition and diversity of nifH genes of nitrogen-fixing cyanobacteria associated with boreal forest feather mosses [J]. New Phytologist, 2011, 192(2): 507-17.
[13] 曹丹芸, 夏婧, 徐雅婷, 等. 植物结瘤素基因响应逆境胁迫的研究进展 [J]. 杭州师范大学学报(自然科学版), 2024, 23(02): 157-63.
[14] RUSSELLE M P. Nitrogen cycling in pasture and range [J]. Journal of Production Agriculture, 1992, 5(1): 13-23.
[15] AJAYI A E, FALOYE O T, REINSCH T, HORN R. Changes in soil structure and pore functions under long term/continuous grassland management [J]. Agriculture, Ecosystems & Environment, 2021, 314(107407.
[16] CONRAD K, DALAL R C, FUJINUMA R, MENZIES N W. Soil organic carbon and nitrogen sequestration and turnover in aggregates under subtropical leucaena–grass pastures [J]. Soil Research, 2018, 56(6): 632-47.
[17] WANG Q, HAN Y, LAN S, HU C. Metagenomic Insight Into Patterns and Mechanism of Nitrogen Cycle During Biocrust Succession [J]. Frontiers in Microbiology, 2021, 12(

# 甲酸杀菌剂对象草青贮发酵品质的影响

尹含雪[1]，杨丹[21]，张庆[1*]

(1.华南农业大学林学与风景园林学院，广东 广州，510642)

**摘要：**为了探究甲酸对象草青贮发酵品质的影响，以新鲜象草（*Pennisetum purpereum*）作为材料，甲酸（Formic acid）进行添加处理，添加 1%的甲酸杀菌剂(1%FA)、2%甲酸杀菌剂(2%FA)作为试验组，以不添加组作为对照（CK）。分别在青贮第 3、7、14 和 30 天，开袋取样，并进行青贮品质的测定。结果表明：与对照组相比，添加甲酸处理组的 pH、乳酸、不良微生物数量和氨态氮含量均低于对照组，其中与 1%FA 组相比，2%FA 组发酵效果更为显著。总的来说，添加甲酸有助于改善青贮象草的发酵品质。其中添加含量为 2%FA 的效果更佳。

**关键词：**甲酸；象草；发酵品质

# Effects of formic acid fungicides on fermentation quality of *Pennisetum purpereum* silage

Yin Hanxue[1],Yang Dan[1],Zhang Qing[1*]

(1.College of Forestry and Landscape Architecture, South China Agricultural University, Guangdong Guangzhou, 510642.)

**Abstract:**In order to study the effect of Formic acid on the fermentation quality of silage, *Pennisetum Purpereum* was used as material and Formic acid was added, 1% formic acid bactericide (1% FA) and 2% formic acid bactericide (2% FA) were added as test group, and CK as control group. On the 3rd, 7th, 14th and 30th day, the silage samples were opened and the silage quality was determined. The results showed that compared with the control group, the pH, lactic acid, the amount of harmful microorganisms and the content of ammonia nitrogen in the group treated with formic acid were lower, and the fermentation effect of the group treated with 2% FA was more significant than that of the group treated with 1% FA. In general, the addition of formic acid helped to improve the fermentation quality of silage elephant grass. The effect of adding 2% FA is better.

**Key words:**Formic acid;*Pennisetum Purpereum*; fermentation quality

象草（*Pennisetum purpereum*）作为一种红壤地区的优质禾本科多年生新饲草品种，多生于热带和亚热带地区。该品种自引进我国以来，在南方地区大量种植，凭借它分蘖多、产量高、品质好、适应性广、抗逆性强、饲喂效果好的经济效益特点，现已成为重要的饲草资源[1]。酸制剂主要是一种发酵抑制剂，能够部分或全部地抑制微生物的生长，甲酸（Formic acid）作为一种常用的抗菌剂，在青贮过程中常用于提高青贮饲料的质量[2]。根据一些研究表明[3]，在高水分苜蓿中添加甲酸能够减少营养损失，提高青贮饲料的发酵品质。然而，尚不清楚甲酸将如何影响象草的发酵品质。因此，本研究在象草中添加不同浓度的甲酸杀菌剂来分析象草在青贮过程中的动态发酵品质，为甲酸杀菌剂的合理利用提供新思路。

## 1 材料和方法

象草种植于华南农业大学试验田种植，于 2022 年 12 月收获，采集新鲜象草叶原料，用切割机切成 2cm 左右的小段，在新鲜的象草中以不添加剂作为对照组(CK)，添加 1%的甲酸杀菌剂(1%FA)、2%甲酸杀菌剂

[21]**基金项目：**国家重点研发项目（2022YFE0111000-2，2022YFD1300901）；

**作者简介：**尹含雪(2000−)，女，硕士研究生，研究方向牧草青贮加工，15162080901@163.com；*通信作者 Author for correspondence，E-mail：zqing1988@126.com

(2%FA)作为试验组。甲酸杀菌剂添加量为 3 和 6mL·kg$^{-1}$ ，CK 添加同等体积的蒸馏水。样品混合均匀后分装到聚乙烯塑料袋(20cm×30cm)中，每袋约 200g，用真空密封器除去空气并室温密封保存（25~30℃）。青贮 3，7，14，30 天后，开袋测定青贮饲料的发酵特性和化学成分。

## 2 结果与分析

表 1 显示了添加和不添加甲酸添加剂对象草的动态化学成分和发酵特性。随着发酵天数的增加，青贮的 pH 值，乳酸和甲酸含量发生显著变化($P$<0.01)。相较于对照组而言，1%FA 和 2%FA 组显著的降低了青贮的 pH 值，乳酸菌和大肠杆菌数量($P$<0.01)。随着甲酸含量的增加，pH 值和不良微生物数量下降越来越明显，氨态氮含量显著降低($P$<0.01)，且当甲酸含量达到 6%的时候 pH 达到了优良青贮品质的水平。然而，甲酸杀菌剂除了对青贮过程中的有害菌有一定的抑制作用，当甲酸添加量上升，青贮过程中的乳酸菌数量和乳酸含量也得到了抑制，甚至在 1%FA 和 2%FA 中检测不到乳酸的含量。

**表 1 甲酸杀菌剂对象草的化学成分和发酵特性**

**Table1. Fermentation characteristics and chemical compositions of napier grass silage with or without FA treatment**

| Item | Treatment | Days | | | | SEM | *P*-value | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| | | 3 | 7 | 14 | 30 | | D | T | D×T |
| 干物质 Dry Matter (% FM) | CK | 30.36$^{bAB}$ | 32.59$^{B}$ | 35.53$^{A}$ | 33.22$^{bAB}$ | 0.028 | 0.033 | 0.014 | 0.301 |
| | 1%FA | 34.93$^{aAB}$ | 33.79$^{B}$ | 34.72$^{AB}$ | 35.86$^{aA}$ | | | | |
| | 2%FA | 35.17$^{aA}$ | 33.77$^{B}$ | 34.77$^{AB}$ | 34.83$^{abAB}$ | | | | |
| pH | CK | 6.46$^{aA}$ | 5.90$^{aB}$ | 6.35$^{aA}$ | 5.83$^{aC}$ | 0.880 | <0.01 | <0.01 | <0.01 |
| | 1%FA | 4.65$^{b}$ | 4.65$^{b}$ | 4.78$^{b}$ | 4.70$^{b}$ | | | | |
| | 2%FA | 4.07$^{c}$ | 4.08$^{c}$ | 4.10$^{c}$ | 4.09$^{c}$ | | | | |
| 乳酸菌 Lactic acid bacteria ($log_{10}$ CFU/g FM) | CK | 8.30$^{aB}$ | 8.75$^{aB}$ | 8.55$^{aB}$ | 9.37$^{aA}$ | 0.444 | 0.096 | <0.01 | 0.150 |
| | 1%FA | 3.03$^{b}$ | 3.42$^{b}$ | 5.18$^{b}$ | 5.13$^{b}$ | | | | |
| | 2%FA | 2.59$^{b}$ | 2.94$^{b}$ | <2.00 | 2.68$^{c}$ | | | | |
| 大肠杆菌 Coliform bacteria (log10 CFU/g FM) | CK | 8.17$^{A}$ | 8.27$^{aA}$ | 6.96$^{B}$ | 8.70$^{aA}$ | 0.825 | 0.128 | <0.01 | <0.01 |
| | 1%FA | <2.00 | 4.07$^{b}$ | 5.83 | 5.91$^{b}$ | | | | |
| | 2%FA | <2.00 | <2.00 | <2.00 | <2.00 | | | | |
| 酵母菌 Yeast (log10 CFU/g FM) | CK | 3.30 | 3.15 | 3.97 | 4.02 | 0.575 | - | 0.077 | - |
| | 1%FA | <2.00 | <2.00 | <2.00 | <2.00 | | | | |
| | 2%FA | <2.00 | <2.00 | <2.00 | <2.00 | | | | |
| 霉菌 Molds (log10 CFU/g FM) | CK | 4.09$^{A}$ | 3.98$^{A}$ | 3.41$^{AB}$ | <2.00 | 0.562 | 0.012 | - | - |
| | 1%FA | <2.00 | <2.00 | <2.00 | <2.00 | | | | |
| | 2%FA | <2.00 | <2.00 | 3.00 | <2.00 | | | | |
| 乳酸 Lactic acid (g/kg DM) | CK | 3.59$^{C}$ | 10.71$^{B}$ | 9.29$^{B}$ | 18.85$^{A}$ | 0.920 | <0.01 | - | - |
| | 1%FA | ND | ND | ND | ND | | | | |
| | 2%FA | ND | ND | ND | ND | | | | |
| 甲酸 Formic acid (g/kg DM) | CK | ND | ND | ND | ND | 0.825 | <0.01 | - | - |
| | 1%FA | 5.84$^{A}$ | 3.53$^{B}$ | 3.40$^{B}$ | 3.19$^{B}$ | | | | |
| | 2%FA | 10.73 | 10.45 | 10.29 | 10.21 | | | | |
| 氨态氮 Ammonia-N (% | CK | 0.109$^{B}$ | 0.433$^{B}$ | 0.483$^{B}$ | 0.941$^{A}$ | 0.825 | 0.128 | <0.01 | <0.01 |

| | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|
| DM) | 1%FA | ND | ND | ND | ND |
| | 2%FA | ND | ND | ND | ND |

A~D，同行每个指标中不同大写字母表示差异显著；a~c，同列每个指标中不同小写字母表示差异显著，$P$<0.05；DM，干物质；FM，鲜物质；CFU，菌落形成单位；SEM，平均值标准误差；D，青贮天数；T，处理；D×T,，青贮天数和天数的交叉作用

Means in the same column (A–D) or row (a–c) followed by different letters differ ($P$ < 0.05). SEM, standard error of means; DM, dry matter; CFU, colony-forming units; FM, fresh matter; D, silage days; T, treatments ; D×T, the interaction effect of treatments and silage days

# 3 讨论

甲酸可以通过直接酸化和抑菌活性抑制有害微生物发酵，同时，青贮过程中乳酸的快速积累和较低的pH 值也可以抑制不良微生物繁殖，并且最大程度上减少青贮过程中的营养损失[4]。因此，本研究发现甲酸处理的青贮饲料显著降低了 pH 值和霉菌、酵母菌、大肠杆菌数量。除此之外，甲酸还完全遏制了青贮过程中氨态氮的产生，有助于象草饲料更好的青贮发酵。然而，随着甲酸添加量的增加，青贮材料中一些不耐酸的乳酸菌和其他有益微生物的繁殖和活动受到了抑制，从而导致了乳酸菌以及乳酸的含量的下降甚至检测不到[5]。

# 4 结论

研究结果表明，添加甲酸杀菌剂可以提高象草青贮乳酸的含量，降低 pH 值和氨态氮含量，减少营养损失。此外，甲酸作为青贮添加剂还可以抑制青贮发酵过程中有害微生物生长，提高青贮发酵品质。其中以 2% FA 添加效果更为明显。

## 参考文献


[1] 陈杰. 提高象草青贮发酵品质的研究[D]. 南京农业大学, 2012.

[2] 曹欣, 王青兰, 徐圣明, 等. 甲酸添加浓度对紫花苜蓿、稻秸和 DDGS 混合青贮的影响[J]. 草学, 2020(06):25-29.

[3] Zhang X, Usman S, Bature I, et al. Occurrence and fate of antibiotic-resistance genes and their potential hosts in high-moisture alfalfa silage treated with or without formic acid bactericide[J]. *J Environ Manage*, 2023,347:119235.

[4] He L, Zhou W, Wang C, et al. Effect of cellulase and Lactobacillus casei on ensiling characteristics, chemical composition, antioxidant activity, and digestibility of mulberry leaf silage[J]. *J Dairy Sci*, 2019,102(11):9919-9931.

[5] 陈思凡. 甲酸、纤维素酶和纤维素降解菌对水稻、燕麦秸秆青贮过程中结构性碳水化合物降解的影响[D]. 南京农业大学, 2020.

# 沙福芽孢杆菌和伊朗纤维单胞菌对竹粉青贮发酵品质的影响

周雨歆[1],陈丹丹[1]， 张庆[22*]

（1.华南农业大学林学与风景园林学院，广东广州，510642）

**摘要：**为探究沙福芽孢杆菌(BS)和伊朗纤维单胞菌(CE)对竹粉青贮发酵品质的影响，含水量 60%左右的竹粉分别用沙福芽孢杆菌和伊朗纤维单胞菌进行添加处理，以未添加组作为空白对照(CK)。青贮 14、30 天后，开袋取样测定发酵品质和纤维组分。实验结果表明：添加沙福芽孢杆菌和伊朗纤维单胞菌均可以改善竹粉的发酵品质，与对照相比，添加沙福芽孢杆菌和伊朗纤维单胞菌能显著降低竹粉青贮的 pH 值，大肠菌群数量，粗纤维和中性洗涤纤维的含量。综上所述，添加沙福芽孢杆菌和伊朗纤维单胞菌有助于改善竹粉青贮发酵品质和纤维降解。此外，使用竹粉作为青贮原料是合理利用和开发木本饲料的有效途径之一。

**关键词：**沙福芽孢杆菌；伊朗纤维单胞菌；青贮发酵品质

# Effects of *Bacillus safensis* and *Cellulomonas iranensis* bacteria on the fermentation quality of bamboo powder silage

Zhou Yuxin[1], Chen Dandan[1], Zhang Qing[1*]

College of Forestry and Landscape Architecture, South China Agricultural University, Guangdong Guangzhou, 510642.)

**Abstract:** To investigate the effects of *Bacillus safensis* and *Cellulomonas iranensis* on the fermentation quality of bamboo powder silage, bamboo powder with a moisture content of around 70% was treated separately with *Bacillus safensis* and *Cellulomonas iranensis*, while the untreated group served as the control (CK). Samples were taken after 14 and 30 days of ensiling to determine fermentation quality and fiber components. The results showed that the addition of both *Bacillus safensis* and *Cellulomonas iranensis* improved the fermentation quality of bamboo powder. Compared to the control, the addition of *Bacillus safensis* and *Cellulomonas iranensis* significantly decreased the pH value, coliform bacteria count, and the content of crude fiber and neutral detergent fiber in bamboo powder silage. In conclusion, the addition of *Bacillus safensis* and *Cellulomonas iranensis* contributes to the improvement of silage fermentation quality and fiber degradation. Additionally, using bamboo powder as a silage material is a viable approach for the rational utilization and development of lignocellulosic feed.

**Key words:***Bacillus safensis*; *Cellulomonas iranensis*; Silage quality

我国拥有丰富的竹类资源，是世界上竹类资源最多的国家之一。全球的竹类植物有 50 多个属、1200 多种，而中国就拥有多达 500 余种，涉及 40 余属，种植资源广泛[1]。虽然我国的竹类资源丰富、产量高、

[22]**基金项目**：广东省基础与应用基础研究基金项目（2020A1515011253）资助

**作者简介**：周雨歆，女，汉族，江西南昌人，研究方向牧草青贮加工，硕士研究生，电话：15170052760，E-mail:454256766@qq.com；

[*]通讯作者 Author for correspondence，E-mail:zqing1988@126.com

具有可持续发展的潜力，但关于竹饲料加工开发的应用和报道较少。作为一种木本饲料资源，与其他木本饲料相比，竹类因其纤维素含量高而更难以被利用，探究降低竹纤维素含量而提高动物消化率的方法，对开发竹类资源作为非　　常规饲料资源有重要意义，可能作为一种绿色可持续发展的可行策略[2]。

青贮是将收获的饲草资源长期有效贮藏的有效手段，具有成本低且营养损耗少等优点。筛选具有纤维素降解能力的细菌作为青贮添加剂应用到青贮原料中，可以达到降低青贮饲料纤维含量的目的，这是一种提高青贮发酵品质的有效途径[3]。沙福芽孢杆菌属于纤维素降解细菌的一种，具有产酶效率高的特点，在纤维素降解方面应用广泛[4]。伊朗纤维单胞菌在自然界中分布广泛，在土壤、动物肠道、植物表面、空气和水体等环境中都有分布,它们在生态系统中扮演着分解有机物的角色，特别是在纤维素和其他植物生物质的分解过程中发挥着重要作用,此外，其在生物技术、生物燃料、饲料添加剂、废水处理和生物降解等领域也具有潜在的应用前景[5]。

## 1 材料和方法

实验所加的沙福芽孢杆菌(*Bacillus safensis*, BS)和伊朗纤维单胞菌(*Cellulomonas iranensis*, CE)从华南农业大学树木园诱捕的台湾乳白蚁肠道中筛选得到。在竹粉干样基础上添加灭菌后的纯水，使样品含水量达到 70%，再分别添加 $1\times10^6$ colony-forming unit, CFU/g 沙福芽孢杆菌和伊朗纤维单胞菌，并以不添加任何添加剂作为对照组 CK。充分混合均匀后，每个样品取约 120g 装到聚乙烯塑料袋中，真空密封。共制作 18 袋青贮包（3 个处理×2 个发酵时间×3 个重复），室温保存，在青贮 14、30 天后，开袋测定干物质、粗纤维、中性洗涤纤维、酸性洗涤纤维、半纤维、pH 值、有机酸（乳酸，乙酸，丙酸和丁酸）。采用平板计数法测定微生物（乳酸菌、酵母菌、霉菌和大肠杆菌）数量。

## 2 结果和分析

竹粉在添加沙福芽孢杆菌和伊朗纤维单胞菌青贮 14、30 天后，发酵参数和微生物数目如表 1 所示。与对照组相比，添加沙福芽孢杆菌和伊朗纤维单胞菌在整个青贮过程中显著降低了竹粉青贮饲料的 pH 值（$P$<0.01）。在发酵 14 天后，经沙福芽孢杆菌处理的竹粉中大肠杆菌的数量显著减少（$P$<0.05）。发酵 30 天后，霉菌的数目低于检测值。有机酸测定结果表明，对照组相比，沙福芽孢杆菌和伊朗纤维单胞菌添加组在发酵 14 天后乳酸含量显著增加（$P$<0.05），乙酸含量增加极显著（$P$<0.01），丙酸含量均显著降低（$P$<0.05）。发酵 30 天后，两个处理组中丁酸含量均显著降低（$P$<0.05）。

纤维组分如表 2 所示。与对照组相比，在发酵 14 天时，添加沙福芽孢杆菌和伊朗纤维单胞菌使竹粉中的粗纤维、中性洗涤纤维和半纤维含量均有降低（$P$<0.05）。在发酵 30 天后，处理组中粗纤维和中性洗涤纤维含量都达到极显著降低效果（$P$<0.01），酸性洗涤纤维和半纤维素含量也显著降低（$P$<0.05）。

**表 1 沙福芽孢杆菌和伊朗纤维单胞菌对竹粉发酵参数和微生物数量的影响**

**Table 1** Silage fermentation quality of bamboo powder ensiled with or without *Bacillus safensis* and *Cellulomonas iranensis*

| 项目 | 发酵天数 | 处理 | | | 标准误 | 显著性 |
|---|---|---|---|---|---|---|
| | | CK | BS | CE | | |
| pH 值 | D14 | 5.29a | 4.43b | 4.59b | 0.18 | 0.01 |
| | D30 | 6.85a | 4.55b | 4.72b | 0.27 | 0.00 |
| 干物质 | D14 | 30.72b | 29.79b | 33.50a | 1.05 | 0.03 |
| （%FM） | D30 | 31.07a | 31.02a | 28.79b | 0.98 | 0.01 |
| 乳酸菌（lg cfu·g/FM) | D14 | 8.38 | 7.84 | 8.43 | 0.10 | 0.02 |
| | D30 | 8.36 | 8.00 | 8.49 | 0.16 | 0.48 |
| 霉菌（lg cfu·g/FM) | D14 | 5.64 | 5.38 | 5.12 | 0.16 | 0.37 |
| | D30 | 4.58 | - | - | - | - |
| 酵母菌（lg cfu·g/FM) | D14 | < | < | < | - | - |
| | D30 | < | < | < | - | - |
| 大肠杆菌（lg cfu·g/FM) | D14 | 7.09ab | 6.19b | 7.19a | 0.19 | 0.04 |

| | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|
| 粗蛋白（%DM） | D30 | 7.65 | 6.81 | 7.07 | 0.18 | 0.22 |
| | D14 | 3.78 | 3.84 | 3.93 | 0.26 | 0.08 |
| 氨态氮（%DM） | D30 | 4.00a | 3.90ab | 3.77b | 0.03 | 0.01 |
| | D14 | - | - | - | - | - |
| 乳酸（%DM） | D30 | - | - | - | - | - |
| | D14 | 6.15b | 15.88a | 9.47ab | 0.92 | 0.03 |
| 乙酸（%DM） | D30 | 6.61 | 12.65 | 8.12 | 0.47 | 0.57 |
| | D14 | 0.95b | 11.84a | 9.84a | 0.33 | <0.001 |
| 丙酸（%DM） | D30 | 10.00 | 14.03 | 10.20 | 0.12 | 0.74 |
| | D14 | 4.41 | 2.77 | 3.77 | 0.43 | 0.24 |
| 丁酸（%DM） | D30 | 3.47 | 1.49 | 1.61 | 0.21 | 0.39 |
| | D14 | 7.04 | 7.35 | 7.40 | 0.15 | 0.98 |
| | D30 | 6.25 | 2.16 | 5.03 | 0.41 | 0.19 |

注：同列处理组间不同小写字母表示差异显著（*P*<0.05)

**表 2 沙福芽孢杆菌和伊朗纤维单胞菌对青贮竹粉纤维组分的影响**

**Table 2** Fiber components of bamboo powder ensiled with or without *Bacillus safensis* and *Cellulomonas iranensis*

注：同列处理组间不同小写字母表示差异显著（*P*<0.05)

| 处理 | | 粗纤维(%DM) | 中性洗涤纤维(%DM) | 酸性洗涤纤维(%DM) | 半纤维素(%DM) |
|---|---|---|---|---|---|
| D14 | CK | 53.02a | 82.90a | 59.22a | 23.58a |
| | BS | 52.01ab | 81.56ab | 55.69b | 22.98ab |
| | CE | 50.67b | 80.13b | 57.14b | 22.29b |
| | 标准误 | 0.48 | 0.55 | 0.47 | 0.22 |
| | 显著性 | 0.01 | 0.03 | 0.01 | 0.06 |
| D30 | CK | 54.80a | 84.35a | 63.32a | 21.11a |
| | BS | 51.71b | 79.60c | 60.19b | 18.88c |
| | CE | 50.59c | 82.25b | 62.32b | 19.85b |
| | 标准误 | 0.58 | 0.37 | 0.27 | 0.20 |
| | 显著性 | <0.01 | 0.01 | 0.01 | <0.01 |

## 3 讨论和结论

本实验结果表明，添加沙福芽孢杆菌和伊朗纤维单胞菌可以有效降低竹粉发酵过程中的 pH 值、大肠杆菌数量、丙酸、丁酸含量和纤维素含量；显著增加乳酸含量。此次实验中，在添加沙福芽孢杆菌和伊朗纤维单胞菌后，青贮原料表面的附生微生物被利用并转化为可溶性糖以生成有机酸，而青贮原料的 pH 值会随着有机酸的积累而显著降低，使大肠杆菌和霉菌的生长受抑制。不良微生物的减少也使竹粉的青贮品质得到改善，提高了其利用价值。

参考文献：

【1】 张齐生.竹类资源加工及其利用前景无限[J].中国林业产业,2007,(03):22-24.

【2】 刘东鑫. 不同菌种处理对毛竹营养价值和瘤胃降解率影响的研究[D]. 浙江农林大学,2021.DOI:10.27756/d.cnki.gzjlx.2021.000088.

【3】 刘浩. 产阿魏酸酯酶菌株的筛选及其对秸秆纤维素的协同降解作用[D]. 河北农业大学,2022.DOI:10.27109/d.cnki.ghbnu.2022.000920.

【4】 陈欢,史子浩,吴春会,等.不同来源纤维素降解菌的筛选、鉴定及产酶能力的比较[J/OL].草地学报:1-8[2024-04-03].http://kns.cnki.net/kcms/detail/11.3362.S.20240319.1612.004.html.

【5】 章沙沙.纤维单胞菌和纤维微细菌絮凝剂研发及在污水处理中的初步应用[D].吉林大学,2023.DOI:10.27162/d.cnki.gjlin.2022.000779.

# 布氏乳杆菌对全株玉米青贮品质和有氧稳定性的影响

秦子旸[23]，陈雪[1]，张洪瑞[1]，郝迎辰[1]，玉柱[12]*

（1.中国农业大学草业科学与技术学院，北京 100193）

**摘要：**本试验旨在探讨布氏乳杆菌（*Lentilactobacillus buchneri*，LB）对通辽地区全株玉米青贮饲料发酵品质、营养成分和有氧稳定性的影响。全株玉米品种为“雨禾”，于蜡熟期收获后设置对照和布氏乳杆菌两个处理组，其中布氏乳杆菌添加量为$1\times10^6$ cfu/g，室温发酵 200 d 后取样分析。结果表明，添加布氏乳杆菌可显著提高全株玉米青贮后的乳酸含量（$P<0.05$）；布氏乳杆菌处理组的有氧稳定性优于对照组，其暴露于空气中维持温度稳定的时间长于对照组。综上所述，添加布氏乳杆菌能有效提高全株玉米的青贮品质和有氧稳定性，实现全株玉米青贮饲料的安全保藏。

**关键词：**全株玉米；布氏乳杆菌；青贮品质；有氧稳定性

# Effect of *Lentilactobacillus buchneri* on the quality and aerobic stability of whole-plant corn silage

Qin Zi-yang[1], Chen-Xue[1],Zhang Hong-rui[1], Hao Ying-chen[1], YU Zhu[12]*

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

**Abstract:** The aim of this experiment was to investigate the effect of additives on the fermentation quality, nutrient composition and aerobic stability of whole-plant corn silage in Tongliao city. The whole-plant corn hybrid was "Yuhe", and two treatment groups were set up after harvesting at the dough stage: control and *Lentilactobacillus buchneri* (LB), in which the amount of *L. buchneri* was added at $1\times10^6$ cfu/g, and the samples were taken and analyzed after 200 d of fermentation at room temperature.The results showed that the addition of *L. buchneri* had a significant effect on the lactic acid content of whole-plant corn silage ($P<0.05$); the aerobic stability of whole-plant corn silage with the addition of *L. buchneri* was better than that of the control group, and its time of exposure to air to maintain temperature stability was longer than that of the control group. In summary, the addition of *L. buchneri* can effectively improve the silage quality and aerobic stability of whole-plant corn and realize the safe preservation of whole-plant corn silage.

**Key words**: Whole-plant corn; *Lentilactobacillus buchneri*; Silage quality; Aerobic stability

## 1 前言

全株玉米（*Zea mays* L.）是我国推动农业结构调整和畜牧业转型升级的重要粗饲料，随着全株玉米青贮饲料产业的发展，真正实现了“藏粮于技、藏粮于草”。全株玉米青贮饲料具有生物产量高、营养丰富且品质优良等特点，通过生产品质优良的全株玉米青贮饲料能够有效解决牛羊等反刍动物养殖过程中优质粗饲料短缺的问题[错误!未找到引用源。]。由于环境、品质等因素的影响，在不同地区开展全株玉米青贮饲料的制作需要采用相应的技术策略。布氏乳杆菌作为一类异型发酵乳酸菌，在青贮过程中可以将产生的乳酸转化为

基金项目：国家重点研发计划“政府间国际科技创新合作”重点专项(2022YFE0111000)；青海省玉树州杂多县特色养殖业提质增效关键技术集成与示范(2022YFD1602305)；草食畜牧业增量提质科技创新合作（DL2023108002L）

作者简介：秦子旸（2000-），女，汉族，江苏扬州人，硕士研究生，研究方向为牧草生产与加工利用。 *通信作者：玉柱，教授，博士生导师，E-mail:yuzhu33150@sina.com；

乙酸和 1,2-丙二醇，促使 pH 值下降，抑制有害微生物的生长，进而提高青贮发酵品质和有氧稳定性。在青贮过程中，利用布氏乳杆菌（*L. buchneri*）制作的微生物添加剂能够发挥重要作用。有研究表明，玉米青贮过程中使用添加剂可以提高青贮饲料的营养价值，降低干物质损失。

本研究选择在通辽地区具有种植推广潜力的“雨禾”玉米品种作为研究对象，旨在探究添加剂对通辽地区玉米品种“雨禾”青贮品质的影响，为该地区全株玉米青贮饲料制作提供理论基础。

# 2 材料与方法

## 2.1 试验材料

本试验地位于内蒙古通辽市科尔沁左翼中旗国家现代农业产业园区，此处海拔为 178 m。供试青贮玉米品种为“雨禾”。玉米生育期间，平均温度≥10℃，活动积温 3 009.5℃，平均降雨量 435.5 mm，总日照时数 1 172.9 h。

## 2.2 青贮调制方法

玉米于蜡熟期乳线 2/3 时收获，将原材料粉碎切短至 2-3 cm，然后进行添加剂处理：1）添加布氏乳杆菌，添加量为 $1\times10^6$ CFU/g FW，由中国农业大学牧草生产与加工利用实验室提供；2）无添加剂（CK）作为对照，添加等量蒸馏水。将原料与添加剂混合均匀后装入 3 L 青贮桶中，青贮密度为 800 kg/m$^3$，每个处理 3 个重复，室温下发酵 200 d。

## 2.3 测定指标及方法

### 2.3.1 发酵品质

开罐后取样品 20 g 进行分析，倒入 180 mL 蒸馏水均匀搅拌，于 4 ℃下浸提 24 h 后过滤得浸提液，立即用 pH 计（pHS-3C）测定浸提液 pH，置于-20 ℃条件下保存备用。采用高效液相色谱法（HPLC）测定 LA、AA 和丙酸（propionic acid，PA）含量，采用苯酚-次氯酸钠比色法测定氨态氮（ammonia nitrogen，NH3-N）含量，利用粗蛋白质（crude protein，CP）测定的全氮来计算氨态氮/总氮。

### 2.3.2 营养成分

采用杨胜的方法测定 DM 含量；采用 AOAC（2003）测定 WSC 含量；采用范氏洗涤纤维法测定中性洗涤纤维（neutral detergent fiber，NDF）和酸性洗涤纤维（acid detergent fiber，ADF）含量；采用高氯酸水解-蒽酮比色法测定淀粉（starch）含量。

## 2.4 数据分析

试验数据经 Excel 2019 整理后，采用 SPSS 22.0 软件的独立样本 T 检验分析添加剂处理对全株玉米青贮品质的影响，$P<0.05$ 表示差异显著。数据结果以“平均值±标准差”表示。

# 3 结果与讨论

## 3.1 布氏乳杆菌对全株玉米青贮饲料发酵品质的影响

由表 1 可知，添加 LB 对全株玉米青贮后的 pH 值以及 $NH_3$-N/TN 比值无显著影响（$P>0.05$）。LB 处理对全株玉米青贮后的 LA 含量影响显著（$P<0.05$），LB 组的 AA 和 PA 略高于 CK 组，但无显著影响（$P>0.05$）。LB 能够在发酵后期将 LA 转化为 AA，从而抑制真菌防止饲料发生霉变，有利于全株玉米青贮饲料的长期贮存。本试验结果与此一致，表明了添加 LB 能较为有效地提高全株玉米的青贮品质。

表 1 布氏乳杆菌的添加对全株玉米青贮饲料发酵品质的影响

Table 1 Effect of LB on the fermentation quality of whole-plant corn silage

| 处理 Treatment | 项目 Items | | | | |
|---|---|---|---|---|---|
| | pH | LA | AA | PA | $NH_3$-N/TN |
| CK | 3.81±0.04 | 4.79±1.62$^b$ | 1.95±0.91 | 1.14±0.50 | 5.43±0.97 |
| LB | 3.85±0.02 | 7.72±0.38$^a$ | 2.99±0.40 | 1.61±0.43 | 5.08±0.31 |

注：同列数据肩标不同字母表示差异显著（$P<0.05$），相同字母或无字母表示差异不显著（$P>0.05$);下表同。

## 3.2 布氏乳杆菌对全株玉米青贮饲料营养成分的影响

由表 2 可知，添加 LB 对全株玉米青贮后的 WSC、Starch、NDF 以及 ADF 无影响（$P$>0.05）。LB 组的 DM 含量略高于 CK 组，但并无显著差异（$P$>0.05)。

表 2 布氏乳杆菌的添加对全株玉米青贮营养成分的影响

Table 2 Effect of LB addition on the nutrient composition of whole-plant corn silage

| 处理 Treatment | 项目 Items | | | | |
|---|---|---|---|---|---|
| | DM | WSC | Starch | NDF | ADF |
| CK | 29.58±3.19 | 1.00±0.03 | 28.34±1.14 | 38.61±1.44 | 21.80±1.07 |
| LB | 32.61±3.66 | 0.86±0.04 | 29.60±5.10 | 36.94±3.38 | 20.62±2.58 |

### 3.3 布氏乳杆菌对全株玉米青贮饲料有氧稳定性的影响

LB 能够有效改善青贮饲料的有氧稳定性，尽管其对有氧稳定性的提高程度不尽相同，但总体表现出了稳定的积极效应。由图 1 可知，LB 组全株玉米青贮饲料的有氧稳定时间为 48h，其暴露于空气中维持温度稳定的时间长于 CK 组，有氧稳定性优于 CK 组。

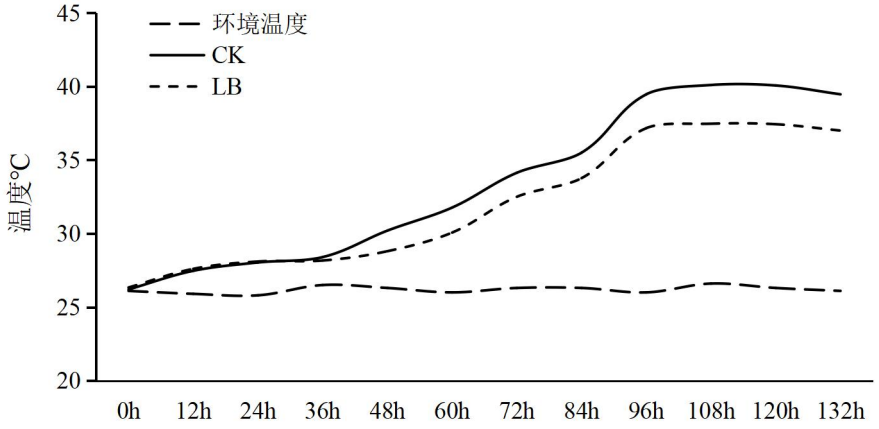



图 1 添加布氏乳杆菌对全株玉米青贮饲料有氧稳定性的影响

Fig. 1 Effect of LB addition on aerobic stability of whole-plant corn silage

## 4 结论

本研究结果表明，添加布氏乳杆菌能有效改善“雨禾”全株玉米青贮品质和有氧稳定性，提高全株玉米青贮饲料的贮藏能力。

## 参考文献

略

# 不同饲养方式对肉羊代谢组学的影响

魏慧情[1,2]，陈　瑶[1,2]，张孝安[1]，赵梦宇[1]，孙义铭[1]，张子军[1,3]，任春环[1,3]，

黄桠锋[1,2,3]*

安徽农业大学 动物科技学院，安徽 合肥 230031； 2. 颍县农业绿色发展推进中心,安徽 颍上 236200; 3. 定远县现代农业技术合作推广中心,安徽 定远 233200）

**摘　要：**随着现代分子生物技术的发展，组学技术已逐渐应用到绵羊领域的研究中。饲养模式慧对瘤胃微生物中代谢组学产生影响。本研究以全舍饲饲养模式（CON）为对照组、舍饲加短时放牧饲养（2 h/天，G2）和舍饲加限时放牧饲养（4 h/天、G4）模式为试验组，5 月龄黄淮肉羊母羔羊为供试家畜，探究不同饲养模式对绵羊瘤胃微生物区系和代谢产物的影响，以期为我国肉羊饲养技术改变与升级，提供新的思路和靶点，主要结果如下：通过代谢组学分析发现，G4 和 CON 组瘤胃液之间有 175 种代谢物存在显著差异（$P < 0.05$，VIP > 1），其中上调的有 83 种，下调的有 92 种；G2 和 CON 组瘤胃液之间有 140 种代谢物存在显著差异（$P < 0.05$，VIP > 1），其中上调的有 78 种，下调的有 62 种；G2 和 G4 组瘤胃液之间有 58 种代谢物存在显著差异（$P < 0.05$，VIP > 1），其中上调的有 33 种，下调的有 25 种；G2，G4，CON 三组瘤胃液之间有 128 种代谢物存在显著差异（$P < 0.05$，VIP > 1）。

**关键词：**饲养方式；肉羊；代谢组学

基金项目：国家自然科学基金青年基金(31772566)农区“草食畜牧业-种植业”养分综合平衡生产技术应用试验(23339045)；财政部和农业农村部国家现代农业产业技术体系(CARS-38)

作者简介：魏慧情（1998-），女，安徽阜阳人，在读硕士生，主要从事不同饲养模式下肉羊生长性能的营养调控研究。E-mail:3177740147@qq.com

通讯作者：黄桠锋（1989-），男，安徽黄山人，讲师，硕士生导师，主要从事草畜一体化工作。E-mail: huangyafeng316@163.com

## 1 瘤胃微生物群：16s rDNA 测序技术

根据制造商的说明，使用 E.Z.N.A.Soil DNA 试剂盒从每份 2mL 均质化的瘤胃液样品中提取瘤胃微生物基因组 DNA，然后利用 2%琼脂糖凝胶电泳和 NanoDrop 2000 分光光度计（Thermo Fisher83 Scientific，Wilmington，DE，USA）检测 DNA 浓度和纯度，使用无菌水稀释样品至 1 ng·μL−1。通过 PCR 扩增 16S 核糖体 DNA 基因的 V3-V4 高变区，再使用引物前序列 338F（F:5’-ACTCCTACGGGAGGCAGCA-3’）和引物后序 806R（R:5’-GGACTACHVGGGTWTCTAAT-3’）进行一次扩增。然后通过 Quant-iT PicoGreen dsDNA 测定试剂盒和微孔板读取器（BioTek，FLx800）对 PCR 产物进行定量。使用 Illumina MiSeq 平台进行群落 DNA 片段的配对末端测序。

为了保证测序质量，目标片段的测序长度为 200~450bp。使用 DADA2[0] 方法进行引物去除、质量过滤、去噪、剪接和嵌合体去除步骤，它不再具有相似性聚类，而是去复制或等效于 100%相似性聚类。使用 DADA2 进行质量控制后生成的每个去重复序列称为 ASV，这些序列在样本中的丰度表称为特征表（对应于 OTU 表）。Greengenes 数据库、Silva 数据库和 UNITE 数据库用于物种分类学注释 [0-30]。对门、纲、目、科、属和种进行了分类。使用 QIME2（2019.4）对所有数据进行水准测量，以实现相同的测序深度水平，

并且水准测量深度设置为最小样本序列大小的 95%。采用 QIME2（2019.4）和 R 语言对物种丰富度和多样性进行了评价。Chao1[4]和观测物种指数用于表征物种丰富度，Shannon[0] 和 Simpson[0] 指数用于表征多样性，Faith 的 PD[0] 指数用于描述基于进化的多样性。Pielou[0] 的均匀度指数用于表征均匀度，Good[0] 的覆盖度指数用于描述覆盖度。

# 2. 代谢组学测定

### 2.1 瘤胃液的代谢组学分析

根据先前描述制备瘤胃液样本，将样本进行质控后，使用 Thermo Vanquish（Thermo FiCONr Scientific, USA）超高效液相系统并结合 Thermo Orbitrap Exploris 120 质谱检测器（Thermo FiCONr Scientific，USA）、电喷雾离子源（ESI）、正负离子模式收集数据。正离子喷射电压为 3.50kV，负离子喷射电压是-2.50kV，鞘气是 30arb，辅助气体是 10arb。毛细管温度为 325°C，以 60000 的分辨率进行一阶全扫描。一阶离子扫描范围为 m/z 100～1000，二阶解理采用 HCD 进行。碰撞电压为 30%，二阶分辨率为 15000。收集信号的前四个离子进行碎片化，并通过动态排除去除不必要的 MS/MS 信息 [0, 0]。

超高效液相色谱和串联质谱液相条件主要包括：

色谱柱：ACQUITY UPLC® HSS T3（2.1×150 mm, 1.8 μm）(Waters, Milford, MA, USA)；

流动相：在正离子模式下，流动相为 0.1%甲酸-乙腈（C）和 0.1%甲酸-水（D），处于负离子模式下，流动相为乙腈（A）和 5mM 甲酸铵-水（B）；

洗脱梯度：在正离子模式下，梯度洗脱程序为：0～1min，2%C；1~9 分钟，2%~50%C；9～12min，50%~98%C；12-13.5 分钟，98%的 C；13.5-14 分钟，98%-2%的 C；14~20 分钟，2%C；在负离子模式下，梯度洗脱程序为：0～1min，2%A；1-9 分钟，2%-50%A；9-12 分钟，50%-98%A；12-13.5 分钟，98%A；13.5-14 分钟，98%-2%A；14-17 分钟，2%A；

流速：设定为 0.25 mL/min，柱温 40℃，进样量 2μL。

### 2.2 代谢组学数据分析

通过 Proteowizard 软件包（v3.0.8789）中的 MSCONvert 工具用于将原始 MS 文件转换为 mzXML 文件格式 [0]。采用 RXCMS 软件包进行峰值检测、峰值过滤和峰值比对，以获得物质的定量清单 [0]。参数设置为 bw=2，ppm=15，峰值宽度=c（5,30），mzwidd=0.015，mzdiff=0.01，方法="centWave"。使用公共数据库 HMDB[0]、massbank[0]、LipidMaps[0]、mzcloud[0]、KEGG[0] 和自建物质库来识别这些物质，并将参数设置为 ppm 30%。基于 QC 样本的 LOESS 信号校正方法实现数据矫正，消除系统误差。数据质控中过滤掉 QC 样本中 RSD > 30%的物质。使用 R 软件包 Ropls 对样本数据进行主成分分析（PCA）、偏最小二乘判别分析（PLS-DA）和正交偏最小二乘判别法（OPLS-DA）[0]。绘制了评分图、负荷图和 S-plot 图，以显示样品之间代谢物组成的差异。采用置换试验方法对模型进行了拟合试验。R2X 和 R2Y 分别表示所建模型对 X 和 Y 矩阵的解释率。Q2 表示模型的预测能力。它们的值越接近 1，表明模型的拟合程度就越好，训练集的样本可以越准确地划分为它们的原始属性。根据统计检验计算 *P* value 值，通过 OPLS-DA 降维法计算变量投影重要性（VIP），并使用倍数变化计算分量差倍数。测定了各代谢物组分含量对样品分类判别的影响强度和解释能力，并协助标志代谢物的筛选。当 *P* value 值为 1 时，代谢物分子被认为具有统计学意义。采用 MetaboAnalyst[0] 软件包用于对筛选出的差异代谢分子进行功能途径富集和拓扑分析。通过 KEGG Mapper 可视化工具浏览富集的途径，以获得差异代谢物和途径图。

# 3.统计与分析

采用 SPSS 25.0 软件进行统计分析。采用单因素卡方检验对不同处理组绵羊的生长性能和瘤胃发酵参数进行了分析。通过 Duncan 多重比较检验确定 CON、G2 和 G4 组之间的显著差异。Kruskal–Wallis 总和秩检验用于比较微生物相对丰度和α多样性指数（GraphPad Prism，9.0 版）。采用 Pearson 相关法计算瘤胃微生物群与代谢组学数据的相关性及其 *P* 值，统计学意义为 $P < 0.05$。

# 4 讨论：

## 4.1 不同饲养模式对黄淮肉羊瘤胃差异代谢物的影响

瘤胃代谢组学研究表明，不同饲养模式主要改变绵羊瘤胃代谢产物的组成，包括一些氨基酸的生物合成（缬氨酸、亮氨酸和异亮氨酸生物合成，L-Targinine）以及嘌呤和嘧啶代谢（UDP；dTMP；胞苷；绵羊的氨基酸、碳水化合物和维生素代谢途径如 5'-磷酸伪尿苷等存在显著差异）。氨基酸是肽和蛋白质合成的关键成分，在瘤胃菌群的生长中起着至关重要的作用[0]。研究表明，瘤胃微生物可以利用瘤胃中的含氮化合物合成氨基酸，较高的日粮蛋白质水平可能是导致瘤胃氨基酸差异的关键因素[0]。

精氨酸是一种必需氨基酸，通过尿素循环调节代谢，提高反刍动物的生长性能和饲料利用率[04~0]，精氨酸浓度与饲料摄入量比例呈负相关[0]。在本研究中，全舍饲组精氨酸含量显著增加，这可能是由于舍饲组不以饲草为食，促进了精氨酸的合成。吡哆醛作为维生素 B6 的主要活性形式，参与氨基酸、葡萄糖、脂质代谢等[错误!未找到引用源。]。维生素 B6 缺乏会导致体重增加、厌食和腹泻，这是由瘤胃酸中毒引起的[错误!未找到引用源。]。本研究表明，舍饲可以影响瘤胃中吡哆醛和维生素 B6 的含量，避免瘤胃酸中毒，改善反刍动物的健康。因此，不同的饲养模式不仅可以影响动物的新陈代谢，还可以提高机体的免疫力。

瘤胃微生物与代谢产物之间的相互作用会影响宿主的表型特征[错误!未找到引用源。8090]。Zhang[0]等认为反刍动物微生物区系和代谢产物的变化与动物机体的生长发育和健康免疫密切相关[0]。本实验结果表明，优势菌群与差异代谢产物之间存在显著的正相关或负相关。KEGG 数据库注释称，这些差异代谢产物的代谢途径主要包括脂肪酸代谢、氨基酸代谢、嘌呤代谢、视黄醇代谢等。γ-亚麻酸二单酯是 G2 组和 CON 组之间的差异代谢产物，与琥珀酸弧菌具有显著的正相关，γ-亚麻油酸二单酯为酯化合物，是不饱和脂肪酸生物合成的主要成分之一，L-苯丙氨酸是 G4 组和 CON 组之间的差异代谢产物。它与琥珀酸具有显著的正相关，并参与动物体内苯丙氨酸的代谢。苯丙氨酸通过端粒酶产生酪氨酸，酪胺的含量与绵羊的生长性能呈正相关[0]。黄嘌呤是 G4 组和 CON 组之间的差异代谢产物。它与假丁病毒呈显著负相关，并参与动物的嘌呤代谢。黄嘌呤和次黄嘌呤被认为是微生物蛋白质合成的生物标志物[0]。这些发现表明，放牧加补饲更有利于微生物蛋白质合成。总之，瘤胃菌群可以通过不同的饲养模式进行调节，影响瘤胃代谢产物的产生，从而提高机体的生长性能。

# 5 结果：

不同饲养模式对绵羊瘤胃代谢产物影响显著，舍饲加短时放牧和全舍饲组瘤胃液之间有 140 种代谢物存在显著差异，其中上调的有 78 种，下调的有 62 种；G4 和 CON 组瘤胃液之间有 175 种代谢物存在显著差异，其中上调的有 83 种，下调的有 92 种；G2 组和 G4 组之间的 58 种代谢产物存在显著差异，其中 33 种上调，25 种下调。


参考文献 References：

Benjamini Y, Hochberg Y. Controlling the false discovery rate: a practical and powerful approach to multiple testing[J]. Journal of the Royal Statistical Society: Series B (Methodological), 1995, 57(1): 289-300.

Desantis T Z, Hugenholtz P, Larsen N, et al. Greengenes, a chimera-checked 16S rRNA gene database and workbench compatible with ARB[J]. Applied and Environmental Microbiology, 2006, 72(7): 5069-5072.

Christian Q, Elmar P, Pelin Y, et al. The SILVA ribosomal RNA gene database project: improved data processing and web-based tools[J]. Nucleic Acids Research, 2012, 41(Database issue): D590-D596.

Kõljalg U, Nilsson R H, Abarenkov K, et al. Towards a unified paradigm for sequence-based identification of fungi[J]. Molecular Ecology 2013, 30: 5271-5277.

Chao A. Nonparametric estimation of the number of classes in a population[J]. Scandinavian Journal of Statistics, 1984, 40: 265-270.

Shannon C E. A mathematical theory of communication[J]. The Bell System Technical Journal, 1948, 27(3): 379-423.

Simpson E H. Measurement of diversity[J]. Nature, 1949, 163(4148): 688-688.

Faith D P. Conservation evaluation and phylogenetic diversity[J]. Biological Conservation, 1992, 61(1): 1-10.

Pielou E C. The measurement of diversity in different types of biological collections[J]. Journal of Theoretical Biology, 1967, 15(1): 177-177.

Good J. The population frequency of species and theestimation of the population parameters[J]. Biometrics , 1958, 40: 237-246.

Zelena E, Dunn W B, Broadhurst D, et al. Development of a robust and repeatable UPLC− MS method for the long-term metabolomic study of human serum[J]. Analytical Chemistry, 2009, 81(4): 1357-1364.

Want E J, Perrine M, Filippos M, et al. Global metabolic profiling of animal and human tissues via UPLC-MS[J]. Nature Protocols, 2013, 8(1): 17-32.

Smith C A, Want E J, O'Maille G, et al. XCMS: processing mass spectrometry data for metabolite profiling using nonlinear peak alignment, matching, and identification[J]. Analytical Chemistry, 2006, 78(3): 779-787.

Navarro-Reig M, Jaumot J, García-Reiriz A, et al. Evaluation of changes induced in rice metabolome by Cd and Cu exposure using LC-MS with XCMS and MCR-ALS data analysis strategies[J]. Analytical and Bioanalytical Chemistry, 2015, 407: 8835-8847.

Wishart D S, Tzur D, Craig K, et al. HMDB: the human metabolome database[J]. Nucleic Acids Research, 2007, 35(Database issue): D521-D526.

Horai H, Arita M, Kanaya S, et al. MassBank: a public repository for sharing mass spectral data for life sciences[J]. Journal of Mass Spectrometry, 2010, 45(7): 703-714.

Manish S, Eoin F, Dawn C, et al. Lmsd: lipid maps structure database[J]. Nucleic Acids Research, 2007, 35(Database issue): D527-D532.

Abdelrazig S, Safo L, Rance G A, et al. Metabolic characterisation of Magnetospirillum gryphiswaldense MSR-1 using LC-MS-based metabolite profiling[J]. RSC Advances, 2020, 10(54): 32548-32560.

Kanehisa M, Goto S. KEGG: kyoto encyclopedia of genes and genomes[J]. Nucleic Acids Research, 2000, 28(1): 27-30.

Thévenot E A, Roux A, Xu Y, et al. Analysis of the human adult urinary metabolome variations with age, body mass index, and gender by implementing a comprehensive workflow for univariate and OPLS statistical analyses[J]. Journal of Proteome Research, 2015, 14(8): 3322-3335.

Jianguo X, Wishart D S. Web-based inference of biological patterns, functions and pathways from metabolomic data using MetaboAnalyst[J]. Nature Protocols, 2011, 6(6): 743-760.

Andersen O T, Kunath J B, Hagen H L, et al. Rumen metaproteomics: closer to linking rumen microbial function to animal productivity traits[J]. Methods, 2020, 186: 42-51.

Zhang Z, Shahzad K, Shen S, et al. Altering dietary soluble protein levels with decreasing crude protein may be a potential strategy to improve nitrogen efficiency in hu sheep based on rumen microbiome and metabolomics[J]. Frontiers in Nutrition, 2022, 8: 815358.

Bahram C, Hongyun L, Diming W, et al. Potential role of N-carbamoyl glutamate in biosynthesis of arginine and its significance in production of ruminant animals[J]. Journal of Animal Science and Biotechnology, 2013, 4(1): 1-6.

Park Y, Park J, Park S, et al. Enhanced cellular uptake and pharmacokinetic characteristics of doxorubicin-valine amide prodrug[J]. Molecules, 2016, 21(10): 1272-1272.

Yang Z, Htoo K J, Liao F S. Methionine nutrition in swine and related monogastric animals: beyond protein biosynthesis[J]. Animal Feed Science and Technology, 2020, 268: 114608.

Kaiyue P, Shatuo C, Yingkui Y, et al. Dietary forage to concentrate ratios impact on yak ruminal microbiota and metabolites[J]. Frontiers in Microbiology, 2022, 13: 964564.

Saleem F, Bouatra S, Guo A C, et al. The bovine ruminal fluid metabolome[J]. Metabolomics, 2013, 9: 360-378.

Mao S Y, Huo W J, Zhu W Y. Microbiome–metabolome analysis reveals unhealthy alterations in the composition and metabolism of ruminal microbiota with increasing dietary grain in a goat model[J]. Environmental Microbiology, 2016, 18(2): 525-541.

Canfeng H, Jing T, Ping T, et al. Feeding a high concentration diet induces unhealthy alterations in the composition and metabolism of ruminal microbiota and host response in a goat model[J]. Frontiers in Microbiology, 2017, 8: 138.

Zhang J, Shi H, Wang Y, et al. Effect of dietary forage to concentrate ratios on dynamic profile changes and interactions of ruminal

microbiota and metabolites in holstein heifers[J]. Frontiers in Microbiology, 2017, 8: 2206.
XiaoLing Z, TianWei X, XunGang W, et al. Effect of dietary protein levels on dynamic changes and interactions of ruminal microbiota and metabolites in yaks on the Qinghai-Tibetan plateau[J]. Frontiers in Microbiology, 2021, 12: 684340-684340.
Ferreira P D V A, Cominotte A, Ladeira M M, et al. Feedlot diets with soybean oil, selenium and vitamin E alters rumen metabolism and fatty acids content in steers[J]. Animal Feed Science and Technology, 2020, 260: 114362-114362.
Ametaj N B, Zebeli Q, Saleem F, et al. Metabolomics reveals unhealthy alterations in rumen metabolism with increased proportion of cereal grain in the diet of dairy cows[J]. Metabolomics: Official Journal of the Metabolomic Society, 2010, 6(4): 583-594.

# 基于 CiteSpace 对冬虫夏草寄主蝙蝠蛾的研究热点及趋势的可视化分析

肖梦君，何 敏 ，唐楚煜，王 涛，贺 辉 ，曹正飞，李秀璋*,李玉玲*

(青海大学畜牧兽医科学院，青海，西宁 810016）

**摘 要**：冬虫夏草是我国青藏高原特产的传统名贵中药是冬虫夏草菌（*Ophiocordyceps sinensis*）侵染蝙蝠蛾幼虫形成的虫菌结合体。冬虫夏草的昆虫寄主种属于鳞翅目（Lepidoptera）蝙蝠蛾科（Hepialidae）。自 20 世纪 50 年代末以来，研究人员对冬虫夏草寄主的种类进行了大量的研究，截止至 2023 年现冬虫夏草菌潜在寄主昆虫有 63 种。本研究全面检索 Web of Science（WoS）和中国知网（CNKI）从 1965 年 12 月 27 日至 2023 年 7 月 22 日关于冬虫夏草寄主蝙蝠蛾研究的相关文献，经手动筛选最终纳入中文文献 547 篇、英文文献 358 篇。采用 Microsoft Excel 2018 对蝙蝠蛾研究的年发文量绘图，利用 CiteSpace 6.1.R3 文献计量学工具绘制蝙蝠蛾研究的作者、机构、关键词共现、关键词聚类及关键词突现知识图谱。结果显示，有关蝙蝠蛾研究的中英文文献总体均呈线性增长趋势，中文文献发文量于 2016 年达到顶峰，英文发文量于 2021 年达到顶峰，且目前的研究热度不断攀升。陈仕江、Cao Li 分别为中、英文文献发文量最多的作者，从作者单位角度分析英文文献发文作者绝大多数来自国内，因此中国相关研究机构为冬虫夏草研究领域的主力军。重庆市中药研究院、Chinese Academy of Sciences 分别为中、英文文献发文量最多的机构，且英文文献形成了以 Chinese Academy of Sciences 为首的核心发文机构。中、英文关键词分析显示蝙蝠蛾幼虫的研究热点集中在种类及分布、生物学特性、人工饲养等方面，其中如何通过人工侵染技术提高蝙蝠蛾的感染率依然是技术难题。优质冬虫夏草菌的筛选和寄主蝙蝠蛾的驯化，以及寄主与菌种间的最优化配置将是未来研究的热点。本文可为今后蝙蝠蛾研究的选题和前沿分析提供一定的借鉴。

关键词：寄主昆虫; Web of Science; 中国知网; 发文趋势;文献计量学

基金项目：青海省重大科技专项(2021-SF-A4);中国科学院青海省人民政府三江源国家公园联合专项(LHZX-2022-01).
作者简介：肖梦君，女，硕士研究生，研究方向为冬虫夏草，E-mail: 1281459073@qq.com
*通讯作者: 李玉玲，女，研究员，主要从事冬虫夏草研究。E-mail: yulingli2000@163.com；李秀璋，男，副研究员，主要从事冬虫夏草研究。E-mail: xiuzhang@163.com

冬虫夏草为麦角菌科真菌冬虫夏草菌（*Ophiocordyceps sinensis*）寄生在蝙蝠蛾科昆虫幼虫上的子座与幼虫尸体的干燥复合体[0]。自 1965 年朱弘复首次报道冬虫夏草的寄主昆虫以来[0]，众多研究人员相继对冬虫夏草寄主昆虫进行了报道[0]，尤其是杨大荣等人多年来对冬虫夏草的寄主昆虫的遗传特性、微量元素及室内人工饲养进行了深入的调查和研究[0]。

冬虫夏草寄主昆虫的地理分布有其特定规律，如仅分布于青海、西藏、四川、云南、甘肃五省，海拔分布范围在 3000～5100m 及其以上的某些地区[0]。冬虫夏草寄主蝠蛾为完全变态昆虫，生活周期包含卵期、幼虫期、蛹期和成虫期四个阶段。自然条件下，蝠蛾科昆虫完成一个生活史需要 3~6 年，时间长短因种类和产地不同而异。卵期一般 30~70 天，幼虫期漫长，且在土下生活，蝠蛾的天敌主要为真菌、昆虫、线虫以及哺乳动物[00]。

冬虫夏草寄主蝙蝠蛾研究内容复杂，多篇文献报道互相矛盾，不能全面得知其研究全貌与前沿动态，科学知识图谱是体现科学知识演化过程与结构关系的一种图像[0]。CiteSpace 软件是借助于 Java 系统运行的一款可视化工具，研究人员能选取指定领域文献进行定性定量分析，通过科学知识图谱的绘制探寻领域内的热点、学科发展前景，由于其具有直观、多角度的特点，在多种领域得到了广泛应用，故通过收集中国知网文献数据库从 1965 年 12 月 27 日至 2023 年 7 月 22 日期间相关文献，利用 CiteSpace6.1R3 软件对冬虫夏草寄主蝙蝠蛾的发文趋势、作者、机构和关键词进行可视化分析，探究该领域在此期间的研究现状、热点与趋势，为后续科学研究提供参考。

# 1 材料与方法

## 1.1 资料来源及数据处理

中文文献来源于中国知网（CNKI）数据库，以主题为限定字段，检索主题词为“蝙蝠蛾”“蝠蛾”“冬虫夏草寄主”,检索条件设置为“精确”数据下载日期为 1965 年 12 月 27 日至 2023 年 7 月 22 日，经手动筛选后共检索到中文文献 547 篇。英文文献来源于 Web of Science（WoS），主题词检索参照 Wang & Yao（2010）文献中报道的冬虫夏草寄主蝙蝠蛾种类，以确定寄主种名 *Hepialus* yushuensis、*Hepialus* xiaojinensis、*Hepialus* baimaensis 等为检索词。检索条件设置为“精确”,据文献记载朱弘复于 1965 年首次提出冬虫夏草的寄主为虫草蝙蝠蛾。因此数据下载日期为 1965 年 12 月 27 日至 2023 年 7 月 22 日，经手动筛选后共检索到英文文献 358 篇，将记录导出于纯文本文件，记录内容为全引用与参考文献。

## 1.2 纳入标准

研究主题选择符号冬虫夏草寄主蝙蝠蛾研究的相关期刊论文，如与冬虫夏草寄主蝙蝠蛾相关的生物学特性、人工培育、系统分类、种类、地理分布以及分子系统学方面的研究等。

## 1.3 排除标准

采用人工手动筛选，排除明显不符合冬虫夏草寄主蝙蝠蛾主题相关的重复发表、会议、报纸、新闻等文献如低海拔的蝙蝠蛾昆虫、高温下培养的冬虫夏草寄主、未严格鉴定（如分子鉴定）的蝙蝠蛾，提高文献数据的检索性和科学性。

## 1.4 数据处理

CNKI 数据库选择“RefWorks”,以“纯文本”格式导出，命名为“download_XX.txt”。将纳入的中文文献导入 CiteSpace 6.1.R3 软件进行可视化分析。参数设置：“Time Slicing（时间分隔）”为 1965 年—2023 年；“Years Per Slice”（最小统计时间）”为 1 年；“Term Source（主题词来源）”选择 Title、Author Keywords、Institution 和 Keywords Plus；“Node Types”（节点来源）分别选择 keyword、Author、institution；对冬虫夏草寄主蝙蝠蛾中英文文献历年发文量、作者、机构合作、关键词共现与聚类等进行解读，并绘制可视化图谱。

**参考文献**:


【1】 国家药典委员会.中华人民共和国药典：一部[M]. 北京：中国医药科技出版社，2020,119.

【2】 朱弘复.冬虫夏草的寄主昆虫是虫草蝙蝠蛾[J].昆虫学报,1965(06):620-621.

【3】 孙涛,汤德相,代永东等.白马蝠蛾与云南蝠蛾微生物群落多样性与功能预测比较分析[J].应用昆虫学报,2021,58(06):1277-1294.

【4】 丘雪红,曹莉,韩日畴.冬虫夏草与产地植物及土壤的重金属含量测定[J].环境昆虫学报，2020，42（02）：267-273.

【5】 李文佳,李全平,魏再鸿等.土壤和植物对冬虫夏草寄主昆虫规模化饲养的影响[J].菌物学报,2016,35(04):467-475.

【6】 易杰群,邹志文,郭技星等.冬虫夏草寄主蒲氏钩蝠蛾雄成虫触角感受器的观察[J].环境昆虫学报,2016,38(01):31-37.

【7】 李全平,贺媛,刘杰明等.冬虫夏草寄主昆虫选育及生殖退化研究[J].菌物学报,2016,35(04):456-466.

【8】 Li Y，Wang X L，Jiao L，et al． A survey of the geographic distribution of *Ophiocordyceps sinensis*［J］.Journal of Microbiology，2011，49( 6) : 913．

【9】 陈仕江，金仕勇．国内冬虫夏草寄主研究概况［J］.时珍国药研究.1992,3(1):37.

【10】 杨大荣，彭艳琼，陈吉岳，等． 中国冬虫夏草分布格局与环境变化对其分布的影响． 中国草地学报． 2010，32( z1) : 22.

【11】 杨大荣，李朝达，舒畅，等，中国蝠蛾属昆虫种类和地理分布研究［J］.昆虫学报，1996，39( 4) : 413.

【12】 郭技星,易杰群,张古忍.冬虫夏草寄主蒲氏钩蝠蛾幼虫的毛序[J].环境昆虫学报,2016,38(01):38-42.

【13】 雷桅,彭青云,张古忍等.冬虫夏草菌在寄主钩蝠蛾幼虫中的潜伏侵染过程研究[J].环境昆虫学报,2015,37(02):387-392.

【14】 陈悦,、刘则渊.悄然兴起的科学知识图谱[J]. 科学学研究, 2005, 23(2):149-154.

【15】 康英豪,张汛,敖良根等.基于 CiteSpace 与 VOSviewer 的污泥磷回收研究热点分析[J].现代化工,2023,43(S1):4-10.

# 植物乳杆菌与酶对中药渣青贮发酵品质的影响

年雪妍[1]，陈丹丹[1]，张庆[24*]

（1.华南农业大学林学与风景园林学院，广东 广州，510642）

**摘要：**为探究植物乳杆菌与酶对中药渣青贮发酵品质的影响，中药渣 1(黄芪、山药与茯苓混合中药渣，CMR1)和中药渣 2(柴胡中药渣，CMR2)用植物乳杆菌(*Lactobacillus Plantarum*，LP)与酶(纤维素酶(Cellulase，CE)、果胶酶(Pectinase，PE)和木聚糖酶(Xylanase，XY))分别组合添加进行处理，以不添加组作为对照（CK）。青贮 34 天后，开袋取样测定青贮发酵品质。结果表明：与对照相比，LP 与不同酶组合添加处理均降低了两种 CMR 的 pH 值，纤维素含量和氨态氮含量($P$<0.05)，LP+CE 和 LP+XY 处理增加了 CMR1 的粗蛋白含量，同时 LP+CE 处理显著减少了 CMR1 的氨态氮含量($P$<0.05)。总的来说，添加 LP 和不同酶有助于改善 CMR 青贮发酵品质和蛋白保存。

**关键词**：中药渣；植物乳杆菌；酶制剂；青贮品质

# Effects of *Lactobacillus plantarum* and Enzymes on Silage Fermentation Quality of Chinese Medicine Residue

Xueyan Nian[1], Dandan Chen [1], Qing Zhang[1]

College of Forestry and Landscape Architecture, South China Agricultural University, Guangdong Guangzhou 510642)

**Abstract**： To investigate the effects of *Lactobacillus plantarum* (LP) and enzymes on the silage fermentation quality of Chinese medicine residue, Chinese medicine residue 1(mixed traditional Chinese medicine residue of Astragalus membranaceus, Chinese yam and Poria cocos, CMR1) and Chinese medicine residue 2 (Chaihu traditional Chinese medicine residue, CMR2) were treated with a combination of Lactobacillus Plantarum (LP) and enzymes (Cellulase (CE), Pectinase ( Pectinase, PE) and xylanase (Xylanase, XY)) were added in separate combinations for treatment, and the no-addition group was used as control (CK). After 34 days of silage, samples were taken from open bags to determine silage fermentation quality. The results showed that compared with the control, the treatments of LP and different enzymes added in combination decreased the pH, fibre content and ammoniacal nitrogen content of both CMRs ($P<0.05$), and the treatments of LP+CE and LP+XY increased the crude protein content of CMR1, while the treatment of LP+CE significantly decreased the ammoniacal nitrogen content of CMR1 ($P<0.05$). In summary, addition of LP and different enzymes helped to improve CMR silage fermentation quality and protein conservation.

**Key words**: Chinese medicine residue; *Lactobacillus Plantarum*; Enzyme; Silage quality

近年来，中药事业发展迅速，随之而来的中药渣问题也引起了人们的广泛关注。根据统计，中国中药渣的年排放量可高达 6000 万 t~7000 万 t[1]。目前，企业和医疗机构对中药废弃物处理的常用方法为简单的堆放、填埋、焚烧等,然而中药渣大多为湿物料，异味重、易腐烂，这些处理方式会对土壤、空气质量、水质造成严重的污染。中草药受提取工艺的影响，药用成分提取后的药渣仍然含有大量的营养物质和生物活性物质[2]，将中药渣加工调制成非常规饲料可能能够提高中药渣资源利用，并有助于解决农业饲料短缺问

[24]**基金项目**：广东省基础与应用基础研究基金项目（2020A1515011253）资助

**作者简介**：年雪妍(2001-)，女，汉族，内蒙古包头人，研究方向牧草青贮加工，硕士研究生，电话：13088569695，E-mail:1377606830@qq.com；*通讯作者 Author for correspondence，E-mail:zqing1988@126.com

题。中药渣主要是由于植物源中药中存在植物细胞壁，其中大量的活性成分不易被动物利用。因此，为了提高中药渣利用率，对中药渣进行微生物发酵处理。发酵不仅能够破坏中草药的细胞壁、降解纤维素、释放活性成分，还能减少药渣的毒副作用，提高饲喂安全性；同时微生物中的有益菌及其代谢产物还能发挥营养、化学和生物屏障作用，改善动物肠道菌群、促进动物生长发育。青贮是微生物厌氧发酵的过程，时常因为不良微生物的生长影响其发酵品质。植物乳杆菌是同型发酵乳酸菌，是在青贮发酵过程中添加植物乳杆菌可以加速饲料发酵进程，增加有机酸含量，降低 pH 值，抑制有害菌的活动从而降低饲草营养损耗。纤维素酶(Cellulase，CE)是一种能够专一性降解纤维素的高活性生物催化剂。在青贮中添加纤维素酶可以使结构性碳水化合物更易被水解利用，从而有效地缩短厌氧发酵周期、促进乳酸发酵[3]。果胶酶（Pectase，PE），是一类能够有效分解果胶质的酶，生产饲料时，碱性果胶酶能够与纤维素酶、半纤维素酶混合，降解植物细胞壁中的果胶和纤维，同时释放出淀粉、蛋白质、维生素等物质，进而提高饲料的营养价值。此外，在饲料中添加碱性果胶酶，还可以调整饲料黏度，从而使动物对饲料的营养物质吸收效果提升[4]。木聚糖酶（Xylanase，XY）可以使木聚糖类半纤维素降解为低聚糖与木糖，将青贮原料细胞壁的表面结构打破，令纤维素网状结构变得松散，比表面积增大，从而使饲料更易被瘤胃微生物附着与分解，进而提高饲料的消化率[5]。

## 1 材料和方法

试验所用的废弃中药渣，于佛山某中药饮品加工企业收集得到，分别命名为中药渣 1(黄芪 *Astragali Radix*、山药 *Dioscorea Opposita* 与茯苓 *Wolfiporia Cocos* 混合中药渣)与中药渣 2(柴胡 *Radix Bupleur*)。添加的植物乳杆菌是从辣木叶(*Moringa oleifera*，M)青贮饲料中筛选出来的产酸能力较强(pH＝3.8)的菌株，经鉴定、培养、富集和冷冻干燥后制成的植物乳杆菌粉剂。

试验所用酶均产自湖南盛东生物科技有限公司，纤维素酶的酶活为 $2\times10^4U\cdot g^{-1}$，果胶酶活为 $3\times10^4U\cdot g^{-1}$，木聚糖酶的酶活为 $2\times10^5U\cdot g^{-1}$。将 $10^6cfu\cdot g^{-1}$ 植物乳杆菌分别与 200 $ug^{-1}$ 不同酶制剂(纤维素酶、果胶酶、木聚糖酶)组合成(LP+CE、LP+PE、LP+XY)添加到每 200 g 的两类中药渣中，并以不添加作为空白对照组 CK，CK 添加等量的纯水，混合均匀后装到聚乙烯塑料袋(20cm×30cm)中，真空封口机抽真空后密封室温保存。在青贮 34 天后，开袋测定干物质、pH、可溶性碳水化合物、粗蛋白、氨态氮、有机酸(乳酸、乙酸)、中性洗涤纤维和酸性洗涤纤维。采用平板计数法测定微生物（乳酸菌、酵母菌、霉菌和大肠杆菌）数量。

## 2 结果和分析

两类中药渣在添加 LP 和不同酶青贮 34 天后，发酵品质和微生物数量如表 1 所示。由表可知，LP 和不同酶制剂混合处理后两类中药渣中干物质没有明显改变，但均显著降低了 pH 值($P$<0.05)。LP+PE 添加组中乳酸菌明显减少，仅在 LP+CE 添加组中检测到酵母菌，所有处理组发酵后霉菌和大肠杆菌的数量均低于检测值。有机酸结果表明，乳酸和乙酸在所有处理组间均无显著性差异。LP 和不同酶制剂混合处理后均显著降低了两类中药渣的氨态氮、中性洗涤纤维和酸性洗涤纤维含量($P$<0.05)。与对照相比，LP+CE 和 LP+PE 添加组的 CMR1 的中性洗涤纤维含量显著降低，LP+CE 添加组 CMR1 的酸性洗涤纤维含量显著降低($P$<0.05)。LP+CE 添加组 CMR1 的粗蛋白含量较对照显著增加($P$<0.05)，其他处理组粗蛋白含量没有明显变化，但添加剂处理对两种 CMR 的粗蛋白含量有极显著影响($P$<0.05)。

**表 1　添加植物乳杆菌和不同酶对中药渣 1 和 2 青贮发酵品质和微生物数量的影响**

**Table 1 Effects of Adding LP and Different Enzymes on the Silage Fermentation Quality and Microbial Population of Chinese Medicine Residues 1 and 2**

| 项目 Item | 品种 V | 处理 T | | | | 平均值 | 标准误 SEM | *P* 值 | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| | | CK | LP+CE | LP+PE | LP+XY | | | V | T | V×T |
| 干物质 Dry matter/% | CMR1 | 32.68 | 32.14 | 31.22B | 30.12B | 31.54 | 0.78 | ** | NS | NS |
| | CMR2 | 34.98 | 34.39 | 35.64A | 35.18A | 35.05 | 0.28 | | | |
| pH | CMR1 | 3.96aA | 3.71cA | 3.62d | 3.80bA | 3.77 | 0.04 | ** | ** | ** |

| | | | | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| | CMR2 | 3.76aB | 3.65cB | 3.61c | 3.70bB | 3.68 | 0.02 | | | |
| 乳酸菌 Lactic acid bacteria/$lg_{10}$ cfu·$g^{-1}$ FM | CMR1 | 6.43 | 5.30 | <5.00 | 5.64 | 5.79 | 0.23 | NS | NS | NS |
| | CMR2 | 5.98 | 6.44 | <5.00 | 5.82 | 6.08 | 0.15 | | | |
| 酵母菌 Yeasts/$lg_{10}$ cfu·$g^{-1}$ FM | CMR1 | <2.00 | <2.00 | <2.00 | <2.00 | - | - | - | - | - |
| | CMR2 | <2.00 | 5.07 | <2.00 | <2.00 | - | - | | | |
| 霉菌 Molds/$lg_{10}$ cfu·$g^{-1}$ FM | CMR1 | <2.00 | <2.00 | <2.00 | <2.00 | - | - | - | - | - |
| | CMR2 | <2.00 | <2.00 | <2.00 | <2.00 | - | | | | |
| 大肠杆菌 Coliform bacteria/$lg_{10}$ cfu·$g^{-1}$ FM | CMR1 | <2.00 | <2.00 | <2.00 | <2.00 | - | - | - | - | - |
| | CMR2 | <2.00 | <2.00 | <2.00 | <2.00 | - | | | | |
| 乳酸 Lactic acid/%DM | CMR1 | 0.67 | 1.20 | 0.59 | 1.09 | 0.89 | 0.19 | NS | NS | NS |
| | CMR2 | 0.96 | 0.78 | 1.00 | 0.99 | 0.93 | 0.66 | | | |
| 乙酸 Acetic acid/%DM | CMR1 | 0.19 | 0.30 | 0.14 | 0.29 | 0.23 | 0.05 | NS | NS | NS |
| | CMR2 | 0.44 | 0.29 | 0.38 | 0.35 | 0.37 | 0.08 | | | |
| 氨态氮 Ammonia nitrogen /%TN | CMR1 | 1.17a | 0.65b | 0.81ab | 0.42b | 0.76 | 0.10 | NS | * | NS |
| | CMR2 | 0.78 | 0.56 | 0.37 | 0.51 | 0.56 | 0.07 | | | |
| 中性洗涤纤维 Neutral detergent fiber/%DM | CMR1 | 51.35a | 39.41c | 45.62b | 48.08abA | 46.11 | 1.45 | * | ** | NS |
| | CMR2 | 52.60a | 39.18b | 41.13b | 41.66bB | 43.64 | 1.70 | | | |
| 酸性洗涤纤维 Acid detergent fiber/%DM | CMR1 | 38.02aA | 29.60b | 35.60a | 34.94aA | 34.54 | 1.02 | ** | ** | NS |
| | CMR2 | 31.60B | 27.82 | 30.62 | 29.21B | 29.82 | 0.65 | | | |
| 粗蛋白 Crude protein/%DM | CMR1 | 11.89bcA | 13.57aA | 11.29c | 12.32bA | 12.27 | 0.27 | ** | ** | NS |
| | CMR2 | 9.39B | 10.74B | 10.02 | 10.48B | 10.16 | 0.24 | | | |

## 3 讨论

中药渣作为饲料青贮发酵后，具有较高的营养价值和药用价值。青贮是通过植物表面的乳酸菌在厌氧环境下生长繁殖开始发酵，乳酸菌利用可溶性糖为发酵代谢底物，大量繁殖产生乳酸，在降低青贮料 pH 值同时抑制各种好氧细菌、酵母菌、霉菌等有害菌发育繁殖，进而得以长期储存。由于中药渣上的乳酸菌很少，因此需要有效的添加剂来增加乳酸菌数目，从而促进乳酸发酵，改良青贮发酵品质，改善饲料适口性。植物乳酸菌是使用最多的生物青贮添加剂，它的活性强，可以快速利用 WSC 进行乳酸发酵，为中药渣添加乳酸菌数目。中药渣利用率普遍较低，主要是因为植物源中药中存在植物细胞壁，其中大量的活性营养成分不易被动物利用，因此通过添加酶来破坏中药渣的细胞壁、降解纤维素、促进动物的营养吸收。因此，本实验就是研究添加植物乳杆菌与酶对中药渣青贮发酵品质的影响。

pH 值是衡量青贮饲料品质的重要指标。一般认为青贮饲料 pH 值低于 4.2 时，腐败微生物能被抑制，青贮饲料能得到良好的发酵效果。在本试验中，青贮 34 天以后，所有处理组的 pH 值均低于 4.2，在中药渣青贮饲料中均未检测到大肠杆菌、酵母菌、霉菌的存在，这可能是因为较强的酸性条件抑制了不良微生物的生长，达到良好抑菌效果。

纤维含量是评价粗饲料品质最主要的指标之一，将 LP 与不同酶组合添加到中药渣青贮后，中性洗涤纤维和酸性洗涤纤维含量显著减少($P$<0.05),这可能是由于酶制剂有效地将纤维素降解成了微生物可直接利用的单糖，加速了乳酸菌发酵进程，产生大量的有机酸，这个变化规律与 pH 值的变化也是一致的[6]。此外，添加 LP 与不同酶的组合后，中药渣粗蛋白含量增加，同时减少了氨态氮的产生，有助于蛋白的保存。

## 结论

LP 与不同酶组合添加较好的改善了中药渣的青贮品质，有效降低了中药渣青贮 pH 值、纤维含量，减少蛋白降解。

参考文献：

[1] TAO W Y, JIN J J, ZHENG Y P, et al. Current advances of resource utilization of herbal extraction residues in China[J]. Waste and biomass valorization, 2021, 12(11): 5853-5869.

[2] 康永刚, 廖云琼, 昌莉丽. 发酵中药渣的营养价值及在动物生产中的应用研究进展[J]. 中国畜牧杂志, 2023, 59(11): 83-88.

[3] 邓宗澳, 邓芳松, 蒋金娟等. 纤维素酶对甘蔗梢与玉米秆混合青贮品质的影响[J]. 草学, 2023(02): 40-46.

[4] 吴婕. 试析果胶酶的生产和应用[J]. 当代化工研究, 2021(15): 164-165.

[5] 丁浩, 吴永杰, 邵涛等. 纤维素酶和木聚糖酶对象草青贮发酵品质及体外消化率的影响[J]. 草地学报, 2021, 29(11): 2600-2608.

[6] 华世旋, 陈艳萍, 黑银川等. 不同添加剂对杂交构树青贮饲料营养成分和发酵品质、能量及体外消化率的影响[J]. 现代畜牧科技, 2023(06): 42-45.

# 国外玉米籽粒复水青贮的最新研究进展

阿斯娜[25]，苑明伟[1]，龚缘雪[1]，吴哲[1*]

（1.中国农业大学草业科学与技术学院，北京 100193）

**摘要:**近年来，由于国外良好的种植条件，玉米的年产量屡创新高，但大量的玉米籽粒由于搬运难度较大及仓库容量不足的问题浪费在运输途中或者堆积在仓库外。玉米籽粒复水青贮是向干燥的玉米籽粒中加水，达到合适的水分含量之后进行青贮。采用这种技术可以解决管理和储存方面的问题，有助于提高玉米籽粒自身饲用价值。基于此，文章对国外玉米籽粒复水青贮技术的概念、加工与调控技术的研究内容、应用及效果等方面进行综述，为我国玉米籽粒复水青贮技术的应用提供参考。

**关键词：**复水青贮；玉米籽粒；添加剂

# Recent research progress of rehydrated corn grain silage in foreign countries

Sina A[1], Mingwei Yuan[1], Yuanxue Gong[1], Zhe Wu[1*]

(1.Institute of Grassland Science and Technology, China Agricultural University, Beijing 100193)

**Abstract：** In recent years, due to the good planting conditions abroad, the annual output of corn has repeatedly reached a new high, but a large number of corn grains are wasted in transportation or piled up outside the warehouse due to the difficulty of handling and insufficient warehouse capacity. Corn grain rehydration silage is the anaerobic fermentation from the rehydration of mature dry corn kernels. The silage is carried out after adding water to the dry corn kernels to reach the appropriate moisture content. The application of this technology can solve the problems of management and storage, and help to improve the feeding value of corn kernel itself. Based on this, the concept, research content, application and effect of corn grain rewater silage technology in foreign countries were reviewed, which provided reference for the application of corn grain rewater silage technology in China.

**Key words：** rehydrated silage；corn kernel；additives

玉米作为反刍动物的粗饲料，是世界上种植最多的农作物，是全球产量最高的三种谷类作物之一[0]。玉米籽粒中淀粉含量丰富，有较高的饲用价值，能够为反刍动物提供能量和营养。青贮技术因具有保存时间长、营养价值高及提高牛羊产奶量等优势，在养殖业中被广泛应用[0]。目前，俄乌冲突、新冠疫情导致的不确定因素致使国际玉米价格不稳定[0]，国外很多农场选择在价格较低时采购大量玉米籽粒，复水后以青贮方式储存。玉米籽粒复水青贮技术具有储存管理和营养价值的双重优势。但玉米籽粒青贮饲料的成功使用在很大程度上受到水化过程和不同调控技术正确使用的影响。为此，文章将对玉米籽粒复水青贮的概念及加工与调控技术的研究内容进行综述，为我国玉米籽粒复水青贮技术的应用提供参考。

## 1 玉米籽粒复水青贮概念

玉米籽粒复水青贮是对成熟干燥的玉米籽粒复水之后进行青贮的技术[0]。相比于干玉米，籽粒复水青贮可以通过控制其水分含量来改善玉米籽粒的理化性质。除了籽粒复水青贮技术外，提高玉米籽粒营养价值的加工方式主要有粉碎、蒸汽压片、湿贮等[0]。蒸汽压片玉米是将玉米籽粒浸泡在热水中，使其吸水膨胀之后进行蒸汽处理，待玉米籽粒软化之后高压压缩制作成玉米片，最后进行干燥和冷却[0]。高湿玉米是

第一作者：阿斯娜，硕士在读，研究方向为饲草加工与利用。E-mail: 1543035917@qq.com
通信作者：吴哲，博士，副教授，硕士生导师。E-mail: wuzhe@cau.edu.cn

将含水量为25%-35%的成熟玉米籽粒脱粒后粉碎进行青贮[0]。三种加工方法都能够在一定程度上提高玉米淀粉的消化率。但由于天气、土地等原因无法制作高湿玉米时，籽粒复水青贮是提高玉米籽粒营养价值的一种有效策略[0]。

## 2 玉米籽粒复水青贮中的加工与调控技术

### 2.1 水分调节方式

**2.1.1 加水调节水分** 玉米籽粒淀粉含量高，是反刍动物的重要能量来源。由于成熟玉米粒含水量和含糖量均较低，直接青贮会抑制乳酸菌在青贮过程中的发酵而损失大量的干物质[0]。复水青贮技术可以使籽粒青贮饲料达到合适的水分含量，提高玉米淀粉消化率，减少真菌的繁殖，降低青贮风险，帮助反刍动物更好地消化吸收其中的养分。Pereira 等[0]向磨碎的干玉米籽粒加入 190L/t 的水，将其水分调节至 30%后青贮 280 天，并研究了青贮过程玉米籽粒复水青贮饲料的微生物组成，鉴定出 18 种细菌和 4 种酵母菌，微生物菌群以乳酸菌为主，且在发酵后第 15 天达到最大种群数量。此外，干物质消化率从发酵第 30 天开始迅速增加，在发酵第 280 天，体外培养 3h 和 7h 的干物质消化率分别为 42.8%和 62.5%，补水后进行青贮的技术能够提高玉米干物质消化率。

**2.1.2 加高水分物质调节水分** 人们在玉米籽粒复水青贮过程中通常使用水来调节玉米籽粒的含水量，但也有研究表明可以利用其他高水分物质调节其水分。已有研究表明，适合作为玉米籽粒水分调节的高水分物质包括酸性乳清、梨果仙人掌粘液、橙皮渣等。

酸性乳清是乳品厂在生产奶酪时形成的主要副产品，大多数生产商将视其为废液，随意倒掉。由于含水量较高，酸性乳清能在玉米籽粒复水青贮过程中为玉米籽粒提供水分，这种方法不仅能够有效处理酸性乳清，降低水供应受限的地区对水资源的消耗。而且可以改善青贮饲料的发酵过程和有氧稳定性。因此，酸性乳清在玉米籽粒复水青贮方面有很大的应用潜力。有研究发现酸性乳清可以为复水青贮提供可溶性碳水化合物[0]，有助于促进青贮饲料的发酵。da Cruz 等[0]比较了水和酸性乳清复水对玉米籽粒青贮发酵品质的影响，发现使用酸性乳清复水的玉米籽粒青贮的干物质含量比水处理提高了 2.19%。Rezende 等[0]将玉米籽粒用酸性乳清或水复水至 30%、35%和 40%后青贮，研究其不同处理方式对复水青贮发酵品质和化学成分的影响。他们发现随着含水量的增加乳酸的浓度下降，用酸性乳清复水的玉米籽粒青贮饲料比用水复水的青贮饲料产生更多的乳酸，分别为 13.8g/kgDM 和 12.6g/kgDM。但是，无论是哪一种水分调节方式，复水至 30%的籽粒复水青贮具有更高的有氧稳定性（＞55h）。

梨果仙人掌是一种广泛分布于半干旱地区的多用途农业植物，含有高达 90%的含水量和 120g/kg 的 WSC[0]。它可以在制作复水青贮饲料时调节水分，特别是在水资源缺乏的地区。梨果仙人掌提供充足的水分和基质，无需额外水源。梨果仙人掌粘液是由具高度亲水性的多糖形成的亲水性胶体，不仅能限制水的运动，减少流汁的损失，还能抑制腐败微生物的繁殖[0]。Pereira 等[0]的研究表明，与单纯用水复水的玉米籽粒青贮相比，使用梨果仙人掌粘液对干燥的玉米籽粒进行复水能够提高青贮饲料可溶性碳水化合物含量，减少流汁的损失，降低 pH 值，从而使青贮饲料更稳定。他们还发现，当发酵时间超过 120 天时，水分调节至 30%的玉米籽粒复水青贮饲料品质更佳。

橙皮渣是橙子加工产生的副产物，可以作为动物饲料。由于橙皮渣具有较高的含水量和含糖量，导致真菌滋生、招引昆虫、运输困难等一系列问题，加大储存难度[0]。将橙皮渣用于玉米籽粒复水青贮中是储存这种副产物并提高青贮发酵品质的有效方式。Menezes 等[0]用橙皮渣和水对玉米籽粒进行水分调节，研究其对玉米籽粒复水青贮饲料发酵品质的影响，发现每增加 1%的橙皮渣含量，pH 值线性降低 0.006（$p < 0.001$），乳酸含量线性增加 1.65g/kgDM（$p < 0.001$），丁酸含量呈线性下降 0.030 g/kg（$p < 0.001$）。这表明，使用橙皮渣复水的青贮饲料具有更低的 pH 值、丁酸含量和更高的乳酸含量，有助于发酵过程的充分进行并保持较高的营养价值。

### 2.2 预处理

**2.2.1 粒径和贮藏时间** 硬粒型玉米的玻璃质胚乳比例较高，这会阻碍淀粉的消化率。在制作玉米籽粒复水青贮时粒径调节是保证产品其品质的关键点。许多农场在制作玉米籽粒复水青贮时，为了节约时间和减少劳动力投入，选择使用粗磨或整粒谷物。如果贮藏期较短，这样做会影响青贮饲料的消化率。Martinele 等

[0]将玉米籽粒通过 3mm 和 9mm 的筛网磨碎，复水至 44.3%的水分后青贮，并研究了籽粒粒径和贮藏时间对玉米籽粒复水青贮饲料发酵品质及好氧稳定性的影响，他们发现，贮藏期较短时，细磨（3mm）的籽粒复水青贮更有利于微生物代谢，而在储存 90 和 200 天时铵态氮含量变高。与粗磨相比，细磨处理的青贮饲料在更短的时间内达到了最高温度和 pH 值，好氧稳定性较差。因此，当贮藏期小于 200 天时采用细磨，反之采用粗磨更有利于瘤胃 DM 降解率。Zacaron 等[0]研究了 2、4、6、8 和 10mm 等五种粒径对玉米籽粒复水青贮饲料的影响也证实了这一点。

**2.2.2 含水量** 含水量的多少直接影响青贮饲料发酵品质及营养价值。Mombach 等[0]揭示了玉米籽粒青贮饲料中不同含水量对其品质的影响，他们设计了干玉米粒、10%、20%、30%、40%五种不同的含水量。他们发现，在发酵期间30%的处理组具有最小NDF含量（11.98%DM），40%的处理组具有最小CP值（9.41%DM），表明施加适量的水分有助于降低其中的 CP（%）与 NDF（%）含量。含水量为 30%和 40%的 pH 值显著低于其他处理组，但随着水分含量的增加铵态氮和干物质的损失量也增加，40%时 NPN/TN 含量达到了最高点（46.66%DM）。因此建议将含水量设定在 30%，这有利于减少干物质的损失，改善发酵曲线，能维持饲料的营养价值。Gomes 等[0]研究了水分和贮藏时间对玉米籽粒复水青贮饲料发酵品质及瘤胃干物质消化率的影响，发现将玉米籽粒复水至 30%的水分后青贮，并储存两个月以上，能够改善瘤胃干物质消化率。

**2.3 添加剂的使用**

**2.3.1 化学添加剂** 不同品种的玉米籽粒 WSC 含量差距非常大，导致难以发酵[0]。在制作玉米籽粒复水青贮时，可以使用适当的化学添加剂来防止真菌、细菌以及其他有害微生物的生长，降低 pH 值，从而提高青贮饲料的发酵品质和有氧稳定性。研究表明，玉米籽粒复水青贮过程中加入防霉剂能控制青贮饲料中的微生物生长繁殖，有利于发酵过程，进而提高青贮饲料的营养价值与口感风味。Silva 等[0]研究了防霉剂对含水量为 40%的玉米籽粒复水青贮饲料的营养价值和羔羊生长性能的影响，发现发酵 50 天后防霉剂的添加对 CP 和灰分没有显著影响，但其 DM 含量高于对照组，分别为 592.1g/kg 和 574.7g/kg。防霉剂的使用降低了丁酸和乙酸的浓度，具有延长饲料保存时间及防止霉菌污染的潜力。他们还发现，酶制剂的添加对羔羊的 DM 摄入量、体重增加及饲料效率没有影响[0]。

**2.3.2 微生物添加剂** 大量研究表明，微生物添加剂能够提高玉米籽粒复水青贮的发酵品质和好氧稳定性。Naiara 等[0]使用由多种乳酸菌组成的复合微生物制剂，研究其对玉米籽粒复水青贮的发酵特性和好氧稳定性的影响，发现加复合微生物制剂的青贮饲料干物质损失比未添加接种剂的青贮要低 37.51%，在 120 小时有氧暴露期间的平均温度也低 1.40%。复合微生物制剂的使用提高了粗蛋白的消化率和中性洗涤纤维的消化率。Da Silva 等[0]研究了不同剂量布氏乳杆菌或植物乳杆菌和酸性片球菌组合处理的玉米籽粒复水青贮饲料的发酵和好氧稳定性，发现布氏乳杆菌处理能够使青贮饲料的乳酸菌数量增加，降低有氧暴露期间的干物质损失，当添加量为 $5 \times 10^5$ cfu/g 时效果最好。与对照组相比，布氏乳杆菌处理的复水青贮饲料在发酵 124d 后的有氧稳定性提高 406%，温度最高峰值更低。他们在比较玉米籽粒复水青贮和高湿玉米的研究中也证实了布氏乳杆菌能够提高好氧稳定性这一点[0]。

**2.3.3 酶制剂** 玉米籽粒复水青贮时，选择具有淀粉分解或蛋白水解活性的酶制剂作为添加剂，对提高淀粉消化率有重要作用。Oliveira 等[0]在玉米籽粒复水青贮中添加α-淀粉酶和葡萄糖淀粉酶的研究发现，α-淀粉酶处理的青贮饲料相对于对照组和葡糖淀粉酶处理组具有更多的干物质含量，并且提高了羔羊的采食量。而葡萄糖淀粉酶处理组的青贮饲料的发酵损失增加，Batista 等[0]在研究淀粉酶对长时间储存的玉米籽粒复水青贮饲料的影响时，也发现添加葡萄糖淀粉酶会增加青贮饲料中的好氧菌数量、乙酸和丙酸浓度以及发酵损失。

## 3 饲喂效果

玉米籽粒复水青贮可以提高淀粉消化率，增强养分利用效率，有助于满足反刍动物的营养需求。Diogénes 等[0]研究了玉米籽粒青贮饲料对山羊肉品质的影响，发现饲喂以梨果仙人掌粘液调节水分的复水青贮饲料的山羊，其干物质摄入量和 NDF 摄入量比水和酸性乳清两组处理要高。饲喂玉米籽粒复水青贮饲料能够增加山羊的体重，提高山羊肉的品质。Soares 等[0]评估了饲喂玉米籽粒复水青贮饲料的羔羊生产性能、营养消化率，发现饲喂梨果仙人掌粘液复水的青贮饲料的羔羊，其干物质消化率较高，平均日增重显著提升。

Cristina等[0]研究了在羔羊的日粮中添加用粗甘油或水复水的玉米籽粒青贮对羔羊的采食量、消化率的影响，发现玉米籽粒复水青贮饲料的加入对 DM、CP、EE 和 ED 的摄入量没有影响，提高了 DM 的消化率。

## 4 结语

玉米籽粒复水青贮技术不仅在提高营养物质的消化吸收、改善畜禽生产性能等方面有一定优势，还可以改善饲料品质，提升玉米籽粒本身的营养价值。目前国外的一系列研究发现玉米粒径、贮藏时间、含水量以及添加剂的使用与否都能直接影响玉米籽粒复水青贮的发酵品质、营养价值和有氧稳定性。因此，在生产实践过程中，我们必须根据具体情况进行分析，以确保制作出高品质的玉米籽粒复水青贮饲料。

### 参考文献


【1】 对话戴景瑞院士：小麦和玉米，谁才是全球第一大粮食作物[N]. 河南科技报,2023-10-27(005).

【2】 李岚.饲草青贮关键技术[J].四川畜牧兽医,2023,50(03):45-46.

【3】 刘凯,穆月英,山崎雅人,等.中国与国际玉米价格的波动关系分析[J].中国商论,2024(01):1-6.

【4】 Owens F N, Zinn R A, Kim Y K. Limits to starch digestion in the ruminant small intestine[J]. Journal of animal science, 1986, 63(5): 1634-1648.

【5】 史长笑,李英齐,苏华维.玉米加工方式对肉牛淀粉利用率和生产性能影响的研究进展[J].中国畜牧杂志,2022,58(07):1-7.

【6】 葛丽红,赵津,赵国洪.蒸汽压片玉米加工工艺及其在反刍动物生产中应用的研究进展[J].饲料研究,2024,47(04):172-175.

【7】 马西青,赵久然,玉柱,等.我国高湿玉米青贮发展潜力分析[J].玉米科学,2023,31(02):54-58.

【8】 Ferraretto L ,Fredin S ,Shaver R .Influence of ensiling, exogenous protease addition, and bacterial inoculation on fermentation profile, nitrogen fractions, and ruminal in vitro starch digestibility in rehydrated and high-moisture corn[J].Journal of Dairy Science,2015,98(10):7318-7327.

【9】 Kung Jr L, Schmidt R J, Ebling T E, et al. The effect of Lactobacillus buchneri 40788 on the fermentation and aerobic stability of ground and whole high-moisture corn[J]. Journal of Dairy Science, 2007, 90(5): 2309-2314.

【10】 F B C ,S L C Á ,F T B , et al.Fermentation profile and identification of lactic acid bacteria and yeasts of rehydrated corn kernel silage.[J].Journal of applied microbiology,2017,122(3):589-600.

【11】 Rezende, A.V.; Rabelo, C.H.S.; Veiga, R.M.; Andrade, L.P.; Härter, C.J.; Rabelo, F.H.S.; Basso, F.C.; Nogueira, D.A.; Reis, R.A. Rehydration of Corn Grain with Acid Whey Improves the Silage Quality. Anim. Feed Sci. Technol. 2014, 197, 213–221.

【12】 da Cruz F N F, Albuquerque C J B, Monção F P, et al. Fermentative losses and chemical composition and in vitro digestibility of corn grain silage rehydrated with water or acid whey combined with bacterial-enzymatic inoculant[J]. Semina: Ciências Agrárias, 2021.

【13】 Nogueira M S, Araújo G G L, Santos E M, et al. Feed alternatives with cactus forage silage for animal nutrition[J]. 2019.

【14】 Pereira D M, Santos E M, Oliveira J S, et al. Effect of cactus pear as a moistening additive in the production of rehydrated corn grain silage[J]. The Journal of Agricultural Science, 2021, 159(9-10): 731-742.

【15】 Grasser, L. A., Fadel, J. G., Garnett, I., & de Peters, E. J. (1995). Quantity and economic importance of nine selected by-products used in California dairy rations. Journal of Dairy Science, 78(4), 962–971.

【16】 Menezes G L, de Oliveira A F, Lana Â M Q, et al. Effects of different moist orange pulp inclusions in the corn grain rehydration for silage production on chemical composition, fermentation, aerobic stability, microbiological profile, and losses[J]. Animal Science Journal, 2022, 93(1): e13701.

【17】 Martinele D C ,Ferreira B C ,Camila V S D , et al.Particle size and storage length affect fermentation and ruminal degradation of rehydrated corn grain silage.[J].Archives of animal nutrition,2023,77(3):11-15.

【18】 Zacaron W N, Basi C, Baggio C, et al. Effect of particle size on storage time of hydrated corn grain[J]. 2021.

【19】 Mombach M ,Pereira D ,Pina D,et al.Silage of rehydrated corn grain[J].Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e

Zootecnia,2019,71(3):959-966.

【20】 Gomes A L M, Bueno A V I, Jacovaci F A, et al. Effects of processing, moisture, and storage length on the fermentation profile, particle size, and ruminal disappearance of reconstituted corn grain[J]. Journal of Animal Science, 2020, 98(11): skaa332.

【21】 Da Silva NC, Nascimento CF, Nascimento FA, et al. Fermentation and aerobic stability of rehydrated corn grain silage treated with different doses of Lactobacillus buchneri or a combination of Lactobacillus plantarum and Pediococcus acidilactici. Journal of dairy science. 2018，101(5):4158-67.

【22】 Silva D A N ,L.B.L. G ,A.P. R , et al.Propionic acid-based additive with surfactant action on the nutritive value of rehydrated corn grain silage for growing ewe lambs performance[J].Animal Feed Science and Technology,2022,294.

【23】 A.B. N S D ,A.P. R ,A. V , et al.Propionic acid-based additive with surfactant action on the feeding value of rehydrated corn grain silage for dairy cows performance[J].Livestock Science,2023,275.

【24】 Da Silva N C, Nascimento C F, Nascimento F A, et al. Fermentation and aerobic stability of rehydrated corn grain silage treated with different doses of Lactobacillus buchneri or a combination of Lactobacillus plantarum and Pediococcus acidilactici[J]. Journal of dairy science, 2018, 101(5): 4158-4167.

【25】 da Silva N C, Nascimento C F, Campos V M A, et al. Influence of storage length and inoculation with Lactobacillus buchneri on the fermentation, aerobic stability, and ruminal degradability of high-moisture corn and rehydrated corn grain silage[J]. Animal Feed Science and Technology, 2019, 251: 124-133.

【26】 Oliveira R E ,Takiya S C ,Valle D A T , et al.Effects of exogenous amylolytic enzymes on fermentation, nutritive value, and in vivo digestibility of rehydrated corn silage[J].Animal Feed Science and Technology,2019,251：86-95.

【27】 Batista J D O, Gandra J R, Del Valle T A, et al. Effects of amylase and glucoamylase on rehydrated corn ensiled for an extended period: nutritive value, fermentation profile, and amylolytic activity[J]. New Zealand Journal of Agricultural Research, 2022, 65(6): 520-533.

【28】 Diogénes L V, Edvan R L, Medeiros E S, et al. Physicochemical Composition and Fatty Acid Profile of Goat Kids' Meat Fed Ground-Corn-Grain Silage Rehydrated with Different Additives[J]. Animals, 2022, 13(1): 31.

【29】 Soares R L, de Oliveira J S, Santos E M, et al. Corn grain rehydration methods: Water vs. cactus pear in the diet for feedlot lambs[J]. Small Ruminant Research, 2024, 230: 107-151.

【30】 Cristina D B ,Henrique D P ,Douglas P S D , et al.Corn silage rehydrated with crude glycerin in lambs' diets.[J].Tropical animal health and production,2020,52(6):1-8.

# 收割时间对羊草青贮中吡哆醇含量的影响

王一凡[1]，李雨嘉[1]，秦子旸[1]，郝迎辰[1]，玉柱[1*]

(中国农业大学草业科学与技术学院，北京 100193；)

**摘要**: 本研究的目的是探明不同收割时间对羊草化学组分和吡哆醇含量的影响。在 2022 年的 7 月 11 日（$T_1$ 组）、7 月 16 日($T_2$ 组)、7 月 21 日($T_3$ 组)、7 月 26 日($T_4$ 组)和 7 月 31 日($T_5$ 组)收割羊草，青贮 70d，评价其发酵品质、化学组分和吡哆醇含量。5 个时间收割调制的羊草青贮饲料发酵品质均较好，收割前期吡哆醇的含量更高。吡哆醇损失率与 pH 值和水溶性碳水化合物（WSC）正相关，与乳酸不相关。收割前期粗蛋白质（CP）和吡哆醇含量更高。青贮发酵中的酸性环境有利于吡哆醇的保存。

**关键词**：收割时间、羊草、青贮、吡哆醇

# The effect of harvesting time on the content of pyridoxine in sheep grass silage

Wang Yifan [1], Li Yujia [1], Qin Ziyang [1], Hao Yingchen [1], Yuzhu [12*]

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

**Abstract:** The purpose of this study is to investigate the effects of different harvesting times on the chemical composition and pyridoxine content of Leymus chinensis. Harvest Leymus chinensis on July 11, 2022 (T1 group), July 16 (T2 group), July 21 (T3 group), July 26 (T4 group), and July 31 (T5 group), and silage for 70 days to evaluate its fermentation quality, chemical components, and pyridoxine content. The fermentation quality of sheep grass silage prepared by harvesting for 5 times is good, and the content of pyridoxine is higher in the early stage of harvesting. The loss rate of pyridoxine is positively correlated with pH value and Water-soluble carbohydrate（WSC）, but not with lactate. The content of crude protein (CP) and pyridoxine is higher in the early stage of harvesting. The acidic environment during silage fermentation is conducive to the preservation of pyridoxine.

**Keywords**: harvesting time, sheep grass, silage, pyridoxine

羊草（*Leymus chinensis(Trin.) Tzvel*）是禾本科赖草属多年生牧草，是内蒙古草原的重要饲草，具有优良的营养价值，同时有强耐寒、耐旱、耐碱，耐践踏能力，在土壤改良上广泛应用[1]。影响饲料品质变化的主要因素之一是收割时间。收割时间过早，虽然可以取得较高的营养品质但是产量较低，收割时间过晚，牧草的茎叶比增加，导致营养品质下降，纤维含量增加，采食量降低[2]。但目前在呼伦贝尔地区，羊草适宜的收割时间鲜见报道。

## 材料与方法

### 1.1 试验材料与试验设计

研究区域位于内蒙古呼伦贝尔市陈巴尔虎旗的草地农业生态系统试验站(N 49°20′~49°26′、E 119°55′~120°09′，海拔 628~649 m)，在 2022 年分别于 7 月 11 日（$T_1$ 组）、7 月 16 日($T_2$ 组)、7 月 21 日($T_3$ 组)、7 月 26 日($T_4$ 组)、7 月 31 日($T_5$ 组)在草甸草原样地中采用五点取样法收割羊草。取羊草约 150 g 用铡草机切碎成 2 cm 左右，装入真空袋抽真空发酵，发酵 70 d 后开袋，放入冻干机冻干 48 (FreeZone 4.5L, LABCONCO Corp., Kansas City, MO, USA)，再用粉碎机粉碎并过 0.425mm 的筛网，放入自封袋待测。

### 1.2 测定内容与方法

基金项目:；国家重点研发计划“政府间国际科技创新合作”重点专项(2022YFE0111000)；青海省玉树州杂多县特色养殖业提质增效关键技术集成与示范(2022YFD1602305)；草食畜牧业增量提质科技创新合作（DL2023108002L）

作者简介：王一凡（1999-），男，在读硕士。 E-mail:1255824899@qq.com* 通信作者 玉柱. E-mail:yuzhu33150@sina.com

### 1.2.1 发酵品质的测定内容与方法

青贮样开袋后将样品混匀取 20 g 样品，加入 180 mL 水，用榨汁机搅碎 1 min，先用 4 层纱布过滤得到浸出液，测浸出液 pH 值，取上清液测氨态氮含量，用定性滤纸过滤后测有机酸含量。pH 用 METTLED TOLEDO 型号的 pH 仪测定，用苯酚-次氯酸比色法测定 $NH_3$-N 含量[3]，用高效液相色谱法测定有机酸含量，其流动相为 3 mmol·$L^{-1}$ 高氯酸，流速为 1 mL·$min^{-1}$，进样量设置为 5 μL，柱温 50 ℃，检测波长为 210 nm，获得乳酸(Lactic acid，LA)、乙酸(Acetic acid，AA)、丙酸(Propionic acid，PA)、丁酸(Butyric acid，BA)的含量。

### 1.2.2 营养品质的测定内容与方法

按照饲料常规成分分析方法测定营养品质，包括干物质（Dry matter，DM）、粗蛋白（Crude protein，CP）、可溶性碳水化合物(Water -soluble carbohydrate，WSC)、中性洗涤纤维(Neutral detergent fiber，NDF)、酸性洗涤纤维(Acid detergent giber，ADF)、粗脂肪(Ether extract，EE)。粗蛋白采用凯氏定氮法测定，WSC 采用蒽酮-硫酸比色法[4]，NDF 和 ADF 采用 Van Soest 法测定[5]，EE 用 ANKOW XT15i 自动脂肪分析仪，利用索式法测定[6]。

青贮样干物质含量(%)=青贮完冻干后质量/青贮完冻干前质量×100

原料样干物质含量(%)=鲜草冻干后质量/鲜草冻干前质量×100

### 1.2.3 维生素的测定内容和方法

采用高效液相色谱法测定维生素的浓度。在分析之前，使用真空冷冻干燥机（FreeZone 4.5L，LABCONCO Corp.，Kansas City，MO，USA）将样品冷冻干燥 2 天。然后将冷冻干燥的样品研磨并通过 0.425-mm 的筛网。采用贾婷婷等[7]方法测定吡哆醇含量：吡哆醇含量按 GB/T 147 02-2018 方法测定。

### 1.3 数据统计与分析

采用 Excel 2016 软件和 SPSS 17.0 软件对数据进行统计分析和方差计算。

## 结果与分析

### 2.1 不同收割时间羊草的化学成分和吡哆醇含量

表 1 总结了不同收割时间的羊草的化学成分和吡哆醇含量。干物质含量受收割时间影响 ($p < 0.001$) 。收割时间对所有化学组分的影响都显著($p < 0.05$)，收割时间对吡哆醇影响显著($p < 0.05$),随收割时间的延长吡哆醇的含量先升高后降低，在 T2 组最大。

**表 1 不同收割时间羊草的化学成分和吡哆醇含量**

**Table 1 Chemical composition and pyridoxine content of *Leymus chinensis* at different harvesting times**

| Items | Harvest period | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|
| | $T_1$ | $T_2$ | $T_3$ | $T_4$ | $T_5$ | *P*-value |
| 干物质 Dry matter（%FW） | 45.04±0.40b | 40.64±0.23d | 44.67±0.18b | 43.02±0.30c | 46.23±0.19a | <0.001 |
| 化学组分 Chemical composition (%DM) | | | | | | |
| 粗蛋白质 Crude protein | 9.71±0.39c | 10.89±0.50b | 11.53±0.37a | 10.74±0.14b | 7.28±0.21d | <0.001 |
| 中性洗涤纤维 Neutral detergent fiber | 64.87±0.38a | 64.97±0.21a | 63.61±0.80b | 64.94±0.17a | 64.16±0.39ab | 0.014 |
| 酸性洗涤纤维 Acid detergent giber | 34.74±0.26a | 34.66±0.27a | 32.95±0.24b | 34.57±0.15a | 34.33±0.26a | <0.001 |
| 水溶性碳水化合物 Water-soluble carbohydrate | 5.51±0.28a | 4.15±0.32ab | 4.22±0.55ab | 3.00±0.44b | 3.69±1.50b | 0.027 |
| 粗脂肪 Ether extract | 2.86±0.12b | 3.24±0.60ab | 2.67±0.53b | 4.05±0.51a | 3.95±0.31a | 0.011 |
| 维生素含量 Vitamins content (mg/kg DM) | | | | | | |

| | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|
| 吡哆醇 pyridoxin | 4.57±0.07b | 5.19±0.50a | 4.74±0.24ab | 3.57±0.23c | 3.24±0.19c | <0.001 |

注：同行不同小写字母表示不同收割时间间的差异显著($P$<0.05)，下同。

Note:Different lowercase letters in the same line indicate siginificant differences between different harvesting times ($P$<0.05), the same below

## 2.2 不同收割时间羊草青贮饲料的发酵质量

由表 2 可知，针对羊草青贮饲料，收割时间对乙酸、丙酸、氨态氮含量和 pH 值影响显著($P$<0.05)，T1 组的 pH 值和乳酸含量显著高于其余各组($P$<0.05)；$T_1$ 和 $T_3$ 组的乙酸含量显著低于 $T_2$ 和 T5 组($P$<0.05)；T2 组的丙酸含量显著高于其余各组($P$<0.05)；T1 组的丁酸含量显著低于 T5 组($P$<0.05)；$T_5$ 组的氨态氮含量显著高于其余各组($P$<0.05)。

**表 2 不同收割时间羊草青贮饲料的发酵质量**

**Table 2 Fermentation quality of *Leymus chinensis* silage at different harvesting times**

| Items | $T_1$ | $T_2$ | $T_3$ | $T_4$ | $T_5$ | $P$-value |
|---|---|---|---|---|---|---|
| pH 值 pH value | 5.58±0.01a | 5.01±0.03b | 4.97±0.49b | 4.61±0.03b | 4.66±0.14b | 0.003 |
| 乳酸 Lactic acid（%DM） | 2.32±0.18c | 3.11±0.06b | 3.38±0.23b | 4.17±0.26a | 4.08±0.12a | <0.001 |
| 乙酸 Acetic acid（%DM） | 0.48±0.22b | 1.50±0.83a | 0.40±0.07b | 1.01±0.14ab | 1.55±0.15a | 0.012 |
| 丙酸 Propionic acid（%DM） | 0.62±0.42b | 1.16±0.27a | 0.30±0.07bc | 0.24±0.02bc | 0.15±0.01c | 0.002 |
| 丁酸 Butyric acid（%DM） | 0.12±0.06b | 0.14±0.06ab | 0.18±0.10ab | 0.18±0.06ab | 0.26±0.05a | 0.201 |
| 氨态氮 Ammonia nitrogen（%TN） | 3.43±0.28d | 5.15±0.16c | 3.72±0.67d | 6.82±0.21b | 7.81±0.70a | <0.001 |

## 2.3 不同收割时间羊草的化学成分和吡哆醇含量及吡哆醇与其他变量的相关系数

$T_1$ 组的 DM 含量显著高于其余各收割时间($P$<0.05)，T2 组显著低于其余各收割时间($P$<0.05)；T2 组 CP 含量最高，和 $T_3$ 组差异不显著($P$>0.05)，显著高于 $T_1$、T4、$T_5$ 组($P$<0.05)，T5 组 CP 含量最低；各组的 NDF 含量差异不显著($P$>0.05)；$T_2$ 和 $T_3$ 组的 ADF 含量与 $T_1$ 和 $T_4$ 组差异不显著($P$>0.05)，显著低于 $T_5$ 组($P$<0.05)；$T_1$ 组 WSC 含量显著高于其余各收割时间($P$<0.05)；$T_4$ 组的 EE 含量显著高于 $T_1$、$T_2$ 和 T3 组($P$<0.05)。吡哆醇含量随收割时间的延长先上升后降低，T2 组最高，显著高于 T1、T4 和 T5 组（$P$<0.05），与 T3 组差异不显著（$P$>0.05）。T4 组的 IVNDFD 显著高于 T1 和 T5($P$<0.05)，$T_2$、$T_3$ 和 $T_4$ 组的 IVNDFD。吡哆醇损失率与 pH 和 WSC 正相关（$P$<0.05），与丙酸和氨态氮负相关（$P$<0.05）

**表 3 不同收割时间羊草的化学成分和吡哆醇含量**

**Table3 Chemical composition and pyridoxine content of *Leymus chinensis* at different harvesting times**

| Items | Harvest period | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|
| | $T_1$ | $T_2$ | $T_3$ | $T_4$ | $T_5$ | $P$ 值 $P$-value |
| 干物质 Dry matter（%FW） | 48.88±1.83a | 41.50±0.09d | 46.97±0.43b | 44.48±0.03c | 45.53±0.23bc | <0.001 |
| 粗蛋白质 Crude protein（%DM） | 7.68±0.11bc | 9.00±0.21a | 8.80±0.23a | 7.77±0.06b | 7.46±0.10c | <0.001 |
| 中性洗涤纤维 Neutral detergent fiber（%DM） | 64.82±0.96a | 64.39±1.01a | 65.20±0.08a | 65.41±0.52a | 64.31±1.09a | 0.433 |
| 酸性洗涤纤维 Acid detergent | 35.11±0.70ab | 34.82±0.41b | 34.72±0.31b | 35.52±0.42ab | 36.01±0.95a | 0.130 |

| | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|
| giber（%DM） | | | | | | |
| 水溶性碳水化合物 Water-soluble carbohydrate（%DM） | 1.93±0.27a | 1.09±0.27cb | 1.14±0.16b | 0.79±0.18bc | 0.57±0.39c | <0.001 |
| 粗脂肪 Ether extract（%DM） | 3.34±0.58b | 3.39±0.14b | 3.44±0.59b | 4.49±0.52a | 4.22±0.42ab | 0.040 |
| 吡哆醇 pyridoxing (mg/kg DM) | 1.78±0.29bc | 2.16±0.18a | 1.99±0.10ab | 1.62±0.17c | 1.61±0.18c | 0.171 |

**表 4 羊草青贮饲料中吡哆醇损失率与其他分析变量的 Pearson 相关分析系数**

**Table 4 Pearson correlation analysis coefficient between the loss rate of pyridoxine in *Leymus chinensis* silage and other analytical variables**

| Variable | DM | pH | LA | AA | PA | BA | AN | CP | NDF | ADF | WSC | EE |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| 吡哆醇 pyridoxing | 0.070 | 0.633* | -0.501 | -0.319 | 0.251 | -0.688** | -0.561* | 0.299 | -0.016 | -0.500 | 0.519* | -0.279* |

注：DM,dry matter 干物质;LA,Lactic acid 乳酸;AA,Acetic acid 乙酸;PA,Propionic acid 丙酸;BA,Butyric acid 丁酸;AN,Ammonia nitrogen 氨态氮;WSC,water-soluble carbohydrates 水溶性碳水化合物;CP,crude protein 粗蛋白质;NDF,neutral detergent fiber 中性洗涤纤维;ADF,acid detergent fiber 酸性洗涤纤维;EE,Ether extract 粗脂肪

* 95% confidence level. 95%置信区间

** 99% confidence level. 99%置信区间

# 3.讨论

一般认为 pH 值为 3.8~4.2 的青贮饲料发酵品质优良，但 pH 值并不是评判发酵质量的唯一标准，干物质含量、缓冲能等都会对青贮饲料的 pH 产生影响，低水分青贮时 pH 值较高，但其青贮品质仍可能很好[8]。不同收割时间羊草青贮饲料的 pH 值均大于 4.2，但 $NH_3$-N/TN 值低于 8%，发酵品质仍然良好。这是因为羊草青贮饲料水分含量较低，青贮过程中，细胞渗透压增加，梭菌等霉菌和腐败菌的生长受到抑制，阻碍了丁酸的产生和蛋白质的分解，厌氧状态抑制了真菌的活动，同时乳酸菌活动也微弱，因此产生的有机酸少，pH 值较高。

随着植物生长时间的延长，茎叶比逐渐增大，CP 含量下降，NDF 和 ADF 含量上升[9]，但在本试验中羊草的 CP 含量随着收割时间延长先升高后降低，NDF 和 ADF 含量随收割时间延长波动变化，这可能是因为牧草的生长状态还与自然环境中的温度、降水、湿度、光照时长等因素有显著的相关性[10]，当地气候环境导致羊草返青较晚，在 T2 到 T3 组完全返青，进行营养生长

在收割前期吡哆醇的含量更高，这与 Castagnino[11]和 Tade[12]等的研究一致。这可能是因为目前认为植物中的吡哆醇在叶绿体中合成，叶绿体的数量与吡哆醇的含量直接相关，而叶片相较于茎中含有更丰富的叶绿体，植物早期的茎叶比低，单位质量下叶绿体更多，随着收割时间的延长，植物茎叶比升高，因而在后期植物吡哆醇含量下降[13]

由于在青贮发酵中乳酸菌消耗 WSC 含量产生乳酸最终导致 pH 值降低，因此我们初步推断 pH 是影响吡哆醇损失率的主要因素，通过乳酸菌产乳酸降低 pH 值进而减少青贮中吡哆醇的损失率。吡哆醇损失率与乳酸含量不相关是因为同时乳酸属于间接因素，我们可以推断，乳酸含量并没有直接影响吡哆醇损失率。

# 4.结论

收割前期粗蛋白质（CP）和吡哆醇含量更高。青贮发酵中的酸性环境有利于吡哆醇的保存，乳酸含量不会直接影响吡哆醇的损失率。

## 参考文献


Yan, R., Chen, S., Zhang, X., Han, J., Zhang, Y., and Undersander, D. (2011). Short communication: Effects of replacing part of corn silage and alfalfa hay with Leymus chinensis hay on milk production and composition. Journal of Dairy Science 94, 3605-3608.

[2]McEniry, J., King, C., and O'Kiely, P. (2014). Silage fermentation characteristics of three common grassland species in response to advancing stage of maturity and additive application. Grass and Forage Science 69, 393-404.

[3]Bolsen K K, Lin C, Brent B E. Automated simultaneous determination of ammonia and amino acids in ruminal fluids and in vitro media. Journal of Dairy Science, 1980, 63(1): 64-75.

[4]Li H S. Principles and techniques of plant physiological and biochemical experiments. Beijing: Higher Education Press, 2001.
李合生. 植物生理生化试验原理与技术. 北京：高等教育出版社，2001.

[5]Vansoest 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.

[6]Zhang L Y. Feed analysis and feed quality testing technology. Beijing: China Agricultural University Press, 2007: 53-56, 67.
张丽英. 饲料分析及饲料质量检测技术. 北京: 中国农业大学出版社，2007：53-56，67.

[7]Jia, T.T., Sun, Z.Q., Gao, R., and Yu, Z. (2019). Lactic acid bacterial inoculant effects on the vitamin content of alfalfa and Chinese leymus silage. Asian-Australasian Journal of Animal Sciences 32, 1873-1881.

[8]Yu Z, Li C Y, Xue Y S. Effects of wilting and corn flour mixed treatment on the quality of alfalfa bagged silage. Chinese Journal of Grassland, 2009, 31(3): 83-87.
玉柱, 李传友, 薛有生. 萎蔫和玉米粉混合处理对紫花苜蓿袋装式青贮品质的影响. 中国草地学报, 2009, 31(3): 83-87.

[9] Li L X, Gong Z F, Zhu X, *et al*. The effect of different harvesting times on the nutritional value and silage fermentation quality of ear removed corn straw. China Feed, 2021, 683(15): 85-89.
李龙兴, 龚正发, 朱欣, 等. 不同收获时间对去穗玉米秸秆营养价值和青贮发酵品质的影响. 中国饲料, 2021, 683(15): 85-89.

[10]Xie Y, Shi D, Li P H, et al. Study on the correlation between Leymus chinensis quality and meteorological and soil factors. Acta Agrestia Sincia, 2012, 20(4): 631-636. 谢越, 石丹, 李品红, 等. 羊草品质与气象因子和土壤因子的相关性研究. 草地学报, 2012, 20(4): 631-636.

[11]Castagnino, D.S., Kammes, K.L., Allen, M.S., Gervais, R., Chouinard, P.Y., and Girard, C.L. (2017). High-concentrate diets based on forages harvested at different maturity stages affect ruminal synthesis of B vitamins in lactating dairy cows. Animal 11, 608-615.

[12]Tadevosyan, L., Martirosyan, G., Tsereteli, I., Vardanyan, I., Zadayan, M., and Avagyan, A. (2023). Dynamics of bioactive substances accumulation during cauliflower maturation as a way to ensure functional crop properties. Functional Foods in Health and Disease 13, 584-594.

[13]Tian, Q.Z., Wang, G., Ma, X.X., Shen, Q.W., Ding, M.L., Yang, X.Y., Luo, X.L., Li, R.R., Wang, Z.H., Wang, X.Y., et al. (2022). Riboflavin integrates cellular energetics and cell cycle to regulate maize seed development. Plant Biotechnology Journal 20, 1487-1501.

# 不同复合菌酶添加对中药渣青贮饲料的营养价值及发酵品质的影响

郭田心[26]，陈丹丹[1]，张庆[1*]

（1.华南农业大学林学与风景园林学院，广东 广州，510642）

**摘要**：为了探究不同酶制剂和植物乳杆菌（LP）复合添加对中药渣青贮发酵品质动态变化的影响，以中药渣（黄芪、山药、茯苓与柴胡）为原料， LP 与酶[纤维素酶（CE）、果胶酶（PE）、木聚糖酶（XY）]分别组合添加处理，并设置空白对照（CK），青贮 3、7、15、34 d 后分析其青贮发酵品质。结果表明：所有处理组在青贮 34 d 后，pH 值、酸性洗涤纤维、中性洗涤纤维相比对照组均显著降低（P<0.05），可溶性碳水化合物含量相比对照组显著提高（P<0.05）。综上所述，添加菌酶复合添加剂可显著降低中药渣青贮后中性洗涤纤维、酸性洗涤纤维含量。随着青贮时间的延长，LP＋CE 处理组能够增加可溶性碳水化合物含量，且 LP＋CE 和 LP＋PE 处理组能够减少氨态氮含量，有效减少蛋白降解，使中药渣青贮品质得到有效改善。

**关键词**：中药渣；青贮；资源利用；青贮添加剂；发酵品质

# The effect of bacterial enzyme complexes on the dynamics of silage fermentation quality of Chinese medicine residues

GUO Tian-xin[1], CHEN Dan-dan[1], Qing Zhang[1]

College of Forestry and Landscape Architecture, South China Agricultural University, Guangdong Guangzhou 510642)

**Abstract:** In order to investigate the effects of different enzymes and Lactobacillus plantarum (LP) compound additions on the dynamics of silage fermentation quality of Chinese medicine dregs, Chinese medicine dregs (Astragalus, Dioscoreae Rhizoma, Poria cocos and Bupleuri Radix) were used as raw materials, and the combination of LP and enzymes [cellulase (CE), pectinase (PE), and xylanase (XY)] were added separately, and set up a blank control (CK) to analyze its silage fermentation quality after 3, 7, 15, and 34 days of storage. The silage fermentation quality was analyzed after 3, 7, 15 and 34 days of silage. The results showed that after 34 days of silage, the pH value, fiber were significantly reduced (P<0.05) and the soluble carbohydrate content was significantly increased (P<0.05) compared with the control group. In summary, the addition of bacterial enzyme complex additives can significantly reduce the neutral detergent fiber and acid detergent fiber content of Chinese medicine dregs after silage. With the prolongation of silage time, the LP + CE treatment group was able to increase the soluble carbohydrate content，and the LP + CE and LP + PE treatment groups were able to reduce the content of ammoniacal nitrogen and effectively reduce the protein degradation, so that the quality of Chinese medicine dregs silage can be effectively improved.

**Key words**: traditional Chinese medicine residue; silage; resource utilization; silage additive; fermentation quality

中医药作为中国传统文化的重要组成部分，在维护人们身体健康和促进健康生活方面扮演着至关重要的角色。中药经煎煮获取药汤后，会产生大量固体中药残渣。据报道，在我国每年的中药渣产生量是非常

[26]**基金项目**：广东省基础与应用基础研究基金项目（2020A1515011253）资助

**作者简介**：郭田心（2001-），女，汉族，广东揭阳人，研究方向牧草青贮加工，在读硕士，电话：18028703192，E-mail: g18028703192@163.com；[*]通讯作者 Author for correspondence，E-mail:zqing1988@126.com

巨大的，大约有 1200 万 t[1]。现有的中药渣常见处理方式，包括填埋、焚烧等，都不能对中药渣残留的营养物质充分利用。因此需要一种有效的加工方法使其成为一种较好的饲料原料。青贮作为一种常用的保存新鲜牧草的传统方法，能够较大限度的保留牧草和谷物的营养成分，同时得到适口性更佳的饲料。植物乳杆菌（Lactobacillus plantarum，LP）是最常见的微生物添加剂，促进青贮中的乳酸发酵过程[2]，从而达到提高青贮质量的目的。纤维素酶（cellulase，CE）在青贮过程中通过直接促进纤维降解能够有效地提高发酵底物的含量，从而间接促进乳酸发酵过程，同时能够降低 pH 达到提高发酵质量的目的。果胶酶（pectinase，PE）和木聚糖酶（xylanase，XY）能够通过分解植物细胞壁释放细胞内营养物质为乳酸菌发酵提供更多的底物，从而提高青贮质量。

## 1 材料和方法

试验所用的废弃中药渣混合物（黄芪、山药、茯苓与柴胡），于佛山某中药饮片加工企业收集得到，添加的植物乳杆菌是自辣木叶（*Moringa oleifera*，M）青贮饲料中分离并鉴定出来的 LP。经过 24 h 培养后其 pH 值能达到 3.8 左右。每 200 g 的中药渣中分别添加 $10^6$ cfu·$g^{-1}$ 的 LP 和 200 u·$g^{-1}$ 的不同酶制剂（纤维素酶、果胶酶、木聚糖酶）组合成（LP+CE、LP+PE、LP+XY），以不添加作为对照组。本试验所使用的酶全部来源于湖南盛东生物科技有限公司，其中纤维素酶的酶活性为 $2\times10^4$ u·$g^{-1}$，果胶酶活性为 $3\times10^4$ u·$g^{-1}$，木聚糖酶的酶活性为 $2\times10^5$ u·$g^{-1}$。分别在青贮 3、7、15、34 d 进行开袋。开袋测定以下发酵品质：粗蛋白、非蛋白氮、pH 值、氨态氮、纤维和可溶性碳水化合物含量[3]。采用平板计数法测定微生物（乳酸菌、酵母菌、霉菌和大肠杆菌）数量。

## 2 结果和分析

由表 3 可知， LP＋CE 处理后的中药渣，在青贮 7 d 后，与对照组和 LP＋XY 处理组相比，NDF 含量显著降低（P<0.05）。在青贮 15 d 后，经过 LP＋CE 处理的中药渣中 ADF 含量显著低于对照组（P<0.05）。随着发酵时间的延长，对照组 WSC 含量在青贮 15 d 后显著降低，青贮 7 d 后，各处理组的 WSC 始终显著高于对照组（P<0.05），其中 LP＋CE 处理组中 WSC 含量始终显著高于其余各处理组（P<0.05）。青贮 34 d 后，LP＋CE 处理组中的 CP 含量显著高于其余各处理组（P<0.05）。在青贮 34 d 后各处理组中的 NH3-N 含量相较于青贮 3 d 后均显著增加（P<0.05），其中 LP＋XY 处理组 NH3-N 含量最高（P<0.05）。方差分析结果表明，青贮时间对 WSC 有显著的影响（P<0.05），对 NH3-N 含量有极显著的影响（P<0.01）。不同菌酶复合处理对 NDF、ADF、WSC、CP、NH3-N 含量均有极显著影响（P<0.01）。这两者之间的交互作用对 WSC 含量有极显著影响（P<0.01）、对 NH3-N 含量有显著影响（P<0.05）。随着发酵时间的延长，中药渣青贮饲料的 pH 值逐渐降低，并且青贮 34 d 后，所有处理组的 pH 值均比对照组低（P<0.05）。此外，对照组中乳酸菌的数量也随着青贮天数的增加显著增加，与对照组相比，添加剂处理在青贮 15 d 后乳酸菌数量均显著降低（P<0.05）。在整个青贮过程中均未检测到大肠杆菌和霉菌的存在。

**表 1　添加植物乳杆菌和 3 种不同酶对中药渣青贮纤维和蛋白含量的影响**

**Table1 .** Effects of adding *Lactobacillus plantarum*(LP) and three different enzymes on fiber and protein content of traditional Chinese medicine residue silage

| 项目 Items | 处理 Treatments | 青贮天数 D（d） | | | | 平均值 Mean | 标准误 SEM | 显著性 Significance | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| | | 3 | 7 | 15 | 34 | | | D | T | D×T |
| 中性洗涤纤维 Neutral detergent fiber（NDF,%DM） | CK | 60.75A | 61.11A | 62.93A | 62.54A | 61.83 | 0.54 | NS | ** | NS |
| | LP + CE | 53.28B | 52.04B | 50.21C | 52.17C | 51.93 | 0.66 | | | |

| | | | | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| | LP + PE | 54.63B | 54.59B | 54.05BC | 52.85BC | 54.03 | 0.52 | | | |
| | LP + XY | 57.11AB | 57.97A | 55.51B | 56.31B | 56.72 | 0.57 | | | |
| | CK | 45.20 | 44.30 | 48.15A | 47.10A | 46.19 | 0.70 | | | |
| 酸性洗涤纤维 Acid | LP + CE | 41.21 | 41.30 | 39.56B | 41.84B | 40.98 | 0.59 | NS | ** | NS |
| detergent fiber（ADF,%DM） | LP + PE | 42.70 | 43.27 | 44.00AB | 42.99B | 43.24 | 0.48 | | | |
| | LP + XY | 42.55 | 44.13 | 42.97B | 44.66AB | 43.58 | 0.51 | | | |
| | CK | 5.36aB | 5.88aC | 3.67bC | 2.61bC | 4.54 | 0.42 | | | |
| 可溶性碳水化合物 | LP + CE | 12.83bA | 12.04bA | 16.91aA | 14.54abA | 14.08 | 0.74 | | | |
| Water-soluble carbohydrates | LP + PE | 11.72aA | 11.03abA | 11.27aB | 9.80bB | 10.96 | 0.27 | * | ** | ** |
| （WSC,%DM） | LP + XY | 8.42bcB | 7.57cB | 10.33aB | 9.62abB | 8.98 | 0.39 | | | |
| | CK | 7.47B | 8.00B | 7.64B | 7.60B | 7.68 | 0.15 | | | |
| 粗蛋白 Crude protein | LP + CE | 9.29A | 9.10A | 9.09A | 9.13A | 9.15 | 0.21 | | | |
| （CP,%DM） | LP + PE | 7.82AB | 7.49B | 8.26AB | 7.75B | 7.83 | 0.18 | NS | ** | NS |
| | LP + XY | 6.98B | 7.14B | 7.43B | 7.42B | 7.24 | 0.08 | | | |
| | CK | ND | 0.69 | 0.96 | 1.29B | 0.98 | 0.18 | | | |
| 氨态氮 Ammonium | LP + CE | 0.37b | 0.81ab | 0.59ab | 1.06aB | 0.67 | 0.12 | | | |
| nitrogen（$NH_3$-N,%TN） | LP + PE | 0.25b | 0.56ab | 0.52ab | 0.95aB | 0.57 | 0.10 | ** | ** | * |
| | LP + XY | 0.29b | 0.80b | 0.98b | 2.44aA | 1.13 | 0.26 | | | |
| | CK | 5.35aA | 4.65bA | 4.71bA | 4.20cA | 4.73 | 0.13 | | | |
| pH | LP＋CE | 4.06aC | 3.86bBC | 3.87bB | 3.73cBC | 3.88 | 0.04 | | | |
| | LP＋PE | 3.86aD | 3.70cC | 3.74bB | 3.65dC | 3.74 | 0.02 | ** | ** | ** |
| | LP＋XY | 4.14aB | 3.91bB | 3.89bB | 3.80cB | 3.93 | 0.04 | | | |
| | CK | 6.86bC | 8.41aB | 8.17aA | 8.48aA | 7.98 | 0.20 | | | |
| 乳酸菌 Lactic acid bacteria | LP＋CE | 8.48aB | 8.32aBC | 7.47bB | 5.93cB | 7.48 | 0.33 | | | |
| （LAB，$log_{10}$ cfu·$g^{-1}$ FM） | LP＋PE | 8.61aAB | 8.52aA | 7.12bB | 5.54cB | 7.62 | 0.37 | ** | ** | ** |
| | LP＋XY | 8.74aA | 8.23aC | 7.21bB | 6.02cB | 7.55 | 0.33 | | | |
| | CK | <2.00 | 4.19 | 4.63 | 3.51 | 4.11 | 0.25 | | | |
| 酵母菌 Yeast（$log_{10}$ cfu·$g^{-1}$ | LP＋CE | <2.00 | 3.15 | 3.55 | 4.11 | 3.66 | 0.19 | | | |
| FM） | LP＋PE | <2.00 | <2.00 | 3.38 | 3.82 | 3.60 | 0.42 | NS | NS | NS |
| | LP＋XY | <2.00 | 2.77b | 3.99a | 4.61a | 3.92 | 0.31 | | | |
| | CK | <2.00 | <2.00 | <2.00 | <2.00 | ND | ND | | | |
| 霉菌 Molds（$log_{10}$ cfu·$g^{-1}$ | LP＋CE | <2.00 | <2.00 | <2.00 | <2.00 | ND | ND | | | |
| FM） | LP＋PE | <2.00 | <2.00 | <2.00 | <2.00 | ND | ND | ND | ND | ND |
| | LP＋XY | <2.00 | <2.00 | <2.00 | <2.00 | ND | ND | | | |
| | CK | <2.00 | <2.00 | <2.00 | <2.00 | ND | ND | | | |
| 大肠杆菌 Coliform bacteria | LP＋CE | <2.00 | <2.00 | <2.00 | <2.00 | ND | ND | | | |
| （$log_{10}$ cfu·$g^{-1}$ FM） | LP＋PE | <2.00 | <2.00 | <2.00 | <2.00 | ND | ND | ND | ND | ND |
| | LP＋XY | <2.00 | <2.00 | <2.00 | <2.00 | ND | ND | | | |

注：同行不同小写字母表示差异显著（$P$<0.05）；同列不同大写字母表示差异显著（$P$<0.05）； **表示 0.01 水平差异显著，*表示 0.05 水平差异显著，NS 表示差异不显著；ND 表示未检出；D 表示青贮天数，T 表示不同处理，D×T 表示青贮天数和不同处理的交互作用。TN: 总氮 Total nitrogen.

## 3 讨论

在各菌酶复合处理组中药渣青贮饲料中 NDF 和 ADF 含量都显著降低，同时 WSC 含量均显著提高。这可能是由于酶添加剂能更好地破坏植物细胞壁，有效的将纤维素、木质素等成分，降解成为微生物可直接利用的单糖。其中 LP＋CE 效果相较其他两组更为明显。说明同时添加植物乳杆菌和纤维素酶对降低中药渣青贮饲料纤维素含量、保存其 WSC 含量更有利。添加纤维素酶能够使得中药渣中的糖分被尽可能的分解释放，让 WSC 含量得到提高，最终达成青贮发酵品质提高的目标。LP＋CE 处理组青贮 7 d 后，CP 含量显著高于其余各处理组，说明同时添加植物乳杆菌和纤维素酶能更加充分保存中药渣青贮饲料中的

CP。根据魏化敬[4]的理论可知，青贮饲料中的蛋白质和氨基酸分解程度，可以通过 NH3-N 与总氮含量的比值大小来进行评估。比值越大，则说明青贮中的蛋白质和氨基酸被分解的越多，表明该青贮饲料的质量越差。各处理组在青贮 34 d 后，NH3-N 含量都显著提高，其中 LP＋XY 处理组 NH3-N 含量显著高于其余各试验组。同时 LP＋CE 处理组保存蛋白的效果相对其他处理较好，不仅 CP 含量显著高于各组，同时 NH3-N 含量也比对照组低。本试验中，所有处理组的 pH 值相较对照组均有显著性降低，均小于或等于 4.2，达到了理想的青贮标准。说明菌酶复合处理能使中药渣达到更好的青贮品质，其中 LP＋CE、LP＋PE 复合效果较明显。此同时，在试验过程中没有产生大肠杆菌和霉菌，这种情况可能是由于酸性条件较强抑制了其生长活性。

## 4 结论

试验结果表明：不同的菌酶复合处理能够降低中药渣青贮饲料中的 pH 值从而抑制不良微生物的生长，在减少纤维素含量（中性洗涤纤维、酸性洗涤纤维）的同时显著增加了反刍动物可利用的可溶性碳水化合物含量。在青贮时添加 LP+CE 或者 LP+PE 能够使中药渣具有更好的贮存效果，营养成分得到更好的保留。

参考文献：

[1] 张威龙, 帖靖玺. 中药渣资源化利用研究进展. 信阳农林学院学报, 2020, 30(3): 80-83.

[2] Wang Y, Wang C, Zhou W, *et al*. Effects of wilting and *Lactobacillus plantarum* addition on the fermentation quality and microbial community of *Moringa oleifera* leaf silage. Frontiers in Microbiology, 2018, 9(8): 1817.

[3] 王成, 王益, 周玮, 等. 植物乳杆菌和含水量对辣木叶青贮品质和单宁含量的影响. 草业学报, 2019, 28(6): 109-118.

[4] 魏化敬. 提高紫花苜蓿与多年生黑麦草、苇状羊茅混合青贮发酵品质的研究. 南京:南京农业大学, 2011.

# 添加黄粱木、樟木和桉树精油对构树叶青贮品质的影响

孔令钿，张超，张庆[27*]

(华南农业大学林学与风景园林学院，广东 广州 510642)

**摘要：**为了探究添加黄粱木（*Neolamarckia cadamba* ，N）精油和樟木（*Camphorwood*，C）精油以及桉树（*Eucalyptus*，E）精油对构树叶青贮品质的影响，本试验设 4 个处理：无添加(对照，CK)，0.1%N、0.1%C 以及 0.1%E。青贮 30d 后，测定发酵品质和蛋白组分。结果表明：添加黄粱木精油、樟木精油以及桉树精油对构树叶青贮品质有显著影响，0.1%N 组、0.1%C 组以及 0.1%E 组均降低了 pH 值，其中 0.1%N 组最为显著。0.1%N 组、0.1%C 组以及 0.1%E 组均降低了大肠杆菌的含量($P$<0.02)，增加了真蛋白含量，降低了非蛋白氮和氨态氮的含量。因此，在构树叶青贮过程中，添加黄粱木精油、樟木精油以及桉树精油可以降低 pH，提高青贮发酵品质，其中添加黄粱木精油（N 组）更有利于提高青贮发酵品质。

**关键词：**黄粱木；樟木；桉树；构树叶；精油；青贮品质

# Effects of Essential Oils of Sorghum bicolor, Cinnamomum camphora and Eucalyptus on Quality of Broussonetia papyrifera Leaf Silage

KONG Lingdian,ZHANG Chao, ZHANG Qing*

(College of Forestry and Landscape Architecture, South China Agricultural University, Guangzhou, Guangdong Province 510642, China)

**Abstract:** In order to study the effects of *Neolamarckia cadamba* (N), *Camphorwood* (C) and *Eucalyptus Robusta Smith (*E*)* essential oils on the quality of *Broussonetia papyrifera* leaf silage, four treatments were set up: no addition (CK), 0.1% N, 0.1% C and 0.1%E. After 30 days of silage, fermentation quality and protein components were determined. The results showed that the quality of B*roussonetia papyrifera* leaf silage was significantly influenced by the essential oils of *Begonia juga, Cinnamomum camphora* and *Eucalyptus.* The pH value of *Broussonetia papyrifera* leaf silage decreased in 0.1% N group, 0.1% C group and 0.1% E group. 0.1% N group, 0.1% C group and 0.1% E group all decreased the content of E. coli (P < 0.02), increased the content of true protein, and decreased the content of non-protein nitrogen and ammonia nitrogen. Therefore, the addition of *Sorghum oil, Camphor oil* and *Eucalyptus oil* could decrease pH and improve the fermentation quality of silage, and the addition of *Sorghum oil* (N group) was more beneficial to improve the fermentation quality of silage.

**Key words:** *Neolamarckia cadamba*; *Camphorwood*; *Eucalyptus*; *Broussonetia papyrifera* leaf ； Essential oils；Silage quality

构树*( Broussonetia papyrifera)* 属桑科*( Moraceae)* 构树属*( Broussonetia)* ，为速生落叶乔木，抗盐碱，耐贫瘠，萌发能力强，广泛分布于我国大部分地区[1]。构树的叶片中蛋白质含量非常高可达到 20%～30%，远高于大米、玉米、小麦，仅次于大豆，是生产畜类饲料的纯天然原料[2]。但构树叶直接青贮效果差，难度高。黄粱木（*Neolamarckia Cadamba*）属茜草科团属，分布于我国广东、广西和云南南部以及越南、缅甸等地，黄粱木提取物中含有生物碱、皂苷、类黄酮、烯萜、类固醇等多种活性成分[3]。樟木（*Camphorwood*）

[27]基金项目：国家重点研发项目（2022YFE0111000-2，2022YFD1300902）资助

作者简介：孔令钿（2000-），男，江西萍乡人，硕士研究生，研究方向为饲草料加工与贮藏，E-mail: -2433822902@qq.com；

*通讯作者 Author for correspondence,E-mail:zqing1988@126.com

属樟科樟属类植物，主要分布于我国的东南部以及日本、韩国、越南和印度等国，樟树中含有木脂素、挥发油、黄酮、生物碱和酚、酸类等多种成分，具有较好的抗氧化和抗菌等作用[4]。桉树（*Eucalyptus Robusta Smith*）属桃金娘科下桉属，原产于澳大利亚、菲律宾等国，后引入我国，桉树精油具有抑菌、抗炎、抗氧化等多种生物活性，已成为生命自然科学领域特别是医学和农业领域的研究热点[5]。精油是从芳香物中通过水蒸气蒸馏或采用相同原理的替代工艺获得的挥发性复杂混合物[6]。主要成分包括单萜类、倍半萜类、黄酮类、生物碱类、三萜类等[7]，精油能够在青贮过程中，使原料更好的保存。因此本研究选择使用构树叶加入三种不同精油，旨在探究添加不同精油对构树叶青贮品质的影响。

## 1 材料和方法

本试验所用构树叶、黄粱木、桉树叶、樟木叶材料均种植于华南农业大学启林南区试验田，三种精油采取蒸馏法提取而成。采集构树叶并用铡刀切成长度为2～3 cm的短段，分别加入0.1%N、0.1%C以及0.1%E，以不添加作为对照组，混合均匀后装入聚乙烯密封袋（20 cm×30 cm）中，每袋约 150 g，用真空封口机密封后于常温下储存，青贮 30 天后，开袋测定干物质、粗蛋白、真蛋白、非蛋白氮和氨态氮，参照舒思敏等[8]的方法测定 pH，采用平板计数法测定乳酸菌、大肠杆菌、酵母菌和霉菌的数目。

## 2 结果和分析

如表 1 所示，青贮 30 天后，相比于对照组，添加 0.1%N 极显著增加了真蛋白含量($P$<0.05)，极显著降低了 pH 值与大肠杆菌数量($P$<0.01)。单独添加 0.1%C 显著增加了真蛋白含量($P$<0.05)，显著降低了非蛋白氮和氨态氮含量($P$<0.01)。添加 0.1%E 显著增加了真蛋白含量($P$<0.01)，极显著降低了 pH 值、非蛋白氮和氨态氮含量($P$<0.01)。

**表 1　N、C 和 E 对构树叶青贮品质的影响**

**Table 1 The effect of N and C and E on the fermentation quality of Broussonetia papyrifera Leaf Silage**

| 项目 Items | 处理 Treatments | | | |
|---|---|---|---|---|
| | CK | 0.1%N | 0.1%C | 0.1%E |
| 干物质 DM（%） | 29.30 ±0.35 | 30.02 ±0.74 | 30.84 ±2.08 | 29.05 ±1.73 |
| pH | 7.10 ±0.09 a | 6.18 ±0.05 d | 6.92 ±0.11 b | 6.66 ±0.07 c |
| 乳酸菌 LAB($log_{10}$cfu·$g^{-1}$ FM) | 8.45±0.05a | 8.22±0.11b | 8.17±0.11b | 7.71±0.03c |
| 大肠杆菌 Coliform（$log_{10}$cfu·$g^{-1}$ FM） | 8.27±0.08a | 5.33±0.05b | 7.79±0.2c | 7.26±0.18ab |
| 酵母菌 Yeasts（$log_{10}$cfu·$g^{-1}$ FM） | <2 | <2 | <2 | <2 |
| 霉菌 Molds（$log_{10}$cfu·$g^{-1}$ FM） | <2 | <2 | <2 | <2 |
| 粗蛋白 CP (%DM) | 25.75 ±0.25 | 25.65 ±0.19 | 25.35 ±0.77 | 24.93 ±0.59 |
| 真蛋白 TP (%TN) | 14.36 ±1.17 b | 16.11 ±0.59 a | 16.00 ±0.59 a | 14.88 ±0.79 ab |
| 非蛋白氮 NPN(%TN) | 11.39 ±1.28 a | 9.54 ±0.76 b | 9.35 ±0.18b | 10.06 ±0.21 ab |
| 氨态氮 $NH_3$-N (%TN) | 1.71 ±0.04 a | 0.92 ±0.05 d | 1.41 ±0.06 b | 1.25 ±0.06 c |

注：同行处理组间不同小写字母表示差异显著($P$<0.05)

Note: The different small letters in the same row mean the significant differences ($P$<0.05)

## 3 讨论

构树叶原料中微生物含量较为丰富，但 pH 和 NPN 含量高，直接青贮品质相对较差。添加 0.1%N、0.1%C、0.1%E 后，pH 值显著降低，大肠杆菌显著降低，说明添加不同精油可以有效降低青贮构树叶的 pH，抑制微生物的生长，这些实验结果可能与精油内含多种抗菌类活性成分有关[9]。精油处理组的乳酸菌数量低于 CK，这可能是因为青贮环境 pH 降低，一些不耐酸的乳酸菌生长受抑制。所有样品中酵母菌和霉菌均小于检测值，这可能是因为，青贮环境厌氧条件充分，霉菌和酵母菌是需氧菌，在该环境下生长受抑制。单独添加 0.1%N 与 0.1%C 后，非蛋白氮和氨态氮含量显著降低，真蛋白含量显著提高，可能是青贮过程中添加精油抑制了微生物水解蛋白[10]，从而达到保存青贮饲料蛋白的效果。添加三种精油后，构树叶在 30 天

后 pH 仍然较高，可能是因为构树叶缓冲能高，pH 值难以降低。

# 4 结论

试验结果表明，0.1%N、0.1%C 以及 0.1%E 均可以提高柱花草青贮品质，但添加 0.1%N、0.1%C 优于添加 0.1%E。其中，以 0.1%N 添加效果更好。

## 参考文献


[1] 吴永波，叶波.高温干旱复合胁迫对构树幼苗抗氧化酶活性和活性氧代谢的影响[J].生态学报. 2016, 36(02): 403-410.

[2] 李党法.构树的培育与开发利用[J].中国林副特产. 2007(01): 49-76.

[3] Khanapur M, Avadhanula R K, Setty O H. In vitro antioxidant, antiproliferative, and phytochemical Study in different extracts of *nyctanthes arbortristis* flowers[J]. BioMed Research International. 2014, 2014: 291271.

[4] 陈芳有，周健，吴华强，等.樟木化学成分研究[J]. 中药材. 2023(08): 1942-1945.

[5] 褚玉红，宋秀梅，李建侠，等.桉树精油理化特性及其在动物生产中的应用研究进展[J]. 中国饲料.: 1-6.

[6] 肖佳欢，梁新丽，黄小英，等.植物精油抗炎作用研究进展[J]. 江西中医药大学学报. 2024, 36(01): 124-128.

[7] 陈婷，宿树兰，华永庆，等.芳香类药用植物抗炎镇痛活性成分及其作用机制研究进展[J]. 中草药. 2011, 42(06): 1221-1228.

[8] 舒思敏，杨春华，唐智松，等.添加绿汁发酵液对不同含水量扁穗牛鞭草青贮料品质的影响[J]. 草食家畜. 2011(04): 41-43.

[9] 李亚茹，周林燕，李淑荣，等.植物精油对果蔬中微生物的抑菌效果及作用机理研究进展[J]. 食品科学. 2014, 35(11): 325-329.

[10] Mihalik E, Maráz L, Szöcs Z. Seed oils of some cultivated amaranthus species[C]. 1992.

# 不同饲养方式对肉羊生长性能血液抗氧化指标以及瘤胃发酵参数的影响

魏慧情[1,2]，陈　瑶[1,2]，张孝安[1]，赵梦宇[1]，孙义铭[1]，张子军[1,3]，任春环[1,3]，

黄桠锋[1,2,3]*

(1. 安徽农业大学 动物科技学院，安徽 合肥 230031； 2. 颍县农业绿色发展推进中心,安徽 颍上 236200;
3. 定远县现代农业技术合作推广中心,安徽 定远 233200）

**摘　要：**本研究以全舍饲饲养模式（CON）为对照组、舍饲加短时放牧饲养（2 h/天，G2）和舍饲加限时放牧饲养（4 h/天、G4）模式为试验组，5 月龄黄淮肉羊母羔羊为供试家畜，探究不同饲养模式对绵羊生长性能、血清抗氧化能力、瘤胃发酵参数、研究表明：与 CON 组相比，G2 组黄淮肉羊在第 25 天内、第 50 天内平均日增重分别显著提高了 19.9%和 19.2%（$P < 0.05$），而 G4 组的上述指标较其他处理组的均无显著差异（$P > 0.05$），与 CON 组相比，G2 和 G4 组黄淮肉羊血清总抗氧化能力含量显著提高了 5.1%~5.8 %（$P < 0.05$）。饲养模式对黄淮肉羊血清超氧化物歧化酶、谷胱甘肽过氧化物酶含量均无显著影响（$P > 0.05$），与 CON 组相比，G2 组瘤胃液氨态氮含量显著降低 19.2%，而 G4 组的较 CON 组显著提高了 14.5%。G2 组瘤胃液 pH 值、丙酸、戊酸含量较 CON 组的分别显著提高了 7.7%、15.1%、32.5%（$P < 0.05$），而 G4 组瘤胃液 pH 值、戊酸、异戊酸较 CON 组的分别显著提高了 9%、35.7%、15%（$P < 0.05$）。

**关键词：**饲养方式；肉羊；生长性能；血液抗氧化指标；瘤胃发酵参数

收稿日期：2024 年 4 月 8 日

基金项目：国家自然科学基金青年基金(31772566)农区“草食畜牧业-种植业”养分综合平衡生产技术应用试验(23339045)；财政部和农业农村部国家现代农业产业技术体系(CARS-38)

作者简介：魏慧情（1998-），女，安徽阜阳人，在读硕士生，主要从事不同饲养模式下肉羊生长性能的营养调控研究。

E-mail:3177740147@qq.com

通讯作者：黄桠锋（1989-），男，安徽黄山人，讲师，硕士生导师，主要从事草畜一体化工作。E-mail: huangyafeng316@163.com

### 1.2 不同饲养模式对肉羊生长性能的影响

动物的体重和 ADG 是衡量机体生长发育状况的重要指标[1]。研究表明，与舍饲饲养模式相比，3 月龄羔羊在天然草地自然放牧条件下可羊只末体重和 ADG 分别显著降低 10.15%和 21.92%[2]。与之类似的，Karim 等[3]研究发现，3 月龄凯里羊在半干旱地区天然草地上自然放牧较全舍饲的末体重和 ADG 分别显著降低了 18.3%和 46.6%。这可能是由于与自然放牧条件下羊只摄入牧草营养品质较低、运动量强度较大，以及舍饲条件下饲粮营养品质、消化率较高有关[2]。与之不同的是，Hamdi 等[4]人以 6 月龄巴巴多斯绵羊为研究对象，发现在天然草地补播苜蓿条件下自然放牧较全舍饲 ADG 显著提高 15.6%，这可能是因为天

然草地补种苜蓿增加了羊只摄入牧草中氮的含量，进而提高饲粮的消化率。进一步说明改良天然草地可显著提高自然放牧条件下肉羊的生长性能。

相比之下，与舍饲饲养模式相比，3 月龄滩羊在天然草地上自然放牧 8 小时加补饲 150~300g/(d·只)精料条件下末体重和 ADG 分别显著提高了 11.05%%和 32.34%[5]。Karaca 等[6]研究也证实，3 月龄凯里羊在天然草地自然放牧加补饲 154 g/(d·只)精料较全舍饲饲养模式使羊只的 ADG 显著提高了 15.5%，表明自然放牧条件下增设补饲措施可促进肉羊的生长。此外，4 月龄苏尼特羔羊在限时放牧 4 小时加补饲精料 250g 条件下较全舍饲饲养，其末体重和 ADG 分别显著提高了 2.5%和 33.2%[7]。Wang 等[5]，进一步证实，3 月龄滩羊在天然草地上放牧 2 小时加补饲 300~500g/ (d·只) 精料条件下末体重和 ADG 较全舍饲饲养模式分别显著提高了 11.05%和 32.34%。一方面可能是限时放牧减少因机体活动而减少能量消耗，且提高单位时间放牧效率，另外一方面补饲精料营养成分丰富，促进机体发育[8]。

因此，与全舍饲饲养模式相比，自然放牧条件下绵羊末体重和 ADG 显著降低，而改良天然草地可显著改善自然放牧绵羊的生长性能；放牧加补饲较全舍饲的可显著提高末体重和 ADG，而限时放牧加补饲对提高羔羊生长性能的效应更佳。

**表 1　不同饲养模式对肉羊生长性能的影响**

**Tab. 1 Effects of Different Feeding Methods on the Growth Performance of Meat Sheep**

| 饲养模式<br>Feeding methods | 影响<br>Influence | 引用文献<br>Reference |
|---|---|---|
| 自然放牧<br>natural grazing | 3 月龄苏尼特羊在天然草地自然放牧使其末体重、ADG 分别显著降低 10.15%和 21.92% | [2] |
| | 3 月龄绵羊在半干旱地区天然草地上自然放牧使其末体重、ADG 分别显著降低 18.3%和 46.6% | [3] |

注：不同饲养模式的优缺点是以全舍饲为对照。

**续表 1　不同饲养模式对肉羊生长性能的影响**

Continued Tab. 1 Effects of Different Feeding Modes on the Growth Performance of Meat Sheep

| 饲养模式<br>Feeding methods | 影响<br>Influence | 引用文献<br>Reference |
|---|---|---|
| 自然放牧<br>natural grazing | 欧拉羊在天然草场自然放牧使其末体重和 ADG 分别显著降低 27.3%和 57.4%。 | [6] |
| 放牧加补饲<br>Supplement of feed under grazing condition | 3 月龄滩羊在天然草地上自然放牧 8 小时加补饲 150~300g/(d·只)精料条件下末体重和 ADG 分别显著提高了 11.05%和 32.34% | [7] |
| | 4 月龄苏尼特羔羊限时放牧 4 小时加补饲精料 250g，其末体重和 ADG 分别提高了 2.5%和 33.2% | [8] |
| | 1~2 月龄的云岭黑羊在人工草地放牧加补饲 51g/(d·只）青贮饲料可使末体重和 ADG 分别显著提高 11.6%和 25.2% | [9] |

注：不同饲养模式的优缺点是以全舍饲为对照。

### 1.3 不同饲养模式对肉羊血液抗氧化指标的影响

动物氧化应激是由于机体内氧化与抗氧化平衡被打破，导致产生大量自由基和氧化中间产物[10]，从而引发机体脂质过氧化，破坏细胞膜结构的完整性，对机体健康造成损害的一种状态[11]。因此动物机体抗氧化能力的提高不仅与动物性食品品质息息相关，也是提升自身健康水平、提高养殖经济效益的有效途径之

一[12]。一般血清超氧化物歧化酶（SOD）、谷胱甘肽过氧化物酶（GSH-PX）和总抗氧化能力（T-AOC）水平升高，说明机体内抗氧化应激能力提高[13,14]。蒙成志等[15]测定了舍饲与放牧条件对阿尔巴斯绒羊免疫功能和看抗氧化功能的影响，结果显示，绒羊在舍饲饲养条件下与在天然草场自然放牧条件下相比，血液中SOD 和 GSH-PX 含量分别显著降低了 10.4%和 10.3%。而赵正伟[16]等在对有氧运动条件下滩羊生产性能和抗氧化性能的影响的研究中，也得出了相似的结论，即舍饲饲养模式下滩羊血液中 SOD、GSH-PX 和 T-AOC 含量较放牧饲养模式分别显著降低了 36.4%、34.5%和 10.6%。这可能是因为舍饲条件下绵羊运动严重受限，运动量不足，导致抗氧化功能降低。值得一提的是，在放牧的基础上进行补饲 0.3kg/（d·只）混合精料，绵羊血液中 SOD 含量显著提高了 15.4%[17]。这在许多研究中得到证实，适量补饲精料可以促进绵羊机体内抗氧化酶活性的提高，增强抗氧化能力。吴文旋等[18]研究贵州黑羊时发现，与传统的舍饲饲养模式相比，在其基础上进行补饲 0.6kg/（d·只）的混合精料，羔羊血清中 SOD、GSH-PX 和 T-AOC 含量分别显著提高了 8.9%、10.4%和 21.9%。原因主要是提高精料水平不仅可以满足绵羊瘤胃微生物生长和繁殖所需的营养，同时，在一定程度上可调节自由基的产生和消除，使其处于平衡状态，从而稳定体内细胞的氧化应激平衡，提高绵羊的抗氧化应激能力。

综上所述，与全舍饲饲养模式相比，自然放牧条件下绵羊血清中抗氧化指标显著降低，而在原有的饲养模式基础上进行额外的补饲可以显著的提高绵羊的抗氧化功能；目前关于限时放牧加补饲饲养模式对羔羊抗氧化功能的影响研究较少，因此在探究限时放牧加补饲调控绵羊血液抗氧化酶活性有待进一步研究。

**表 1-2　不同饲养模式对肉羊血液抗氧化指标的影响**

**Tab. 1-2　Effects of different feeding methods on blood antioxidant indicators in meat sheep**

| 饲养模式<br>Feeding methods | 影响<br>Influence | 引用文献<br>Reference |
|---|---|---|
| 未补饲<br>Not supplemented with feed | 阿尔巴斯绒羊在全舍饲饲养模式下较天然草场自然放牧条件下血液中 SOD 和 GSH-PX 含量分别显著降低了 10.4%和 10.3%。 | [10] |
| | 滩羊在舍饲条件下与自然放牧相比血液中 SOD、GSH-PX 和 T-AOC 含量分别显著降低了 36.4%、34.5%和 10.6%。 | [13] |
| 补饲<br>supplementation | 贵州黑羊在舍饲饲养模式的基础上进行补饲 0.6kg/（d·只）的混合精料，血清中 SOD、GSH-PX 和 T-AOC 含量分别显著提高了 8.9%、10.4%和 21.9%。 | [15] |
| | 绵羊在放牧的基础上进行补饲 0.3kg/（d·只）混合精料，血液中 SOD 含量显著提高了 15.4%。 | [18] |

### 3.4 不同饲养模式对黄淮羔羊瘤胃发酵参数的影响

瘤胃发酵参数如表 3-2 所示。CON 组的 pH 值显著低于 G2 和 G4 组（$P < 0.05$）。G4 组氨氮含量显著高于其他两组（$P < 0.05$），G2 组氨氮含量明显低于 CON 组（$P > 0.05$），不同日粮处理的总 TVFA 含量差异无统计学意义（$P > 0.05$），但 G4 组总 VFA 含量有增加的趋势（$P = 0.074$）。G4 组丙酸含量显著高于 CON 组（$P < 0.05$），G2 组戊酸和异戊酸含量显著高于 CON 组（$P < 0.01$），各组间乙酸、丁酸和异丁酸含量差异无统计学意义（$P > 0.05$）。

**表 2 不同饲养模式对黄淮羔羊瘤胃发酵参数的影响**

**Tab.2 Effects of different feeding modes on rumen fermentation parameters of Huanghuai lambs**

| Item 项目 | Treatment 组别 | | | SEM | *P* 值 |
|---|---|---|---|---|---|
| | CON | G2 | G4 | | |
| pH | 6.36 $^{b}$ | 6.89 $^{a}$ | 6.99 $^{a}$ | 0.08 | <0.001 |

| | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|
| 氨态氮，$NH_3$-N (mg/dL) | 12.16 $^{b}$ | 9.82 $^{c}$ | 14.22 $^{a}$ | 0.46 | <0.001 |
| 总挥发性脂肪酸，TVFA (mM) | 41.91 | 47.16 | 48.65 | 1.05 | 0.074 |
| 乙酸，Acetic acid (mM) | 29.19 | 32.28 | 34.00 | 0.75 | 0.111 |
| 丙酸，Propionic acid (mM) | 7.35 $^{b}$ | 8.66 $^{a}$ | 7.75 $^{ab}$ | 0.21 | 0.046 |
| 丁酸，Butyric acid (mM) | 4.27 | 4.86 | 5.58 | 0.25 | 0.131 |
| 异丁酸，Isobutyric acid (mM) | 0.68 | 0.81 | 0.70 | 0.04 | 0.342 |
| 戊酸，Valeric acid (mM) | 0.27 $^{b}$ | 0.40 $^{a}$ | 0.42 $^{a}$ | 0.02 | 0.015 |
| 异戊酸，Isovaleric acid (mM) | 0.17 $^{b}$ | 0.15 $^{b}$ | 0.20 $^{a}$ | 0.01 | 0.001 |

# 2.讨论

### 2.1 不同饲养模式对黄淮肉羊生长性能的影响

末体重和 ADG 的变化是反映羊只生长状况优劣的重要指标，直接或间接影响着肉羊养殖经济效益[19, 20]。研究发现，与放牧相比，放牧加补饲可以提供更高的能量水平，而放牧本身通常无法满足绵羊最佳生长性能的营养需求[21]。先前的研究表明，放牧时间较短的绵羊在放牧过程中具有较高的能量摄入率和放牧效率[22, 23]，这与我们的研究结果一致。在本研究中，G2 组的 ADG 要显著高于 G4 组和 CON 组，CON 组的 ADG 最低，同时，G4 组绵羊每天运动步数显著高于 G2 组，G2 组同样显著高于 CON 组，因此推测原因主要是 G2 组绵羊在放牧过程中消耗了大量的鲜草，并获得了更高的补充饲料来满足绵羊生长的营养需求[5]，而 G4 组有过多的放牧运动和更多的能量消耗，因此 ADG 低于 G2 组。CON 组的 ADG 较低，可能是由于饲养能量不能满足绵羊的生长需要，运动量较少，不利于绵羊骨骼的发育，降低了体重的增加[4]。因此，与舍饲组相比，舍饲加短时放牧往往更有利于绵羊生长性能的提高。

### 2.2 不同饲养模式对黄淮肉羊血液抗氧化指标的影响

动物机体防御体系的抗氧化能力强弱与饲养模式存在密切联系[24]。李勤[25]等研究表明，适宜强度的运动可改善动物机体抗氧化能力，促进机体健康，赵正伟[26]等也有类似报道，与本试验结果相一致。本研究中 G2H 和 G4H 组羔羊血浆 T-AOC 活性显著高于 CON 组。这可能是 CON 组绵羊在全舍饲下体内脂肪沉积过多，导致脂质过氧化反应增加，进而引发炎性反应，产生过量的自由基，使血浆 T-AOC 活性显著降低[27]。而三组血浆中 SOD 和 GSH-Px 活性均无显著变化，但 G2H 组羔羊的 SOD 活性有升高的趋势。说明舍饲基础上进行限时放牧，提高绵羊运动量可促进机体抗氧化物质的产生和抗氧化系统稳态，提高机体健康水平[28,29]。因此，与传统的全舍饲饲养模式相比，舍饲加短时放牧，能更有效的提高动物的免疫力，避免出现亚健康状况，间接促进了生长性能的提高。

### 2.3 不同饲养模式对黄淮肉羊瘤胃发酵参数的影响

瘤胃 pH、氨氮和 VFA 含量是检测瘤胃内环境稳定性的重要指标[30]。正常反刍动物瘤胃液的 pH 值范围为 6-7，可以保证瘤胃内环境的稳态和瘤胃微生物的正常活动[31,32]。在本研究中，G2 和 G4 组的瘤胃 pH 值显著高于 CON 组，这可能是由于放牧加补饲中中性洗涤纤维含量高，导致瘤胃主要以丙酸发酵为主[5]。瘤胃液中的氨氮是微生物蛋白质合成的主要氮源[33]。在本研究中，G4 组的氨氮含量显著高于其他两组，这可能是由于补充蛋白含量高，增加了瘤胃降解中的氨氮浓度[34]。VFA 是反刍动物日粮瘤胃消化过程中瘤胃微生物活性的最终产物，也是反刍动物生长发育过程中能量代谢的主要来源[35~37]。本研究表明，放牧组的丙酸、丁酸、戊酸和异戊酸含量高于全舍饲组，这可能与饲料利用率较高有关。丙酸作为糖异生的主要来源，可以被吸收并转化为葡萄糖、氨基酸和脂质，从而提高瘤胃能量摄入率，使身体获得更多的生长发育能量[38]。三组之间乙酸的差异可能与瘤胃 pH 有关，过高或过低的 pH 会影响反刍动物对 VFA 的吸收[39]。因此，我们推测，改变饲养模式可以改善瘤胃环境，从而提高反刍动物的能量利用率，提高生长性能。

## 3.结果：

（1）舍饲加短时放牧饲养模式在促进肉羊生长性能方面要优于全舍饲和舍饲加限时放牧饲养模式，与全舍饲饲养模式相比，舍饲加短时放牧组羊只平均日增重显著提高了 19.2%；舍饲加限时放牧组较舍饲加短时放牧组日增重降低了 5.5%，而与全舍饲组的无显著差异。

（2）舍饲加短时放牧组羊群的抗氧化能力要强于其他两组，与全舍饲饲养模式相比，舍饲加短时放牧和舍饲加限时放牧组羔羊血清 T-AOC 活性分别显著提高了 6.1%和 4.6%，血浆 SOD 和 GSH-Px 活性均无显著变化；而舍饲加短时放牧组羔羊的 SOD 活性较舍饲加限时放牧组提高了 7%。

（3）饲养模式可改善瘤胃内环境，相较于全舍饲饲养模式，舍饲加短时放牧组和舍饲加限时放牧组绵羊的瘤胃 pH 值分别显著提高了 7.7%和 9%，TVFA 分别提高了 11.1%和 13.8%；而舍饲加短时放牧组较舍饲加限时放牧组羔羊瘤胃的 pH 值和 TVFA 含量均无显著差异。

**参考文献 References：**


[1] Huang Y F, Matthew C, Li F, et al. Common vetch varietal differences in hay nutritive value, ruminal fermentation, n utrient digestibility and performance of fattening lambs[J]. Animal, 2021, 15(7): 100244.

[2] 王威皓, 段艳, 王宏迪等. 饲养方式对苏尼特羊生长性能、屠宰性能、肉品质和瘤胃菌群的影响[J]. 畜牧兽医学报, 2023, 54(03): 1085-1094.

[3] Karim S, Porwal K, Kumar S, et al. Carcass traits of kheri lambs maintained on different system of feeding managem ent[J]. Meat Science, 2006, 76(3): 395-401.

[4] Hamdi H, Majdoub-Mathlouthi L, Picard B, et al. Carcass traits, contractile muscle properties and meat quality of graz ing and feedlot Barbarine lamb receiving or not olive cake[J]. Small Ruminant Research, 2016, 145: 85-93.

[5] Wang Z, Chen Y, Luo H, et al. Influence of restricted grazing time systems on productive performance and fatty acid composition of longissimus dorsi in growing lambs[J]. Asian-Australasian Journal of Animal Sciences, 2015, 28(8): 1 105

[6] Karaca S, Yılmaz A, Kor A, Bingöl M, Cavidoğlu İ, Ser G. The effect of feeding system on slaughter-carcass characteristics, meat quality, and fatty acid composition of lambs[J]. Archives Animal Breeding, 2016, 59(1):121-129.

[7] 许旭, 罗海玲, 葛素云等. 限时放牧对苏尼特羔羊生长性能及主要消化器官发育的影响[J]. 中国畜牧杂志, 2011, 47 (07): 65-68.

[8] 王伊拉图, 殷国梅, 依如等. 限时放牧对草原利用影响的研究[J]. 畜牧与饲料科学, 2012, 33(01): 26-28.

[9] 杨红远, 杨泽成, 董国俊等. 羔羊培育方法在云岭黑山羊中的应用研究[J]. 中国草食动物, 2005, (06): 22-23.

[10] 周宇桥, 龚新宇, 雍丛燕, 屈金涛, 简耀威, 张佩华. 不同乳体细胞数奶山羊泌乳性能、血液指标的分析[J]. 中国畜牧杂志, 2024, 60 (02): 362-366.

[11] 梁家豪, 王文棣. 富硒酵母对羔羊生长性能，血液指标及抗病力的影响[J]. 饲料研究, 2022, 45 (17): 17-21.

[12] 王斐, 何振富, 陈平等. 甜高粱青贮替代玉米青贮对肉羊血液生理生化及抗氧化指标的影响[J]. 草业科学, 2023, 40(09): 2363-2372.

[13] 毕力格吐. 不同饲养模式对阿尔巴斯绒山羊绒毛品质及血液生化指标的影响[D]. 内蒙古农业大学, 2019.

[14] 郭云霞, 丁亚伟, 徐艳辉等. 益生菌固态发酵料对羔羊断奶前、后血液免疫、抗氧化指标及粪便消化酶的影响[J]. 中国兽医学报, 2023, 43(04): 777-785.

[15] 蒙成志. 舍饲与放牧条件对绒山羊免疫功能和抗氧化功能的影响[D]. 内蒙古农业大学, 2008.

[16] 赵正伟, 陈茂良, 张连全等. 有氧运动对滩羊生产性能、血常规、血液生化指标及免疫和抗氧化性能的影响[J]. 黑龙江畜牧兽医, 2023, (12): 38-44.

[17] 王彩莲, 吴建平, 刘立山等. 冷季牧归补饲精料对高海拔地区藏系绵羊血液生化指标的影响[J]. 中国畜牧兽医, 2020, 47(12): 3933-3943.

[18] 吴文旋, 段永邦. 补饲精料对贵州黑山羊血浆抗氧化应激能力和生化指标的影响[J]. 家畜生态学报, 2013, 34(01): 60-65.

[19] Liu Y, Xiao Y, Xie J, et al. Dietary supplementation with flavonoids from mulberry leaves improves growth performa

nce and meat quality, and alters lipid metabolism of skeletal muscle in a Chinese hybrid pig[J]. Animal Feed Science and Technology, 2022, 285: 115211.

[20] Ma T, Wan F, Yang D, et al. Growth performance, nutrient digestibility, and slaughter traits of male fattening lambs under different feeding standards[J]. Animal Nutrition, 2019, 5(1): 74-79.

[21] Zervas G, Hadjigeorgiou I, Zabeli G, et al. Comparison of a grazing-with an indoor-system of lamb fattening in Greece[J]. Livestock Production Science, 1999, 61(2-3): 245-251.

[22] Chen Y, Luo H, Liu X, et al. Effect of restricted grazing time on the foraging behavior and movement of tan sheep grazed on desert steppe[J]. Asian-Australasian Journal of Animal Sciences, 2013, 26(5): 711-715.

[23] Carrasco S, Ripoll G, Sanz A, et al. Effect of feeding system on growth and carcass characteristics of churra tensina light lambs[J]. Livestock Science, 2008, 121(1): 56-63.

[24] Mohammad B, Ali H A, Reza A S, et al. Co-administration of grape seed extract and exercise training improves endothelial dysfunction of coronary vascular bed of stz-induced diabetic rats[J]. Iranian Red Crescent Medical Journal, 2013, 15(10): e7624.

[25] 李勤, 刘建平, 肖国强等. 运动强度和运动量对血液免疫指标影响程度的比较研究[J]. 武汉体育学院学报, 2011, 45(11): 97-100.

[26] 赵正伟, 陈茂良, 张连全等. 有氧运动对滩羊生产性能、血常规、血液生化指标及免疫和抗氧化性能的影响[J]. 黑龙江畜牧兽医, 2023, (12): 38-44.

[27] Pham-Huy L A, He H, Pham-Huy C. Free radicals, antioxidants in disease and health[J]. International Journal of Biomedical Science: IJBS, 2008, 4(2): 89.

[28] Cobbold C. Type 2 diabetes mellitus risk and exercise: is resistin involved[J]. The Journal of Sports Medicine and Physical Fitness, 2018, 59(2): 290-297.

[29] Carrasco S, Ripol G, Pana B, et al. Carcass tissue composition in light lambs: Influence of feeding system and prediction equations[J]. Livestock Science, 2009, 126(1-3): 112-121.

[30] Rongfeng D, Xiaoming M, Renqing D, et al. Effects of dietary crude protein levels in the concentrate supplement after grazing on rumen microbiota and metabolites by using metagenomics and metabolomics in Jersey-yak[J]. Frontiers in Microbiology, 2023, 14: 1124917-1124917.

[31] 张振宇, 梁春年, 姚喜喜, 丁考仁青, 马晓明, 褚敏, 吴晓云, 包鹏甲, 阎萍. 饲养方式和饲粮能量水平对牦牛生长性能、瘤胃发酵参数和瘤胃菌群的影响[J]. 动物营养学报, 2021, 33 (06): 3343-3355.

[32] 王鸿泽. 日粮能量水平对舍饲育肥牦牛生产性能、瘤胃发酵及肌内脂肪代谢的影响[D]. 四川农业大学, 2015.

[33] Xiaokang Z, Nanji Z, Jie Z, et al. Microbiome and fermentation parameters in the rumen of dairy buffalo in response to ingestion associated with a diet supplemented with cysteamine and hemp seed oil[J]. Journal of Animal Physiology and Animal Nutrition, 2021, 106(3): 471-484.

[34] Jin J, Guo W, Zhang X, et al. Impact of cold-season grazing and supplementary feeding on rumen metabolic parameters and micro-organisms in the ewes of gansu alpine fine wool sheep[J]. Acta Prataculturae Sinica, 2018, 27(7): 93.

[35] Warner A C I. Production of volatile fatty acids in the rumen: methods of measurement[J]. Nutrition Abstracts and Reviews. 1964, 34: 339-352.

[36] Harirchi S, Wainaina S, Sar T, et al. Microbiological insights into anaerobic digestion for biogas, hydrogen or volatile fatty acids (VFAs): a review[J]. Bioengineered, 2022, 13(3): 6521-6557.

[37] Weimer P J. Degradation of cellulose and hemicellulose by ruminal microorganisms[J]. Microorganisms, 2022, 10(12): 2345-2345.

[38] Zhanhong C, Shengru W, Shujie L, et al. From maternal grazing to barn feeding during pre-weaning period: altered gastrointestinal microbiota contributes to change the development and function of the rumen and intestine of yak calves[J]. Frontiers in Microbiology, 2020, 11: 485.

Calsamiglia S, Cardozo P W, Ferret A, et al. Changes in rumen microbial fermentation are due to a combined effect of type of diet and pH[J]. Journal of Animal Science, 2008, 86(3): 702-711.

# 泽曲国家湿地公园被子植物区系分析

杨明春[28]，李长慧*

（青海大学农牧学院，青海 西宁 810016）

**摘要**：通过对泽曲国家湿地公园被子植物资源调查，可以为公园的生物多样性保护和利用提供科学依据，以及更好的建设湿地公园长远发展提供科学保障。据调查该区有被子植物30科103属175种。在泽曲国家湿地公园分布的植物资源中，菊科、毛茛科、禾本科、莎草科、龙胆科是该区域的优势科，也是该群落的重要组成成分含植物种类最为丰富。菊科有13属26种、毛茛科有10属13种、禾本科有9属15、龙胆科有5属16种。属的分布区类型有7个分布类型8个变型，其中世界广布有20属，温带分布有80属，中国特有分布3属。该区域植物组成以温带地理分布属为主，特有属贫乏。

**关键字**：泽曲国家湿地公园；被子植物；植物区系；地理成分；

## 1前言

湿地是指那些地表水和地面积水浸淹的频度和持续时间很充分在正常环境条件下能够供养那些适应于潮湿土壤的植被的区域[1, 2]。具有涵养水源、调节小气候、固碳释氧、维持生物多样性等功能，对于维护生态环境、水资源安全具有不可或缺的作用[3-5]。

青海泽库泽曲国家湿地公园在全国生态功能区划中属于三江源水源涵养重要区中的海东-甘南高寒草甸草原水源涵养三级功能区，泽曲河属黄河一级支流，是泽库县主要饮用水水源地之一[6]。被誉为“中华水塔”，具有极高的保护价值[7]。2020年12月25日，入选国家林业和草原局“2022年通过验收的国家湿地公园名单”。本文在通过多次野外植物调查的基础上，并结合相关历史资料，统计整理出泽曲国家公园野生植物名录，分析植物区系特点。为公园被子植物资源开发与保护提供基础数据，为公园的规划与管理工作提供科学依据和支持。

## 2材料与方法

青海省泽库泽曲国家湿地公园地处于泽库县西南部，总面积为72303.44公顷，四至地理坐标为35°7'32"N，101°19'15"E（北），34°50'4"N，101°9'50"E（南），34°57'3"N，101°0'6"E（西），35°1'39"N，101°27'58"E（东）据《青海泽库泽曲国家湿地公园总体规划（2016－2020年）》记载，青海泽库泽曲国家湿地公园的湿地资源划分为2个湿地类、3个湿地类型，湿地类型包括永久性河流、草本沼泽和沼泽化草甸，土壤分类系统采取土类、亚类、土属和土种四级分类。泽曲河流域土壤共分8个土类，19个亚类，29个土属，33个土种[6] 。

在2021年7-8月，根据泽库自然资源局提供的相关文件，通过查阅文献资料，及地形图卫星影像图确定泽曲国家湿地公园区域野外调查区域和路线，在青海省黄南州泽曲国家湿地公园设置一条样带；总共在样带上面随机设置了14个样区，每一个样区里面随机设置（1m×1m）草本样方4个。记录样方中的植物种类。将从湿地公园采集到的植物数据以及标本进行整理，归纳。查阅《植物分类检索表》、《中国植物志》、《青海植物志》等，进行植物生态地理分布及物候等整理总结，并对植物多样性进行区系分析。[8, 9]

## 3结果与分析

### 3.1被子植物区系分类群组成

#### 3.1.1被子植物组成

[28] **基金项目**：青海泽库泽曲国家湿地公园湿地保护与修复项目(2021-1)资助；

**作者简介**：杨明春，硕士，研究方向为湿地生态。

**通信作者** E-mail: 746886595@qq.com

通过对泽曲国家湿地公园的河流湿地、沼泽湿地和周边的山地的调查，共有被子植物30科103属175种。在泽曲国家湿地公园分布的植物资源中，菊科、毛茛科、禾本科、莎草科、龙胆科植物种类最丰富，为各群落的重要组成成分也是该区域主要优势科。菊科有13属26种、毛茛科有10属13种、禾本科有9属15、龙胆科有5属16种。

3.1.2科、属组成

泽曲国家湿地公园被子植物科的大小可划分为大科(10~29种)、小科(2~9种)、单种科(1种)3个等级。大科有6科，共含有41属95种，占该区被子植物总科数的20%，占片该区被子植物总属数的39.8%、总种数的54.29%。小科有17科，共含有55属73种，占该区被子植物总科数的56.67%，该区被子植物总属数的53.40%、总种数的41.71%。单种科有7科，共7属7种，占该区被子植物总科数的23.33%，该区被子植物总属数的6.80%、总种数的4%。

泽曲国家湿地公园被子植物属的大小划分为大属(5~14种)、小属(2~4种)、单种属(1种)3个等级。大属有8属，共含50种，占该片区种子植物总属数的7.77%、总种数的28.57%。小属有25属，占该片区总属数的24.27%，共含55种，占总种数的31.43%。单种属有70属，占该片区总属数的67.96%，共70种，占总种数的40%。小属、单种属在该片区植物区系中占有一定地位。

3.1.3优势科、属分析

青海省泽库泽曲国家湿地公园被子植物30科。科的分化程度低，平均5.8种/科，远低于全国和青海省的平均水平。本研究以所含物种数作为划分优势科的依据，即这些科的种数之和至少占本区被子植物总种数的50%以上，且每科所含种数应大于或等于本区被子植物每科所含种数的平均数，据此将所含物种数大于10(含10种)的科定为优势科。确定了所含种数大于10种的科有6科，为菊科、毛茛科、禾本科、蓼科、莎草科、龙胆科，均属世界广布科，这6科(占本区被子植物总科数的20%)共有41属95种，包含的属、种分别占被子植物总属数的39.8%，总种数的54.29%。

青海省泽曲国家湿地公园含被子植物103属，从属内种的分化看，从1到11种不等，从单属所含种数来看，以龙胆属最多，有11种，属内种数只有1种的属多达70属，占本区植物总属数的67.96%。优势属的划分是根据属内所含物种数，确定了包含5种以上植物的8个优势属本区植物中所含种数大于5种的属有风毛菊属、马先蒿属、苔草属、委陵菜属、棘豆属、蓼属、龙胆属和嵩草属、这8属(占本区被子植物总属数的7.77%)共含植物50种，占本植物总种数的28.57%，定为本区植物区系的优势属。

根据吴征镒的中国种子植物属的分布区类型，将该区103属的分布区类型分为7个分布类型8个变型。其中世界广布有20属，占总属的19.42%，温带分布有80属，占总属的77.67%，中国特有分布3属，占总属的2.91%。北温带成分最为突出，占总属数的39.81%，表明该区域的被子植物区系具有温带性质，属级区系地理成分多样。

**3.2被子植物属的地理成分分析**

3.2.1世界广布属

湿地公园内，世界广布属有20属，占总属19.42%。包括酸模属、藜属、繁缕属、银莲花属、毛茛属、独行菜属、堇菜属、车前属、蒿属、水麦冬属、早熟禾属、羊茅属、苔草属、蔗草属、灯心草属、碎米荠属、大戟属、老鹳草属、千里光属、铁线莲属。其中含种数最多的是莎草科的苔草属，有6种。其次是禾本科的早熟禾属，有4种。单种属最多，有12属，如繁缕属、车前属、大戟属、千里光属等。

3.2.2旧世界温带分布及变型属

旧世界温带分布及变型有14属，占总属的13.59%。其中旧世界温带分布有大黄属、绿绒蒿属、附地菜属、风毛菊属、橐吾属等9属，占总属的8.74%；其中地中海，西亚和东亚间断变型有鲜卑花属1属，占总属的0.97%；其中地中海和喜马拉雅间断分布有角茴香属、天仙子属属，占总属的1.94%；其中欧亚和南部非洲间断分布有筋骨草属、野芝麻属属，占总属的1.94%。该分布区中除大黄属含2种，风毛菊属含5种，除这两属外其余都是单种属。

3.2.3北温带分布及变型属

北温带分布及变型有41属，占总属的39.81%。其中北温带分布属有马先蒿属、紫菀属、香青属、杉叶藻属、岩黄耆属等18属，占总属数的17.48%；其中变型北极一高山分布有3属，分别是冰岛蓼属、兔耳草

属、金莲花属，占总属数的2.91%；其中泛温带分布有卷耳属、驴蹄草属、水毛茛属、碱毛茛属、拔碱草属、针茅属等23属，占总属数的22.33%；其中欧亚和温带南美温带间断分布有火绒草属、蒲公英属、委陵菜属等7属，占总属数的6.8%。本分布区类型中含种类在5种及以上的有马先蒿属5种、嵩草属7种、棘豆属6种、蓼属5种、委陵菜属5种。很多属为单种属，如冰岛蓼属、卷耳属、驴蹄草属、唐松草属、水毛茛属、碱毛茛属、兔耳草属等。

#### 3.2.4温带亚洲分布属

温带亚洲分布有7属占总属的6.8%。分别是龙胆属、柳属、无尾果属、狗娃花属、亚菊属、黄鹤菜属、细柄茅属。其中除龙胆属含11种除外都是单种属。

#### 3.2.5中亚至喜马拉雅和华西南变型属

此属在该分布区只有1属，占总属的0.97%，为小果滨藜属，也为基本特有属。

#### 3.2.6中国-喜马拉雅分布变型属

此分布区有7属，占总属的6.8%。分别是肉果草属、甘松属、高山豆属、垂头菊属、微孔草属、锚刺果属、独一味属。其中除垂头菊属，微孔草属含2种外，其余均为单种属，其中高山豆属为基本特有属。

#### 3.2.7中国特有分布

中国特有分布有3属，占总属的2.91%。分别是羌活属、羽叶点地梅属和马尿泡属，且都为单种属。

### 3.3种的地理成分分析

在种的植物区系中北温带分布及变型占绝对优势，有90种约为总数的一半，植被以典型的高寒类型的草地、草甸为主，嵩草属、棘豆属等为常见的建群种；世界广布有36种，占总数的20.57%；旧世界温带分布及变型有19种，占总数的10.86%；温带亚洲分布有17种，占总数的9.71%。东亚分布中国-喜马拉雅变型有9种，占总数的5.14%；中国特有分布3种，其中羽叶点地梅为典型高寒草甸的代表。此外，中亚分布只有小果滨藜1种，也是本区域的基本特有。

## 4讨论

### 4.1植物组成

泽库泽曲国家湿地公园的被子植物组成隶属于30科103属175种，分别占青海省被子植物科、属和种的比例为30.61%、17.01%和7.46%。菊科、毛茛科、禾本科、蓼科、莎草科和龙胆科等6个世界广布科在该区域占有重要地位，共含41属95种。马先蒿属、风毛菊属、苔草属等8个大属即优势属共含50种植物，占总种数的28.57%。高山嵩草等莎草科植物是构成该湿地高寒草甸的主要种类，同时具有药用和观赏价值。

### 4.2被子植物属的地理成分分析

被子植物属中，有8个属包含5种以上植物，共50种，占28.57%。龙胆属突出，含11种。这些大属主要分布于北半球寒带及高山地区，对该区域的地形地貌和气候特点具有侧面突出的反映。根据吴征镒关于中国种子植物属分布类型的研究[10-12]，将本区域被子植物属划分为7个分布类型8个变型。以北温带分布及变型最广，占39.81%。其中，世界广布属、北温带分布及变型属以及旧世界温带分布及变型属等是该区域植物区系的重要组成部分，反映了其地形地貌和气候条件对植物分布的影响。

世界广布属有20属，世界广布占总属19.42%，不是特别丰富。其中，广泛分布的苔草属和主要在温带及寒带的早熟禾属，以及我国西南山地为主要产地的毛茛属，它们都是构成本区山地高寒草甸、灌丛草甸和温性、寒温性草原、草甸的主要类群[13]。蒿属广泛存在于多种植被类型，显示其作为伴生植物的性质和广泛的生态适应性。大戟科的大戟属，作为世界广布的一个例子，其分布中心在泛热带区，展示了1（2）型分布模式，即全球分布但以泛热带为中心。

嵩草属作为北温带分布且在高寒草甸中占据优势地位的类群，主要包括建群种高山嵩草和矮生嵩草等，在高山草甸尤为常见。这一属的植物体现了青藏高原高山植物区系的特征，对本区植物多样性具有重要意义。同样，分布中心在中国的喉毛花属也在高寒草甸中作为常见伴生类群存在。

北极-高山变型植物仅占属数的2.91%，包括冰岛蓼属、兔耳草属和金莲花属，主要分布在海拔2800m以上的环境，如高寒草甸、灌丛和高山流石坡，代表了青藏高原高山植物特征。婆婆纳属、柴胡属、女娄菜属和蝇子草属等分布于本区的高寒草甸和干旱寒冷地带，突显了本区的高原高山特性，其中獐牙菜属的

分布进一步强调了该区域植物区系的高山性质。其中经常以伴生形式出现在本区各类植被中的欧亚和南美洲间断分布变型在本区有火绒草属、和赖草属、委陵菜属等[14]。与我国北方大多数地区相似，北温带成分的重要性不可忽视。这一成分中的许多种植物不仅在数量上占据主导地位，而且是构成该区几乎所有主要植被类型的建群种或优势植物。奠定了北温带成分在泽曲国家湿地公园被子植物区系组成中无可替代的核心地位。[15]

旧世界温带分布及变型包含14个属。这些属在该区域的典型代表有大黄属、绿绒蒿属、藁吾属、棱子芹属、风毛菊属等。其中，地中海-喜马拉雅间断变型的角茴香属、天仙子属等多为我国西北和西南山地的高山类型，具有较强的耐寒性。此外，地中海、西亚-东亚间断变型的鲜卑花属在该区域也有分布，主要分布于我国的西北部和西南部。

温带亚洲分布成分涵盖7个属。与同属青海区系的其他区域相似，亚菊属和细茎茅属的出现显示其来自于北温带的菊蒿属和针茅属的衍生分支。亚菊属广泛分布，常见于草原中，并可能成为标准或优势植物之一。这不仅表明了泽库泽曲国家湿地公园被子植物区系的年轻性和演化特性，还表明了该地区存在适应高寒生态因素的生态环境，形成了高山特化类群。

中亚分布的植物仅有1个属，即小果滨藜属。这个属属于13-2中亚至喜马拉雅和华西南变型，是一个单型属，起源于滨黎属，并且主要分布于青藏高原的高山草原，延伸至中亚地区。该属可被视为本区的基本特有属。

14-2中国-喜马拉雅变型本区有7属，其中主要有微孔草属、垂头菊属、甘松属、高山豆属等。除了高山豆属等应是典型的青藏高原特有成分，也是本区域基本特有属以外，还有一些属可能是从其各自分布更广泛的亲缘属演化而来的广义青藏高原特有成分。例如，独一味属可能来源于糙苏属，垂头菊属可能来源于藁吾属，这再次突显了该地区植物区系的年轻性。

本区域中国特有属有3属，马尿泡属、羽叶点地梅属和羌活属。青藏高原特有属羽叶点地梅的出现更表明了本区同青藏高原植物区系的密不可分[16, 17]。

**4.3特有属的分析**

特有现象的研究能反映出一个地区在植被演化中的地位和作用，同时也反映出该地区系的历史和现状，具有较多特有科、属、种的地区常常是植物的残遗或分化中心。该公园特有属有5属都为基本特有属，本区域产的特有属与西藏地区联系均密切。多为单种属或寡型属(2种属)。从生活型划分，都为草本属，其中一年生草本属有2属。特产我国西南、西北至中部的羌活属，分布在青藏高原的马尿泡属从山莨菪属衍生，特产国西北部高山地带，主分布青藏高原的羽叶点地梅属从点地梅衍生，小果滨藜属从滨黎属衍生[16]，高山豆属从米口袋属衍生。也体现出本区这一成分中存在着的年轻性和衍生性质。并且全都是本区同周围地区所共有的所谓“基本特有属”而无真正的本区特有属。

# 5结论

(1) 青海省泽曲国家湿地公园被子植物种类较丰富，科、属组成多样。该片区共有30科103属175种，优势科有6科，优势属有8属。被子植物组成呈现两极分化。大科虽然包含的科数少，但包含了54.29%的物种。单种属占总属数的67.96%，包含了40%的物种。

(2) 泽曲国家湿地公园被子植物区系地理成分多样，区系联系广泛。被子植物属有7个分布区类型以及8个变型。属的地理成分中，温带成分的属共有80属，占总属数的77.67%，其中北温带分布区占主导地位，有41属，占总属数的39.81%。这些都反映了该片区被子植物区系强烈的温带性质及温带植物区系的丰富性，且以北温带分布区类型占绝对优势，并形成了一些青藏高原的特有成分，如马尿泡属、羽叶点地梅属是典型高寒生境分布的代表植物，也为青藏高原特有属，该属在本区的出现，也进一步表明了该片区同青藏高原植物区系是密不可分的[18-20]。

(3) 区系具有年轻和衍生的性质。具体表现在木本类型较少多年生草本多，缺乏古老的和原始的类群，一些中国特有属种为衍生类群。

参考文献

[1] 温秀婷, 郑博福, 陈晨晨, 等. 鄱阳湖洲滩湿地植物演替对土壤微生物量的影响 [J]. 1-9.

[2] 燕红. 泥炭沼泽湿地植被演替规律及植物多样性研究 [D]; 东北师范大学, 2016.
[3] 周峰, 李朋, 胡元平, 等. 武汉城市湖泊生态功能价值演变研究——以汉阳湖群为例 [J]. 国土资源科技管理, 2023, 40(02): 15-27.
[4] 张爱丽. 湿地生态系统服务价值评估——以河北青龙湖国家湿地公园为例 [J]. 农业与技术, 2022, 42(08): 90-4.
[5] 段昌群, 付登高, 刘嫦娥, 等. 生态文明背景下云南生物多样性国家意义与国际价值的认识 [J]. 2021, 50: 1-4.
[6] 张榕, 才华, 李长慧, 等. 青海泽库泽曲国家湿地公园植物群落多样性 [J]. 湿地科学, 2022, 20(05): 688-93.
[7] 陈燕琴, 申志新, 刘玉婷. 黄河一级支流泽曲河春秋季浮游植物群落结构及多样性评价 [J]. 河北渔业, 2013, (08): 16-23+63.
[8] 董晓玉. 青海洮河源国家湿地公园植物群落特征及其土壤特性研究 [D]; 青海大学, 2021.
[9] 董晓玉, 梁德飞, 李长慧. 青海洮河源国家湿地公园灌丛草甸、草甸和草本沼泽植物群落多样性研究 [J]. 湿地科学, 2020, 18(04): 488-93.
[10] 吴征镒, 孙航, 周浙昆, 等. 中国种子植物区系地理 [J]. 生物多样性, 2011, 19(01): 148.
[11] 吴玉虎. 澜沧江源区种子植物区系研究 [J]. 武汉植物学研究, 2009, 27(03): 277-89.
[12] 吴玉虎. 黄河源头地区植物的区系特征 [J]. 西北植物学报, 1995, (01): 82-9.
[13] 吴玉虎. 大通河流域植物区系 [J]. 云南植物研究, 2004, (04): 355-72.
[14] 吴玉虎. 青海湟水流域植物区系研究 [J]. 西北植物学报, 2003, (02): 205-17.
[15] 魏振铎. 青海南部高原植物区系研究 [J]. 青海环境, 2011, 21(01): 17-32.
[16] 孙海群, 孙康迪, 马世鹏. 青海省野生种子植物区系分析 [J]. 黑龙江畜牧兽医, 2016, (19): 144-50.
[17] 金万洲, 卜静, 罗惠文, 等. 祁连山国家公园青海片区种子植物区系特征 [J]. 浙江农林大学学报, 2022, 39(02): 289-96.
[18] 谷安琳. 西藏莎草科主要牧草的生态地理分布和饲用评价 [J]. 中国草地, 1989, (04): 26-30.
[19] 孙海群. 青海省天然草地主要豆科牧草的生态地理特征及饲用价值 [J]. 中国草地, 1996, (06): 32-5.
[20] 孙海群. 青海省禾本科牧草种质资源及区系特征 [J]. 中国草地, 1998, (01): 33-5+47.

# 不同饲养方式对肉羊繁殖性能以及瘤胃微生物数量的影响

魏慧情[1,2]，陈　瑶[1,2]，张孝安[1]，赵梦宇[1]，孙义铭[1]，张子军[1,3]，任春环[1,3]，

黄桠锋[1,2,3]*

(2. 安徽农业大学 动物科技学院，安徽 合肥 230031； 2. 颍县农业绿色发展推进中心,安徽 颍上 236200;
3. 定远县现代农业技术合作推广中心,安徽 定远 233200）

**摘　要：**本实验主要集中于全舍饲、自然放牧、自然放牧加补饲比较，以全舍饲饲养模式（CON）为对照组、舍饲加短时放牧饲养（2 h/天，G2）和舍饲加限时放牧饲养（4 h/天、G4）模式为试验组，5 月龄黄淮肉羊母羔羊为供试家畜，探究不同饲养模式对绵羊繁殖性能、瘤胃微生物区系，以期为我国肉羊饲养技术改变与升级，提供新的思路和靶点。

关键词：饲养方式；肉羊；繁殖性能；瘤胃微生物数量

**基金项目：**国家自然科学基金青年基金(31772566)农区“草食畜牧业-种植业”养分综合平衡生产技术应用试验(23339045)；财政部和农业农村部国家现代农业产业技术体系(CARS-38)

**作者简介：**魏慧情（1998-），女，安徽阜阳人，在读硕士生，主要从事不同饲养模式下肉羊生长性能的营养调控研究。E-mail:3177740147@qq.com

**通信作者：**黄桠锋（1989-），男，安徽黄山人，讲师，硕士生导师，主要从事草畜一体化工作。E-mail: huangyafeng316@163.com

### 1.1 中国肉羊生产现状

随着人民生活质量提高和消费观念的改变，高蛋白、低脂肪的羊肉备受消费者的青睐，食物消费结构的升级为肉羊产业快速发展提供了巨大的推动力，也导致市场上羊肉消费量逐年增加[1~3]。据报道，2011-2021 年，我国羊肉表观消费量从 405.5 万吨增长至 554.9 万吨，年均增长率为 3.18%，且 10 年来人均消费量增幅高达 30%[4,5]。然而，受到国家草原政策的调整、产业发展基础薄弱及国际冲突等不稳定因素的影响，国内羊肉市场将长期面临巨大的供需缺口[6,7]。因此，肉羊生产相关科研人员与从业者迫切需要在应对各种不稳定因素的条件下注重肉羊生产效率的提高，以满足人们对羊肉需求量增加。

肉羊的生长性能和瘤胃微生物等各项指标受饲养模式的影响较大[8,9]。因此，制定适宜饲养模式对解决当前肉羊生产关键问题和产业升级具有重要促进作用。研究发现，与自然放牧饲养模式相比，全舍饲饲养羔羊的末体重、日增重（ADG）、分别显著提高了 5.2%、9.6%[10]，但是舍饲条件下羊只因运动较少，体内脂肪中沉积较多饱和脂肪酸，过度食用会对人体健康产生负面影响，且肉质普遍存在劣化的问题[11,12]，而放牧加补饲较全舍饲可使羔羊末体重、ADG 分别显著提高了 27.3%和 55.4%[13]，但受国家草原政策的调整和草原超载放牧现象严重，放牧条件受限影响较大[14]。因此，为实现畜牧业高效发展和草地资源可持续利用的“双赢”局面，科学合理改变饲养模式，阶段控制性放牧—限时放牧，被提出并加以应用[15,16]。张晓庆

等研究结果表明，限时放牧加补饲不仅显著提高了羔羊的生产水平，也能合利用草地资源和提高放牧草地产草量，实现肉羊产业高质量可持续发展[17,18]。再者，研究发现，饲养模式也显著影响瘤胃发酵特征、微生物菌群的组成[19,20]，进而直接或间接影响着肉羊的生产水平和健康[21~23]。

基于此，本文主要阐述不同饲养模式对肉羊生长性能、抗氧化功能、繁殖性能、瘤胃发酵参数、瘤胃微生物组和代谢组的影响，并探究限时放牧加补饲提高肉羊生产水平和改善瘤胃发育的影响效应，以期为我国肉羊饲养技术改变与升级、生产水平提高提供新的思路和靶点。

### 1.2 不同饲养模式对肉羊繁殖性能的影响

动物的繁殖性能与体内生殖激素水平密切相关，因此生殖激素的变化可以反映出母羊发情的周期性变化等外在表现[24]。而动物生殖激素的合成、分泌及代谢变化情况主要通过促卵泡素（FSH）、促黄体素（LH）、雌二醇（E2）和孕酮（PROG）这四种生殖激素水平的高低来体现[25]。在促性腺激素的作用下，卵巢释放雌激素，通过 E2 和 PROG 的浓度调控下丘脑前叶对 LH 和 FSH 的分泌，进而控制母畜的发情和排卵过程，然而 E2 的浓度降低则会抑 FSH 和 LH 两种激素的分泌，导致卵泡无法正常发育[26]。相反，E2 浓度的升高则有助于刺激卵巢中卵泡的发育与成熟，从而诱导母羊发情[27]。PROG 作为天然孕激素之一，通过成熟卵巢黄体分泌，且排卵前分泌低浓度的 PROG 是受胎的必须条件，若 PROG 浓度过高则会抑制动物发情的产生[28]。FSH 和 LH 通过垂体前叶合成和分泌后，在二者的协同作用下，母畜的卵巢快速发育成熟，进而刺激成熟卵泡合成雌激素[29]。研究发现，在天然草场自然放牧的蒙古羊与全舍饲饲养模式相比，绵羊的发情率显著降低了 41.6%，同时血液中 PROG、LH 和 FSH 的浓度分别显著降低了 37.6%、30.9%和 19.7%[30]。推测原因主要是放牧条件下长时间的日照使 E2 对其他生殖激素的负反馈调节加强，从而使垂体在排卵前不出现 LH 浓度峰，抑制发情和排卵；而舍饲模式下短日照时 E2 正反馈调节加强，促使 LH 浓度出现峰值，进而促进发情排卵[31]。

相比之下，郭富强[32]等研究发现，与全舍饲饲养模式相比，蒙古羊在放牧加补饲 150g/（d·只）黑豆的情况下，血清中 E2、LH 和 FSH 均无显著差异，但其中 LH 和 FSH 的浓度分别提高了 11.1%和 6%。推测可能是由于补饲中黑豆含有的异黄酮起到了关键作用，这种黄酮类化合物在自然界中被誉为“植物雌激素”，它独特的结构和哺乳动物雌激素结构相似，使得自然放牧条件下绵羊的雌激素水平提高，从而达到了或超过舍饲饲养效果[32]。而张晶[33]等在对冬季不同饲养模式对阿尔巴斯绒羊生殖激素影响的研究中，也得出一致的结论，即在天然草场自然放牧加补饲 0.2kg/（d·只）玉米的阿尔巴斯绒羊与全舍饲饲养模式相比，血清中 E2 和 PROG 的浓度均无显著差异，但 E2 的浓度提高了 3%，原因主要是季节的转变和温度的降低抑制了放牧绵羊生殖激素的活性。

综上所述在繁殖性能方面，与全舍饲饲养模式相比，自然放牧模式条件下绵羊的发情率和生殖激素水平显著降低；放牧加补饲较全舍饲无显著差异，但生殖激素有升高趋势，而限时放牧加补饲饲养模式对羔羊繁殖性能的影响相关文献报道较少，需要进行更加深入的研究。

**表 1 不同饲养模式对肉羊繁殖性能的影响**

Tab. 1 **Effects of Different Feeding Methods on Reproductive Performance of Meat Sheep**

| 饲养模式<br>Feeding methods | 影响<br>Influence | 引用文献<br>Reference |
|---|---|---|
| 自然放牧<br>natural grazing | 在天然草场自然放牧的蒙古羊发情率显著降低了 41.6%，同时血液中 PROG、LH 和 FSH 的浓度分别显著降低了 37.6%、30.9%和 19.7%。 | [31] |
| 放牧加补饲<br>Supplement of feed under grazing condition | 蒙古羊在放牧加补饲 150g/（d·只）黑豆的情况下，血清中 E2、LH 和 FSH 均无显著差异，但其中 LH 和 FSH 的浓度分别提高了 11.1%和 6%。 | [32] |
| | 阿尔巴斯绒羊在天然草场自然放牧加补饲 0.2kg/（d·只）玉米的条件下，血清中 E2 和 PROG 的浓度均无显著差异，但 E2 的浓度提高了 3%。 | [33] |

注：不同饲养模式的优缺点是以全舍饲为对照。

### 1.3 不同饲养模式对瘤胃微生物数量影响

瘤胃作为反刍动物重要的消化器官，瘤胃中微生物的丰度和组成结构直接影响反刍动物对日粮中营养物质的消化、吸收和利用[34,35]。有研究表明，拟杆菌门在有机物的转化和非纤维类碳水化合物的降解中发挥重要功能[36]，4 月龄滩羊在人工草地自然放牧条件下较全舍饲饲养模式，羔羊瘤胃内拟杆菌门的相对丰度显著降低 34.9%[37]。原因可能是舍饲饲养模式有利于增加与碳水化合物降解相关的菌。娜梅拉等[38]研究发现，瘤胃原虫和产琥珀酸酸丝状杆菌具有降解纤维素和分解淀粉的能力，真菌具备分解蛋白质、淀粉和木质素的能力[39,40]，在天然草场自然放牧饲养条件下的 4 月龄阿尔巴斯白绒羊与全舍饲饲养模式相比，瘤胃液中原虫数量和产琥珀酸丝状杆菌相对丰度分别显著降低了 199.5%和 418.4%[41]，且放牧组羔羊其瘤胃微生物在属水平上赤霉菌属、酵母属和香蘑属等瘤胃真菌相对丰度较舍饲组显著降低了 97.58%、97.89%和 333%[42]，原因可能是舍饲条件下饲粮精料的蛋白质和淀粉含量较高，导致蛋白质和淀粉降解菌群数量增加。李奇等[43]研究发现，3 月龄苏尼特羔羊在天然草地自然放牧条件下，与全舍饲饲养模式相比，瘤胃琥珀酸弧菌属和解琥珀酸菌属分别显著降低 98.5%和 78%，琥珀酸弧菌属主要与动物体沉积脂肪有关，解琥珀酸菌属是一种发酵底物，只产生丙酸，丙酸参与糖异生为机体提供能量，这也印证了与自然放牧相比，舍饲有更好的育肥性。有研究表明，瘤胃细菌具有较强的纤维素降解能力，也是瘤胃内数量最对的微生物[42]。刘帅[44]等人在评估不同饲养管理方式对南江黄羊瘤胃微生物多样性的影响时发现，相较与全舍饲饲养模式，在天然草地放牧 7 小时加补饲精料 0.2kg/（d·只）的 2 月龄南江黄羊瘤胃内互养菌科、韦荣氏菌科等细菌科水平物种相对丰度显著提高 100%、97.5%。王柏辉[43]等人也有类似报道，12 月龄苏尼特羊在荒漠化草原放牧加补饲 100g 玉米较全舍饲羔羊，瘤微内丁酸弧菌属、succiniclasticum 菌属和 Rc9gut-group 菌属的相对丰度分别显著提高 92.2%、91.4%和 57.4%。这可能是因为全舍饲饲养条件下饲粮较为单一，而放牧加补饲条件下羔羊饮食多样性更丰富。

以上研究表明，与全舍饲饲养模式相比，自然放牧饲养模式下羔羊瘤胃内微生物的数量显著降低；放牧加补饲较全舍饲相比瘤胃内细菌和真菌相对丰度显著提高。而限时放牧加补饲饲养模式对羔羊瘤胃微生物的影响尚未见报道。因此未来可加大探究限时放牧加补饲对调控瘤胃微生物菌群的效果。

表 2 不同饲养模式对瘤胃微生物数量的影响

Tab. 2 Effect of different feeding modes on the number of rumen microorganisms

| 饲养模式<br>Feeding methods | 影响<br>Influence | 引用文献<br>Reference |
|---|---|---|
| 自然放牧<br>Natural grazing | 3 月龄苏尼特羔羊在天然草地自然放牧条件下，瘤胃琥珀酸弧菌属和解琥珀酸菌属分别显著降低 98.5%和 78% | [42] |
| | 2 月龄滩羊在人工混播草地自然放牧条件下，赤霉菌属、酵母属和香蘑属等瘤胃真菌相对丰度显著降低 97.58%、97.89%和 333% | [43] |
| | 4 月龄阿尔巴斯白绒羊在天然草场自然放牧饲养条件下瘤胃液中原虫数量、产琥珀酸丝状杆菌分别显著降低 199.5%、418.4% | [44] |
| 放牧加补饲<br>Supplement of feed under grazing condition | 2 月龄南江黄羊在天然草地放牧 7 小时加补饲精料 0.2kg/（d·只）条件下，瘤胃内互养菌科、韦荣氏菌科分别相对丰度显著提高 100%、97.5% | [42] |
| | 12 月龄苏尼特羊在草原放牧加补饲少量玉米条件下，瘤胃内丁酸弧菌属、琥珀酸菌属和 Rc9 菌属的相对丰度分别显著提高 92.2%、91.4%和 57.4%。 | [43] |

## 2.讨论

### 2.1 不同饲养模式对黄淮肉羊繁殖性能的影响

发情率是对母羊进行配种的基础也是保证受胎率的基础，因此是养殖户关注的重要指标[44]。本试验通过分析血清中 E2、PROG、FSH、LH 的水平可反映出动物体内生殖激素情况，从而判断出饲养模式对动物发情的影响[45]。少量 PROG 对动物来说具有诱导雌激素刺激中枢神经的作用，使母畜出现发情现象；FSH 可以使刺激母畜卵泡的生长和发育，使卵巢重量增加，体积增大；LH 在 FSH 的协同下同样起到促进卵泡发育成熟排卵的作用[46]。本研究中三种饲养模式下母羊的发情率均在 40.0%~53.3%，各组间差异不显著；同时比较了不同饲养模式对黄淮肉羊母羔羊生殖激素的影响，结果表明，各组间绵羊血清生殖激素无显著差异（$P>0.05$），刘广华[47]等研究比较了不同饲养方式对济宁青山羊繁殖性能的影响，发现舍饲和放牧加补饲条件下，母羊的发情率均在 92.3%~93.4%，略高于本实验结果，可能是因为羊的品种不同、饲喂的日粮营养结构不同或者是所处地理环境和气候条件不同造成的。而之前的研究表明，母羊在天然草场放牧加补饲与全舍饲饲养模式下，血清中 E2 和 PROG 的浓度均无显著差异，这与本试验研究结果一致。说明饲养模式对绵羊的繁殖性能影响较小。

**2.2 不同饲养方式对黄淮肉羊瘤胃微生物群的影响**

基因组学可用于研究瘤胃微生物的组成和功能特征[59]。16s rDNA 测序技术可以快速了解不同饲养模式对绵羊瘤胃菌群的影响。这项研究表明，反刍动物瘤胃水平的主要微生物组成是拟杆菌门和厚壁菌门，这与之前的研究结果一致[60]。G2 组和 G4 组瘤胃厚壁菌门相对丰度明显高于 CON 组，这可能是由于厚壁菌中存在大量的纤维降解菌所致。放牧组可以从饲草中获得大量的纤维素，这为厚壁菌门的生长提供了条件。厚壁菌门可以降解瘤胃中的纤维素和碳水化合物，为身体提供能量，促进反刍动物的生长发育[61, 62]，因此放牧绵羊的平均日增重高于舍饲组。属水平上的优势细菌是普雷沃氏菌和琥珀属。普雷沃氏菌可以利用瘤胃中的淀粉和蛋白质，并具有降解木聚糖和其他半纤维素的酶[63]。丁二酸具有很强的纤维素降解能力，可以使饲料中的纤维原料发酵产生乙酸和琥珀酸。

CON 组中琥珀酰亚胺的含量明显高于其他两组，这会降解进料中的纤维材料并产生大量乙酸，导致 CON 组的乙酸含量明显高于 G2 组。CON 组的 *Selenomonas* 含量显著低于其他两组。研究表明，*Selenomonas* 的含量与瘤胃丙酸含量呈正相关，这解释了 CON 组丙酸含量显著较低的原因[51]。因此，通过改变饲养模式，可以调整瘤胃微生物组成，提高饲料利用率，提高反刍动物的生长性能。

VFA 是瘤胃微生物发酵的主要产物，瘤胃中单个 VFA 含量的变化可能预示着瘤胃菌群的变化[64]。研究表明，不同的饲养模式可以改变瘤胃细菌发酵底物，进而改变瘤胃环境[65]。本研究分析了前 12 个属水平瘤胃细菌与生长性能和瘤胃发酵参数的相关性，发现细菌群与动物表型特征和瘤胃内环境显著相关。这些细菌主要与 pH、丙酸和乙酸有关，这表明 pH、丙酸和乙酸在影响瘤胃微生物发酵途径的不同饲养模式中起着重要作用。Sung[66]等人认为，*Moryella* 可能作用于瘤胃中未消化的芳香化合物，如植物多酚，这些化合物可以改变瘤胃消化，并在饲料利用中发挥潜在作用。

**参考文献** References：


[39] Prache S, Schreurs N, Guillier L. Review: Factors affecting sheep carcass and meat quality attributes[J]. Animal, 2022, 16 (s1): 100330.

[40] Tao M, Deng K, Yan T U, et al. Recent advances in nutrient requirements of meat-type sheep in China: A review[J]. Journal of Integrative Agriculture, 2022, 21(1): 1-14.

[41] Montossi F, Font-i-Furnols M, Del Campo M, et al. Sustainable sheep production and consumer preference trends: Compatibilities, contradictions, and unresolved dilemmas[J]. Meat Science, 2013, 95(4): 772-789.

[42] 郑爽玉, 潘丽莎, 李军. 近 10 年来我国肉羊产业发展特征与未来挑战[J]. 中国畜牧杂志, 2023, 59 (11): 317-322.

[43] 李军, 金海. 2022 年我国肉羊产业发展概况、未来趋势及建议[J]. 中国畜牧杂志, 2023, 59 (03): 294-299.

[44] 任继周, 李发弟, 曹建民等. 我国牛羊肉产业的发展现状、挑战与出路[J]. 中国工程科学, 2019, 21 (05): 67-73.

[45] 樊慧丽, 付文阁. 基于局部均衡模型的中国羊肉市场供需变动分析[J]. 浙江农业学报, 2020, 32 (06): 1123-1132.

[46] Qin L, Yan T, Tao M, et al. Effects of two feeding patterns on growth performance, rumen fermentation parameters, and bacterial community composition in yak calves[J]. Microorganisms, 2023, 11(3): 576-576.

[47] Wang X, Zhang Q, Xu T, et al. Effects of winter barn feeding and grazing on growth performance, meat quality and rumen fungal community of Tibetan sheep[J]. Italian Journal of Animal Science, 2023, 22 (1): 959-971.

[48] Alexandre G,Limea L,Fanchonne A, et al. Effect of forage feeding on goat meat production: carcass characteristics and composition of creole kids reared either at pasture or indoors in the humid tropics[J]. Asian-Australasian Journal of Animal Sciences, 2009, 22(8):1140-1150.

[49] Popova T. Fatty acid composition of longissimus dorsi and semimembranosus muscles during storage in lambs reared indoors and on pasture[J]. Emirates Journal of Food and Agriculture. 2014: 302-308.

[50] Liang Y, Bao Y, Gao X, et al. Effects of spirulina supplementation on lipid metabolism disorder, oxidative stress caused by high-energy dietary in Hu sheep[J]. Meat Science, 2020, 164: 108094.

[51] Gonçalves C P S D, Celeste C Í F B, Carlos L Í V, et al. Carcass traits and meat quality of texel lambs raised in brachiaria pasture and feedlot systems[J]. Animal Science Journal Nihon Chikusan Gakkaiho, 2020, 91(1): e13394.

[52] Zhang X Q, ZHang Y J. Response of ingestive behaviour of sheep to restricted time at pasture indoor feeding[J]. Acta Veterinaria et Zootechnica Sinica, 2015, 46 (11): 1994-2001.

[53] 王伊拉图, 殷国梅, 依如等. 限时放牧对草原利用影响的研究[J]. 畜牧与饲料科学, 2012, 33(01): 26-28.

[54] Zhang X, Luo H, Hou X, et al. Effect of restricted time at pasture and indoor supplementation on ingestive behaviour, dry matter intake and weight gain of growing lambs[J]. LivesTock Science, 2014, 16(7): 137-143.

[55] Zhang X Q, Badgery W B, et al. Diet selection and n-3 polyunsaturated fatty acid deposition in lambs as affected by restricted time at pasture[J]. Scientific Reports, 2017, 7(1-4):15641.

[56] Wang Z, Chen Y, Luo H, et al. Influence of restricted grazing time systems on productive performance and fatty acid composition of longissimus dorsi in growing lambs[J]. Asian-Australasian Journal of Animal Sciences, 2015, 28(8): 1105.

[57] Herath H M G P, Pain S J, Kenyon P R, et al. Rumen development of artificially-reared lambs exposed to three different rearing regimens[J]. Animals, 2021, 11(12): 3606-3606.

[58] Zhao M, Zhang X, Chen Y, et al. Stall-feeding of sheep on restricted grazing: effects on performance and serum metabolites, ruminal fermentation, and fecal microbiota[J]. Animals, 2023, 13 (16): 2644.

[59] Hao Z, Mingxu S, He H, et al. The dynamic distribution of small-tail han sheep microbiota across different intestinal segments[J]. Frontiers in Microbiology, 2018, 9: 32.

[60] Yanez Ruiz D R, Leticia A, Newbold C J. Manipulating rumen microbiome and fermentation through interventions during early life: a review[J]. Frontiers in Microbiology, 2015, 6: 162946.

[61] Wang X G, Zhang X L, Xu T W, et al. Effects of dietary protein levels on ruminal fungal community structure and function in Tibetan sheep[J]. Acta Prataculturae Sinica, 2022, 31(2): 182-191.

[62] Quanzhong X, Chunwei W, Lequn W, et al. Correlation analysis of serum reproductive hormones and metabolites during multiple ovulation in sheep[J]. BMC Veterinary Research, 2022, 18(1): 290-290.

[63] 火静萍, 何玉琴, 韩志磊, 史军红, 王文芳, 朱雪雁. 甘加藏羊发情周期血浆 FSH 和 LH 的分泌规律[J]. 中国兽医学报, 2016, (06): 1053-1058.

[64] 刘宁. 不同营养水平日粮对育成后期滩母羊生长发育及繁殖激素的影响[D]. 宁夏大学, 2016.

[65] 孙晓萍, 刘建斌, 杨博辉, 郭婷婷, 岳耀敬. 绵羊生殖激素及其在非繁殖季节的应用[J]. 安徽农业科学, 2013, 41 (35): 13584-13586.

[66] 高振. 绵羊同期发情与超数排卵影响因素研究[D]. 西北农林科技大学, 2014.

[67] 祁云霞. 巴美肉羊发情期血清生殖激素和卵巢 microRNAs 的鉴定及功能分析[D]. 内蒙古农业大学, 2013.

[68] 李宝栋, 赵瑞霞, 邓宇等. 季节对小尾寒羊和蒙古羊繁殖率及血液生殖激素的影响[J/OL]. 中国畜牧杂志, 2024, 1 (9): 0258-7033.

[69] 郭富强. 不同补饲饲料对内蒙古绒山羊种公羊生殖激素及抗氧化指标的影响[D]. 内蒙古农业大学, 2019.

[70] 张晶. 不同饲养模式对阿尔巴斯绒山羊生殖激素与血清矿物质元素的影响[D]. 内蒙古农业大学, 2019.

[71] 郭红, 杨慧超, 高巧仙等. 瘤胃微生物区系及其调控[J]. 草业科学, 2022, 39(02): 371-380.

[72] 王尧悦, 赵钊艳, 王兴涛等. 日粮营养水平对 150～180 日龄滩羊瘤胃相关微生物菌群数量、pH 和 VFA 含量的影响[J]. 畜牧兽医学报, 2016, 47(10): 2060-2070.

[73] Chery I S W, Greg W C, Jeffrey S. Characterization of the primary starch utilization operon in the obligate anaerobe bacteroides fragilis: Regulation by carbon source and oxygen[J]. Journal of Bacteriology, 2006, 188(13): 4663.

[74] 郭帅, 杨慧超, 李瑞国等. 放牧与舍饲模式对滩羊肉品质、瘤胃环境及菌群结构的影响[J]. 西南农业学报, 2023, 36(08): 1798-1807.

[75] 娜梅拉, 张晓东, 杜海东等. 反刍动物瘤胃微生物区系及其功能、定植规律的研究进展[J]. 饲料研究, 2023, 46(11): 144-148.

[76] 崔浩然, 郭雪峰, 金巍. 反刍动物瘤胃微生物菌群结构影响因素的研究进展[J]. 中国畜牧杂志, 2021, 57(11): 6-11.

[77] Patra A K, Yu Z. Effects of essential oils on methane production and fermentation by, and abundance and diversity of, rumen microbial populations[J]. Applied and Environmental Microbiology, 2012, 78(12): 4271-4280.

[78] 张娟, 孙国平, 韩帅等. 放牧与舍饲育肥对绒山羊成年羊与羔羊瘤胃内几种微生物数量的影响[J]. 饲料工业, 2018, 39(16): 32-39.

[79] 李娜, 张洁, 郭婷婷等. 基于内转录间隔区测序分析不同饲养方式对滩羊羔羊瘤胃真菌组成及多样性的影响[J]. 动物营养学报, 2020, 32(02): 784-794.

[80] 刘旺景. 反刍动物瘤胃微生物菌群及其影响因素的研究进展[J]. 饲料工业, 2022, 43(03): 50-56.

[81] 王柏辉. 饲养方式对苏尼特羊胃肠道菌群、脂肪酸代谢和羊肉品质的影响及机理研究[D]. 内蒙古农业大学, 2019.

[82] 刘帅. 饲养管理方式对南江黄羊瘤胃微生物多样性及瘤胃内环境的影响[D]. 四川农业大学, 2019.

[83] 郭广玲. 鲁西黑头羊与湖羊繁殖性能的比较[J]. 现代畜牧科技, 2023, (12): 55-57.

[84] 陈炯阳, 程艳, 伍志武, 王标, 杨燕燕, 杨青, 贺志雄, 谭支良. 澳洲白羊与呼伦贝尔羊杂交对母羊繁殖性能及妊娠期生殖激素分泌的影响[J]. 畜牧与饲料科学, 2024, 45 (01): 42-47.

[85] 宋先忱, 张兴会, 赵艳娇. 生殖激素在绒山羊繁殖方面的应用[J]. 黑龙江动物繁殖, 2011, 19 (04): 37-39+46.

[86] 刘广华, 田蕊, 王新奎, 高静, 覃宪中, 刁倡民. 不同饲养方式对妊娠期济宁青山羊繁殖性能的影响[J]. 安徽农业科学, 2014, 42 (10): 2931-2933.

[87] Simeng Y, Dongwen D, Hao W, et al. Dietary concentrate-to-forage ratio affects rumen bacterial community composition and metabolome of yaks[J]. Frontiers in Nutrition, 2022, 9: 927206-927206.

[88] Xiaodong C, Fang Y, Tao L, et al. Ruminal microbiota determines the high-fiber utilization of ruminants: evidence from the ruminal microbiota transplant[J]. Microbiology Spectrum, 2022, 10(4): e0044622-e0044622.

[89] Yuan M X, Jin J W, Yi Y X, et al. Investigation of fiber utilization in the rumen of dairy cows based on metagenome-assembled genomes and single-cell RNA sequencing[J]. Microbiome, 2022, 10(1): 11-11.

[90] Jami E, Israel A, Kotser A, et al. Exploring the bovine rumen bacterial community from birth to adulthood[J]. The ISME Journal, 2013, 7(6): 1069-1079.

[91] Dehority B A, Orpin C G. Development of, and natural fluctuations in, rumen microbial populations[M]. The rumen microbial ecosystem. Dordrecht: Springer Netherlands, 1997: 196-245.

[92] Ghimire S, Kohn R, Gregorini P, et al. Representing interconversions among volatile fatty acids in the molly cow model[J]. Journal of Dairy Science, 2017, 100(5): 3658-3671.

[93] Sung M M, Kim T T, Emmanuel D, et al. Improved Glucose Homeostasis in Obese Mice Treated With Resveratrol Is Associated With Alterations in the Gut Microbiome[J]. Diabetes, 2017, 66(2): 418-425.

[94] 郭广玲. 鲁西黑头羊与湖羊繁殖性能的比较[J]. 现代畜牧科技, 2023, (12): 55-57.

[95] 陈炯阳, 程艳, 伍志武, 王标, 杨燕燕, 杨青, 贺志雄, 谭支良. 澳洲白羊与呼伦贝尔羊杂交对母羊繁殖性能及妊娠期生殖激素分泌的影响[J]. 畜牧与饲料科学, 2024, 45 (01): 42-47.

[96] 宋先忱, 张兴会, 赵艳娇. 生殖激素在绒山羊繁殖方面的应用[J]. 黑龙江动物繁殖, 2011, 19 (04): 37-39+46.

[97] Rongfeng D, Xiaoming M, Renqing D, et al. Effects of dietary crude protein levels in the concentrate supplement after grazing on rumen microbiota and metabolites by using metagenomics and metabolomics in Jersey-yak[J]. Frontiers in Microbiology, 2023, 14: 1124917-1124917.

[98] Simeng Y, Dongwen D, Hao W, et al. Dietary concentrate-to-forage ratio affects rumen bacterial community composition and metabolome of yaks[J]. Frontiers in Nutrition, 2022, 9: 927206-927206.

[99] Xiaodong C, Fang Y, Tao L, et al. Ruminal microbiota determines the high-fiber utilization of ruminants: evidence fr om the ruminal microbiota transplant[J]. Microbiology Spectrum, 2022, 10(4): e0044622-e0044622.

[100] Yuan M X, Jin J W, Yi Y X, et al. Investigation of fiber utilization in the rumen of dairy cows based on metagen ome-assembled genomes and single-cell RNA sequencing[J]. Microbiome, 2022, 10(1): 11-11.

[101] Jami E, Israel A, Kotser A, et al. Exploring the bovine rumen bacterial community from birth to adulthood[J]. The ISME Journal, 2013, 7(6): 1069-1079.

[102] Dehority B A, Orpin C G. Development of, and natural fluctuations in, rumen microbial populations[M]. The rumen microbial ecosystem. Dordrecht: Springer Netherlands, 1997: 196-245.

[103] Ghimire S, Kohn R, Gregorini P, et al. Representing interconversions among volatile fatty acids in the molly cow m odel[J]. Journal of Dairy Science, 2017, 100(5): 3658-3671.

[104] Sung M M, Kim T T, Emmanuel D, et al. Improved Glucose Homeostasis in Obese Mice Treated With Resveratrol Is Associated With Alterations in the Gut Microbiome[J]. Diabetes, 2017, 66(2): 418-425.

# 不同管理模式对科右前旗草地生产力的影响

董乌云嘎

（科尔沁右翼前旗森林和草原防灾减灾中心，内蒙古 兴安盟 137400）

**摘要**：草地生产力对草地畜牧业发展和保持草地生态系统至关重要。本研究以科右前旗草甸草原为研究对象，设计不同的草地管理模式，即自由放牧(FG)、围栏封育(FE)、围栏封育＋有机肥( FE+OF)和围栏封育＋化肥( FE+CF)处理，旨在退化草地生产力提升和改善生态环境提供试验支撑。研究结果表明，封育管理可以有效提高植被高度、植被盖度、植被多度和草地地上生物量，尤其在封育管理模式下，FE+OF 处理可显著提高草地地上生物量（P<0.05），该管理模式可用于草地改良及草地生产力提升工作。

关键词：科右前旗；管理模式；草地；生产力

中图分类号：S541　　文献标识码：A

# Effects of different management modes on grassland productivity in horqin you yi Front Banner

DONG Wu Yun Ga

（Horqin You yi Front Banner Forest and Grassland Disaster Prevention and Reduction Center, Hinggan League 137400 , China ）

Abstract : Grassland productivity is crucial to the development of grassland animal husbandry and the maintenance of grassland ecosystem. In this study, the meadow steppe of Horqin You yi Front Banner was taken as the research object, and different grassland management modes were designed, namely free grazing (FG), fence enclosure (FE), fence enclosure + organic fertilizer (FE+OF) and fence enclosure+chemical fertilizer (FE+CF) treatment, aiming to provide experimental support for improving the productivity of degraded grassland and improving the ecological environment. The results showed that enclosure management could effectively increase vegetation height, vegetation coverage, vegetation abundance and grassland aboveground biomass. Especially under the enclosure management mode, FE+OF treatment could significantly increase grassland aboveground biomass ($P < 0.05$). This management mode could be used for grassland improvement and grassland productivity improvement.

Key words:Horqin Youyi Front Banner;Mode Of Regulation;Grassland;Productivity

草地是世界上最大的生态系统，占全球陆地总面积的 20%，大约为 32 亿 $hm^2$，为草原畜牧业提供最基本物质，是农牧民生存发展的摇篮[1]。与此同时，草地具有防风固沙、涵养水源、调节气候等生态功能，为人类的生存发展提供了重要的条件。近年来，由于人为活动和气候变化的双重压力下，草原生产力逐年下降，草原面积也逐年减少，草地退化成为近几十年我国天然草地面临的突出问题，给国家生态安全和优质畜产品供给造成巨大隐患[2]，严重影响了草原畜牧业可持续高质量发展[3]。因此，在全球变暖背景下草地生产力提升工作显得尤为重要。本研究在科右前旗草地上设计草地不同管理模式，即自由放牧(FG)、围栏封育(FE)、围栏封育＋有机肥( FE+OF)和围栏封育＋化肥( FE+CF)处理，探讨不同的管理模式对草地生

基金项目：内蒙古农牧业科学院青年创新基金（2021QNJJM04）;兴安盟科技计划项目《兴安盟乡土植物种质资源收集、保存及评价》自助

作者简介：董乌云嘎（1993-），女，蒙古族，内蒙古兴安盟人，学士，助理工程师，主要从事草地改良与草原防灾减灾工作，E-mail：houweifeng2014@126.com

产力的影响，旨在为草地生产力提升和草地工作提供数据支撑，探索草地合理利用和有效保护结合措施，践行生态优先绿色发展理念，助力我国草地生态经济双丰收。

# 1 材料与方法

## 1.1 研究地区概况

研究地区位于内蒙古自治区兴安盟科右前旗满族屯满族乡(120°58′25.46″ E，46°27′2.17″N)，海拔为719m，属温带大陆性季风气候，年平均气温为 4℃，无霜期为 100d 左右，年平均降水量为 410~440mm。土壤系黑钙土。优势植物为：羊草[ *Leymus chinensis* (Trin.) Tzvel. ]、达乌里胡枝子[ *Lespedeza davurica* (Laxm.)] 、糙隐子草 [*Cleistogenes squarrosa* (Trin.) Keng]、二裂委陵菜( *Potentilla bifurca*) 。

## 1.2 试验设计与取样

### 1.2.1 试验设计

试验选取科右前旗满族屯乡，分为自由放牧地和围栏封育地两类，自由放牧强度控制为 3 只羊/$hm^2$，围栏封育时间为 10 年。试验于 2023 年 8 月份进行，每块试验样地均设置 4 个处理，分别为自由放牧(FG)、围栏封育(FE)、围栏封育＋有机肥( FE+OF)和围栏封育＋化肥( FE+CF)处理。FG 处理为自由放牧地，不施加肥料；FE、FE+OF 和 FE+CF 处理为围栏封育地，其中 FE 处理不施加肥料，FE+OF 处理按添加量为 3×103kg/$hm^2$ 施加有机肥（有机质含量≥30%) , FE+CF 处理按添加量为 1050kg/$hm^2$ 施加化肥（养分含量为 N∶$P_2O_5$∶$K_2O$=26∶11∶11)。每个处理小区面积为 25$m^2$，每个处理设置 3 个重复。

### 1.2.2 指标的测定

植被特征：采用样方法(1m×1m)测定样地各处理的草地群落高度、植被盖度、植物多度和地上生物量。草地群落高度使用卷尺测量；植被盖度采用目测法测定；植物多度采用人为计数法，数样方内的所有植物数量计算；地上生物量是干草产量，齐地刈割样方内所有植被，将样品于 75℃烘干至恒重，称干重，记为干草产量。

## 1.3 数据的统计分析

采用 WPS2020 软件对数据进行整理，采用 DPS7.5 软件进行单因素方差分析，采用 Dun-cans 法进行多重比较，P<0.05 表示差异显著，P>0.05 表示差异不显著。

# 2 结果与分析

## 2.1 不同管理模式对草原植被特征的影响

### 2.1.1 不同管理模式对植被高度的影响

植被高度对草原生产力计算中尤为重要的指标。科右前旗草地植被高度对不同管理模式的响应情况也有所不同（详见图 1）。从图 1 中可以看出，FE+OF、FE+CF 和 FE 处理植被高度均显著高于 FG 处理（P<0.05），其中植被高度最高的是 FE+OF 处理，值为 63.36cm，最低的是 FG 处理，值为 39.67cm。试验结果表明，与 FG 处理相比 FE+OF 和 FE+CF 处理可有效提高植被高度，而 FG 处理会降低植被高度，由此可以看出围栏封育对草群高度提升有所效果，其中 FE+OF 处理是效果最明显。

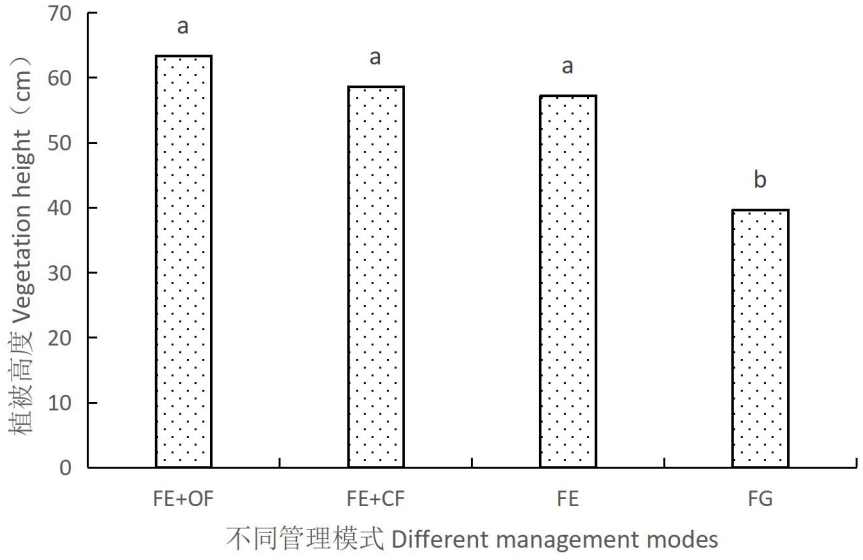



图 1 不同管理模式下植被高度变化

Fig. 1 Changes of vegetation height under different management modes

### 2.1.2 不同管理模式对植被盖度的影响

从图 2 中可以看出，在不同管理模式下，植被盖度从大到小排列为 FE+OF>FE+CF>FE>FG，其盖度值分别为 91.33%、87.33%、68.68%和 54.37%。FE+OF 和 FE+CF 处理显著高于 FE 和 FG 处理（P<0.05）。监测数据表明，封育管理显著提升植被盖度，其中 FE+OF 处理效果最明显。

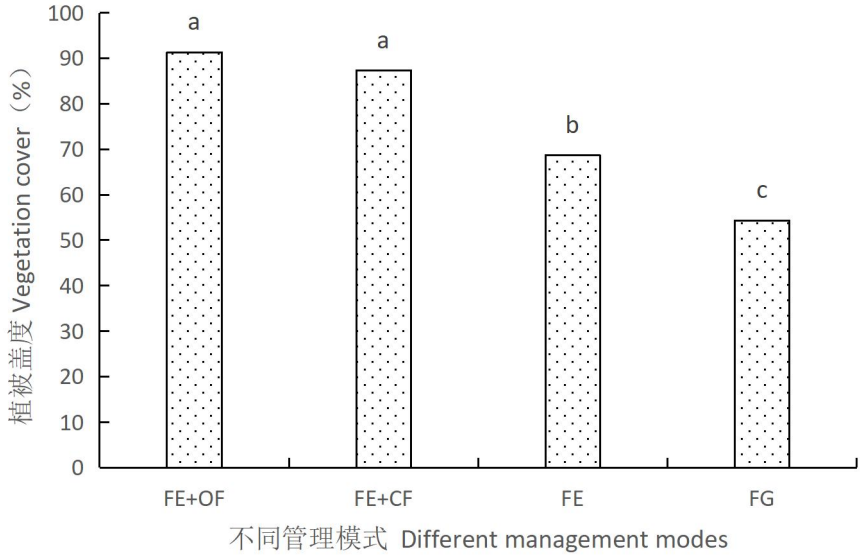



图 2 不同管理模式下植被盖度变化

Fig. 2 Changes of vegetation coverage under different management modes

### 2.1.3 不同养分管理对植被多度的影响

植被多度指的是每平方米内所有植物个体数的综合，对表现草地生产力中具有重要作用。从图 3 中可以看出，FE+OF 处理的植被多度最多，值为 491.00（个/㎡）；排名第二的是 FE 处理，值为 451.08（个/㎡）；排名第三的是 FE+CF 处理，值为 398.00（个/㎡）；排名第四的是 FG 处理，356.67（个/㎡）。并且在封育管理下 FE+OF 处理显著高于 FE 和 FE+CF 处理（P<0.05）。而不同管理模式下，FE+OF、FE+CF 和 FE 处理植被多度显著高于 FG 处理，表明封育管理可显著提高植被多度，其中 FE+OF 处理效果最显著。

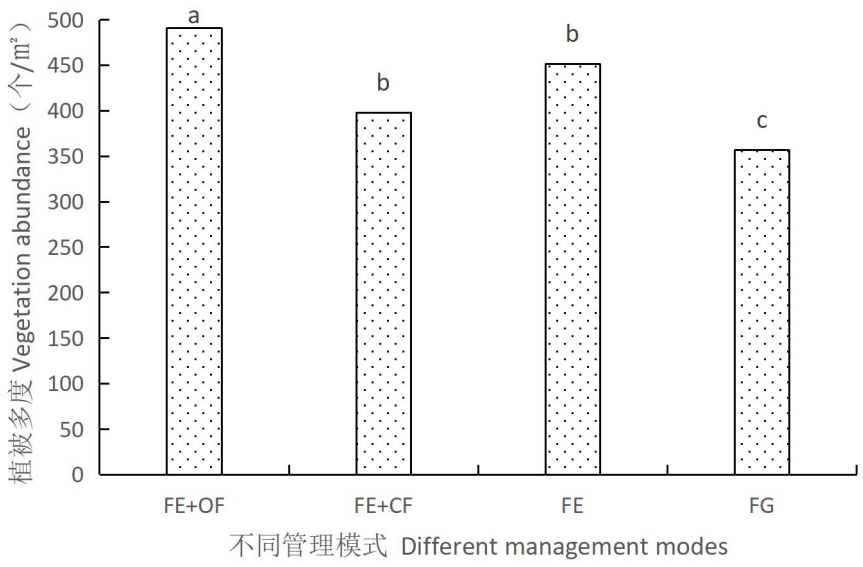



图 3 不同管理模式下植物多度变化

Fig. 3 Changes of plant abundance under different management modes

### 2.1.4 不同管理模式对地上生物量的影响

草地地上生物量对草地畜牧业的发展和保持生态系统完整性至关重要。图 4 数据表明，不同管理模式下草地地上生物量从大到小排列为 FE+OF>FE+CF>FE>FG，其值分别为 1203.01（g/㎡）、1104.41（g/㎡）、829.55（g/㎡）和 581.54（g/㎡）。数据分析得出，封育管理草地地上生物量均显著高于自然放牧处理（$P<0.05$）。在封育管理下，FE+OF 和 FE+CF 处理地上生物量显著高于 FE（$P<0.05$），而 FE+OF 和 FE+CF 处理间差异不显著（$P>0.05$）。因此，试验结果表明，封育管理可显著提高草地地上生物量，其中 FE+OF 处理效果最显著。

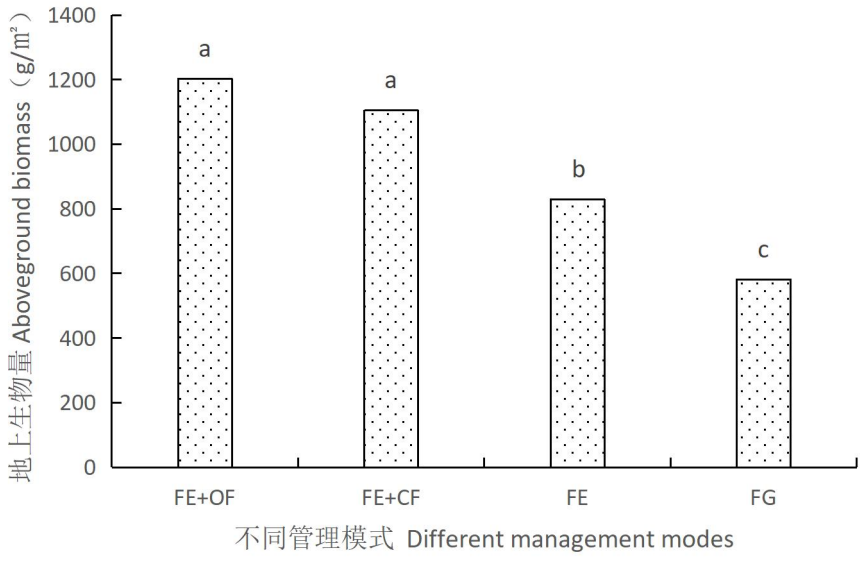



图 4 不同管理模式下地上生物量变化

Fig. 4 Aboveground biomass changes under different management modes

## 3 讨论

### 3.1 封育+施肥管理模式对草地植被特征的影响

近年来，随着气候变化和人为因素的干扰，导致草地退化、生产力降低、群落多样性降低、土壤有机

质减少，肥力缺失，草畜矛盾等一系列问题[4-6]。人们为了改良修复退化草地，提升群落生产力，改善群落结构，进行了多种修复措施的尝试，如围栏封育、切根、施肥等措施[7]。施肥通过为植物提供缺乏的养分来提高土壤的肥力，施用一定量的肥料，将足够的养分提供给草地植物，从而改善牧场[8]。汪心蕊[9-11]等研究结果表明，施肥可以提高群落的高度、密度以及地上生物量，这个结果与本试验研究结果相一致。施肥通过改变群落物种丰富度、重要值等指标，从而改变草原物种多样性和生态系统功能的关系及其维持机制。Fridley[12]等研究发现，施肥导致群落整体高度、盖度、密度等特征的改变，物种多样性指数会随着施肥水平的增加而显著降低。Bennett[13-15]等研究了 N 对澳大利亚西北部亚热带、半干旱的两个天然多年生草地生产力的影响，结果显示，N 添加可以显著增加植被总覆盖度与地上生物量。对退化草地进行施肥，可以有效补充土壤在缺失的营养元素，进而影响植物的生长[16]。因此，草地施肥是恢复退化草地生产力的主要措施之一。

### 3.2 放牧管理对草地生产力的影响

放牧是最基本的草地利用方式，超过 90%的草地经历家畜或大型食草动物放牧[17]。地上生物量是评价草原生态系统功能和生长状况最直观的指标[18-20]。群落地上净初级生产力对放牧的响应因放牧强度和放牧季节而异[21]。放牧对群落结构影响的研究大多是基于放牧或不放牧的对比，放牧制度同样影响草原植物多样性，如连续放牧、划区轮牧、季节性休牧、封育等[22-23]。这个结果跟本研究结果类似。本研究结果表明，放牧处理的草群高度、盖度、多度和地上生物量均低于 FE、FE+OF 和 FE+CF 管理模式。因此，本研究建议在科右前旗退化草地上结合实际情况可采取适当的封育+施肥处理，其中 FE+OF 处理更佳，可有效提高草地生产力同时改善生态环境，实现草地畜牧业高质量发展。

## 4 结论

4.1 封育管理可以有效提高植被高度、植被盖度、植被多度和草地地上生物量，可用于严重退化草地修复。

4.2 在封育管理模式下，FE+OF 和 FE+CF 处理可有效提高植被高度、植被盖度、植被多度和草地地上生物量，其中 FE+OF 处理效果显著（$P<0.05$），可用于草地改良及草地生产力提升工作。

参考文献


[1]赵泽钰,杨阳,黄娅兰等.草地植被生产力模拟及其影响因素[J].草业科学,2024, 41(01): 163-177.

[2]刘爱军,杨勇,柏延臣等.我国草畜平衡管理模式演变与监测技术进展[J].中国草地学报,2023,45(12):1-10.DOI:10.16742/j.zgcdxb.20230323.

[3]候伟峰,温丽,阿拉坦巴根等.兴安盟草原资源现状、存在问题及发展对策[J]. 草原与草业,2020,32(04):24-26+58.

[4]李凤霞,张德罡.草地退化指标及恢复措施[J].草原与草坪,2005,(01):24-28.DOI:10.13817/j.cnki.cyycp.2005.01.006.

[5]韩大勇,李海燕,张维等.东北退化草地猪毛蒿种群繁殖分配与个体寿命可塑性适应机理[J/OL].草地学报,1-14[2024-03-20].http://kns.cnki.net/kcms/detail/11.3362.S.20240314.1052.002.html.

[6]南万璐,谢应忠,彭文栋等.补播与围封对不同退化程度荒漠草地植被的恢复效果[J/OL].草业科学,1-15[2024-03-20].http://kns.cnki.net/kcms/detail/62.1069.S.20240314.1307.002.html.

[7]王玉琴,张千山,王宏生等. 围封对黄帚橐吾型退化草地植被群落特征的影响 [J]. 青海畜牧兽医杂志, 2024, 54 (01): 1-7+23.

[8]王高峰,安沙舟. 施肥对退化草甸草地土壤肥力和牧草群落结构及产量的影响[J]. 现代农业科技, 2010, (09): 278+287.

[9]汪心蕊. 不同施肥措施对退化典型草原植物群落结构和土壤性质的影响研究[D]. 内蒙古大学, 2023. DOI:10.27224/d.cnki.gnmdu.2023.001194.

[10]丁军章. 不同管理措施下内蒙古草原土壤固碳潜力研究[D]. 内蒙古农业大学, 2023. DOI:10.27229/d.cnki.gnmnu.2023.000141.

[11]范博. 施肥和补播对荒漠草原退化草地的土壤碳氮磷和植被特征的影响[D]. 内蒙古农业大学, 2023. DOI:10.27229/d.cnki.gnmnu.2023.001222.

[12]Fridley JD. Resource availability dominates and alters the relationship between species diversity and ecosystem productivity in experimental plant communities[J]. Oecologia, 2002,132(2): 271-277.

[13]方玉凤,曹志伟,孙洪升等. 施肥和混播对松嫩平原退化草地土壤和牧草产量的影响 [J]. 水土保持通报, 2023, 43 (01): 16-23. DOI:10.13961/j.cnki.stbctb.2023.01.003.

[14]王东磊. 施肥对科尔沁退化草地植被功能群特征及土壤理化性质的影响[D]. 内蒙古农业大学, 2022. DOI:10.27229/d.cnki.gnmnu.2022.000268.
[15]屈革荣. 施肥对荒漠草原退化草地植被特征的影响研究 [J]. 农业灾害研究, 2021, 11 (03): 45-46+49.
[16]韩冬雨. 燕麦箭筈豌豆间作和施氮对饲草产量、品质和水氮利用效率的影响[D]. 内蒙古农业大学, 2023. DOI:10.27229/d.cnki.gnmnu.2023.000479.
[17]李艳龙. 放牧畜种和强度对内蒙古典型草原植物群落结构和草畜生产的影响机制研究[D]. 内蒙古大学, 2023. DOI:10.27224/d.cnki.gnmdu.2023.000010.
[18]卜灵心. 基于机器学习方法的草地地上生物量反演及干旱脆弱性评价[D]. 内蒙古师范大学, 2023. DOI:10.27230/d.cnki.gnmsu.2023.001028.
[19]葛静. 中国北方地区草地地上生物量遥感估测及变化分析研究[D]. 兰州大学, 2022. DOI:10.27204/d.cnki.glzhu.2022.000068.
[20]Mcsherry M E, Ritchie M E. Effects of grazing on grassland soil carbon: a global review[J].Global Change Biology. 2013, 19(5): 1347-1357.
[21]王榛. 放牧和氮添加对典型草原植物群落结构与功能的作用[D]. 兰州大学, 2023. DOI:10.27204/d.cnki.glzhu.2023.000035.
[22]张智起,姜明栋,冯天骄. 划区轮牧还是连续放牧?——基于中国北方干旱半干旱草地放牧试验的整合分析 [J]. 草业科学, 2020, 37 (11): 2366-2373.

# 饲草大豆耐盐碱种质资源的评定与筛选

费琳

（青岛农业大学，山东 青岛 266109）

**摘要：**大豆(Glycine max)起源于约 5000 年前的中国，由其近缘祖先野生大豆驯化而来，是一种重要的油料及粮饲兼用作物。大豆中含有丰富的优质蛋白、不饱和脂肪酸及 B 族维生素，是我国居民膳食中优质蛋白质的重要来源。世界上 69%的食用蛋白质和 30%的食用油都来源于大豆[1]。大豆的豆粕和豆荚作为饲料原料在畜牧养殖业生产中应用非常广泛。我国东北地区是大豆的主要产区，但近年来，受外界影响，大豆副产品供需持续上涨[2]。土壤盐碱化是当今世界土壤退化的问题之一。土壤盐碱化是指土壤含盐量超过 0.3%，而使农作物低产或不能生长。全世界盐渍化土壤面积约 10 亿公顷；我国盐渍土面积约 3460 万公顷，耕地盐碱化 760 万公顷，近 1/5 耕地发生盐碱化，其中原生盐化型、次生盐化型和各种碱化型分布分别占总面积的 52%、40%和 8%。盐碱地的产生使得大面积的土壤资源难以利用。由于受到外界环境的影响，土壤盐碱化日益严重。这不仅对农作物生长发育产生危害，而且使土壤物理性恶化，地下水矿化度提高，地下水源不能充分利用，同时使大片土地荒芜，农耕地减少，土壤中水、肥等因素互不协调，使土壤板结与肥力下降，不利于大豆吸收养分，阻碍其生长。鉴于国内对大豆产量需求的增加，提高大豆耐盐碱能力，培育耐盐品种是增加我国大豆产量，进而降低大豆进口需求量的重要措施之一。

**关键词：**盐碱化；饲草大豆；抗盐碱；评定与筛选。

## 1 引言

### 1.1 研究目的与意义

大豆是我国重要的农作物之一，大豆的生产直接关系着我国的国计民生，大豆在我国粮食产业以及国民经济中有着十分重要的作用[3]。大豆是一种耐盐作物，当其生长受到盐胁迫时，生长发育受到抑制，性状表型较差，导致产量和品质降低。提高盐碱条件下的大豆产量，可以改良盐渍化土壤的条件，并能提高大豆自身的耐盐碱能力。

本次研究结果将为大豆种质资源的保护与利用提供理论基础，有助于解析大豆优良性状，提高饲用大豆的耐盐碱能力，增加我国饲用大豆产量，为常规饲用大豆育种实验提供宝贵的种质资源。

### 1.2 研究内容

本研究对多份大豆品系先进性耐盐处理，进行辐射育种，选育出 35 份稳定品系。前期对这 35 份品系进行种子萌发期的耐盐处理，然后选取其中 10 份左右（其中包括大田盐碱地的 8 份）做苗期的耐盐处理，然后测定相应的生理生化指标。从植株表型、生理生化和分子水平等不同层次，系统的对大豆种质资源的耐盐性进行了评定与筛选。

## 2 土壤盐碱化的形成原因

在自然界中，土壤中的盐类成分，有一部分是自然界活动造成的，另一部分原因主要是人类进行的不合理开发和利用资源，最严重者则是在农业生产实践过程中不合理的灌溉，对于土壤增加了较多的含盐量。另外，我们对于草场的放牧过度，森林与植被面积的双向减少，进而引发的水土流失，在特殊的环境下，在土壤的上表层中盐分不断地累积，最终导致了盐渍化与盐碱化土壤[4]，也有将其称之为次生化盐碱地。

# 3 土壤盐碱化对饲草大豆的影响

## 3.1 盐碱化对大豆发芽率的影响

正常的萌发是种子吸水到顶峰然后胚根胚芽长出的生理过程[5]。因此，充足的水分是萌发的必要条件。盐碱生境下种子萌发的最初阶段，种子首先面临的是由于不同盐分浓度产生的渗透胁迫[6]，且高浓度盐分的存在诱导了种子的休眠，抑制种子的萌发。

发芽率、发芽势、发芽指数和活力指数都是衡量种子质量好坏的重要指标。其中发芽率反映种子的发芽能力，可显示种子胚的活性，发芽率高，表示有生活力的种子多，播种后出苗数多。发芽指数是反映种子发芽活力的指标[7]，能反映种子在胁迫环境下的发芽能力。活力指是种子活力水平的综合体现，是用来表示种子萌发长成正常幼苗的能力[8]。许多研究表明[9-12]，盐碱胁迫会使种子内部的生理活动减慢，呈现发育迟缓。低浓度的 NaCL 能促进某些植物种子的萌发，或对种子萌发的影响较小，而高浓度的 NaCL 则有显著抑制作用。

## 3.2 盐碱化对大豆生物量的影响

大豆生物量主要是由其植物学特征决定，其生物学特性也会反映籽粒的产量[13-14]。 Boerma[15]从研究 18 个大豆品种的结果中得出，植株器官生物量与产量的增加呈显著正相关。经济产量也同样与生物量密切相关[16]。Kumudini 等[17]认为，大豆干物质积累的增加必然会导致产量的提高。Egli 等[18]研究表明，在大豆结荚期与鼓粒期间，植株干物质积累量是产量的重要决定因素[19]。不同品种在不同生育期内，它的器官根、茎、叶片、豆荚对于营养的分配比例也有所不同。各器官生物量(包括地上部与根生物量)都与产量呈显著正相关 ，季平[20]的实验表明在盐碱环境下，耐盐碱品种具有较强的生存能力，盐碱胁迫对大豆植株器官叶片和荚果的伤害最大，对茎的伤害程度小；并且发现在盐胁迫 pH7.77、碱胁迫 pH9.11、盐碱混合胁迫 pH8.42 的条件下，通过对植株影响的对比发现，以高 pH 值为主要因素的碱胁迫对植株影响最大。

## 3.3 盐碱化对大豆光合作用的影响

盐碱胁迫主要影响植物生长和代谢，其中光合作用所受到的影响最为突出。由于植株叶片受盐碱胁迫后其体内的叶绿素酶活性增强，进而导致叶绿素含量降低[21-22]而作物产量离不开光合作用，所以研究大豆光合特性对其耐碱性评价具有重要意义[23]。盐碱胁迫是造成植物光合速率下降的关键因素主要是引起渗透胁迫导致气孔关闭 $CO_2$ 由外界向内部扩散阻力加强光合碳固定的底物减少所致[24]。

## 3.4 盐碱化对大豆渗透调节物质含量的影响

### 3.4.1 对脯氨酸、可溶性糖含量的影响

脯氨酸是一种亲水性很强的有机渗透物质，遇水能很快溶解。脯氨酸能将细胞液泡中高浓度的盐分平衡掉，进而起到防止细胞质脱水的作用。植物体内脯氨酸含量的积累可能是植物受到逆境伤害的重大标志。逆境胁迫条件下，植物体内蛋白质的合成过程受到抑制，此时，蛋白质分解，体内游离的氨基酸含量上升，其中脯氨酸上升的幅度最大，随着胁迫强度的增大，游离脯氨酸-直呈上升趋势。但关于植物在抗逆境胁迫时，脯氨酸含量的增加与降低，还有脯氨酸在植物体内发挥的作用，尚未达成一致共识，仍有较大的争议。在不少的研究中，其中有低温胁迫、盐胁迫、碱胁迫、重金属胁迫，研究结果均一致表明，植物体内都会积累脯氨酸，来抵抗各种类型胁迫。

糖类为植物提供碳骨架和能量，并且是光合作用的产物和呼吸作用的底物，糖代谢是植物的基本代谢。因此，对盐胁迫下植物体内可溶性糖含量的分析尤为重要[25]。可溶性糖是一种较为有效的渗透保护剂，是植物适应逆境的一种产物，对于维持液泡和原生质之间的渗透平衡以及在盐胁迫下维持细胞质中多种酶的活性是十分必要的，也是合成其他有机溶质的碳架和能量的来源，还可在细胞内无机离子浓度高时起保护酶类的作用。另外，可溶性糖含量的增加对于提高逆境条件下植物细胞汁液浓度、降低细胞水势、增强吸

水功能等起着重要促进作用。有研究证实，盐胁迫下植物生长受抑制，糖利用减少，植物叶片内可溶性糖浓度增加。

### 3.4.2 对酶活性、非酶抗氧化剂含量的影响

植物为了适应逆境环境，会启动体内一系列防御系统用于清除细胞内过量的活性氧，其中超氧化物歧化酶(SOD)、过氧化物酶(POD)等起主要作用[26]。同时植物体内过氧化氢酶(CAT)也是植物体内重要的抗氧化保护酶之一，CAT 和 POD 可以共同作用催化过氧化氢($H_2O_2$)形成 $H_2O_2$，从而阻止 $O_2^{\cdot -}$ 和 $H_2O_2$ 在体内的积累，其也可以作为细胞膜脂过氧化严重程度的衡量指标，进而反应植株的抗逆境能力[27]。

## 4 饲草大豆的抗盐碱机制

植物长期生活在盐碱环境中，它们必须有适应其恶劣环境的抗性机制，否则逆境给植株带来的伤害，轻则发育不良，重则导致死亡。一般情况下，植物体内会形成抵抗盐碱的生理生化机制及分子机制来适应这种逆境胁迫，其中包括对离子的外排和隔除化，还包括对离子的选择性，减少根对有害离子的吸收等等，同时改变离子向叶片的转运途径，还可以合成某些可溶性溶质，或是改变光合作用的路径和诱导抗氧化酶系统等等，都可以产生抗逆性机制[28]。

## 5 结论

土壤盐碱化的日渐严重，导致各类农作物的产量下降、品质低劣，对于全国 85%都需进口的大豆作物，筛选并培育出抗盐碱能力强的品系意义重大。通过一系列的实验与分析对各个品系的大豆进行评定与筛选，最终选育出在盐碱化的条件下，生长发育最优越的品系，并成功应用于大田，为日后饲草大豆产量的扩增奠定良好基础，进而提高我国大豆的产量，实现自给自足。

## 参考文献


[1] Lu Y,Lam H,Pi E,et al. Comparative metabolomics in glycine max and glycine soja under salt stress to reveal the phenotypes of their offspring [J]. Journal of Agricultural and Food Chemistry2013,8711-8721.

[2]林长石.北方饲用大豆减产的原因及解决对策[J].饲料博览,2020(04):93.

[3]左进华,董海洲,侯汉学.大豆蛋白生产与应用现状[J].粮食与油脂,2007(5):12-15.

[4]利容千,王建波.植物逆境细胞及生理学[M].武汉大学出版社,2002,12,189-190.

[5]Kordan H A.Seed viability and germination: a multipurpose experimental system[J].Biology Education,1992,26: 247-251.

[6] Hardegeree S P,Emmerich W E.Partitioning water potential and specific salt effect on seed germination of four grasses[J].Annals of Botamy,1990,66: 587-595.

[7]黄文研,RIISP.发芽率和发芽指数的测定:协作试验和稳定性测试[J].大麦科学,1997(4):42-44.

[8]孙慕华,陈学珍,徐娜,等.NaCI 对大豆科丰 14 种子萌发的影响[J].北京农学院学报,2010,25(4):4-6.

[9]Almansouri M,Kinet J M,Lutts S.Effect of salt and osmotic stresses on germination in durum wheat(Triticum durum desf)[J].Plant Soil,2001,231:243-254.

[10]Dash M,Panda S K.Salt stress induced changes in growth and enzyme activities in germinating Phaseolus mungo seeds[J].Biology Plant,2001,44:587-589.

[11]Chartzoulakis K S,Loupanak M H.Effects of NaCI salinity on germination,growth, gas exchanges and yield of greenhouse eggplant[J].Agriculture Water Management,1997,32:215-225.

[12]Ghoulam C,Fores K. Effect of salinity on seed germination and early seedling growth of sugar beet(Beta vulgaris L.)[J].Seed Science Technology,2001,29:357-364.

[13]张正翼.不同密度和田间配置对套作大豆产量和品质的影响[D].雅安:四川农业大学,2008.

[14]赵翠媛.播期对小豆成花过程中生育特性及产量影响的研究[D].河北农业大学,2012.

[15]Boerma H.R. Comparison of past and recently developed soybean cultivars in maturity groups VI,VII,and VIII[J]. Crop Science,1979,19:611-613.

[16]郑洪兵,王喜华,邓川,等.吉林省大豆品种遗传改良过程中叶片性状的演变[J].中国油料作物学报,2008,30(2):179-184.

[17]Kumudini S.V.,Hume D.J.,Chu G.Genetic improvement in short season soybean:I.Dry Matter Accumulation, Partitioning,and Leaf Area Duration[J].Crop Science,2001,41:391-398.

[18]Egli D.B.,Guffy R.D., Heitholt J.J. Factors associated with reduced yields of decayed plantings of soybean[J].J Agron Crop Sci,1987,159:176-185.

[19]Niklas K.J.,Enquist B.J. Invariant scaling relationships for interspecific plant biomass production rates and body size[J].Proc Natl Acad Sci U.S.A.,2001,98:2922-2927.

[20]季平.不同类型盐碱胁迫对大豆植株生长性状和产量的影响[D].吉林农业大学,2013.

[21]孙璐,周宇飞,李丰先,等.盐胁迫对高粱幼苗光合作用和荧光特性的影响[J].中国农业科学.2012,45(16):3265-3272.

[22]赵澍,廖里平,张宏武,等.盐胁迫对酸枣幼苗光合生理特性的影响[J].干旱区资源与环境 2018,32(5):149-153.

[23]安飞飞,简纯平,杨龙,等.木薯幼苗叶绿素含量及光合特性对盐胁迫的响应[J].江苏农业学报.2015,31(3):500-504.

[24]裴斌,张光灿,张淑勇,等.土壤干旱胁迫对沙棘叶片光合作用和抗氧化酶活性的影响[J].生态学报.2013,33(5):1386-1396.

[25]Johnson,E,P.The cost of carbon dioxide abatement from state renewable portfolio standards [J]. Resource and Energy Economics.2014,36(2):332-350.

[26]Ji Z.B., Pu W.F., Li G.L., Qiao Y.K., and Zhang M., 2012, Physiological reaction of Glycine soja, glycine gracilis and glycine max to drought stress in seedling stage, Dadou Kexue (Soybean Science), 31(4):598-604. (纪展波, 蒲伟凤, 李桂兰, 乔亚科, 张敏, 2012, 野生大豆、半野生大豆和栽培大豆对苗期干旱胁迫的生理反应, 大豆科学, 31(4):598-604.)

[27]Chen A.G., Wu Y., Cui X.G., Wang Y., Li Z.B., Lu M.X., and Meng W.L., 2014, Comprehensive evaluation on drought-resistance of different soybean cultivars and wild varieties, Liaoning Nongye Kexue (Liaoning Agricultural Sciences), (3):1-5. (陈爱国, 吴禹, 崔晓光, 王岩, 李兆波, 路明祥, 孟未来, 2014, 不同栽培大豆和野生大豆品种抗旱性综合评价, 辽宁农业科学, (3):1-5.)

[28]Parida A.K., Das A.B.Salt tolerance and salinity effects on plantsa:review[J].Ecotoxicol Environ Saf,2005,60: 324-349.

# 压实密度及添加剂对甜高粱青贮饲料发酵品质的影响

吉方财[1]，张洪瑞[1]，王一凡[1]，孙志强[2]，玉 柱[1*]

（1.中国农业大学草业科学与技术学院，北京 100193；2.中国农业大学动物科学技术学院，北京 100193；）

**摘要：**本试验旨在研究压实密度与添加剂对甜高粱青贮饲料发酵品质的影响，本试验以甜高粱为材料，设计三种压实密度，700 kg/m$^3$、800 kg/m$^3$ 及 900 kg/m$^3$，4 种添加剂处理，CK、*Lactobacillus buchneri*(LB)、Cellulase(CE)及 LB+CE。结果表明：压实密度及添加剂对 AA 含量有交互作用($P$<0.05)。随压实密度上升，LA 含量和 PA 含量逐渐上升，pH 值逐渐下降。与对照组相比，添加 CE 显著提高了 LA 含量($P$<0.05)。LB 或 LB+CE 处理组 AA 含量显著高于 CK 与 CE 处理组($P$<0.05)。

**关键词：**甜高粱；压实密度；添加剂；发酵品质

# The effect of compaction density and additive on the fermentation quality of sweet sorghum silage

JI Fang-cai[1], WANG Yi-fan[1], ZHANG Hong-rui[1], SUN Zhi-qiang[2], YU Zhu[1*]

（1.College of Grassland Science and Technology, China Agricultural University, Beijing 100193, China; 2.College of Animal Science and Technology, China Agricultural University, Beijing 100193, China;）

**Abstract:**To explore the effects of compaction density and additives on the fermentation quality of sweet sorghum silage, sweet sorghum was used as material and three compaction densities were designed, 700 kg/m$^3$, 800 kg/m$^3$ and 900 kg/m$^3$, with four additives (CK), *Lactobacillus buchneri* (LB), Cellulase (CE), and LB+CE. The results showed that compaction density and additives had an interactive effect on AA content ($P$<0.05). As the compaction density increases, the LA content and PA content gradually increase, and the pH value gradually decreases. Compared with the CK, the LA content significantly increased of CE treatment($P$<0.05). The AA content in the LB and LB+CE treatment was significantly higher than that of CK and CE treatment ($P$<0.05).

**Keywords:** Sweet sorghum; Compaction Density; Additive; Fermentation Quality

甜高粱（*Sorghum bicolor*）是高产 $C_4$ 植物，具有抗逆性强、含糖量高和营养丰富等特点，调制青贮饲料是甜高粱的主要加工利用方式[1]，可有效保存营养、降低抗营养因子含量、增进适口性、提高消化率，提升饲料质量[2]。压实密度是影响青贮饲料品质的重要因素[3]。青贮饲料接种添加剂可以有效保存青贮饲料的营养物质，促进乳酸菌发酵进而抑制有害细菌和霉菌的生长以及防止腐烂等[4]。因此，本试验探讨压实密度及添加剂对甜高粱青贮饲料发酵品质的影响，为调制甜高粱青贮饲料提供科学依据。

## 1 材料与方法

### 1.1 试验设计

试验地位于宁夏回族自治区吴忠市红寺堡区，试验材料为甜高粱，试验设计 3 个压实密度，分别为 700

基金项目：国家重点研发计划“政府间国际科技创新合作”重点专项(2022YFE0111000)；青海省玉树州杂多县特色养殖业提质增效关键技术集成与示范(2022YFD1602305)；草食畜牧业增量提质科技创新合作（DL2023108002L）资助

作者简介：吉方财（1999-），男，汉族，四川内江人，硕士研究生，主要从事饲草加工与利用研究，E-mail: 492255145@qq.com;

*通信作者：玉柱，E-mail: yuzhu33150@sina.com

kg/m$^3$、800 kg/m$^3$ 以及 900 kg/m$^3$，4 种添加剂处理，1）CK，蒸馏水，2）LB 处理组，LB 添加量为 1×10$^6$ CFU/g，3）CE 处理组，CE 添加量为 5000 U/kg，4）LB+CE 处理组，将 LB（1×10$^6$ CFU/g）与 CE（5000 U/kg）混合添加甜高粱原料上，青贮 120 天。

### 1.2 测定指标

发酵品质测定 pH 值、乳酸（lactic acid，LA）、乙酸（acetic acid，AA）、丙酸（propionic acid，PA）和丁酸（butyric acid，BA）含量和氨态氮（ammonia-nitrogen，$NH_3$-N），并计算氨态氮/总氮（ammonia-nitrogen/total nitrogen，$NH_3$-N/TN）。

### 1.3 数据分析

采用 Excel 2016 整理数据，使用 SPSS 27.0 进行方差分析。$P$<0.05 表示差异显著

## 2 结果与分析

### 2.1 甜高粱青贮原料营养成分

甜高粱青贮原料营养成分见表 1-1。

表 1-1 甜高粱青贮原料营养成分 %DM

| 青贮原料 | DM/% | CP | WSC | Starch | NDF | ADF | ADL |
|---|---|---|---|---|---|---|---|
| | | %DM | | | | | |
| 甜高粱 | 31.28 | 3.72 | 12.57 | 8.87 | 63.06 | 38.29 | 6.62 |

### 2.2 压实密度及添加剂对甜高粱青贮饲料发酵品质的影响

由表 1-2 可知，压实密度对 pH 值、LA 含量和 PA 含量均有显著影响($P$<0.05)，接种添加剂对 AA 含量有显著影响($P$<0.01)，压实密度及添加剂处理对 AA 含量有交互作用($P$<0.01)。随压实密度上升，pH 值逐渐下降，LA 含量和 PA 含量逐渐上升。CE 处理组 LA 含量显著高于 CK($P$<0.05)。LB 或 LB+CE 处理组 AA 含量显著高于 CK 与 CE 处理组($P$<0.05)。

表 1-2 压实密度与添加剂及交互作用对甜高粱青贮饲料发酵品质的主效应析 %DM

Table 1-2 The main effect analysis of compaction density, additive and interaction %DM

| Items | pH value | $NH_3$-N/TN/% | LA | AA | PA |
|---|---|---|---|---|---|
| *P*-value | | | | | |
| 压实密度 | 0.002 | 0.175 | <0.001 | 0.212 | <0.001 |
| 添加剂 | 0.803 | 0.301 | 0.072 | <0.001 | 0.485 |
| 压实密度×添加剂 | 0.617 | 0.960 | 0.214 | 0.047 | 0.073 |
| 压实密度 | | | | | |
| 700 kg/m$^3$ | 3.86$^a$ | 3.70 | 4.49$^c$ | 1.21 | 0.30$^b$ |
| 800 kg/m$^3$ | 3.79$^b$ | 3.88 | 5.45$^b$ | 1.25 | 0.32$^b$ |
| 900 kg/m$^3$ | 3.76$^b$ | 4.41 | 6.25$^a$ | 1.35 | 0.38$^a$ |
| 添加剂 | | | | | |
| CK | 3.81 | 3.73 | 5.06$^b$ | 0.83$^b$ | 0.33 |
| LB | 3.79 | 4.04 | 5.28$^{ab}$ | 1.66$^a$ | 0.32 |
| CE | 3.80 | 4.49 | 5.79$^a$ | 0.85$^b$ | 0.34 |
| LB+CE | 3.81 | 3.75 | 5.45$^{ab}$ | 1.74$^a$ | 0.35 |

注：同列不同小写字母表示差异显著($P$<0.05)，同行不同大写字母表示差异显著($P$<0.05)，下同

Note: Different small letters in the same column represent significant difference at the 0.05 level. Different capital letters in the same row represent significant difference at the 0.05 level.The same as below

表 1-3 压实密度及添加剂对甜高粱青贮饲料发酵品质的影响 %DM

Table 1-3 The effect of compaction density and additive on fermentation quality of silage %DM

| Items | 添加剂 | 压实密度 | | | SEM |
|---|---|---|---|---|---|
| | | 700 kg/m$^3$ | 800 kg/m$^3$ | 900 kg/m$^3$ | |

| | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|
| pH value | CK | 3.86 | 3.76 | 3.81 | 0.01 |
| | LB | 3.87 | 3.77 | 3.73 | |
| | CE | 3.86 | 3.79 | 3.75 | |
| | LB+CE | 3.85 | 3.83 | 3.76 | |
| $NH_3$-N/TN/% | CK | 3.40 | 3.43 | 4.38 | 0.15 |
| | LB | 3.96 | 3.64 | 4.50 | |
| | CE | 4.19 | 4.62 | 4.64 | |
| | LB+CE | 3.28 | 3.93 | 4.13 | |
| LA | CK | $4.53^{B}$ | $4.87^{cB}$ | $5.79^{A}$ | 0.16 |
| | LB | $4.30^{B}$ | $5.03^{bcAB}$ | $6.51^{A}$ | |
| | CE | $4.64^{B}$ | $6.43^{aA}$ | $6.30^{A}$ | |
| | LB+CE | $4.50^{C}$ | $5.46^{bB}$ | $6.40^{A}$ | |
| AA | CK | $0.83^{b}$ | $0.85^{b}$ | $0.82^{c}$ | 0.08 |
| | LB | $1.38^{aB}$ | $1.88^{aA}$ | $1.72^{aAB}$ | |
| | CE | $0.76^{b}$ | $0.87^{b}$ | $0.92^{c}$ | |
| | LB+CE | $1.89^{a}$ | $1.78^{a}$ | $1.54^{b}$ | |
| PA | CK | $0.35^{A}$ | $0.27^{bB}$ | $0.37^{A}$ | 0.01 |
| | LB | 0.28 | $0.31^{ab}$ | 0.36 | |
| | CE | 0.31 | $0.31^{ab}$ | 0.38 | |
| | LB+CE | $0.29^{B}$ | $0.36^{aAB}$ | $0.42^{A}$ | |

由表 1-3 可知，与 CK 相比，添加 CE 或 LB+CE 显著提高了压实密度为 800 kg/m$^3$ 时的 LA 含量($P$<0.05)。与未添加 LB 的处理组相比，添加 LB 或 LB+CE 联用显著提高了所有压实密度下的 AA 含量($P$<0.05)。压实密度为 800 kg/m$^3$ 时，CK 处理组 PA 含量显著低于 LB+CE 处理组($P$<0.05)。所有处理丁酸均未检出。

## 3 讨论与结论

本试验中甜高粱青贮饲料 pH 值均小于 4.2，发酵品质较好。本试验中，随压实密度增大，pH 值逐渐下降，而 LA 含量逐渐上升，这与米筱[5]的研究结果一致，可能是提高压实密度，发酵罐内氧气减少，抑制了好氧微生物的活性，促进乳酸菌厌氧发酵，进而 LA 含量提高而 pH 值下降。由主效应分析可知，与对照组相比，CE 处理组显著提高了 LA 含量，这与 Liu 等[6]的研究结果一致，CE 添加到青贮饲料中，促进了纤维组分的降解，为乳酸菌提供了更多的发酵底物，促进 LA 含量的提高。但 CE 的作用受到压实密度的影响，在 700 和 900kg/m$^3$ 时 CE 的作用不显著。LB 添加到青贮饲料中进行异型发酵，本研究中，添加 LB 或 LB+CE 均显著提高 AA 含量，这与陈雷[7]的研究结果相同，有助于提高青贮饲料的有氧稳定性[8]。本研究中，随压实密度的提高，PA 含量逐渐上升，这与 Han 等[9]的研究结果一致，PA 具有较强的抑菌效果，有助于改善青贮品质。综上所述，提高压实密度与接种添加剂有助于改善甜高粱青贮饲料发酵品质。

## 参考文献


[1] 张苏江,董志国,杨金宝. 饲用甜高粱的栽培与利用[J]. 畜牧兽医杂志,2000(02):31-33

[2] 郭艳萍,玉柱,顾雪莹,等. 不同添加剂对高粱青贮质量的影响[J]. 草地学报,2010,18(06):875-879

[3] Sucu E,Kalkan H,Canbolat O,et al. Effects of ensiling density on nutritive value of maize and sorghum silages[J]. Revista Brasileira De Zootecnia-Brazilian Journal Of Animal Science,2016,45(10):596-603

[4] Muck R E,Nadeau E,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

[5] 米筱. 压实密度和二次发酵对全株玉米青贮品质的影响[D]. 泰安:山东农业大学,2022

[6] Liu W,Si Q,Sun L,et al. Effects of cellulase and xylanase addition on fermentation quality, aerobic stability, and bacteria

composition of low water-soluble carbohydrates oat silage[J]. Fermentation-Basel,2023,9(7)

[7] 陈雷. 甜高粱和紫花苜蓿混合青贮发酵品质、有氧稳定性和体外瘤胃发酵特性的研究[D]. 南京:南京农业大学,2018

[8] Huang Z P,Wang M S,Ke W C,et al. Screening of high 1,2-propanediol production by *Lactobacillus buchneri* strains and their effects on fermentation characteristics and aerobic stability of whole-plant corn silage[J]. Agriculture-Basel,2021,11(7)

[9] Han K J,Collins M,Vanzant E S,et al. Bale density and moisture effects on alfalfa round bale silage[J]. Crop Science,2004,44(3):914-919

# 不同燕麦品种在三江源区的引种适应性评价

蔡宗程，吕亮雨，刘青青，张海蓉，邢云飞，赫苗花，王琛，施建军*
（青海大学畜牧兽医科学院，青海 西宁 810016）

**摘要：**本试验对三江源地区引进种植的 8 个燕麦品种的农艺性状、干草产量、营养物质含量进行测定，并进行隶属函数综合评价，以筛选出适宜在三江源地区种植的燕麦饲草品种。结果显示：青引 2 号和甜燕麦株高、干草产量显著高于其他燕麦品种，且甜燕麦干草产量高达 7 380 kg/hm$^2$，较青甜 2 号显著增加 50.6%；白燕 7 号、青引 2 号和甜燕麦茎叶比较低，分别为 2.83、3.33 和 3.48。此外，青引 2 号和甜燕麦的各营养成分含量显著高于其他燕麦品种，其中青引 2 号粗蛋白含量高达 14.96%，甜燕麦粗脂肪含量高达 8.94%；根据隶属函数综合评价结果，青引 2 号和甜燕麦的隶属函数值分别为 0.81 和 0.95，属优，为I级。综上所述，燕麦品种中的青引 2 号和甜燕麦各项指标均高于其他品种，因此这两个品种更适宜在三江源果洛地区推广种植。

**关键词：**饲用燕麦；品种；生产性能；营养价值

三江源区位于中国青藏高原东南部，是中国重要的水源涵养区之一，也是保护生态环境和推动可持续发展的重点区域[1]。由于地理位置和气候条件的特殊性，该地区的畜牧业发展面临冬春季饲草数量不足，饲草供应季节不平衡等诸多挑战。为平衡草畜矛盾和促进青海省高寒牧区畜牧业的可持续发展，保护草地生态环境，探寻适应当地自然环境的饲草品种至关重要。燕麦（*Avena sativa* L.）是禾本科、燕麦属（*Avena* L.）一年生草本植物，作为一种重要的饲料牧草，具有丰富的营养价值和耐寒性，适应性广泛，在畜牧业发展中具有广泛的应用和研究价值[2]。目前，一些研究致力于培育高产优质的燕麦品种，以满足畜牧业的需求。然而，在三江源区选择适合当地气候和土壤条件的燕麦品种并进行合理的种植仍然是一个亟待解决的问题。基于此，本研究旨在探究不同燕麦品种在三江源地区引种的适应性。通过研究比较不同燕麦品种的生长生理指标，评估其营养成分等方面的差异，以期为三江源地区燕麦品种选育提供科学依据和饲草生产提供理论指导。

## 1 材料与方法

### 1.1 试验地概况

试验于 2023 年进行，地点位于三江源区果洛藏族自治州州达日县满掌乡（E 99°65′，N 33°75′），海拔约为 4 200 m，属于高原大陆性半湿润气候。牧草生长季为 130 d 左右，年平均日照时数为 2 500 h。

### 1.2 试验材料

供试燕麦共 8 个品种均由青海省畜牧兽医科学院提供，分别为：青甜 1 号、白燕 7 号、加燕、林纳、小黑麦、青甜 2 号、青引 2 号、甜燕麦，其中林纳燕麦品种为国外引进品种，原产地挪威。以 A1、A2、A3、A4、A5、A6、A7、A8 分别代表上述供试燕麦品种。

### 1.3 试验设计

试验遵循随机区组设计原则，每个品种的播种量为 225 kg/hm$^2$。试验设置为共 24 个小区，每个小区面积为 15 m$^2$（3 m × 5 m），每个小区的播种量为 337.5 g，并在小区内设置保护行距离为 1 m。播种采用人工开沟条播的方式，行距为 20 cm，播种深度为 3~4 cm。底肥施用有机肥（N + $P_2O_5$ + $K_2O$ ≥ 5%），施用量为 1 000 kg/hm$^2$。为了保护作物生长，设置围栏进行封育，不进行灌溉和其他农艺措施。

### 1.4 测定指标及方法

1.4.1 **农艺性状** 每小区随机取 10 株整齐一致的健康燕麦，测定燕麦常规农艺性状，7、9 月观测 2 次物候期，用卷尺测定株高，每样株测量 5 次并取平均值。对叶片进行测定时在样株基部随机选取 3 片健康

**基金项目：**第二次青藏高原科学考察研究(2019QZKK1002)；高寒高效饲草料基地建设关键技术集成与示范（2023-NK-P56）
**作者简介：**蔡宗程，硕士，研究方向为牧草栽培育种。
**通信作者** E-mail: mkyshjj@ 163.com

叶片，用赛默飞手持叶面积测量仪测量叶面积。用游标卡尺测量基部 1 cm 茎粗。用电子天平（ 0.0001 ）称取单株叶片鲜重量和茎秆鲜重量。用赛默飞 SPAD 叶绿素仪测量叶片 SPAD 值。

1.4.2 **生产性能** 在燕麦停止生长时，于每个小区中排除边际 1 m 的范围。在小区内选择 5 个整齐一致的 1 m 样段，齐地面刈割称重，计算单位鲜草产量。将采集到的鲜草样品带回实验室，在 105 ℃的条件下进行 30 min 的杀青处理，然后在 75 ℃的条件下烘干至恒重，并进行称重，以确定干草的重量。根据干草重量计算每公顷的干草产量和干鲜比。

1.4.3 **营养物质含量** 蛋白质（蛋白 TP ）含量采用凯氏定氮法进行测定。粗脂肪（ EE ）含量采用索氏提取法进行测定。灰分（ Ash ）含量采用赛默飞马弗炉燃烧法进行测定。可溶性糖和木质素的消化率采用近红外方法测定。

### 1.5 数据分析方法

所有数据利用 SPSS 25.0 方差分析和 Excel 软件进行整理计算和图表绘制。

## 2 结果与分析

### 2.1 8 个燕麦品种生长特性

2.1.1 **物候期和株高** 由表 1 可知，7 月测定时，A1 和 A7 均处于拔节期，其余各品种均处于分蘖期；其中，A8 株高最高，高达 20.4 cm，显著高于除 A6 外的其他品种；A5 高度最小，仅为 10.8 cm，且与各品种之间差异显著；9 月测定时，A1、A3 和 A7 为乳熟期，A2、A4、A5、A6 和 A8 则已进入腊熟期；9 月各燕麦品种株高变化范围在 93.3~118.45 cm，其中，A8 株高最高，A7 最矮，仅为 93.3 cm，A8 较 A7 株高增加了 25.2 cm；除 A4、A5、A6 以外，A8 与其他各燕麦品种差异显著；与 7 月测定相比较，A8 品种株高增幅最大，高达 98.1 cm，A5 品种株高增幅次之，A7 品种株高增幅最小，仅为 76.9 cm。

2.1.2 **叶面积、SPAD 值** 由表 2 可知，叶面积最大值为 A3 品种，高达 44.60 $cm^2$，A4 品种叶面积最小，仅为 32.23 $cm^2$，差异显著；SPAD 值最大值在 A7 品种出现，为 51.32，显著高于除 A2、A8 外的其他燕麦品种，其整体变化范围为 38.35~51.32。

2.1.3 **茎粗、茎重、茎叶比** 由表 2 可知，茎粗在 A7 时最大，为 6.94 mm；茎重变化范围为 8.38~11.83 g，其中 A8 最大，A2 最小，差异显著；茎叶比中 A5 的茎叶比最大，为 9.58，显著高于其他各品种，A2 的茎叶比最小，仅为 2.83，与其他各品种之间差异显著。

表1 不同时期不同燕麦品种的物候期和株高

| 品种 | 物候期 | | 株高/cm | |
|---|---|---|---|---|
| | 7 月 8 日 | 9 月 25 日 | 7 月 8 日 | 9 月 25 日 |
| A1 | 拔节期 | 乳熟期 | 16.7±1.04$^{b}$ | 96.8±6.97$^{bc}$ |
| A2 | 分蘖期 | 蜡熟期 | 17.2±0.72$^{b}$ | 94.9±7.12$^{bc}$ |
| A3 | 分蘖期 | 乳熟期 | 13.6±1.54$^{c}$ | 101.0±9.26$^{bc}$ |
| A4 | 分蘖期 | 蜡熟期 | 14.1±0.47$^{c}$ | 104.3±8.95$^{abc}$ |
| A5 | 分蘖期 | 蜡熟期 | 10.8±0.71$^{d}$ | 108.1±2.79$^{ab}$ |
| A6 | 分蘖期 | 蜡熟期 | 19.3±0.66$^{a}$ | 109.3±9.79$^{ab}$ |
| A7 | 拔节期 | 乳熟期 | 16.4±1.15$^{b}$ | 93.3±5.96$^{c}$ |
| A8 | 分蘖期 | 蜡熟期 | 20.4±1.37$^{a}$ | 118.5±7.53$^{a}$ |

注:同列数据小写字母不同表示差异显著（$P$<0.05），下同。

表2 不同品种燕麦在成熟期的生长特性

| 组别 | 叶面积/$cm^2$ | SPAD 值 | 茎粗/mm | 茎重/g | 茎叶比 |
|---|---|---|---|---|---|
| A1 | 35.77±2.30$^{cde}$ | 43.59 ±2.24$^{bc}$ | 6.96±0.35$^{a}$ | 10.91±0.24$^{c}$ | 3.57 ±0.27$^{cd}$ |
| A2 | 40.40±1.75$^{b}$ | 49.94 ±2.75$^{a}$ | 7.05±0.07$^{a}$ | 8.38 ±0.12$^{f}$ | 2.83 ±0.09$^{d}$ |
| A3 | 44.60±2.65$^{a}$ | 41.73 ±1.66$^{cd}$ | 5.01±0.26$^{d}$ | 8.48 ±0.07$^{f}$ | 3.99 ±0.39$^{c}$ |
| A4 | 32.23±0.70$^{ef}$ | 44.06±1.40$^{bc}$ | 6.63± 0.32$^{b}$ | 11.29±0.07$^{b}$ | 3.82±0.25$^{c}$ |
| A5 | 33.50±2.13$^{def}$ | 38.35 ±2.74$^{d}$ | 5.71± 0.19$^{c}$ | 10.28±0.26$^{d}$ | 9.58±0.82$^{a}$ |
| A6 | 30.63±1.75$^{f}$ | 38.93±2.65$^{d}$ | 5.79±0.18$^{c}$ | 10.77±0.04$^{c}$ | 7.48±0.62$^{b}$ |
| A7 | 37.97±2.60$^{bc}$ | 51.32 ±3.40$^{a}$ | 6.94±0.21$^{a}$ | 9.85 ±0.09$^{e}$ | 3.33 ±0.20$^{cd}$ |

| | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|
| A8 | 36.27±0.97$^{cd}$ | 47.00±3.06$^{ab}$ | 6.25± 0.21$^{b}$ | 11.83±0.14$^{a}$ | 3.48±0.17$^{cd}$ |

### 2.2 8 个燕麦品种的饲草产量测定

由表 3 可知，参试的 8 个燕麦品种的干草产量中，A8 最高，其干草产量高达 7 380 kg/hm$^2$，显著高于其他各品种，A6 最少，仅为 4 900 kg/hm$^2$；8 个燕麦品种鲜干比由大到小排序为：A2 > A3 > A6 > A7 > A4 > A5 > A8 > A1，其中鲜干比达到 6 以下的有 A1 和 A8 两个品种。

表3　不同品种燕麦的生产性能比较

| 组别 | 干重 kg/hm$^2$ | 鲜干比 |
|---|---|---|
| A1 | 5440±199.75$^{e}$ | 4.41±0.33$^{e}$ |
| A2 | 6200±183.58$^{c}$ | 7.50±0.15$^{a}$ |
| A3 | 5700±157.16$^{d}$ | 7.12 ±0.13$^{ab}$ |
| A4 | 5160±113.58$^{f}$ | 6.72 ±0.15$^{bc}$ |
| A5 | 5360±155.24$^{ef}$ | 6.47 ±0.22$^{c}$ |
| A6 | 4900±173.49$^{g}$ | 6.90±0.21$^{bc}$ |
| A7 | 6720±75.50$^{b}$ | 6.84±0.42$^{bc}$ |
| A8 | 7380±70.00$^{a}$ | 5.61±0.05$^{d}$ |

### 2.3 8 个燕麦品种营养成分

由表 4 可知，8 个燕麦品种中 A7 的粗蛋白含量最高，为 14.59%，显著高于其他燕麦品种，A6 的粗蛋白含量最低，仅为 7.10%，除 A4 品种以外与其他各品种之间差异显著；木质素和粗脂肪含量变化趋势一致，均在 A8 出现最大值，分别为 8.94%和 9.08%，A6 品种出现最小值，为 5.36%和 5.91%；8 个燕麦品种可溶性糖含量达到 11%以上的品种有 A3、A5、A7、A8，分别为 11.03%、11.10%、13.02%、13.39%，且各品种可溶性糖含量之间差异显著，A1 的可溶性糖含量最低，仅为 8.67%；灰分变化范围在 3.73~6.78%，均低于 8%，达到一级饲草标准。

表4　不同品种燕麦营养物质比较

| 组别 | 粗蛋白 TP% | 木质素% | 可溶糖% | 粗脂肪% | 灰分% |
|---|---|---|---|---|---|
| A1 | 11.30±1.11$^{cd}$ | 6.80±0.62$^{d}$ | 8.67±0.15$^{g}$ | 6.15 ±0.28$^{cd}$ | 3.73±0.15$^{g}$ |
| A2 | 11.80±0.36$^{bc}$ | 7.14±0.08$^{cd}$ | 10.00±0.08$^{e}$ | 8.05 ±0.34$^{b}$ | 5.61±0.06$^{d}$ |
| A3 | 10.10±0.36$^{d}$ | 7.50 ±0.17$^{bd}$ | 11.03±0.09$^{c}$ | 6.37 ±0.50$^{cd}$ | 4.40±0.08$^{e}$ |
| A4 | 7.65 ±0.08$^{e}$ | 7.83±0.13$^{b}$ | 10.57±0.06$^{d}$ | 6.71 ±0.21$^{c}$ | 4.14±0.06$^{f}$ |
| A5 | 10.60±1.14$^{cd}$ | 6.20 ±0.38$^{e}$ | 11.10±0.08$^{c}$ | 5.82 ±0.27$^{de}$ | 5.87±0.07$^{c}$ |
| A6 | 7.10±0.72$^{e}$ | 5.91 ±0.08$^{e}$ | 9.72±0.13$^{f}$ | 5.36 ±0.23$^{e}$ | 4.17±0.06$^{f}$ |
| A7 | 14.59±0.36$^{a}$ | 7.65 ±0.12$^{bc}$ | 13.02±0.17$^{b}$ | 7.52 ±0.19$^{b}$ | 6.78±0.13$^{a}$ |
| A8 | 12.94±0.23$^{b}$ | 9.08 ±0.22$^{a}$ | 13.39±0.11$^{a}$ | 8.94 ±0.35$^{a}$ | 6.18±0.16$^{b}$ |

### 2.4 8 个燕麦品种隶属函数综合评价

隶属函数平均值越大，田间生产性能越高，反之越差。由表 5 可知，8 个燕麦品种的隶属函数值为 0.23~0.95，不同燕麦品种隶属函数值排序为 A8 >A7 > A2 > A3 > A1 > A5 > A6 > A4。平均隶属函数值 0.7~1.0 属优，定为 I 级；0.5~0.7 属较优，定为 II 级；0.3~0.5 属较差，定为 III 级；0.3 以下属差，定为 IV 级。A8 和 A7 的隶属函数值为 0.95 和 0.81，属优，为 I 级；A2 的隶属函数值在 0.5~0.7 之间，属较优，为 II 级；A1 和 A3 的隶属函数值为 0.35、0.38，属较差，为 III 级；A4、A5 和 A6 隶属函数值为 0.3 以下，属差，为 IV 级。

表5　8个燕麦品种隶属函数综合评价

| 品种 | 株高 | 干重 | 粗蛋白 | 可溶性糖 | 平均值 | 排序 |
|---|---|---|---|---|---|---|
| A1 | 0.62 | 0.22 | 0.56 | 0.00 | 0.35 | 5 |
| A2 | 0.66 | 0.52 | 0.63 | 0.28 | 0.52 | 3 |
| A3 | 0.30 | 0.32 | 0.40 | 0.50 | 0.38 | 4 |
| A4 | 0.34 | 0.10 | 0.07 | 0.40 | 0.23 | 8 |
| A5 | 0.00 | 0.19 | 0.47 | 0.51 | 0.29 | 6 |
| A6 | 0.89 | 0.00 | 0.00 | 0.22 | 0.28 | 7 |
| A7 | 0.58 | 0.73 | 1.00 | 0.92 | 0.81 | 2 |

| | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|
| A8 | 1.00 | 1.00 | 0.78 | 1.00 | 0.95 | 1 |

# 3 讨论

## 3.1 8 个燕麦品种生长特性评价分析

株高和叶片等形态特征被广泛用来评价燕麦品种的种质资源质量和对环境因子的适应性[5,6]。此外，单位面积饲草产量也是评估不同燕麦品种对特定生境适应性的重要指标[7]。龚建军[8]等研究表明，株高与产量呈正相关，植株高大、宽阔的燕麦品种往往具有较高的生产潜力。何纪桐[9]等研究发现，西宁地区的燕麦株高在 80~146 cm 之间，本研究中 8 个燕麦品种的株高在 93.28~118.48 cm 之间，与其研究结果相似，说明青海地区燕麦的株高变异较弱。在 7 月和 9 月的测定中，A8 品种的株高最高，这表明 A8 品种在生长过程中具有较快的生长速度，而 A7 品种的生长速度较慢。此外，与其他品种相比，A8 品种的株高显著较高，表明 A8 品种在植株高度方面具有优势。叶面积和 SPAD 值，可以体现牧草光合作用的强弱，进而反映燕麦的形态特征和生产性能[10]。本试验中 A7 品种在叶面积和 SPAD 值方面均表现较佳，这说明 A7 品种具有较大的叶面积和叶绿素含量，这些因素与光合作用和养分吸收有关，有助于促进燕麦的生长发育。燕麦的茎粗、茎重和茎叶比主要影响饲料质量、木质素及纤维质量以及口感和食欲等方面，其中，茎叶比是衡量牧草品质指标的重要因素之一，茎叶比和牧草品质成反比，茎叶比越低，表明叶片占比重越高，燕麦适口性越好[11]，燕麦对营养成分的吸收在很大程度上取决于燕麦叶片的多少。本实验中发现，A7 品种具有较粗的茎干和较低的茎叶比，表明 A7 品种燕麦的品质性状良好。上述结果对于选择适合特定需求的燕麦品种和优化饲料配方具有重要的参考价值。

## 3.2 8 个燕麦品种饲草产量分析

饲草产量是评估燕麦生产性能和经济性能的重要指标[12]。根据本研究的结果，不同品种的燕麦干草产量存在显著差异。这与赵永刚[13]等人的研究结果一致，即不同燕麦品种在产量上存在差异，这可能是由于不同品种对特定生境的适应性不同所导致的。本试验中不同燕麦品种的干草产量为 4 900~7 380 kg/hm$^2$，而张美艳[14]等在高寒牧区所做的燕麦引种试验中，各燕麦品种的干草产量为 9 000~13 000 kg/hm$^2$ ，造成产量差异的主要原因是，本试验地海拔较高，气温低，燕麦生育期缩短，导致燕麦各项生长发育指标较低，同时各小区播种量也较少，但本试验产草量显著高于该县历年来平均产草量的水平。燕麦的干草产量和鲜干比可以反应燕麦的生产潜力、饲料质量和生境适应性等，对于决策种植和饲养方案具有指导意义[15]。胡佳燕[16]等通过对不同类型皮燕麦的产量与农艺性状的比较研究发现，不同燕麦品种在干草产量和鲜干比有显著差异，这与本研究结果相似。在本实验中发现 A8 品种的干草产量最高，达到 7 380.00 kg/hm$^2$，A7 品种次之，为 6 720.00 kg/hm$^2$，显著高于其他品种。表明 A8 和 A7 品种在干草产量方面表现较优，干物质积累能力强。燕麦的鲜干比主要反映了饲草质量、饲料保存性能和饲料效益等方面的信息。它对饲料质量评估、饲料储存和饲喂管理等方面具有重要意义，鲜干比越小，上述效益越大。本研究中 A1 和 A8 品种的鲜干比达到 6%以下，说明在干燥处理后，它们的干草产量相对较高。从而提高燕麦饲草的质量和储存稳定性，延长饲料的保质期，提高利用率。

## 3.3 8 个燕麦品种营养物质分析

粗蛋白和粗脂肪是评价优质牧草的重要指标，高含量的粗蛋白和粗脂肪提供丰富营养 [17]。本研究对 8 个参试燕麦品种 5 个指标进行评价，各指标含量均存在显著差异，这与童永尚[18]等对天祝高寒区播期对 7 个燕麦品种饲草品质研究结果相似。研究表明，A7 品种的粗蛋白质含量最高，对饲料价值和营养供给产生重要影响。由于蛋白质是动物生长和发育所需的重要营养物质，所以选择蛋白质含量较高的燕麦品种有助于提高饲料的营养价值。粗脂肪和木质素是燕麦中的重要成分，对于饲料的能量价值和纤维素含量具有重要影响[19]。在粗脂肪和木质素含量差异上 A8 品种表现最高，A6 品种最低，可能与燕麦的品种遗传特性有关。可溶性糖是提供能量的重要物质之一，对于饲料的营养价值和口感有影响[20,21]，A3、A5、A7 和 A8 品种的可溶性糖含量较高，表明这些品种的能量含量高，饲用价值较大。较高的饲草灰分含量可能会对饲草的品质产生负面影响，包括降低纯度和质量、消化性能下降以及增加粗糙度等，本研究的 8 个燕麦品种其灰分均低于 8%，达到一级饲草标准。

## 3.4 8 个燕麦品种适应性与丰产性综合评价

饲用燕麦品种的适应性和丰产性评价需要综合考虑多个因素，并结合生产性能和营养品质进行综合评估[23]。隶属函数是一种有效的方法，通过对品种性状指标的定量分析和综合比较，消除了单一指标的局限性[24]。在实际生产中，不同燕麦品种的生产性能受遗传特性和自然环境影响，因此在不同地区表现差异较大。根据隶属函数计算结果，本研究中 A7 和 A8 品种综合评价为优，A4 品种总体表现差。这与吴欣明[17]的 25 个饲草燕麦品种农艺性状与品质比较结果具有一致性，显示出不同品种之间具有明显差异性。综合评估饲用燕麦品种的适应性和丰产性需要综合考虑其生产性能、营养品质以及其他相关因素。这样的评估结果对燕麦品种的选择和优化种植方案具有指导意义。

# 4 结论

8 个不同燕麦品种在三江源地区达日县种植，其农艺性状、干草产量、营养物质含量等方面均存在明显差异。其中青引 2 号和甜燕麦株高、干草产量显著高于其他燕麦品种，甜燕麦干草产量高达 7 380 kg/hm$^2$，较青甜 2 号显著增加 50.6%，表现出高产优势；白燕 7 号、青引 2 号和甜燕麦茎叶比低，适口性好。此外，青引 2 号和甜燕麦的各营养成分含量显著高于其他燕麦品种，其中青引 2 号粗蛋白含量高达 14.96%，甜燕麦粗脂肪含量高达 8.94%；根据隶属函数综合评价结果，青引 2 号和甜燕麦的隶属函数值为 0.81 和 0.95，属优，为I级。综合研究分析表明，青引 2 号和甜燕麦这两个品种生长发育旺盛，饲用价值高，是适宜达日县海拔 4 200 m 以上区域种植的优质燕麦饲草品种。

参考文献


[1] PEREIRA M S D, PEREIRA C É L, CALDAS R U, et al.Long-Term Gypsum and Top-Dress Nitrogen Rates on Black Oat Forage Yield After Maize in No-Till [J]. Journal of Soil Science and Plant Nutrition, 2022, 22(3): 3448-3462.

[2] 周镇磊,刘建明,曹东等.不同燕麦品种草产量、农艺性状和饲草品质的比较[J/OL].作物杂志,2023,21(7):1-11.

[3] 王凤宇,梁国玲,刘文辉.590 份燕麦种质资源营养器官表型性状遗传多样性分析[J/OL].草地学报, 2023,24(6):1-16.

[4] 琚泽亮,赵桂琴,柴继宽等.不同燕麦品种在甘肃中部的营养价值及青贮发酵品质综合评价[J].草业学报,2019,28(9):77-86.

[5] 张慧春,周宏平,郑加强等.植物表型平台与图像分析技术研究进展与展望[J].农业机械学报,2020,51(03):1-17.

[6] BAN J A, ISMAIL S, NRIL H, et al. The isolation of novel terrestrial; Streptomyces; strains with antimicrobial and cytotoxic properties [J]. Arab Journal of Basic and Applied Sciences, 2023, 30(1): 285-298.

[7] 吕亮雨,刘青青,蔡宗程等.达日县 7 个燕麦品种生产性能对比研究[J].青海畜牧兽医杂志,2023,53(4):21-26+32.

[8] 龚建军,赵桂琴,马雪琴.矮壮素与乙烯利对燕麦株高、产量及其构成因素的调节作用[J].草业科学,2008,(5):74-77.

[9] 何纪桐,马祥,琚泽亮等.高寒地区燕麦与蚕豆间作对作物生长发育及产量的影响[J].草地学报,2022,30(9):2514-2521.

[10] U.G.Bokari ,张树源 .暖季牧草的叶绿素、干物质和光合作用转换效率之间的关系[J].草原与牧草,1986,(4):34-38.

[11] 张杰,闫志坚,尹强等.22 种燕麦饲草品种在达拉特旗地区的评价与筛选[J].中国草地学报,2020,42(6):134-140.

[12] 徐云祥,刘毅,拜彬强等.高寒草地不同刈割期栽培燕麦草的营养价值评定[J/OL].饲料研究,2023,(22):99-105.

[13] 赵永刚,刘彦,候国庆等.10 个饲用燕麦品种在北疆不同生态区的生产性能评价[J].种子,2022,41(3):111-116+131.

[14] 张美艳,单贵莲,周鹏等.5 个燕麦品种在迪庆高寒地区的引种适应性评价[J].种子,2016,35(6):111-114.

[15] 王寒冬,张永兰,王蕾等.不同栽培措施对青海东部山旱地饲用燕麦干草产量的影响[J].应用与环境生物学报,2022,28(4):964-970.

[16] 胡佳燕,刘畅,李志坚等.不同类型皮燕麦在吉林省西部的产量与农艺性状的比较研究[J].草地学报,2021,29(10):2247-2257.

[17] 吴欣明,陈智君,池惠武等.25 个饲草燕麦品种农艺性状与品质比较[J].草业科学,2023,40(7):1902-1912.

[18] 童永尚,鱼小军,徐长林等.天祝高寒区播期对 7 个燕麦品种饲草产量及品质的影响[J].草地学报,2021,29(5):1094-1106.

[19] 董霖,刘晓静,蔺芳等.豆/禾牧草间作下混合青贮品质的研究[J/OL].草地学报,1-11[2023-12-26].

[20] 徐欣然,王明,刘莉等.燕麦秸秆纤维素测定方法比较及响应面优化分析[J].饲料研究,2020,43(3):68-73.

[21] 穆兰海,母养秀,常克勤等.不同皮燕麦品种蛋白质含量与营养指标及农艺性状的相关性分析[J].江苏农业科学,2017,45(22):86-88.

[22] 刘建新,刘瑞瑞,刘秀丽等.外源硫化氢对盐碱胁迫下裸燕麦矿质元素吸收、运输和分配的影响[J].麦类作物学报,2022,42(12):1543-1556.

[23] 李文龙,李峰,张仲鹃等.鄂尔多斯高原北部一年两季燕麦种植模式生产性能评价[J].草业学报,2024,33(1):159-168.

[24] 王鹏,李芳弟,郭天顺等.基于主成分分析、相关性分析和隶属函数法对 22 个马铃薯品种的综合评价[J].中国瓜菜,2023,36(7):78-87.

# 不同添加剂和含水量对副产物莲蓬壳青贮发酵品质的影响

郭香[1]，吴娟燕[1]，尹祥[2]，黄莉莹[1]，王侯[3]，张建国[1*]

（1.华南农业大学林学与风景园林学院，广东 广州，510642；2.广东工业大学轻工化工学院，广东 广州，510006；3.衡阳德源莲业有限公司，湖南 衡阳，421000）

**摘要**：为充分利用莲蓬副产物，本研究探究了不同添加剂和含水量对副产物莲蓬壳青贮发酵品质的影响，处理有 80%含水量的不加添加剂（CK）、同型发酵乳酸菌 YM3（YM3）、异型发酵乳酸菌 ZH1（ZH1）、2%葡萄糖（2%G）、0.02%纤维素酶（0.02%C）和 70%含水量（70%W），青贮天数为 15 d、30 d 和 60 d。结果表明：2%G 处理的 pH 值、好氧细菌、乳酸菌数量（ZH1 处理除外）、氨态氮含量显著低于其他处理（$P$<0.05），大肠菌群、酵母菌和霉菌数量低于检出值（发酵 30 d 的酵母菌数量除外）。70%W 处理的 pH 值、好氧细菌、乳酸菌、大肠菌群和酵母菌数量显著高于其他处理（$P$<0.05），氨态氮含量显著低于其他处理（$P$<0.05）。只有 YM3 处理在青贮第 30 d 检测到了霉菌。因此，添加 2%G 更有利于提高莲蓬壳青贮发酵品质。

**关键词**：莲蓬壳；添加剂；含水量；青贮品质

# Effects of different additives and water content on the fermentation quality of lotus receptacle silage

GUO Xiang[1], WU Juan-yan[1], Yin Xiang[2], HUANG Li-ying[1], Wang Hou[3], ZHANG Jian-guo[1*]

(1. College of Forestry and Landscape Architecture, South China Agricultural University, Guangzhou Guangdong Province 510642, China; 2. School of Chemical Engineering and Light Industry, Guangdong University of Technology, Guangzhou Guangdong Province 510006, China; 3. Hengyang Deyuan Lotus Industry Co., Ltd., Hengyang Hunan Province 421000, China.)

**Abstract**: In order to effectively use lotus receptacle, the effects of different additives and water content on the fermentation quality of by-products lotus receptacle silage were investigated. There were the following treatments: 80% water content (CK), homofermentative lactic acid bacteria YM3 (YM3), heterofermentative lactic acid bacteria ZH1 (ZH1), 2% glucose (2%G), 0.02% cellulase (0.02%C) and 70% water content (70%W), and the silage were ensiled for 15, 30 and 60 days, respectively. The results showed that the pH value, number of aerobic bacteria, lactic acid bacteria (except ZH1 treatment) and ammonia nitrogen content of 2%G treatment were significantly lower than those of other treatments ($P$ < 0.05), the numbers of coliform bacteria, yeasts and molds were below the detection value (except the number of yeasts fermented for 30 days). In contrast, the pH value, number of aerobic bacteria, lactic acid bacteria, coliform bacteria and yeast in 70%W treatment were significantly higher than those in other treatments ($P$ < 0.05), ammonia nitrogen content was significantly lower than that of other treatments ($P$ < 0.05). Molds were detected only in YM3 treatment on day 30 of ensiling. Therefore, adding 2%G was more beneficial to improve the fermentation quality of lotus receptacle silage.

**Key words**: lotus receptacle; additives; water content; silage quality

莲蓬(*Nelumbo nucifera*)壳是籽莲加工副产物，通常作为废弃物直接丢弃，造成生物资源浪费和环境污染[1]。目前对莲蓬壳的资源化利用研究主要集中在对其黄酮、原花青素、膳食纤维等物质的功能及提取工艺优化，实际投入应用的很少[2]。莲蓬壳作为秕壳类非常规饲料资源，在部分籽莲产区的肉羊生产中已经广泛使用[3]，

作者简介：郭香（1997-），女，汉族，湖南醴陵人，研究方向牧草青贮加工，在读博士，E-mail：2569346675@qq.com。
通信作者 Corresponding author. E-mail: zhangjg@scau.edu.cn

但其饲料化利用的相关研究鲜有报道，缺乏对其营养价值和饲用价值的了解，指导实际生产应用的依据不足。因此，本研究以莲蓬壳为对象，分析了其营养成分，并分析了不同添加剂和含水量对青贮发酵品质的影响，为其在畜牧业发展中科学合理利用提供参考依据。

## 1 材料和方法

莲蓬壳来自衡阳德源莲业有限公司，将莲蓬壳切成 3-4 cm 的长度，不加添加剂 80%含水量为对照组（CK），分别添加 $10^5$ cfu/g 同型发酵乳酸菌 YM3（YM3）、$10^5$ cfu/g 异型发酵乳酸菌 ZH1（ZH1）、2%葡萄糖（2%G）、0.02%纤维素酶（0.02%C）、70%含水量（70%W）作为试验组，混合均匀后装到聚乙烯塑料袋（20 cm×30 cm）中，每袋 250 g 左右，用食品真空封口机封口。每个处理 3 袋，室温贮藏 15 d、30 d 和 60 d（6 个处理×3 个重复×3 个天数，共 54 袋）。称鲜重后将样品带回实验室内，70 ℃烘干 48 h 后称其干重得到干物质含量，缓冲能和可溶性碳水化合物含量分别采用 Playne 和 McDonald[4]和 Murphy[5]描述的方法，分别采用凯氏定氮法和酶标仪测定粗蛋白和氨态氮的含量[6]，淀粉含量测定采用 Viles 和 Silverman[7]描述的方法。采用平板计数法测定微生物（好氧细菌、乳酸菌、大肠菌群、酵母菌和霉菌）数量[8]。

## 2 结果和分析

由表 1 可知，莲蓬壳原料中干物质含量较低，在 20%左右；粗蛋白含量与一般禾本科牧草相近，约 7%；可溶性碳水化合物和淀粉含量较低；缓冲能较高。好氧细菌、乳酸菌、大肠菌群、酵母菌数量较多，在 5.68-8.24 lg cfu/g FM 范围，霉菌低于检出范围。

**表1 莲蓬壳的化学成分及微生物组成 (±SD, n=3)**

**Table 1 The chemical compositions and microbial composition of lotus receptacle (±SD, n=3)**

| 项目Item | 原料Raw material |
|---|---|
| 干物质Dry matter (%) | 20.6±0.29 |
| 粗蛋白Crude protein (% DM) | 6.89±0.05 |
| 可溶性碳水化合物Water soluble carbohydrate (% DM) | 3.50±0.01 |
| 淀粉Starch (mg/g) | 3.36±0.01 |
| 缓冲能Buffer capacity (mEq·kg/DM) | 182±11.6 |
| 好氧细菌Aerobic bacteria (lg cfu/g FM) | 8.24±0.08 |
| 乳酸菌Lactic acid bacteria (lg cfu/g FM) | 6.18±0.06 |
| 大肠菌群Coliform bacteria (lg cfu/g FM) | 6.80±0.24 |
| 酵母菌Yeasts (lg cfu/g FM) | 5.68±0.04 |
| 霉菌Molds (lg cfu/g FM) | ＜2.00 |

注：DM: 干物质, dry matter; FM: 鲜重, Fresh matter; cfu:菌落形成单位, Colony forming unit;下同, The same below

不同添加剂和含水量对莲蓬壳青贮发酵品质的影响如表 2，随着青贮时间的延长，pH 值、好氧细菌、乳酸菌、大肠菌群数量和氨态氮含量大部分处理都逐渐增加。2%G 处理的 pH 值显著低于其他处理（$P$<0.05）。2%G 处理的好氧细菌、乳酸菌数量（ZH1 处理除外）、氨态氮含量显著低于其他处理（$P$<0.05），大肠菌群、酵母菌和霉菌数量低于检出值 2.00 lg cfu/g FM（发酵 30d 的酵母菌数量除外）。而 70%W 处理的 pH 值、好氧细菌、乳酸菌、大肠菌群和酵母菌数量显著高于其他处理（$P$<0.05），氨态氮含量显著低于其他处理（$P$<0.05）。只有 YM3 处理在青贮第 30 d 检测到了霉菌，且仅有 2.26 lg cfu/g FM。

**表 2 不同添加剂和含水量对莲蓬壳青贮发酵品质和微生物组成的影响**

**Table2 Effect of the additions and water content on the fermentation quality and microbial composition of lotus receptacle silage**

| 项目Item | 处理 Treatment | 青贮天数Days of ensiling | | | 标准误 | 显著性Significance | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| | | 15 | 30 | 60 | SEM | D | T | D*T |
| 干物质DM (%) | CK | 19.92bA | 18.38B | 18.05dB | 0.31 | | | |
| | YM3 | 20.19bA | 18.41bB | 18.91bcB | 0.29 | | | |
| | ZH1 | 19.91bA | 18.58bB | 18.64cB | 0.24 | ** | ** | ** |
| | 2%G | 20.62bA | 18.93bB | 19.33bB | 0.26 | | | |
| | 0.02%C | 20.20bA | 18.72bB | 18.75cB | 0.25 | | | |
| | 70%W | 31.18a | 31.90a | 31.27a | 0.98 | | | |
| pH | CK | 5.17bC | 5.24bB | 5.29aA | 0.02 | | | |
| | YM3 | 5.17bB | 5.23bAB | 5.29aA | 0.02 | | | |
| | ZH1 | 5.15bC | 5.21bB | 5.28aA | 0.02 | NS | ** | NS |
| | 2%G | 3.86cB | 3.87dB | 4.04cA | 0.03 | | | |
| | 0.02%C | 5.09bB | 5.10cB | 5.19bA | 0.02 | | | |
| | 70%W | 5.42a | 5.36a | 5.33a | 0.03 | | | |
| 好氧细菌 Aerobic bacteria (lg cfu/g FM) | CK | 3.83bB | 3.83bB | 5.63bA | 0.30 | | | |
| | YM3 | 3.75bB | 3.89bB | 6.03bA | 0.37 | | | |
| | ZH1 | 3.87bB | 3.64bB | 6.25bA | 0.42 | ** | ** | ** |
| | 2%G | 3.33cB | 3.86bAB | 4.02cA | 0.14 | | | |
| | 0.02%C | 3.99bB | 3.85bB | 5.91bA | 0.34 | | | |
| | 70%W | 7.29aB | 6.06aC | 8.13aA | 0.32 | | | |
| 乳酸菌 Lactic acid bacteria (lg cfu/g FM) | CK | 2.95bB | 3.01cdB | 4.10bA | 0.20 | | | |
| | YM3 | 2.37aC | 2.90deB | 3.98bA | 0.24 | | | |
| | ZH1 | 3.11bB | 3.17bcB | 3.74bcA | 0.11 | ** | ** | ** |
| | 2%G | <2.00 | 2.75e | 3.35c | 0.15 | | | |
| | 0.02%C | 2.93bB | 3.27bB | 3.99bA | 0.17 | | | |
| | 70%W | 5.74aB | 5.11aC | 6.36aA | 0.19 | | | |
| 大肠菌群 Coliform bacteria (lg cfu/g FM) | CK | 5.12bcA | 3.45bcB | 5.38cA | 0.31 | | | |
| | YM3 | 4.45dB | 4.35bB | 5.74bcA | 0.26 | | | |
| | ZH1 | 4.71cdB | 3.06cC | 6.09bA | 0.46 | ** | ** | ** |
| | 2%G | <2.00 | <2.00 | <2.00 | - | | | |
| | 0.02%C | 5.39bA | 3.57bcB | 5.49cA | 0.32 | | | |
| | 70%W | 6.54aB | 5.99aB | 8.08aA | 0.33 | | | |
| 酵母菌 Yeasts (lg cfu/g FM) | CK | 2.89b | 2.36d | 3.00b | 0.14 | | | |
| | YM3 | 2.74bB | 2.69cdB | 3.12bA | 0.09 | | | |
| | ZH1 | 2.84b | 2.98c | 3.10b | 0.15 | * | ** | ** |
| | 2%G | <2.00 | 2.62cd | <2.00 | - | | | |
| | 0.02%C | 2.85bB | 3.49bA | 3.05bAB | 0.12 | | | |
| | 70%W | 5.76aA | 4.10aC | 4.66aB | 0.25 | | | |
| 霉菌Molds (lg cfu/g FM) | CK | <2.00 | <2.00 | <2.00 | - | | | |
| | YM3 | <2.00 | 2.26 | <2.00 | - | NS | NS | NS |
| | ZH1 | <2.00 | <2.00 | <2.00 | - | | | |
| | 2%G | <2.00 | <2.00 | <2.00 | - | | | |

| | | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| | 0.02%C | <2.00 | <2.00 | <2.00 | - | | | |
| | 70%W | <2.00 | <2.00 | <2.00 | - | | | |
| 氨态氮 | CK | 1.93a | 2.04a | 2.25a | 0.09 | | | |
| $NH_3$-N | YM3 | 1.96aB | 2.31aAB | 2.53aA | 0.11 | | | |
| (g/kg DM) | ZH1 | 2.08aB | 2.27aAB | 2.48aA | 0.07 | ** | ** | NS |
| | 2%G | 1.14b | 1.17b | 1.13b | 0.02 | | | |
| | 0.02%C | 1.83a | 2.11a | 2.74a | 0.20 | | | |
| | 70%W | 0.96b | 1.07b | 1.30b | 0.08 | | | |

注：同行不同大写字母表示差异显著（$P$<0.05）；同列不同小写字母表示差异显著（$P$<0.05）。 SEM,标准误; **, $P$<0.01; *, $P$<0.05; NS,没有显著性。D, 青贮天数；T, 处理；D*T, 青贮天数和处理的交互作用。

Note: The different capital letters in the same row mean the significant differences ($P$<0.05); The different small letters in the same column mean the significant differences ($P$<0.05). SEM, Standard error of means; **, $P$<0.01; *, $P$<0.05; NS, No significant. D, Days of ensiling；T, Treatment；D*T, Interaction between days of ensiling and treatment.

## 3 讨论和结论

莲蓬壳原料中的可溶性碳水化合物含量低，缓冲值能高，纤维含量高[3]，适口性差，消化率低，直接青贮因发酵底物不足不利于乳酸菌发酵产生乳酸，但初始乳酸菌较多，可在青贮时添加底物促进发酵进程。本研究添加了纤维素酶但效果不显著，可能因为添加量太少，后续试验可增加纤维素酶添加量，添加纤维素酶过多经济效益也会随之降低，可寻找其他途径降低莲蓬壳纤维素含量，比如添加可降解纤维素的乳酸菌[9]。添加 2%G 后，pH 值、好氧细菌、乳酸菌数量（ZH1 处理除外）、氨态氮含量显著低于其他处理（$P$<0.05），大肠菌群、酵母菌和霉菌数量低于检出值 2.00 lg cfu/g FM，说明添加葡萄糖增加发酵底物可以有效降低青贮莲蓬壳的 pH，抑制不良微生物的生长，达到长期保存莲蓬壳的目的，这些试验结果说明莲蓬壳中 WSC 不足，是限制青贮发酵的关键因素。同时，降低莲蓬壳含水量对青贮发酵效果并不好，但像添加葡萄糖一样，降低含水量能减少蛋白质的降解；添加同型或者异型乳酸菌对发酵效果影响不明显，这也进一步证实莲蓬壳的低 WSC 含量是限制其青贮发酵的第一因素。本研究结果表明，莲蓬壳添加 2%G 青贮可有效抑制不良微生物的生长繁殖并改善青贮发酵品质，同时还减少蛋白质降解，提高了青贮莲蓬壳的营养价值。

## 参考文献


【1】 何静,吴磊,李鹏霞,等. 莲蓬壳提取物不同极性部位的生物活性[J]. 江苏农业学报,2015,31(3):679-684.

【2】 汪媛,毛惠婷,纪俊玲,等. 大孔树脂对莲蓬壳染料原花青素的吸附性能及纯化工艺研究[J]. 离子交换与吸附,2018,34(5):442-452.

【3】 李文杨,吴贤锋,黄勤楼,等. 莲蓬壳作为肉羊粗饲料的营养价值及其在不同品种肉羊中的饲用价值[J]. 动物营养学报,2020,32(10):4931-4942.

【4】 PLAYNE M J, MCDONALD, P. The buffering constituents of herbage and of silage[J]. Journal of the Science of Food and Agriculture,1966,17, 264–268.

【5】 MURPHY R. A method for the extraction of plant samples and the determination of total soluble carbohydrates[J]. Journal of the Science of Food and Agriculture,1958,9,714–717.

【6】 BRODEICK G A, KANG J H. Automated simultaneous determination of ammonia and total amino acids in ruminal fluid and in vitro media[J]. Journal of Dairy Science. 1980, 63, 64–75.

【7】 VILES JR F J, SILVERMAN L. Determination of starch and cellulose with anthrone[J]. Analytical Chemistry, 1949,21(8):950-953.

【8】 田静,尹祥,樊杨,等. 晾晒、添加物及不同温度对象草青贮发酵品质和微生物的影响[J]. 草业学报,2022,31(07):76-84.

【9】 徐进益. 产阿魏酸酯酶乳酸菌筛选及其在构树青贮中的应用[D]. 贵州：贵州大学,2023.

# 黄梁木叶提取物对柱花草青贮品质的影响

黄佩珊，陈德奎，张庆[32*]

(华南农业大学林学与风景园林学院，广东 广州 510642)

**摘要：**为了探究黄梁木叶提取物（*Neolamarckia cadamba* leaves extracts，NE）对柱花草青贮品质的影响，在新鲜柱花草中添加 1%和 2%黄梁木叶提取物（NE1，NE2），以不添加提取物作为对照组（CK）。青贮 3,7,14 和 30 天后，测定发酵品质和蛋白组分。结果表明：NE 可提高柱花草青贮的品质，显著降低 pH 值和氨态氮的含量，显著提高了乳酸菌数量，乳酸和真蛋白含量($P$<0.01)，其中，以 2%NE 添加效果更好。

**关键词：**黄梁木；柱花草；青贮品质

# Effect of *Neolamarckia cadamba* leaves extracts on the quality of stylo silage

**HUANG Pei-shan, CHEN De-Kui, ZHANG Qing***

(College of Forestry and Landscape Architecture, South China Agricultural University, Guangzhou, Guangdong Province 510642, China)

**Abstract:** To investigate the effects of *Neolamarckia cadamba* leaves extracts (NLE) on the fermentation quality of *stylo* silage with or without NE (1% and 2%), the fermentation quality and protein fractions of the silage were analyzed after ensiling for 3,7,14 and 30 days. The results showed that the pH value and ammonia nitrogen were significantly decreased, and the lactic acid bacteria number, the content of lactic acid and true protein was significantly increased ($P$<0.01). And the 2% NE addition is better.

**Key words:** *Neolamarckia cadamba*; Stylo; Silage quality

黄梁木（*Neolamarckia cadamba*），是一种快速生长的常绿落叶热带树种[1]。研究表明，其叶片提取物主要成分为绿原酸、儿茶素等多酚物质，对大肠杆菌、假单胞菌、葡萄球菌等具有抑制作用[2, 3]。柱花草（*Stylosanthes guianensis*）是原产于南美洲，生长在热带和亚热带的优质豆科牧草，具有产量高、蛋白质含量高的特点[4]。但因缓冲能高，直接青贮易腐败[5]。因此，本试验通过添加不同含量的黄梁木叶提取物调制柱花草青贮饲料，以期为优质柱花草青贮品质调制提供理论参考。

## 1 材料和方法

本试验所用柱花草材料种植于华南农业大学跃进北试验田(23°19′ N,113°34′ E)，黄梁木叶提取物为实验室将新鲜叶片阴干后粉碎超声提取，经旋转蒸发浓缩后冻干获得的粉状物。采集柱花草并用铡刀切成长度为 2～3 cm 的短段，分别加入 1%NE 和 2%NE，以不添加作为对照组，混合均匀后装入聚乙烯密封袋中，每袋约 200 g，用真空封口机密封后于常温下储存，在青贮第 3、7、14 和 30 天开袋测定干物质、pH、蛋白组分，采用平板计数法测定乳酸菌、大肠杆菌、酵母菌和霉菌的数目，采用许庆方等[6]的方法测定有机酸含量。

## 2 结果和分析

如表 1 和表 2 所示，随着青贮时间的增加，乳酸含量显著增加，大肠杆菌数量显著下降($P$<0.01)。青贮 30 天后，相比于对照组，添加 NE 极显著增加了乳酸菌数量，乳酸含量和真蛋白含量($P$<0.01)，极显著降低了 pH 值和氨态氮含量($P$<0.01)。

表 1 黄梁木叶提取物对柱花草青贮发酵品质和微生物数量的影响

[32] 作者简介：黄佩珊（1997-），女，广东广州人，硕士研究生，研究方向为饲草料加工与贮藏，E-mail: serenahwang@126.com；*通讯作者 Author for correspondence,E-mail:zqing1988@126.com

Table 1 The effect of NE on the fermentation quality and microbial population of stylo silage

| 项目 Items | 处理 Treatments | 天数 Days | | | | SEM | *P*-value | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| | | 3 | 7 | 14 | 30 | | T | D | T×D |
| 干物质 DM (% FM) | CK | 32.01$^{b}$ | 31.98$^{c}$ | 31.69$^{b}$ | 32.32 | 0.12 | | | |
| | NE1 | 33.59$^{aA}$ | 33.23$^{bA}$ | 32.01$^{bB}$ | 32.77$^{AB}$ | 0.20 | ＜0.01 | ＜0.01 | 0.03 |
| | NE2 | 33.67$^{a}$ | 34.23$^{a}$ | 33.25$^{a}$ | 33.10 | 0.18 | | | |
| pH | CK | 5.42$^{aA}$ | 5.25$^{aB}$ | 5.25$^{aB}$ | 5.09$^{aC}$ | 0.04 | | | |
| | NE1 | 5.00$^{bA}$ | 4.83$^{bB}$ | 4.75$^{bBC}$ | 4.71$^{bC}$ | 0.04 | ＜0.01 | ＜0.01 | ＜0.01 |
| | NE2 | 5.06$^{bA}$ | 4.69$^{cB}$ | 4.56$^{cC}$ | 4.58$^{cC}$ | 0.06 | | | |
| 乳酸 LA (% DM) | CK | 1.19$^{b}$ | 1.09$^{c}$ | 1.13$^{b}$ | 1.21$^{b}$ | 0.04 | | | |
| | NE1 | 1.47$^{aB}$ | 1.49$^{bB}$ | 2.06$^{aA}$ | 2.20$^{aA}$ | 0.11 | ＜0.01 | ＜0.01 | 0.01 |
| | NE2 | 1.63$^{aB}$ | 1.77$^{aB}$ | 2.06$^{aA}$ | 2.23$^{aA}$ | 0.08 | | | |
| 乙酸 AA (% DM) | CK | 0.12$^{cC}$ | 0.35$^{cA}$ | 0.19$^{cB}$ | 0.17$^{cB}$ | 0.03 | | | |
| | NE1 | 0.20$^{bC}$ | 0.45$^{bA}$ | 0.43$^{aA}$ | 0.30$^{bB}$ | 0.03 | ＜0.01 | ＜0.01 | ＜0.01 |
| | NE2 | 0.39$^{aB}$ | 0.54$^{aA}$ | 0.29$^{bC}$ | 0.41$^{aB}$ | 0.03 | | | |
| 乳酸菌 LAB (lg cfu·g$^{-1}$ FM) | CK | 8.88$^{A}$ | 8.40$^{cAB}$ | 8.81$^{A}$ | 8.25$^{cB}$ | 0.10 | | | |
| | NE1 | 8.89$^{B}$ | 9.41$^{aA}$ | 8.81$^{BC}$ | 8.57$^{bC}$ | 0.10 | ＜0.01 | ＜0.01 | ＜0.01 |
| | NE2 | 8.86$^{B}$ | 9.29$^{bA}$ | 8.88$^{B}$ | 8.59$^{aC}$ | 0.08 | | | |
| 大肠杆菌 Coliform (lg cfu·g$^{-1}$ FM) | CK | 7.83$^{aA}$ | 7.15$^{aB}$ | 5.45$^{aC}$ | 2.95$^{aD}$ | 0.57 | | | |
| | NE1 | 7.26$^{bA}$ | 5.76$^{bB}$ | 3.71$^{bC}$ | 2.36$^{bD}$ | 0.57 | ＜0.01 | ＜0.01 | ＜0.01 |
| | NE2 | 6.73$^{cA}$ | 5.45$^{bB}$ | 2.83$^{cC}$ | 2.20$^{bD}$ | 0.56 | | | |
| 霉菌 Molds (lg cfu·g$^{-1}$ FM) | CK | ＜2.00 | ＜2.00 | ＜2.00 | ＜2.00 | - | - | - | - |
| | NE1 | ＜2.00 | ＜2.00 | ＜2.00 | ＜2.00 | - | - | - | - |
| | NE2 | ＜2.00 | ＜2.00 | ＜2.00 | ＜2.00 | - | - | - | - |
| 酵母 Yeasts (lg cfu·g$^{-1}$ FM) | CK | ＜2.00 | ＜2.00 | ＜2.00 | ＜2.00 | - | - | - | - |
| | NE1 | ＜2.00 | ＜2.00 | ＜2.00 | ＜2.00 | - | - | - | - |
| | NE2 | ＜2.00 | ＜2.00 | ＜2.00 | ＜2.00 | - | - | - | - |

注：同列不同小写字母表示差异显著（$P$＜0.05），同行不同大写字母表示差异显著（$P$＜0.05）；FM：鲜物质；DM：干物质；cfu：菌落形成单位；下同。

Note: Significant differences in the same column followed by different lowercase letters($P$＜0.05); Significant differences in the same row followed by different capital letters($P$＜0.05); FM: Fresh matter; DM: dry matter; cfu: Colony forming units; the same as below.

表 2 黄梁木叶提取物对柱花草蛋白组分的影响

Table 2 The effect of NE on protein fractions of stylo silage

| 项目 Items | 处理 Treatments | 天数 Days | | | | SEM | *P*-value | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| | | 3 | 7 | 14 | 30 | | T | D | T×D |
| 粗蛋白 CP (% DM) | CK | 10.51$^{A}$ | 10.36$^{A}$ | 10.66$^{A}$ | 9.92$^{B}$ | 0.10 | | | |
| | NE1 | 10.34 | 10.15 | 10.55 | 9.92 | 0.13 | 0.46 | ＜0.01 | 0.97 |
| | NE2 | 10.28$^{AB}$ | 10.03$^{AB}$ | 10.70$^{A}$ | 9.70$^{B}$ | 0.15 | | | |
| 真蛋白 TP (% DM) | CK | 7.73$^{A}$ | 7.24$^{B}$ | 6.98$^{B}$ | 6.46$^{bC}$ | 0.15 | | | |
| | NE1 | 7.62$^{A}$ | 7.14$^{AB}$ | 7.41$^{AB}$ | 6.80$^{abB}$ | 0.12 | 0.12 | ＜0.01 | 0.04 |
| | NE2 | 7.43 | 7.24 | 7.39 | 7.29$^{a}$ | 0.07 | | | |
| 非蛋白氮 NPN (% DM) | CK | 2.78$^{C}$ | 3.12$^{BC}$ | 3.68$^{aA}$ | 3.47$^{AB}$ | 0.12 | | | |
| | NE1 | 2.72 | 3.01 | 3.13$^{b}$ | 3.13 | 0.11 | 0.02 | 0.01 | 0.14 |
| | NE2 | 2.85$^{AB}$ | 2.79$^{AB}$ | 3.32$^{abA}$ | 2.41$^{B}$ | 0.14 | | | |

| | | | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| 氨态氮 | CK | $2.67^{aD}$ | $5.03^{aC}$ | $6.95^{aB}$ | $8.27^{aA}$ | 0.64 | | | |
| $NH_3$-N | NE1 | $1.37^{bC}$ | $3.04^{bB}$ | $3.94^{bAB}$ | $4.52^{bA}$ | 0.39 | ＜0.01 | ＜0.01 | ＜0.01 |
| (% TN) | NE2 | $0.99^{bD}$ | $2.17^{cC}$ | $2.81^{cB}$ | $4.12^{bA}$ | 0.34 | | | |

注：TN：总氮。

Note: TN: Total nitrogen.

# 3 讨论

pH 是评价青贮发酵品质优劣最直观的一个指标。通常 pH 值低于 4.20 是评定优质青贮饲料的前提条件[7]。本试验中，柱花草直接青贮的 pH 值超过了 5.0，NE 处理组的 pH 均低于 5.0，但也高于 4.2。这可能是由于本试验所用材料的柱花草为豆科牧草，豆科牧草缓冲能高，其青贮 pH 一般不会低于 4.2。NE 处理组的 pH 均低于 5.0，符合豆科牧草制作青贮饲料可接受的 pH 范围（4.3~5.0）[8]。添加 NE 青贮后，乳酸菌数量显著增加，有利于乳酸和乙酸的积累，这也与相对较低的 pH 值相对应，而大肠杆菌的数量减少也可能是因为较低的 pH 环境抑制了其活性。随着青贮时间的增加，氨态氮的含量显著增加，这可能是因为在青贮中，蛋白分解是普遍现象。氨态氮与总氮的比值能反映青贮中蛋白和氨基酸的分解程度，一般认为，在发酵良好青贮饲料中的氨态氮含量应小于 10%TN，且最好小于 5%TN[9]。本试验中，青贮 30 天后对照组的氨态氮含量高达 8.27%TN，而 NE 处理组的氨态氮含量均低于 5%TN。这可能是因为 NE 中的单宁可与植物蛋白结合形成难溶物，限制了蛋白质的水解，从而保护了植物蛋白[10]。

# 4 结论

试验结果表明，NE 可以提高柱花草青贮品质，以 2%NE 的添加量改善效果更为明显。

**参考文献**


【1】ZHAO X, OUYANG K, GAN S, et al. Biochemical and molecular changes associated with heteroxylan biosynthesis in *Neolamarckia cadamba* (Rubiaceae) during xylogenesis[J]. Frontiers in plant science,2014,5:602

【2】KHANDELWAL V, BHATIA A K, GOEL A. Antimicrobial and antioxidant efficacy of aqueous extract of *Anthocephalus cadamba* leaves[J]. Journal of pure & applied microbiology: an international research journal of microbiology,2016,10(1):209-216

【3】CHANDEL M, SHARMA U, KUMAR N, et al. Antioxidant activity and identification of bioactive compounds from leaves of *Anthocephalus cadamb*a by ultra-performance liquid chromatography/electrospray ionization quadrupole time of flight mass spectrometry[J]. Asian Pacific journal of Tropical Medicine,2012,5(12):977-985

【4】刘国道，白昌军，何华玄，等. 热研5号柱花草选育研究[J]. 草地学报,2001,9(1):1-7

【5】DENEK N, CAN A, AVCI M, et al. The effect of molasses-based pre-fermented juice on the fermentation quality of first-cut lucerne silage[J]. Grass and Forage Science,2011,66(2):243-250

【6】许庆方，玉柱，韩建国，等. 高效液相色谱法测定紫花苜蓿青贮中的有机酸[J]. 草原与草坪,2007(02):63-65

【7】郑明扬，吴硕，郭香，等. 添加乳酸菌和纤维素酶对砂仁叶青贮品质的影响[J]. 草地学报,2021,29(5):1113-1117

【8】HE L, LV H, XING Y, et al. The nutrients in *Moringa oleifera* leaf contribute to the improvement of stylo and alfalfa silage: Fermentation, nutrition and bacterial community[J]. Bioresource Technology,2020,301:122733

【9】李紫欣，董晨曦，刘萍，等. 辣木叶与黄梁木叶混贮的组合效应：发酵参数和蛋白质水解[J]. 饲料工业,2023,44(18):9-16

【10】HUANG X D, LIANG J B, TAN H Y, et al. Molecular weight and protein binding affinity of *Leucaena* condensed tannins and their effects on in vitro fermentation parameters[J]. Animal Feed Science and Technology,2010,159(3):81-87

# 含水量和乳酸菌制剂对鲜食玉米副产物混合青贮发酵品质和营养价值的影响

于　梦，赵天玥，杜佳瑞，金怡彤，袁　宝*，王　鹏*

（吉林大学动物科学学院，吉林 长春　130062）

**摘要：**本试验采用鲜食玉米副产物和谷壳混合青贮，将水分调制成 55%、60%和 65%。在三个含水量的水平上，青贮处理组为不添加任何添加剂的对照组和添加乳酸菌组。结果表明，与 55%和 60%水分组比较，65%水分组 pH、氨态氮/总氮比率（$NH_3$-N/TN）和丙酸含量显著降低（$P$<0.05），乳酸含量显著升高（$P$<0.05）；干物质体外消化率显著升高（$P$<0.05）。65%和 55%乳酸菌组与对照组相比 $NH_3$-N/TN 显著降低（$P$<0.05）。65%水分组的青贮发酵品质和营养价值更高，且添加乳酸菌制剂后有效改善了青贮发酵品质。

**关键词：**鲜食玉米加工副产物，含水量，添加剂，体外消化率，发酵品质

# Effect of Moisture and Lactic Acid Bacteria Preparation on Fermentation Quality and Nutritional Value of Fresh Corn Byproducts in Mixed Silage

YU Meng，ZHAO Tian-yue，DU Jia-rui，JIN Yi-tong，YUAN Bao*，WANG Peng*

（College of Animal Sciences, Jilin University, Changchun, Jilin Province 10062, China）

**Abstract:** In this experiment, a two-factor analysis (moisture content and additives) was used, where fresh corn processing byproducts and millet hull were mixed for silage, and the moisture was modulated to 55%, 60%, and 65%. At the three moisture content levels, the silage treatment groups were the control group without any additives and the group with lactic acid bacteria (LAB). The results showed that pH, ammoniacal nitrogen/total nitrogen ($NH_3$-N/TN), and propionic acid were significantly lower ($P$<0.05) and lactic acid was significantly higher ($P$<0.05) in the 65% moisture group compared to the 55% and 60% moisture groups; and *in vitro* dry matter digestibility was significantly higher ($P$<0.05). $NH_3$-N/TN was significantly lower ($P$<0.05) in the 65% and 55% LAB groups compared to the control group. The 65% moisture group had higher silage fermentation quality and nutritional value, and the addition of LAB effectively improved the silage fermentation quality.

**Key words:** Fresh corn processing byproducts; Moisture; Additive; Fermentation quality

鲜食玉米营养丰富，富含花青素、微量元素和多种氨基酸等，主要包括甜玉米、糯玉米和甜加糯玉米。截至 2020 年底，全国鲜食玉米种植面积突破 146 万公顷，消费量超过 560 亿穗。随着人们对鲜食玉米产品需求的增加，其加工过程中产生的副产品数量也随之增加，占总产量 20%～30%[1]。鲜食玉米加工副产物主要包括玉米苞叶、玉米芯、破碎的玉米粒等。鲜食玉米副产物具有可溶性碳水化合物高、含水量高的特点[2]，不易长时间保存，直接青贮易发生霉变。一般认为成功的青贮的可溶性碳水化合物含量在 6.5% DM 以上，原料的含水量在 60%～70%左右之间[3]。谷壳属于区域性的粮食加工副产物，将其与鲜食玉米副产物进行混合青贮，不仅可以调节水分还可以有效改善发酵品质，提高粮食加工副产品利用率。

本试验将谷壳按不同比例与鲜食玉米加工副产物混合，研究旨在探究乳酸菌制剂和不同含水量对鲜食玉米加工副产物青贮发酵品质、化学成分和体外消化率的影响。

# 1 材料与方法

## 1.1 试验材料

副产物和谷壳由吉林省鑫域技术有限公司提供，乳酸菌制剂添加量为 50 mg • $kg^{-1}$ FW。

## 1.2 试验设计

设置三个水分组，每个组 5 个重复。副产物与谷壳混合青贮组（FMH）分别为：55%FMH、60%FMH 和 65%FMH。每个水分组都有对照组（CK）和乳酸菌制剂处理组（LAB）。将乳酸菌制剂溶于水均匀喷洒在青贮样品表面。混合均匀后，将 600g 样品放入真空袋后，用真空机密封，在室温下保存。在青贮 45d 后开封对发酵品质、化学成分和体外消化率进行测定。

## 1.3 测定项目和方法

pH 值用 pH 计测定。采用水蒸气蒸馏法测定氨态氮。利用采用高效液相色谱法测定乳酸、乙酸、丙酸和丁酸。采用 AOAC 方法分析 DM、OM 和 CP 含量。采用范氏纤维洗涤法分析 NDF 和 ADF 含量。采用蒽酮-硫酸比色法测定可溶性碳水化合物（WSC）含量。采用 Playne 和 McDonald 法分析缓冲能值。取 0.5g 烘干后样品放入滤袋中，用封口机封口，装入 130 mL 体外消化培养管中密封保存。于晨饲前 1 h 取瘘管羊的瘤胃液，经 4 层纱布过滤，置于 39℃预温保温瓶中，并保证 $CO_2$ 持续通入。将混合好的缓冲溶液与瘤胃液按比例配制混合培养液，放入培养管中，置于 39℃水浴锅中振荡培养 48 h，分析干物质体外消化率（*iv*DMD）。

## 1.4 统计分析

数据分析采用 SPSS，采用单因素方差分析发酵品质、化学组成和体外消化率平均值的是否有显著差异。采用独立样本 T 检验分析对照组和添加组之间的显著性差异。采用 Tukey 方法进行多重比较。以添加剂和水分为固定因子采用双因素方差分析。

# 2 结果与分析

表 1 显示了鲜食玉米副产物和谷壳的化学组成、可溶性碳水化合物和缓冲能值。

**表 1 鲜食玉米副产物和谷壳的化学成分和缓冲能**

**Table 1** Chemical composition and buffering capacity of fresh corn processing by-products and millet hull

| | 干物质 DM/ % | 有机物 OM/ % DM | 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 | 缓冲能 BC/ mEq •kg DM |
|---|---|---|---|---|---|---|---|
| 副产物 FSCP | 24.55 | 97.52 | 11.16 | 75.76 | 28.26 | 6.06 | 191.17 |
| 谷 壳 MH | 93.05 | 91.40 | 4.56 | 73.86 | 46.11 | 3.25 | 178.26 |

注：FSCP, fresh corn processing byproducts; MH, millet hull; DM, dry matter.; OM, organic matter CP; crude protein. NDF, neutral detergent fiber; ADF, acid detergent fiber; WSC, water soluble carbohydrate; BC, buffering capacity.

## 2.1 发酵品质

FMH 组的发酵品质由表 2 所示。FMH 组的 pH、AN 和 PA 随着水分含量的升高而降低（$P<0.05$），LA 和 BA 随水分含量的升高而升高（$P<0.05$）。在 FMH 组中，60%CK 组 pH 显著低于 60%LAB 组（$P<0.05$）。互作（M×A）对 AN 有显著影响（$P<0.001$）。

**表 2 混合青贮饲料的发酵品质**

Table 2 Fermentation quality of mixed silages

| 项目 Item | 处理组 Treatment | 水分含量 Moisture | | | 主要效应和互作效应 Main and interaction effects | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|
| | | 55% | 60% | 65% | 水分 M | 添加 A | 水分×添加 M×A |
| pH | CK | 3.75$^{a}$ | 3.66$^{b}$ | 3.58$^{c}$ | <0.001 | <0.001 | 0.355 |

| | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|
| | LAB | 3.77[a] | 3.68[b] | 3.59[c] | | | |
| 氨态氮/总氮 | CK | 5.54[a] | 5.26[b] | 4.52[c] | 0.027 | 0.002 | <0.001 |
| $NH_3$-N/% TN | LAB | 5.32[a] | 4.98[b] | 4.37[c] | | | |
| 乳酸 | CK | 3.08 | 4.42 | 4.48 | 0.007 | 0.357 | 0.177 |
| LA/% DM | LAB | 3.82[b] | 3.94[b] | 4.98[a] | | | |
| 乙酸 | CK | 1.26 | 1.51 | 1.01 | 0.413 | 0.106 | 0.233 |
| AA/% DM | LAB | 1.56 | 1.42 | 1.49 | | | |
| 丙酸 | CK | 0.64 | 0.76 | 0.00 | 0.043 | 0.233 | 0.202 |
| PA/% DM | LAB | 2.29[a] | 0.68[ab] | 0.00 | | | |
| 丁酸 | CK | 0.23[b] | 0.42[a] | 0.46[a] | <0.001 | 0.428 | 0.089 |
| BA/% DM | LAB | 0.29[b] | 0.34[b] | 0.54[a] | | | |

注：DM, dry matter; AN, ammonia nitrogen; TN, total nitrogen; LA, lactic acid; AA, acetic acid; PA, propionic acid; BA, butyric acid.

### 2.2 化学成分和体外消化率

FMH 组的化学成分和外消化率见表 3。FMH 组 OM 和 CP 随水分含量的升高而显著升高（$P$<0.05），DM、NDF 和 ADF 随水分含量的升高而显著降低（$P$<0.05）。在 FMH 组中，60%CK 组的 DM 显著低于 60%LAB 组（$P$<0.05）。互作（M×A）对 CP 有显著影响（$P$<0.001）。M 处理对 FMH 组 *iv*DMD 有显著影响（$P$=0.001，$P$<0.001）。

**表 3 混合青贮饲料的化学成分和体外干物质消化率**

Table 3 Chemical composition and *in vitro* dry matter digestibility of mixed silages

| 项目 Item | 处理组 Treatment | 水分含量 Moisture | | | 主要效应和互作效应 Main and interaction effects | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|
| | | 55% | 60% | 65% | 水分 M | 添加 A | 水分×添加 M×A |
| 干物质 | CK | 38.12[a] | 32.33[b] | 27.27[c] | <0.001 | 0.028 | 0.063 |
| DM/% | LAB | 38.01[a] | 33.13[b] | 27.64[c] | | | |
| 粗蛋白 | CK | 9.08[c] | 10.56[b] | 12.02[a] | <0.001 | 0.975 | 0.003 |
| CP/% DM | LAB | 9.28[c] | 10.58[b] | 11.79[a] | | | |
| 中性洗涤纤维 | CK | 79.17[a] | 78.43[a] | 74.56[b] | <0.001 | 0.444 | 0.456 |
| NDF/% DM | LAB | 80.09[a] | 78.37[b] | 74.53[c] | | | |
| 酸性洗涤纤维 | CK | 47.53[a] | 45.17[a] | 41.78[b] | <0.001 | 0.810 | 0.778 |
| ADF/% DM | LAB | 47.47[a] | 45.77[a] | 41.60[b] | | | |
| 干物质体外消化率 | CK | 46.51[c] | 48.89[b] | 52.59[a] | <0.001 | 0.430 | 0.984 |
| *iv*DMD/% DM | LAB | 46.32[c] | 48.55[b] | 52.25[a] | | | |

注：DM, dry matter; FW, fresh weight; CP, crude protein; NDF, neutral detergent fiber; ADF, acid detergent fiber; *iv*DMD, *in vitro* dry matter digestibility.

## 3 讨论

### 3.1 水分和添加剂对青贮发酵品质和化学成分的影响

pH 低于 4.2 时，有害微生物生长活动受抑制，青贮发酵品质良好。65%FMH 组 pH 显著低于 60%FMH 组和 55%FMH 组。在 FMH 组，55%和 60%组 $NH_3$-N/TN 低于 65%组。这是由于微生物主要在高水分青贮中表现出蛋白质水解活性，而这种条件下促进了微生物的生长和活性。在柱花草青贮的研究中发现，72%水分组 pH 含量低于 60%水分组。有机酸的含量与青贮饲料的品质成正相关，含水量过高，导致丁酸菌等有害细菌的繁殖，产生丁酸等。本试验，FMH 组随着水分的升高，LA 含量也随之升高。这说明高水分有利于 LA 的积累。本试验中，各组的 $NH_3$-N/TN 均低于 10%，表明各组青贮品质良好。65%FMH 组和 55%FMH

组在添加 LAB 后与对照组相比 $NH_3$-N/TN 显著降低。这是因为，接种乳酸菌制剂会抑制了梭状芽胞杆菌的繁殖，降低了分枝杆菌的胰蛋白酶活性，从而降低 $NH_3$-N/TN。同时乳酸菌制剂通过降低蛋白质分解率，提高 DM 回收率使青贮饲料中 AN 含量快速下降。FMH 组的 CP 含量随着含水量的下降而下降。Liu 等人在新鲜的黑麦草青贮试验中发现，降低含水量导致 CP 含量下降。这是因为在青贮过程中植物细胞仍未丧失活性，细胞内的降解酶在低含水量时将蛋白质降解为氨。

### 3.2 水分和添加剂对体外消化率的影响

本试验中，FMH 组的 *iv*DMD 随着含水量的降低而下降。这是由于含水量的下降导致原料木质素化程度增加，从而使青贮料的体外消化率降低。65% FMH 组的 *iv*DMD 显著高于 55%FMH 组和 60%FMH 组。这是因为，对 FMH 组来说，将水分提高到 65%水平时，青贮中 DM 的损失得到减少，在瘤胃发酵过程中饲料中 CP 和剩余 WSC 含量得到更好的利用。从而使得 FMH 组在 65%水分时表现出更高的 *iv*DMD。

## 4 结论

添加乳酸菌制剂可提高 FMH 的发酵品质和干物质体外消化率。谷壳与鲜食玉米副产物混合青贮的最佳水分为 65%。在真正应用到大规模生产实践之前，本研究还需通过动物体内试验进一步验证。

### 参考文献

［1］QIXUAN Y, PENG W, HONGYU T, et al. Fermentation quality, in vitro digestibility, and aerobic stability of ensiling spent mushroom substrate with microbial additives [J]. Animals, 2023, 13, 920

［2］MOUSAVI S M N, ILLES A, BOJTOR C, et al. Quantitative and qualitative yield in sweet maize hybrids [J]. Brazilian journal of biology, 2022, 84, e265735

［3］TEIXEIRA FRANCO R,BUFFIERE P, BAYARD R. Optimizing storage of a catch crop before biogas production: Impact of ensiling and wilting under unsuitable weather conditions [J]. Biomass & bioenergy, 2017, 100, 84-91

# 菌酶协同对柠条青贮品质及体外发酵特性的影响

潘永祥[1]，张桂杰[2*]

（1，宁夏大学林业与草业学院，750021；2，宁夏大学动物科技学院，750021）

**摘要：**本文对菌酶协同处理柠条青贮品质及体外瘤胃发酵特性做了系统研究。结果表明：（1）菌酶协同处理显著降低了柠条青贮的 pH 值，同时显著提高乳酸含量（$P<0.05$）。（2）菌酶协同处理显著降低了柠条青贮中的中性洗涤纤维、酸性洗涤纤维含量及纤维素含量（$P<0.05$）；同时，显著升高可溶性碳水化合物的含量（$P<0.05$）。（3）青贮添加剂的使用显著提高了柠条青贮在瘤胃中干物质和中性洗涤纤维的有效降解率，同时体外产气效率也显著升高（$P<0.05$）。以上结果证明，菌酶复合添加能够改善柠条青贮品质，提高柠条青贮体外瘤胃消化特性。

**关键词：**柠条青贮；复合发酵菌群；纤维素酶；青贮品质；体外消化率；体外产气量

## 1 前言

柠条（*Caragana korshinskii*），作为宁夏主要的水土保持植物，种植面积高达 650 万亩，多年生长柠条需平茬复壮，是优良的饲草料资源，具有营养成分丰富、生物量大等优势。柠条富含木质素、纤维素、半纤维素等物质，化学成分和结构相互交联，构成了难以被生物降解的天然屏障，极大地限制了饲草料资源的高值化利用。研究表明经微生物降解的植物可溶性物质含量显著提高，含多种高活性酶类、氨基酸和微量元素，营养成分全面，适口性好，消化率高，可为木质纤维素资源化利用提供新途径[1]。

本研究以枯草芽孢杆菌（*Bacillus subtilis*）为复合发酵菌群的主体，生成纤维素酶，提高有氧稳定性，为固态发酵提供良好环境；利用黑曲霉菌（*Aspergillus niger*）消耗青贮中多余的氧气，并生成大量纤维素酶；借助植物乳杆菌（*Lactobacillus plantarum*）形成乳酸平台，将木质纤维素降解所需的多酶系组装在一起，大幅度提高木质纤维素的降解效率。探讨菌酶协同对柠条青贮品质及体外瘤胃消化特性等指标的影响，为生产优质柠条青贮饲料，减缓畜牧业优质饲草短缺问题提供技术支撑和科学依据。

## 2 材料方法

### 2.1 试验材料

供试柠条采集于宁夏银川市盐池县（107º 41' E, 37º 79' N）。在结荚期收获后进行揉丝粉碎， 将混合均匀的柠条进行如下 4 个处理：（1）复合菌组：植物乳杆菌、枯草芽孢杆菌和黑曲霉（LBA，均为 $10^6$ cfu/g FM），（2）纤维素酶组（CE，酶活力 1000 U /g，应用量为 0.05% 鲜重），（3）菌酶协同组，（4）添加等量的水的对照组（CON）， 然后装于 2L 的聚乙烯青贮罐内密封，在室温条件下贮藏 60 天。每一个处理设 3 个重复。

### 2.2 测定指标及方法

开罐后，称取 20 g 充分混匀的青贮料，加入 180 mL 蒸馏水，用榨汁机搅碎后，经过 4 层纱布和定性滤纸过滤，用浸提液来测其发酵品质：pH 值和乳酸（LA, Lactic acid）、乙酸（AA, Acetic acid）、丙酸（PA, Propionic acid）和丁酸（BA, Butyric acid）等有机酸。另外开罐后随机取样 200g，65℃ 48h 后粉碎，过 40 目筛，装入自封袋。测定青贮料的中性洗涤纤维（NDF, Neutral detergent fiber）、酸性洗涤纤维（ADF, Acid detergent fiber）及木质纤维素组分。青贮样的有机酸用高效液相色谱法测定，NDF 和 ADF 含量用范式洗涤纤维法测定，可溶性碳水化合物（WSC）含量用硫酸-蒽酮比色法测定，体外发酵特性采用 Menke 等人方法测定[2]。

### 2.3 数据分析

采用 Excel 2019 对数据进行整理，采用 SPSS 27.0 统计软件进行方差分析，采用 Duncan´s 多重比较法对不同添加剂之间的差异性进行比较分析。以 $P<0.05$ 为差异显著，$P<0.01$ 为差异极显著。

## 3 结果分析

### 3.1 菌酶协同对柠条青贮品质的影响

由表 1 可知，柠条经青贮发酵后，添加纤维素酶组（CE）pH 值最低，显著低于菌酶协同处理组（LC）、复合发酵菌群处理组（LBA）及对照组（$P<0.05$）；青贮发酵过程中产生大量乳酸，其中 LC 组乳酸含量最高达到 6.44 %DM（$P<0.05$）；青贮后乙酸含量相较于对照组均显著降低（$P<0.05$）。所有品种均没有检测到丁酸（BA）成分。添加复合发酵菌剂和纤维素酶后，柠条青贮中 $NH_3$-N 含量显著降低（$P<0.05$）。

**表 1 菌酶协同对柠条青贮发酵品质的影响**

| 项目 | 处理 | | | |
|---|---|---|---|---|
| | CON | LBA | LC | CE |
| pH | 3.98a | 3.95a | 3.75bc | 3.58c |
| 乳酸 LA %DM | 5.21ab | 1.15c | 6.44a | 2.74bc |
| 乙酸 AA %DM | 2.60a | 1.49a | 1.41a | 2.05a |
| 丙酸 PA %DM | 0.06a | 0.02a | 0.02a | 0.05a |
| 丁酸 BA %DM | ND | ND | ND | ND |
| $NH_3$-N | 11.23a | 7.94b | 7.71b | 7.23b |

注：同列标注不同字母表示不同处理间差异显著。

由表 2 可知，与对照组相比，其他三个处理组的中性洗涤纤维及酸性洗涤纤维含量均显著降低，其中 LC 处理组 NDF 含量最低分别为 53.54 %DM、36.95 %DM；同时，添加剂处理后的纤维素含量显著降低，但半纤维素降解效果不显著。可溶性碳水化合物（WSC）含量在青贮后也显著升高，其中菌酶协同处理组的含量最高，达到 7.98 %DM。

**表 2 菌酶协同对柠条木质纤维素组成的影响**

| 项目 | 处理 | | | |
|---|---|---|---|---|
| | CON | LBA | LC | CE |
| 中性洗涤纤维（%DM） | 60.72a | 57.25b | 53.54c | 55.19bc |
| 酸性洗涤纤维（%DM） | 41.65a | 38.30b | 36.95c | 37.37b |
| 纤维素（%DM） | 14.95a | 7.68a | 7.90a | 9.98a |
| 半纤维素（%DM） | 16.59b | 18.95a | 19.07a | 17.82ab |
| 木质素，% DM | 21.99b | 30.62a | 33.75a | 27.39ab |
| WSC，% DM | 4.43b | 4.53b | 7.98a | 5.71ab |

注：同列标注不同字母表示不同处理间差异显著。

### 2.2 菌酶协同对柠条体外发酵特性的影响

由表 3 可知,各组柠条青贮体外干物质降解率（IVDMD）随培养时间延长而增加，在两个时间点 LC 处理的降解率最高，且在 24h 时，LBA 组、CE 组和 LC 组干物质瘤胃降解率显著高于 CON 组（$P<0.05$）。干物质有效降解率为 LC 组＞CE 组＞LBA 组＞CON 组。体外中性洗涤纤维消化率（IVNDFD）降解效率与 IVDMD 基本一致，添加微生物菌剂及纤维素酶能够显著提高 IVNDFD（$P<0.05$）。

**表 3 体外干物质和中性洗涤纤维消化率 48 h 动态变化**

| 项目 | 处理 | | | |
|---|---|---|---|---|
| | CON | LBA | LC | CE |

| | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|
| 24h | IVDMD | 41.72a | 41.56a | 42.74a | 42.71a |
| | IVNDFD | 53.72b | 58.27ab | 58.14ab | 59.89a |
| 48h | IVDMD | 53.51b | 57.65ab | 63.31a | 61.54a |
| | IVNDFD | 59.15c | 64.39bc | 68.11ab | 70.69a |

注：同列标注不同字母表示不同处理间差异显著。

体外产气动态变化曲线如图 1 所示，可以看到发酵产气过程主要有 3 个阶段，前期（0～12 h）产气速度较快，但产气量少；中期（12～24 h）产气速度加快，产气量迅速上升；后期（24～48 h）产气速度减慢。各组产气量在 48h 内随发酵时间增加呈递增趋势，LC 处理组在各时间段产气量明显高于其他处理组，峰值产气量达到 110.65 mL/g 样品。

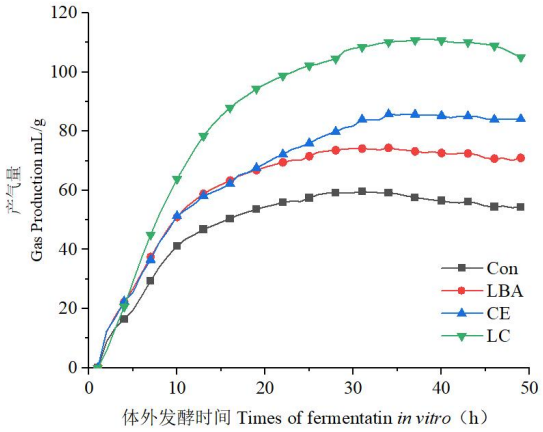



**图 1 菌酶协同对柠条青贮体外产气量的影响**

## 3 讨论

青贮的化学成分是评价其质量的重要指标，对饲料的营养价值有直接影响[3]。本研究中，菌酶协同处理组发酵效果最好，在发酵初期，乳酸菌产生大量乳酸并迅速降低青贮饲料 pH 值，创造良好发酵环境。侯俊财[4]研究结果表明，添加乳酸菌能降低玉米青贮饲料中的中性洗涤纤维和酸性洗涤纤维的含量，提高玉米和高粱青贮饲料的干物质消化率及中性洗涤纤维的瘤胃降解率，这与本研究结果基本一致。与对照组相比，添加复合发酵菌剂及纤维素酶后柠条青贮中 NDF 和 ADF 的含量显著降低，体外消化率及体外产气量显著升高。

## 4 结论

复合发酵菌剂及纤维素酶混合添加能够提高柠条青贮品质及体外瘤胃发酵特性，在未来研究中可以继续深入探究菌酶协同发酵青贮饲料的机理。

### 参考文献

[1] GUROVIC M S V, VICECONTE F R, BIDEGAIN M A, et al. Regulation of lignocellulose degradation in microorganisms[J]. J Appl Microbiol, 2022, 134: lxac002.

[2] MENKE K H, RAAB L, SALEWSKI A, et al. The estimation of the digestibility and metabolizable energy content of ruminant feeding stuffs from the gas production when they are incubated with rumen liquor in vitro. J Agr Sci, 1979, 93(1):217-222.

[3] KUNG L, SHAVER R D, GRANT R J, SCHMIDT R J. Silage review: Interpretation of chemical, microbial, and organoleptic components of silages. J Dairy Sci, 2018, 5, 4020-4033. https://doi.org/10.3168/jds.2017-13909.

[4] 候俊财,刘飞,杨丽杰, 等.添加乳酸菌对全株玉米青贮饲料品质的影响[J].黑龙江畜牧兽医,2016(2):50-52.

# 增温和施氮对短花针茅荒漠草原土壤氮含量的影响

张欣，韩国栋*

(草地资源教育部重点实验室/农业农村部饲草栽培、加工与高效利用重点实验室/内蒙古自治区草地管理与利用重点实验室/内蒙古农业大学草原与资源环境学院，内蒙古　呼和浩特　010011)

**摘要**：由于人类活动的加剧，使得全球气候变暖和大气氮沉降增加成为全球变化的重要驱动因子。为了研究长期增温和施氮条件下对土壤碳氮含量的影响，以内蒙古短花针茅荒漠草原淡栗钙土为研究对象，利用红外线加热辐射器模拟全球气候变暖，并且以硝酸铵（$NH_4NO_3$）为氮源进行施氮处理，测定了增温和施氮对草地土壤氮含量。结果表明：在 2018 年，增温和施氮仅极显著增加了土壤中硝态氮的含量（$P < 0.01$）。而土层深度对硝态氮含量均有极显著影响（$P < 0.0001$），对土壤铵态氮含量无显著影响。在 2019 年，施氮极显著增加了土壤铵态氮和硝态氮含量（$P < 0.01$），土层深度对铵态氮和硝态氮含量均有极显著影响（$P < 0.01$），增温对土壤氮含量无显著影响。

**关键词**：荒漠草原；气候变化；土壤养分

# Effect of Warming and Nitrogen Addition on Soil Carbon and Nitrogen Content of Desert Grassland in Inner Mongolia

Zhang Xin, Han Guodong

(Key Laboratory of Grassland Resources of Ministry of Education， Key Laboratory of Forage Cultivation，Processing and High Efficient Utilization of Ministry of Agriculture， and Key Laboratory of Grassland Management and Utilization of Inner Mongolia Autonomous Region， College of Grassland Resources and Environment，Inner Mongolia Agricultural University，Hohhot 010011，China)

**Abstract**: Due to the intensification of human activities, warming and increased atmospheric nitrogen addition have become important driving factors for global change. In order to study the effect of long-term warming and nitrogen addition on nitrogen content, the light chestnut calcareous soil in the short flowered Stipa desert grassland of Inner Mongolia was taken as the research object. Warming was simulated using an infrared heating radiator, and ammonium nitrate ($NH_4NO_3$) was used as the nitrogen source for nitrogen addition treatment. The effect of warming and nitrogen addition on grassland soil nitrogen content was measured. The results showed that in 2018, warming and nitrogen addition only significantly increased the content of nitrate nitrogen in soil (P<0 01). The depth of soil layer has a significant impact on the nitrate nitrogen content (P<0 0001) has no significant effect on soil ammonium nitrogen content. In 2019, nitrogen addition significantly increased soil ammonium and nitrate nitrogen content (P<0. 01). The depth of soil layer has a significant impact on the content of ammonium nitrogen and nitrate nitrogen (P<0. 01), warming has no significant effect on soil nutrient index content.

**Key Words**: Desert steppe; Climate change; Soil nutrients

基金项目：国家自然科学基金（项目编号 31770500），内蒙古自然科学基金项目（2021BS03006）

作者简介：张欣（1994-），男，内蒙古呼呼和浩特市人，博士研究生，研究方向为草地资源与管理。
E-mail:Jasper19941112@163.com，*通信作者 Author for correspondence, E-mail:hanguodong@imau.edu.cn

工业革命以来，由于人类生产活动的加剧及对自然资源的过度开发利用，如毁林开荒，人工化肥施用增加，工业废气排放，农业用地逐渐增加等一系列问题导致地球表面温度升高、大气氮沉降增加、降水格局改变、臭氧层破坏等一系列全球气候变化问题。其中，引起全球持续变化的最重要的成为就是温度升高和大气氮沉降，而由此所引发的一系列全球生态环境问题已经被生态学领域和社会公众所广泛关注[1]。草原生态系统约占地球陆地表面土地面积的 1/3，是地球上面积最大的陆地生态系统之一，我国草地面积约为 $4.0\times10^6$ km$^2$，约占我国国土面积的 41.7%，使其成为我国陆地生态系统类型中面积最大的生态系统，因此全球变化对其影响是巨大的[2]。内蒙古荒漠草原总面积约为 $8.42\times10^6$ hm$^2$，占内蒙古自治区草地总面积的 10.68%，是一种旱生的草原类型，其特点为干旱少雨，生产力相对较低，生态系统稳定性较差，且受人类活动的干扰和自然变化的影响较大，有学者预测未来荒漠草原将经历气温升高、氮沉降加剧的共同影响[3]。

氮主要来源于动植物残骸和腐殖质等，是评价土壤养分的重要指标。其含量的高低对地上植被的生长状况有重要的影响作用。氮元素作为植物体叶绿素和蛋白质的主要成分，对植物个体发育有至关重要的影响，但是只有土壤中的铵态氮或硝态氮才可以为植物所吸收并为其自身生长发育提供保障[4]。温度是影响土壤氮矿化最重要的非生物因素，增温能够促进土壤有机氮的矿化，从而提高土壤中可利用氮的含量，与此同时增温增加了土壤硝态氮的含量，导致植物对氮的吸收率也明显上升，从而促进了植物的生长。但硝态氮的含量过多也容易导致淋溶现象的发生，进而造成硝态氮含量的损失，从而使得江、河、湖泊等水体氮富营养化及土壤酸化等一系列生态环境问题的发生[5]。土壤中速效氮的含量不仅会随着施氮量的增加而增加，且会随着施氮时间的延长而呈现出持续增加的趋势，一方面是因为氮素添加的方式是直接以各种速效氮的形式完成的，另一方面是由于氮素添加促进了土壤的矿化速率，进而使得土壤中速效氮含量得到了明显的增加[6]。但 Gao 等[7]在氮限制温带森林的硝酸铵添加实验中研究表明, 土壤中铵态氮含量受氮素添加影响的变化不大, 但不同土层下硝态氮含量却显著增加。因此，土壤氮库对氮素添加的响应还有待进一步研究和探讨。

因此，本研究以短花针茅为建群种的内蒙古荒漠草原为研究对象，依托连续进行了 14 年的模拟增温和氮素添加试验平台，采集 0-30 cm 不同土层（0-10 cm、10-20 cm、20-30 cm）内土壤，分析比较在增温和氮素添加的条件下不同土层内土壤铵态氮和硝态氮含量，旨在揭示内蒙古荒漠草原土壤氮素特征以及变化对长期增温和施氮的响应规律，为气候变化模型提供参数。

# 1 材料与方法

## 1.1 研究区概况

研究区位于内蒙古自治区乌兰察布市四子王旗中南部的农牧科学院综合试验示范中心（111°53′ E，41°46′ N），海拔 1456 m，距离内蒙古自治区首府呼和浩特市约 132 km。研究区地处典型的中温带大陆性季风气候区，冬季漫长寒冷，夏季降水少但较为集中，年温差较大。试验区植物种类组成较匮乏，植被草层低矮且分布稀疏，草地类型为短花针茅+冷蒿+无芒隐子草，建群种为短花针茅（*Stipa breviflora*），优势种为冷蒿（*Artemisia frigida*）、无芒隐子草（*Cleistogenes songorica*）。主要伴生种有银灰旋花（*Convolvulus ammannii*）、阿尔泰狗娃花（*Heteropappus altaicus*）、栉叶蒿（*Neopallasia pectinata*）、木地肤（*Kochia prostrata*）、狭叶锦鸡儿（*Caragana stenophylla*）、羊草（*Leymus chinensis*）和米氏冰草（*Agropyron michnoi*）等。

## 1.2 试验设计

增温和施氮试验开始于 2006 年 5 月初，至今仍在持续进行。该试验采用 2×2 因子的裂区设计，以增温作为主处理因子，施氮作为副处理因子。主处理下包括 2 个温度处理（不增温的对照和增温处理），每个处理设置 6 个重复，共有 12 个 3 m×4 m 的主处理小区。每个主处理小区在该 3×4 的矩阵中随机分布，相邻主处理小区之间的缓冲距离为 3 m。之后，主处理小区被裂分为 2 个面积相同的处理小区（2 m×3 m），其中，一个处理小区为施氮处理，另一个为不施氮处理。因此，整个试验共有 4 个处理，分别为对照（Control, C）、增温（Warming, W）、施氮（Nitrogen addition, N）和增温+施氮（Warming+Nitrogen addition, W+N），共 24 个小区，实验地总面积为 144 m$^2$。在 6 个增温主处理中，分别使用红外线辐射器（Infrared Radiator,

Kalglo Electronics Inc., Bethlehem, PN, USA）对主样方进行加热，且全年连续，该装置悬挂于主样方的中间，距地面 2.25 m。最大功率为 2000 W，全年地表增温幅度平均达到 1.3 ℃。为了降低或消除由辐射器遮阴或其它因素造成的误差，在每个对照主样方同样的位置，安装了 1 个与辐射器大小和形状相同的“假灯”。且在每年 6 月末—7 月初以硝酸铵（$NH_4NO_3$）为氮源对施氮区进行施氮，每年 1 次，施氮量为 10 $g \cdot m^{-2} \cdot yr^{-1}$ 纯氮。施氮工作在阴天或清晨和傍晚进行，避免温度过高使氮素挥发，施氮时用喷壶将 $NH_4NO_3$ 溶于水中后均匀的喷洒在施氮区，同时在不施氮的小区中施入等量的水，避免水分差异带来的误差。

### 1.3 土壤样品的采集与测定

用于测定全土物理性质的土壤样品（0~10 cm，10~20 cm 和 20~30 cm）分别采集于 2018 年和 2019 年 8 月份，2018 年全土取自一次自然降水后，2019 年全土取自未降水过得自然土壤。测定全土物理性质的土壤样品采集方法为：在每个小区中随机选取 3 个点，使用土钻（直径 3.5 cm，长 10 cm）在每个点进行 0~10 cm，10~20 cm 和 20~30 cm 土壤取样。每个小区内，3 钻合为一个样品一共 72 个样品。随后，过 2 mm 土壤筛，挑出植物根系，进行风干处理，测定土壤内的铵态氮和硝态氮含量。测定方法采用 2 mol/L 氯化钾浸提后使用 AA3 流动分析仪测定。

### 1.4 数据分析

使用 Excel 2007 进行数据整理计算，使用 SAS 9.4 进行方差分析，采用三因素方差分析法对土壤物理性质进行增温、施氮与土层间方差分析，采用双因素方差分析对土壤各项指标进行不同处理和土层间的双因素方差分析，使用 Sigmaplot 14.0 作图。

## 2 结果与分析

### 2.1 增温和施氮对短花针茅荒漠草原土壤铵态氮和硝态氮含量的影响

表 1 增温（W）、施氮（N）及土层（D）对土壤有机碳影响的方差分析表（*F* 值）

Table 1 Results (F-value) of three-way ANOVAs with a split-plot design on the effect of warming (w), nitrogen addition (N) and soil depth (D) on soil organic carbon

| 年份 years | 因素 Factors | 铵态氮(mg/kg) Ammonium-N<br>*F* 值 *F* value | 硝态氮(mg/kg) Nitrate-N<br>*F* 值 *F* value |
|---|---|---|---|
| 2018 | W | 4 | 13.53** |
| | N | 2.16 | 196.29*** |
| | D | 6.03 | 50.01*** |
| | W*N | 4.82 | 14.9** |
| | W*D | 3.84 | 0.46 |
| | N*D | 0.26 | 33.26*** |
| | W*N*D | 3.47 | 1.35 |
| 2019 | W | 2.72 | 3.4 |
| | N | 22.19** | 13.08** |
| | D | 27.17*** | 5.98** |
| | W*N | 0.68 | 2.31 |

| | | |
|---|---|---|
| W*D | 2.35 | 1.22 |
| N*D | 16.02*** | 3.48* |
| W*N*D | 0.52 | 0.71 |

施氮和土层深度以及施氮与土层深度的交互作用对 2019 年土壤中铵态氮的含量产生极显著差异（$P<0.01$），对 2018 年土壤铵态氮含量影响不显著（$P>0.05$）（表 1）。在 2018 年，增温处理下的表层土壤（0-10 cm）与其他两层土壤（10-20 cm、20-30 cm）的铵态氮含量有显著差异（$P<0.05$），而施氮处理与增温+施氮处理下不同土层间的铵态氮含量差异不显著。除施氮处理外，其他处理下均表现为随着土层深度的增加铵态氮含量在逐渐递减。在施氮处理下，10-20 cm 土层土壤铵态氮含量最高，为 2.14 mg kg$^{-1}$。从相同土层来看，增温使得三个土层土壤中铵态氮的含量均有所增加，但与对照相比差异不显著，增加幅度随着土层深度的增加而增大，在 20-30 cm 处增加的比例最大，为 48.5%。施氮降低了表层土壤（0-10 cm）的铵态氮含量，却增加了下层土壤（10-20 cm、20-30 cm）的铵态氮含量，但与对照相比差异均不显著。2019 年内，施氮处理显著降低了 20-30 cm 土层间土壤铵态氮的含量（$P<0.05$），增温与增温+施氮处理对土层间的铵态氮含量无显著影响（$P>0.05$）。在不同处理间，土壤铵态氮含量随着土层深度的增加而逐渐降低，增温+施氮处理在不同土层间下降幅度最大，分别为 67.88% 和 65.27%。施氮和增温+施氮处理显著提高了 0-10 cm 和 10-20 cm 土层土壤铵态氮含量（$P<0.05$），0-10 cm 土层下，施氮和增温+施氮处理较对照分别增加了 5.23 mg kg$^{-1}$ 和 8.29 mg kg$^{-1}$，10-20 cm 土层下，施氮和增温+施氮处理较对照分别增加了 3.53 mg kg$^{-1}$ 和 4.83 mg kg$^{-1}$（图 1）。

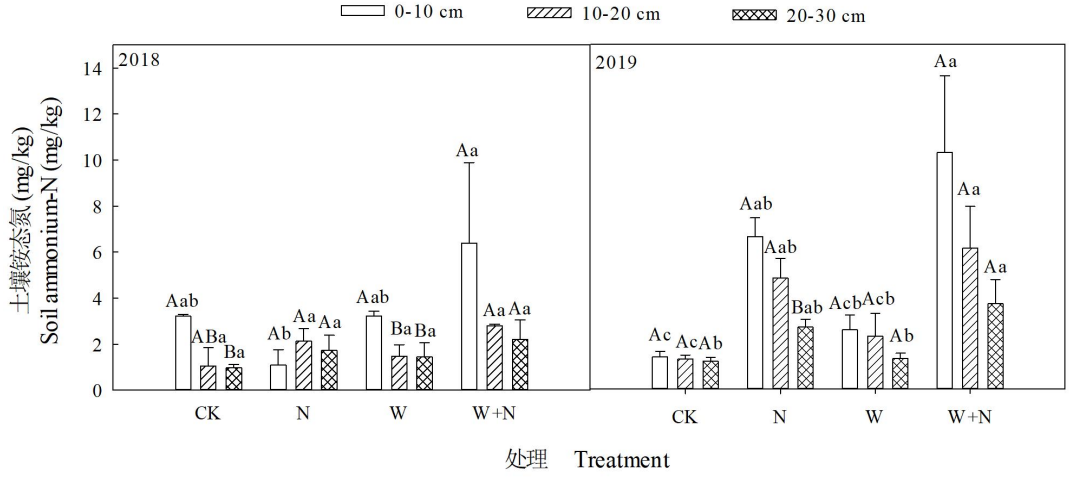



图 1 2018~2019 年各处理下不同土层中土壤铵态氮

Fig. 1 Soil ammonium-N in different soil layers under each treatment in 2018 and 2019

注：图中数据均为平均值±标准差，不同大写字母表示相同处理不同土层间差异显著（$P<0.05$），不同小写字母表示相同土层不同处理间差异显著（$P<0.05$），下同

Note: The data are mean ± standard deviation in this figure. Different capital letters showed significant differences between different soil layers under the same treatment ($P < 0.05$), and different lower-case letters showed significant differences between the same soil layers and different treatments ($P < 0.05$), the same as below.

通过表 1 中分析可知，在 2018 年内，增温和增温与施氮的交互作用对土壤硝态氮含量产生极显著差异（$P<0.01$），施氮、土层深度与他们的交互作用对土壤硝态氮含量产生极显著差异（$P<0.001$）。2019 年内，施氮与土层对土壤硝态氮含量产生极显著差异（$P<0.01$），他们的交互作用对土壤硝态氮含量产生显著差异（$P<0.05$）。通过进一步分析后可知（图 2）：在 2018 年，施氮显著增加了 0-30 cm 土层土壤硝态氮的含量，增温+施氮处理下增加的含量最多。增温+施氮处理下不同土层深度的土壤硝态氮含量均高于增温处理和对照，且呈现出显著性差异（$P<0.05$）。增温作用对于土壤中硝态氮含量的增加效果没有施

氮作用明显，在各土层间差异表现均不显著。从土壤剖面情况来看，对照中 10-20 cm 土层中硝态氮含量最低，其次是 0-10 cm 土层，深层（20-30 cm）含量最高。增温处理下硝态氮变化趋势与对照是相同的，表现为 10-20 cm < 0-10 cm < 20-30 cm，且 10-20 cm 土层的硝态氮含量与其他两层土壤的硝态氮含量呈现出显著差异（$P < 0.05$）。而增温+施氮与施氮处理下硝态氮变化趋势相同，均随着土层深度的增加，硝态氮含量在逐渐增加，且 0-10 cm 土层硝态氮含量与其他两层土壤中硝态氮含量呈现显著差异（$P < 0.05$）。2019 年增温使得 20-30 cm 土层土壤硝态氮含量与 0-10 cm 和 10-20 cm 土层土壤硝态氮含量呈现出显著性差异（$P < 0.05$），施氮和施氮+增温处理对不同土层间土壤硝态氮含量无显著影响。增温+施氮处理显著提高了 0-30 cm 各土层间土壤硝态氮含量（$P < 0.05$），增加幅度随着土层深度的增加而逐渐增加，分别提高了 25.22 mg kg$^{-1}$、57.1 mg kg$^{-1}$、69.87 mg kg$^{-1}$。

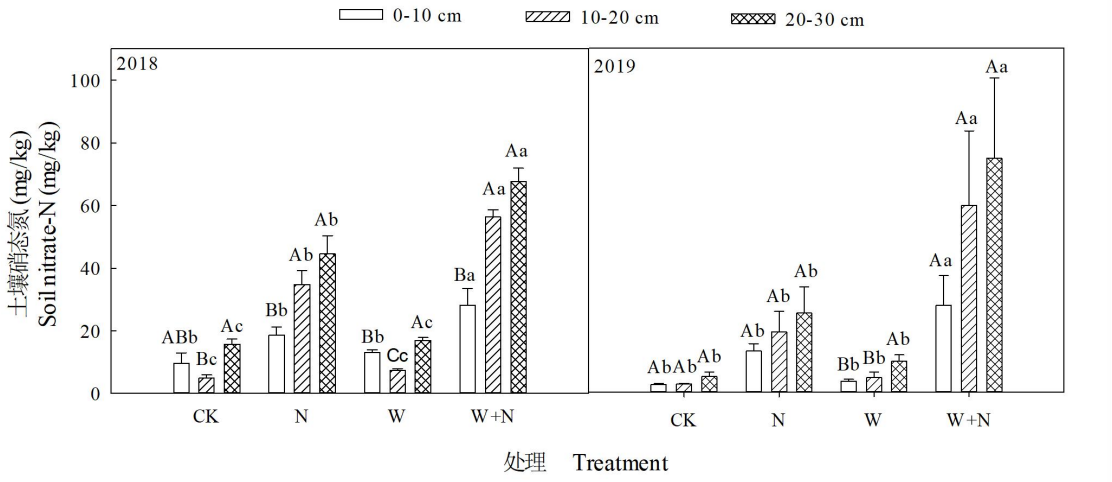



图 2 2018~2019 年各处理下不同土层中土壤硝态氮

Fig.2 Soil nitrate-N in different soil layers under each treatment in 2018 and 2019

# 3 讨论

土壤的矿化作用是指：贮藏在土壤中的绝大多数氮素是土壤有机质中的有机态含氮化合物，而植物一般不能直接吸收利用有机态氮为自己所利用，微生物和细菌在适宜条件下经过一系列的分解作用，才能将有机态氮转化成能为植物自身所吸和收用的矿物氮。在草地生态系统中，氮素主要通过矿化、硝化、固定、吸收及植物体的内部循环等途径进行运动，并且在土壤有机氮的矿化过程中，对于温度、水分、微生物活性以及有机氮的数量等因素的依赖性较大，且由于在氮素的同化的过程中，需要消耗较多的能量，而植物可以通过再循环来有效地利用自身所吸收的氮素。全球增温对陆地生态系统具有重要的影响，然而，关于陆地生态系统氮库和氮循环对增温的响应的综合评估却很少[8]。

本研究中，增温处理对土壤中全氮、铵态氮和硝态氮含量均有不同程度的提高，但都未产生显著性影响，这与本样地之前的研究相一致。大量研究表明，增温可以通过促进土壤净氮矿化和硝化作用，进而使得土壤可利用氮含量增加[9]，此外，增温还可以通过促进微生物代谢和酶活性来增强有机质的分解和土壤微生物的矿化作用，进而增加土壤中的无机氮含量。在本研究中，土壤中硝态氮含量始终高于铵态氮含量。这是由于铵态氮仅在低温条件下能在土壤中累积，温度升高对土壤中的硝化作用产生了一定的促进效应，使得温度对铵态氮和硝态氮在土壤中的含量及矿质氮形态的转化有很大程度的影响。另外，土壤中的铵态氮和硝态氮除了供应植物生长外，他们还具有易溶于水的性质，这使得其更容易从草地中流失。相比较而言，硝态氮带负电，比铵态氮不易被土壤胶体吸附，更易从土壤中淋溶流失，尤其是阴离子交换能力差的土壤。本试验样地位于中温带，具有降水量少而集中，春季干旱多风，夏季炎热的气候特点，相对来说使硝态氮不易被淋失，实验结果显示土壤中硝态氮的含量较高可能就是这个原因所致[10]。

有实验表明，施氮大都可以促进土壤氮素的矿化作用[11]，但目前而言，施用氮肥对于促进土壤原来有机氮的分解和释放的正激发效应的机理目前还不是十分清楚。Hayne 等[12]在进行了三年的对草原施肥的研究中发现，随着施用肥料氮素的增加，土壤有机氮的净矿化速率会随之而上升，然而即使施肥量很大，这种增加也只是暂时的。由此可见，通过施氮并不能调控和改变土壤氮矿化的格局。在本实验中施氮处理对于土壤中硝态氮的含量也产生了一定的变化，已有研究表明[13]，土壤中硝态氮的含量在同一施氮水平下，10-20 cm 土层中含量最高，高于 20-30 cm 土层的硝态氮含量，且随着土层深度的增加而减少。本研究并未得出相同的结论。在本研究中，施氮处理下土壤硝态氮的含量随着土层深度的增加而逐渐增加，有研究表明，在 30 cm 以下的土层中硝态氮的含量会有一个下降的趋势，由于本研究只做到了 0-30 cm 土层，下层土中是否具有这样的趋势，则还需要进一步讨论。且由于土壤中的铵态氮和硝态氮的含量极不稳定，时刻都在变化，因此仅通过两年的实验的结果不能准确的说明问题，仍需通过后续的研究得到更为准确的结论。

## 4 结论

内蒙古短花针茅荒漠草原半干旱草地模拟增温和氮沉降的试验结果表明，在该区域添加氮素，两年内铵态氮和硝态氮对氮素添加的相应不同，但均表现为土壤氮含量的增加。增温则对氮含量的影响不明显。且随着土层深度的增加，深度对其的的影响则呈现显著差异。

参考文献：

[1] 康静,任海燕,王悦骅,等.短花针茅荒漠草原土壤呼吸对长期增温和氮素添加的响应[J].干旱区资源与环境,2019,33(05):151-157.

[2] 张南翼. 模拟增温和氮沉降对松嫩草原土壤养分状况的影响[D].东北师范大学,2013.

[3] Zhao C Z，Liu Q. Effects of soil warming and nitrogen fertilization on leaf physiology of Pinus tabulaeformis seedlings[J]. Acta Physiologiae Plantarum，2012，34(5):1837-1846

[4] 赵亮. 增温和降雨变化对高寒草甸植物群落和土壤理化因子的影响[D].兰州大学,2019.

[5] 刘志江,林伟盛,杨舟然,等. 模拟增温和氮沉降对中亚热带杉木幼林土壤有效氮的影响[J].生态学报, 2017, 37(01):44-53.

[6] 杨振安. 青藏高原高寒草甸植被土壤系统对放牧和氮添加的响应研究[D].西北农林科技大学,2017.

[7] Wenlong Gao, Shulan Cheng, Huajun Fang, et al. Effects of simulated atmospheric nitrogen deposition on inorganic nitrogen content and acidification in a cold-temperate coniferous forest soil[J]. Acta Ecologica Sinica,2013,33(2).

[8] Bai E, Li S, Xu W, et al. A meta-analysis of experimental warming effects on terrestrial nitrogen pools and dynamics[J]. New Phytologist.

[9] Zhang X Z, Shen Z X, Fu G. A meta-analysis of the effects of experimental warming on soil carbon and nitrogen dynamics on the Tibetan Plateau[J]. Applied Soil Ecology, 2015, 87: 32-38

[10] 珊丹. 控制性增温和施氮对荒漠草原植物群落和土壤的影响[D].内蒙古农业大学,2008.

[11] Strader R H. Nitrogen mineralization in high elevation forests of the Appalachians I.Regional patterns in southern sprucefir forest[J]. Biogeochemistry,1989, 7:131-145

[12] Haynes R J. Labile organic matter fractions and aggregate stability under short-term, grass-based leys[J]. Soil Biol Biochem,1999,31:1821-1830

[13] 于兵,吴克宁.施氮对高寒草原植物生长和土壤无机氮含量的影响[J].江苏农业科学,2018,46(15):214-218.

# 利用已知秋眠级苜蓿评定未知秋眠　级苜蓿品种试验

杨迎香[1]　王延飞[1]　王勇智[2]　秦奋[1]　李新苗[1]　贺春贵[1*]

（1.甘肃华丰草牧业有限公司，甘肃　兰州 730300；
2.郑州华丰草业科技有限公司，河南　郑州　450001）

**摘　要：**苜蓿秋眠级的测定通常是用公认的标准秋眠级品种对未知品种进行试验评定。但许多研究者常常无法得到标准品种，这给新品种的秋眠级测定带来不便，更不利于新品种的推广。本试验探讨了用已知秋眠级苜蓿品种对未知秋眠级品种测定评价的方法及效果。试验以 25 个苜蓿品种的已知秋眠级及其秋季草层再生自然高度建立回归模型，测定超新星、天宝、中天 1 号、中天 2 号四个未知秋眠级品种的秋眠级别。结果表明超新星、天宝、中天 1 号、中天 2 号的秋眠级分别为 5.0、7.3、5.8、5.0。本评价结果与田间秋季实际生长情况接近，可作为初步评价的新品种秋眠级的一种方法。

**关键词：**苜蓿；秋眠级；测定；秋季草层再生自然高度

# Test of evaluating unknown fall dormancy class alfalfa varieties by using known fall dormancy class alfalfa

Yang Ying-xiang[1] Wang Yan-fei[1] Wang Yong-zhi[2] Qin-Fen[1]　Li Xin-miao[1]　He Chun-gui[1*]

(1.Gansu Huafeng Grass Animal Husbandry Co.,Ltd.　Lanzhou，Gansu 730300;
2.Zhengzhou Huafeng Grass Industry Technology Co.,Ltd. Zhengzhou，Henan　450001)

**Abstract:** Determination of fall dormancy class in alfalfa is usually the experimental evaluation of unknown varieties using the accepted standard variety of fall dormancy class. However, many researchers often fail to get the standard varieties, which brings inconvenience to the fall dormancy class measurement of new varieties, and is not conducive to the promotion of new varieties. This experiment explores the method of determining and evaluating unknown fall dormancy class varieties using known fall dormancy class. With the known fall dormancy class of 25 alfalfa varieties and their autumn regrowth stand height were established for regression mode, and the fall dormancy class of Super nova , Tianbao, Zhongtian No.1 and Zhongtian No.2 were preliminarily assessed, The results show that the fall dormancy class of Super nova , Tianbao, Zhongtian No.1 and Zhongtian No.2 are 5.0,7.3,5.8 and 5.0 respectively. The evaluation results are close to the actual growth in the field, which can be used as a method for the initial evaluation of new varieties.

**Key words**: Alfalfa; Fall Dormancy class; Determination; Autumn regrowth stand height

紫花苜蓿(*Medicago sativa* L.)，为多年生豆科牧草，具有生产潜力大、品质优良、营养价值高、适口性好、抗性良好、耐刈割、耐盐碱、分布广、利用年限长等优点[1-4]，还可以通过根瘤菌固氮、降盐改土培肥，提升土壤质量[2, 5]。强大的根系使其在改善土壤环境、固土护坡方面有天然的优势，不仅是世界上种植面积最大的优良牧草，也是我国分布最广、经济价值最高、利用非常广泛的饲料作物[6]，素有“牧草之王”美誉，在我国干旱半干旱地区具有十分重要的生态和经济地位[7]。

苜蓿秋眠性是苜蓿对秋季环境变化的一种适应性反应[8]，与其再生能力、潜在产量尤其是耐寒性密切相关[9]。秋眠性一般用秋眠级表示，研究者将 Teuber[10]测定的 11 个秋眠级苜蓿等级划分为 5 大类型，其中 1 级为极秋眠型，2,3 级为秋眠型，4,5,6 级为中等秋眠型，7,8 级为非秋眠型，9,10,11 级为极非秋眠型[11]。

秋季随着光照、温度变化而导致苜蓿植株形态类型和生活力发生变化，最明显的特征即在秋季刈割后，不同秋眠级苜蓿品种的再生高度差异大。秋眠级越高，再生高度越高。鉴于秋眠性与品种产量和适应性之间的密切关系[12]，秋眠级已成为北美苜蓿生产性能评价和商业化生产的重要指标[13]。有研究表明，秋眠型苜蓿品种抗寒性强，但产量相对较低，再生较慢；非秋眠型苜蓿品种抗热抗病性强，产量高，再生快，但耐寒性差；中等秋眠型苜蓿品种介于两者之间[14]。但随着遗传学和分子生物学在牧草秋眠性和抗性研究方面的深入，许多研究表明，秋眠性和抗寒性只是存在表型上的相关，两者的遗传基础相互独立[15]。因此，秋眠级别对于苜蓿品种的选择及生产性能的评价至关重要[16]，选择适宜的苜蓿品种对生产效益的影响很大。对苜蓿秋眠级的测定，主要用秋季再生高度预测法。这是根据苜蓿品种在深秋是否还生长以及生长的高度大小，来预测苜蓿品种的秋眠性的一种方法[17]。常用的方法是用标准的对照品种为参照，对未知秋眠级的品种进行测定，分析确定其秋眠级。然而，标准对照品种都在北美，一般不易获得。但苜蓿新品种或新材料、新品系常需要确定其秋眠级，以便在品种选育或产量评价中更为准确。如把相同或相近秋眠级的苜蓿品种放在一起来评价其产量差异才更有意义，虽然我们常看到许多研究工作把不同秋眠级的苜蓿品种放在一起来评价其产量差异。我们苜蓿种质资源圃中常有许多品种，其秋眠级是知道的。在此情况下，我们尝试用已知秋眠级品种作参照，建立秋季生长高度与秋眠级之间的线性回归模型，对未知品种的秋眠级进行初步测定，以指导品种选育和推广应用。当然，育种家也可以通过直接观察比较来大致确定其秋眠级别，但不精准。本研究论文在这方面进行尝试，在甘肃华丰草牧业有限公司兰州草品种制种试验苜蓿资源圃中，选用已知 25 个苜蓿品种秋眠级建立回归模型，初步测定超新星、天宝、中天 1 号、中天 2 号四个未知苜蓿品种的秋眠级。表明这种方法有一定的应用价值。

# 1 材料与方法

## 1.1 试验地概况

本试验是在甘肃华丰草牧业有限公司兰州草品种制种试验站苜蓿品种资源圃中完成的。该试验站位于甘肃省兰州新区中川镇华家岘子村，苜蓿种质资源圃地处黄土高原丘陵地带的山间狭窄曲折谷地之中，属于典型的北半球温带半干旱大陆性气候带。海拔 1800m，四季分明，阳光充足，冬季寒冷干燥，春季多风少雨，夏无酷暑，秋季温凉，年平均气温 6.5-7.8℃，一月平均气温-7.3℃，七月平均气温 20.5℃；年平均降水量 300mm，年蒸发量 1880mm；全年平均无霜期 125d 左右，年日照量 1744-2659 小时，日照率 60%。土质为黄绵土，试验地平坦，肥力均匀。

## 1.2 供试材料

试验共收集苜蓿品种材料 29 份，均有郑州华丰草业科技有限公司提供，其中已知秋眠级品种 25 个，未知秋眠级品种 4 个。各品种编号、名称、秋眠级数如表 1 所示，各品种已知秋眠级来自相关文献[12, 18-20]。

表 1　苜蓿品种及其秋眠级

Table1　Varieties and fall dormancy class

| 材料代号<br>Material number | 品种名称<br>Variety name | 秋眠级<br>Fall dormancy class |
|---|---|---|
| 1 | 甘农 1 号 Gannong No.1 | 3 |
| 2 | 甘农 2 号 Gannong No.2 | 1 |
| 3 | 中兰 1 号 Zhonglan No.1 | 5 |
| 4 | 皇后 Empress | 2 |
| 5 | 挑战者 Challenger | 2.5 |
| 6 | 苜蓿王 Alfaking | 3 |
| 7 | WL319HQ | 2.8 |
| 8 | 哥萨克 Cossack | 3 |
| 9 | 阿尔冈金 Algoguin | 2 |
| 10 | WL343HQ | 3.9 |
| 11 | WL354HQ | 4 |

| | | |
|---|---|---|
| 12 | 新疆大叶 Xingjiang daye | 5 |
| 13 | WL363HQ | 5 |
| 14 | 55V48 | 5 |
| 15 | 三得利 Sanditi | 5 |
| 16 | 55V12 | 5.1 |
| 17 | WL440HQ | 6 |
| 18 | 甘农 5 号 Gannong No.5 | 7.8 |
| 19 | 游客 Eureka | 8 |
| 20 | WL525HQ | 8 |
| 21 | 赛迪 10 Sardi10 | 8 |
| 22 | WL656HQ | 9.3 |
| 23 | WL903 | 9.5 |
| 24 | WL712 | 10.2 |
| 25 | 劲能 5020 Power 5020 | 5.2 |
| 26 | 超新星 Super nova | 未知 Unknown |
| 27 | 天宝 Tianbao | 未知 Unknown |
| 28 | 中天 1 号 Zhongtian No.1 | 未知 Unknown |
| 29 | 中天 2 号 Zhongtian No.2 | 未知 Unknown |

### 1.3 田间试验及种植管理

#### 1.3.1 田间实验设计

品种资源圃的各品种的小区面积均为 4m$^2$(2m×2m)，南北行条播，各小区间距 1m。

#### 1.3.2 种植方法

于 2023 年 4 月上中旬人工撒施基肥（按尿素 150kg/hm$^2$、磷酸二铵 375kg/hm$^2$、硫酸钾 150kg/hm$^2$ 的用量施用基肥）。撒施后用旋耕机深旋一次，耙耱一次。5 月 10 日进行播种，人工采用开沟器开沟条播，每小区种 7 行，行距为 30cm，播种深度为 1-2cm，苜蓿按照裸种子 2.7g/m$^2$ 播量设计，每行 1.54g，各行播种量保持一致，播种后及时进行覆土镇压。试验期间保持植株旺势生长，进行常规田间管理，定期浇水、去除杂草保证植株正常生长。

#### 1.3.3 测定方法

试验田秋季刈割时间为 2023 年 8 月 31 日，留茬 1-2 cm 左右，于 2023 年 10 月 7 日测定草层再生自然高度（从地面到植株正常生长的最高部位的垂直高度，Regrowth Stand Height，RSH），测量工具采用最小刻度为 0.1 cm 的刻度尺，每个小区取中部有代表性的植株 10 株，分别记录测量地面至顶部高度，以做方差分析之用。刈割和再生自然高度的测定都分别在一天内完成。根据已知秋眠级苜蓿品种建立草层再生自然高度与秋眠级之间的线性回归模型，并依此计算待测苜蓿品种的秋眠级（FDR）。

#### 1.3.4 数据处理

应用 Excel 2019 进行数据初步整理及作图，运用 SPSS 23.0 统计软件对试验数据进行单因素方差分析（One-wayANOVA）。

## 2 结果及分析

图 1 所示为苜蓿品种资源圃中不同秋眠级苜蓿品种在秋季刈割处理生长后的草层再生自然高度。从图 1 可知，各品种的草层再生自然高度，按差异显著性水平（$P$<0.05）可分为 17 个等级，具有明显的梯度等级。依据秋眠级确定的原则，秋眠级相同的品种二者的再生自然高度不应存在显著性差异，秋眠级不同的品种再生自然高度应不在一个显著性水平上。由图 1 可知本试验各品种之间基本符合该理论。

图 2 所示为秋眠等级与秋季草层再生自然高度之间的关系。由图 2 可知，苜蓿的秋眠级数与秋季草层再生自然高度之间存在极强的相关性，在不同苜蓿品种的再生自然高度与其秋眠级数的相关分析中，两者

的决定系数 $R^2$ 达 0.985，表明用苜蓿的秋眠级数 y 与苜蓿的秋季草层再生自然高度 x 的直线回归方程进行计算其可靠程度为 98.5%，计算得出回归方程的估计标准误为 0.32。根据相关方程 y=0.2563x-4.2253，代入再生自然高度 x 值，即可计算出超新星、天宝、中天 1 号、中天 2 号的秋眠级数，分别为 5.0、7.3、5.8、5.0。

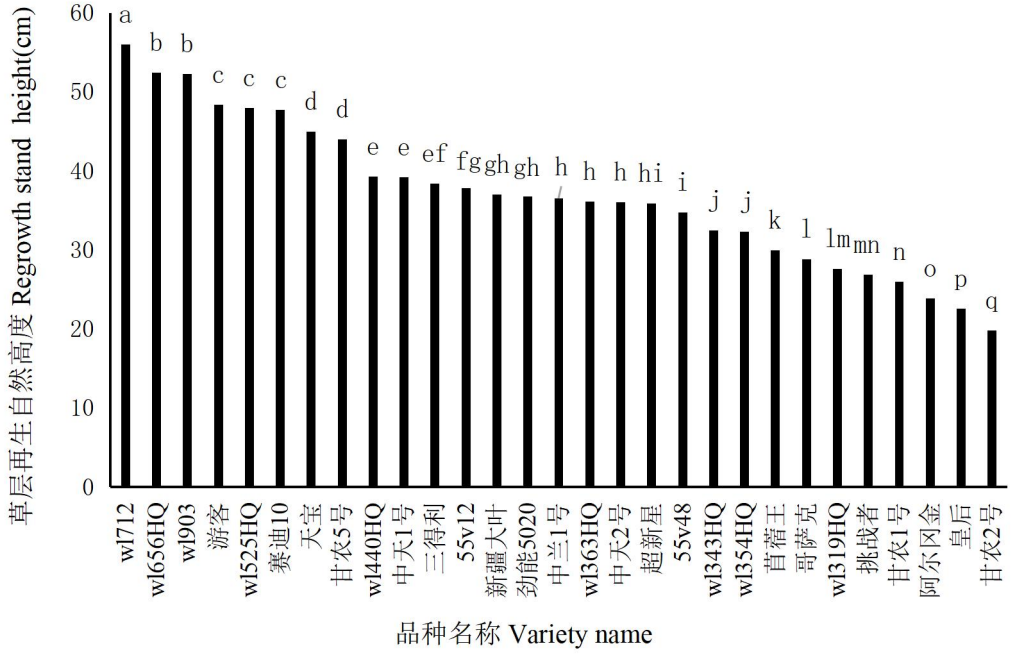



图 1 苜蓿品种间草层再生自然高度的差异

Fig. 1 Difference of RSH of regeneration among alfalfa varieties

注：图中不同字母表示差异显著（$P$<0.05）

Note:Different letters indicate significant differences at 0.05 level

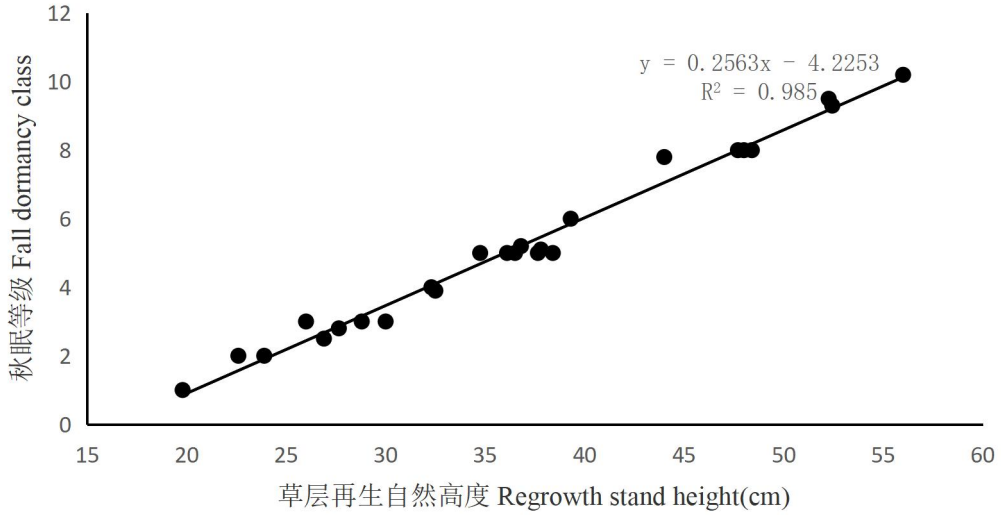



图 2 苜蓿秋季刈割后草层再生自然高度与秋眠等级线性回归

Fig. 2 The linear regression between FDC and RSH of alfalfa after final clipping

## 3 讨论

秋季在北纬地区由于光照不足和气温下降，引起苜蓿形态类型和生产性能发生变化，导致其生长特性存在差异，这种现象一般只能在秋季的刈割再生中才能观察到。秋眠型苜蓿品种在秋季的生长微乎其微，

刈割之后恢复的也很慢，非秋眠型品种在秋季生长旺盛，且割后能很快得以恢复[1, 21]。要想获得高产优质的品种，必须具有高产材料极其适宜的环境条件[22]。秋眠性虽然是一个强烈表达的性状，但是基因型和环境之间的交互作用非常显著[23]。本研究是在苜蓿春播生长第一年测定，而测定年限不同可能会影响秋眠级判定结果，单位面积种植密度大小、不同品种对水肥要求、不同种植地区的气候因素等都会或多或少影响判定结果。虽然连续多年观测试验的结果将会更为可靠，但在品种选育过程中不可能等待很久。本研究利用已知秋眠级的品种对未知秋眠级苜蓿品种的秋眠级评定是一个可行的方法，根据测定和直接观察，可能确定未知材料或品种的秋眠级别。当然，品种改良的重点应为在不影响快速再生和高产的同时，增加苜蓿品种株丛的持久性[17]。有试验表明不同试验点高秋眠级苜蓿的，越冬表现不一致，非秋眠型苜蓿在试验点具有较高的越冬率[20]。因此，秋眠级高产量高且越冬能力强的苜蓿品种的选育尤为重要，是扩大苜蓿种植，带动和促进其产业化发展的一个关键[24]。苜蓿品种或育种材料能较快速度的测定和评价其秋眠级，对加快育种和推广很重要。本试验虽然没有用标准品种进行测定比较准确客观，但也不失为一种初步快速可做到的一种方法。

# 4 结论

本试验在苜蓿种质资源圃，通过已知秋眠级品种的草层再生自然高度与秋眠等级建立了线性回归模型，其决定系数 $R^2$ 高达 0.985，表明两者高度相关。依此对未知秋眠级品种超新星、天宝、中天 1 号、中天 2 号的秋眠级数测定，结果分别为 5.0、7.3、5.8、5.0。在无法得到标准秋眠级品种的情况下，利用已知秋眠级的品种对未知秋眠级苜蓿品种的秋眠级评定是可行的，为育种材料、品系或品种进行秋眠级初步测定提供了一种方法。

**参考文献**


[1]于林清,云锦凤,萨仁,等. 紫花苜蓿国家审定品种的产量、再生性、秋眠性及持久性测定分析[J]. 草原与草坪. 2006, 2006(05): 12-17.

[2]赵建涛,岳亚飞,张前兵,等. 不同秋眠级紫花苜蓿品种抗寒性对新疆北疆地区覆雪厚度的响应[J]. 草业学报. 2022, 31(08): 24-34.

[3]郑敏娜,梁秀芝,韩志顺,等. 不同苜蓿品种在雁门关地区的生产性能和营养价值研究[J]. 草业学报. 2018, 27(05): 97-108.

[4]Beauregard M S, Hamel C, Atul-Nayyar, et al. Long-Term Phosphorus Fertilization Impacts Soil Fungal and Bacterial Diversity but not AM Fungal Community in Alfalfa[J]. Microbial ecology. 2010, 59(2): 379-389.

[5]雷会义,覃宗泉,郭中茂,等. 岩溶区4种紫花苜蓿免耕栽培生长表现[J]. 草地学报. 2019, 27(03): 612-619.

[6]夏静,南丽丽,陈洁,等. 低磷胁迫下不同根型苜蓿形态及生理响应[J]. 中国草地学报. 2023, 45(10): 58-67.

[7]曹宏,章会玲,盖琼辉,等. 22个紫花苜蓿品种的引种试验和生产性能综合评价[J]. 草业学报. 2011, 20(06): 219-229.

[8]刘志英. 不同苜蓿品种秋眠级评定及其对越冬率的影响机理[D]. 北京:中国农业科学院, 2017.

[9]王绛辉,卢欣石,严秀将,等. 澳大利亚苜蓿抗寒性研究进展[J]. 中国农学通报. 2007,2007(08): 44-47.

[10]Teuber L R, Taggard K L, Gibbs L K, et al. Fall dormancy. Http: www. naaic. org/stdtests/dormacy2. 1998.

[11]孙启忠,王宗礼,徐丽君. 旱区苜蓿[M]. 北京:科学出版社, 2014:117

[12]方珊珊,孙启忠,闫亚飞,等. 45个苜蓿品种秋眠级初步评定[J]. 草业学报. 2015, 24(11): 247-255.

[13]王晓龙,李红,米福贵,等. 不同秋眠级苜蓿生产性能及越冬率评价[J]. 草业学报. 2019, 28(06): 82-92.

[14]刘玉华,贾志宽. 苜蓿秋眠性的研究进展[J]. 陕西农业科学. 2002, 2002(07): 20-22.

[15]李向林,万里强. 苜蓿秋眠性及其与抗寒性和产量的关系[J]. 草业学报.2004, 2004(03): 57-61.

[16]Djaman K,O Neill M,Lauriault L,et al. The Dynamics of Forage Yield of Different Fall Dormancy Rating Alfalfa Cultivars in a Semiarid Climate[J]. Agricultural research (India : Online). 2021, 10(3): 378-389.

[17]万里强,李向林,何峰. 苜蓿秋眠性的测度及应用: 中国草学会饲料生产专业委员会第十六次学术研讨会[Z]. 中国四川成都: 2011.

[18]何仕荣,雷会义,李龙兴,等. 13个紫花苜蓿品种在关岭自治县的种植试验[J]. 贵州畜牧兽医. 2023, 47(05): 65-68.

[19]郑晓凯,施赛峰,张辉,等. 阿勒泰地区不同秋眠级紫花苜蓿引进品种生产性能初探[J]. 农业与技术. 2023, 43(23): 6-11.

[20]闫亚飞,柳茜,高润,等. 不同苜蓿品种秋眠级评定及产量性状的初步分析[J]. 中国草地学报. 2016, 38(05): 1-7.
[21]邓蓉,向清华,陈武,等. 紫花苜蓿秋眠性的研究[J]. 草业科学. 2005, 2005(02): 41-44.
[22]史纪安,刘玉华,贾志宽. 紫花苜蓿第1茬地上部干物质生长过程与有效积温的关系[J]. 草业科学. 2009, 26(08): 81-86.
[23]Cunningham S M P U, Volenec J J, Teuber L R. Plant survival and root and bud composition of alfalfa populations selected for contrasting fall dormancy[J]. Crop science. 1998, 38(4): 962-969.
[24]齐江姣. 不同秋眠级紫花苜蓿再生差异基因功能的研究[D]. 石河子: 石河子大学, 2023.

# 乳酸菌添加剂对燕麦青贮饲料营养成分影响的 Meta 分析

张洪瑞[1]，郝迎辰[1]，李雨嘉[1]，秦子旸[1]，玉柱[1]*

（1.中国农业大学草业科学与技术学院，北京 100193）

**摘要：**本文旨在利用 Meta 分析法研究在燕麦青贮饲料中接种乳酸菌对营养成分的影响。以乳酸菌和燕麦青贮饲料为关键词，检索中国知网、万方、维普、Web of Science、PubMed 和 Science Direct 自 2000 年至 2023 年 8 月的文献并进行筛选，采用 Stata17.0 软件汇总纳入文献的研究结果。结果显示：在统计学上，乳酸菌添加剂可以显著提高燕麦青贮饲料的干物质、粗蛋白和可溶性碳水化合物含量（$P$<0.05）；根据添加的乳酸菌类型进行亚组分析，不同类型乳酸菌对营养成分的影响效果不一致，燕麦青贮饲料中添加复合乳酸菌的效果最佳。

**关键词：**乳酸菌；燕麦；青贮饲料；Meta 分析

# Meta-analysis of the Effects of Lactic Acid Bacteria on Nutrient Composition of Oat Silage

Zhang Hong-rui[1], Hao Ying-chen[1], Li Yu-jia[1], Qin Zi-yang[1], YU Zhu[1]*

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

**Abstract:** This paper aims to conduct a meta-analysis to investigate the influence of adding lactic acid bacteria on the nutritional composition of oat silage. With "lactic acid bacteria" and "oat silage" as key search terms, articles published between 2000 and August 2023 were retrieved and screened from databases including China National Knowledge Infrastructure (CNKI), Wanfang Data, VIP Information, Web of Science, PubMed, and Science Direct. The research outcomes from the included studies were synthesized using Stata 17.0 software. The results showed that statistically, the supplementation of lactic acid bacteria significantly increases the dry matter, crude protein, and soluble carbohydrate content in oat silage ($P$ < 0.05). Subgroup analyses based on different types of lactic acid bacteria reveal inconsistent impacts on the nutritional components, with the best effect observed when complex lactic acid bacteria strains are added to the oat silage.

**Key words**: Lactic acid bacteria; Oat; Silage; Meta-analysis

随着我国动物性食品需求量不断增长，现有饲草供应远远不足以满足畜牧业生产需求。燕麦(Avena sativa L.) 作为一种粮饲兼用型作物，具有喜冷凉湿润、耐寒耐旱、耐瘠薄和耐盐碱等生物学特性，已成为我国广泛种植的禾本科饲草[1]。燕麦利用形式多样，不仅可刈割后饲喂，还可调制成干草或青贮饲料。然而，燕麦干草调制易受天气影响，若是在调制干草过程中，燕麦被雨淋湿，容易导致燕麦干草发霉变质，降低营养价值。与干草相比，青贮可减少因雨淋湿等天气影响造成的营养物质损失。此外，青贮不仅能最大程度上保持燕麦营养价值，还可改善适口性并提高贮藏性能。不过，高寒地区受低温影响，青贮发酵进程缓慢。乳酸菌常用作添加剂以实现燕麦青贮饲料提质增效。Li 等[2]研究发现，接种乳酸菌可改变细菌群落组成，提高植物乳杆菌的优势地位，促进燕麦青贮饲料在青藏高原的发酵进程。

营养成分是反映燕麦青贮品质的重要指标。但是，由于乳酸菌种类众多，添加方式和添加量不同，青贮效果也存在差异。因此，本研究拟采用 Meta 分析方法探讨乳酸菌对燕麦青贮饲料营养品质的影响。Meta

基金项目：国家重点研发计划“政府间国际科技创新合作”重点专项(2022YFE0111000)；青海省玉树州杂多县特色养殖业提质增效关键技术集成与示范(2022YFD1602305)；草食畜牧业增量提质科技创新合作（DL2023108002L）

作者简介：张洪瑞（1999-），男，四川成都人，在读硕士研究生，主要从事饲草加工与利用研究，E-mail: 2366550949@qq.com;
*通信作者：玉柱，E-mail: yuzhu33150@sina.com

分析是通过统计学对多个具有同质性的研究结果进行综合分析的方法[3]。本研究搜集整理有关乳酸菌对燕麦青贮饲料营养品质影响的试验数据，进行 Meta 分析，以期得到定量分析结果，为燕麦青贮饲料中乳酸菌的应用提供理论依据。

# 1 材料与方法

## 1.1 文献检索

本研究文献检索数据库包括：中国知网、万方、维普、Web of Science、PubMed 和 Science Direct。检索年限为 2000 年至 2023 年 8 月 31 日。中文检索的关键词包括乳酸菌、燕麦、青贮和燕麦青贮；英文检索关键词包括：Lactic acid bacteria、Oats、Silage、Oats silage。根据不同数据库的检索特点，分别采用将主题词和自由词相结合的方式进行文献检索并下载。

## 1.2 文献纳入标准

文献纳入标准为：1）研究对象为全株燕麦青贮；2）燕麦青贮时使用乳酸菌作为添加剂并以空白或生理盐水为对照；3）包含干物质（DM）、粗蛋白（CP）、可溶性碳水化合物（WSC）、中性洗涤纤维（NDF）和酸性洗涤纤维（ADF）等主要营养成分数值并给出标准差（SD）或标准误（SE）数值；4）已发表报道的随机对照试验；5）明确了乳酸菌种类等主要影响因素；6）包含以乳酸菌为主的复合乳酸菌添加剂。

## 1.3 文献排除标准

文献排除标准为：1）非试验性研究；2）非全株燕麦青贮及全株燕麦与其他饲草混贮；3）各数据库中重复和无空白对照组文献，综述类和会议文献；4）非中文或英文文献；5）数据不完整或数据明显有误的文献。

## 1.4 数据资料提取

从纳入文献中提取以下数据：1）第一作者和发表时间；2）对照组（CK）和试验组（T）样本量；3）乳酸菌种类；4）DM、CP、WSC、NDF 和 ADF 平均值及其 SD 或 SE 等数据。

## 1.5 产出指标

统计分析指标分别为 DM、CP、WSC、NDF 和 ADF 含量以及乳酸菌种类。将乳酸菌类型分为 3 组，即同型发酵乳酸菌、异型发酵乳酸菌和复合乳酸菌。

## 1.6 统计分析

本研究运用 Stata17.0 进行数据分析和绘制图形，鉴于纳入文献的测量方法、时间和单位有所差异，故选择使用标准化均数差（standardized mean difference, SMD）作为效应指标。将 0 值作为无效值，设定 95%置信区间，即 95%CI。当分析结果的 95%置信区间跨越无效值时，采用卡方检验和 $I^2$ 统计量。

# 2 结果与分析

## 2.1 文献检索与筛选结果

通过 6 个数据库检索共获得相关文献 818 篇，通过阅读文献以及排除综述、会议论文、与全株燕麦青贮饲料营养成分无关等文献，最终纳入文献 15 篇。

表 1　纳入文献基本信息

Table 1 Basic information of the included literature

| 编号 No. | 作者（年份） Author （Year） | 乳酸菌类型 Lactic acid bacteria types | 样本 Sample | | 结局指标 Outcome measures |
|---|---|---|---|---|---|
| | | | CK | T | |
| 1 | 李海萍等（2023） | 同型、异型 | 3 | 3 | ②③ |
| 2 | 彭丹等（2023） | 复合 | 3 | 3 | ② |
| 3 | 曹晓娟等（2022） | 复合 | 3 | 3 | ①②③ |
| 4 | 段娜宁（2022） | 同型、异型 | 3 | 3 | ①②③ |
| 5 | 田吉鹏等（2022） | 复合 | 3 | 3 | ①②③ |
| 6 | 肖燕子等（2022） | 同型 | 3 | 3 | ①②③ |

| | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|
| 7 | 王辉（2022） | 复合 | 3 | 3 | ②③ |
| 8 | 王福成等（2021） | 复合 | 3 | 3 | ①② |
| 9 | Zhu 等（2021） | 复合 | 3 | 3 | ①②③ |
| 10 | 陆永祥等（2020） | 异型 | 3 | 3 | ②③ |
| 11 | 朱九刚等（2020） | 同型 | 4 | 4 | ①②③ |
| 12 | 张越等（2019） | 复合 | 3 | 3 | ②③ |
| 13 | 贾婷婷等（2018） | 同型、异型 | 3 | 3 | ①②③ |
| 14 | 葛剑等（2015） | 复合 | 3 | 3 | ②③ |
| 15 | 覃方锉等（2014） | 复合 | 3 | 3 | ② |

### 2.2 乳酸菌对燕麦青贮饲料营养成分影响的 Meta 分析

由表 2 可知，同型发酵乳酸菌可提高 WSC 含量（SMD=3.39，*P*=0.024）；异型发酵乳酸菌可提高 CP 含量（SMD=0.90，*P*=0.027）和 WSC 含量（SMD=0.75，*P*=0.004），降低 DM 含量（SMD=-0.37，*P*=0.007）；复合乳酸菌可提高 CP 含量（SMD=1.27，*P*=0.030）和 WSC 含量（SMD=1. 54，*P*=0.000）。

表 2　乳酸菌对燕麦青贮饲料营养成分影响的 Meta 分析

Table 1 Meta-analysis of the Effects of LAB on Nutrient Composition of Oat Silage

| 指标 Index | 效应量 Effect Size | | | 异质性检验 Heterogeneity Test | |
|---|---|---|---|---|---|
| | n | SMD | 95%CI | $I^2$ | P值 |
| 同型 | | | | | |
| DM | 4 | 0.57 | -0.23，1.37 | 0 | 0.828 |
| CP | 6 | 1.63 | 0.69，2.57 | 50.6 | 0.088 |
| WSC | 5 | 3.39 | 1.04，5.75 | 64.4 | 0.024 |
| 异型 | | | | | |
| DM | 4 | -0.37 | -1.41，0.66 | 75.5 | 0.007 |
| CP | 5 | 0.90 | 0，1.80 | 63.5 | 0.027 |
| WSC | 6 | 0.75 | -0.83，2.33 | 70.8 | 0.004 |
| 复合 | | | | | |
| DM | 8 | 1.49 | 0.78，2.19 | 0 | 0.646 |
| CP | 14 | 1.27 | 0.72，1.82 | 56.2 | 0.030 |
| WSC | 11 | 1.54 | 0.18，2.89 | 69.4 | 0.000 |

注：n：样本比较数，SMD：标准化均数差，CI：置信区间。

Note: n: Sample number, SMD: Standardized mean difference, CI: Confidence interval.

## 3 讨论

本研究中，不同类型的乳酸菌添加剂对燕麦青贮饲料的营养成分均有不同程度的改善作用。这可能是因为接种乳酸菌后，可以加快乳酸产生，降低pH值以抑制有害微生物活性，从而确保燕麦青贮饲料的优质稳定状态。同型发酵乳酸菌具有提高WSC含量的作用，这可能是因为同型发酵乳酸菌通过产乳酸增强环境酸度，有利于纤维素降解，从而提高WSC的含量。异型发酵乳酸菌对DM含量具有降低作用，这可能是由于异型发酵乳酸菌在发酵过程中除了产生乳酸以外,还会产生乙酸、乙醇和二氧化碳等物质[4]。二氧化碳和其他挥发性脂肪酸的生成可能导致部分干物质以气体形式逸出，间接地降低了青贮饲料中的干物质含量。

## 4 小结

本研究结果显示，燕麦青贮饲料中添加乳酸菌能显著提高WSC含量。不同类型的乳酸菌添加剂发挥的作用不同，接种复合乳酸菌对营养成分的改善作用最有效。

## 参考文献

[1] 叶雪玲，甘圳，万燕，向达兵，邬晓勇，吴琪，刘长英，范昱，邹亮．饲用燕麦育种研究进展与展望[J]．草业学报，2023,32(02):160-177.

[2] Li L, Zhao H, Gou W, Lu G, Xiao B, Chen C, Li P. Effects of Lactic Acid Bacteria Inoculants and Stage-Increased Storage Temperature on Silage Fermentation of Oat on the Qinghai - Tibet Plateau[J]. FERMENTATION-BASEL, 2022,8(11).

[3] Jang J, Zeng Z, Urriola P E, Shurson G C. Effects of feeding corn distillers dried grains with solubles diets without or with supplemental enzymes on growth performance of pigs: a meta-analysis[J]. Translational Animal Science, 2021,5(2).

[4] Muck RE, Nadeau EMG, McAllister TA, Contreras-Govea FE, Santos MC, Kung L Jr. Silage review: Recent advances and future uses of silage additives. [J]. Dairy Science, 2018;101(5).

# [33]紫花苜蓿根系形态特征对不同播期的响应

李莎莎 杨 婴 徐艳霞 王晓龙 柴 华 吴 玥

（黑龙江省农业科学院畜牧兽医分院，黑龙江 齐齐哈尔 161005）

**摘要：**为了探索紫花苜蓿在齐齐哈尔地区的最晚播种期，本试验以龙牧 803 紫花苜蓿为试验材料，通过设定不同的晚播期，研究其对紫花苜蓿的出苗天数、越冬率、根系生长发育及草产量的影响。结果表明，不同播种期的出苗天数不同，7 月 8 日至 7 月 29 日播种的出苗天数最短为 4 天；除 T1 外，紫花苜蓿的根颈直径、根颈入土深度、主根直径、主根长度、须根数、分枝数与越冬率均随播种期的延后呈下降的趋势；7 月 8 日播种的紫花苜蓿产草量最高为 11302.79 kg/hm$^2$，播期越晚产量越低。研究表明，在齐齐哈尔地区紫花苜蓿能够安全越冬的最晚播期宜在 7 月 22 日之前。

**关键词：**紫花苜蓿；越冬率；根系特征；产草量；晚播期

# Response of morphological characteristics of alfalfa root system to different sowing dates

LI Sha-sha YANG Zhao XU Yan-xia WANG Xiao-long CHAI Hua

WU Yue

(Branch of Animal Husbandry and Veterinary, Hei long jiang Academy of Agricultural Sciences, Qiqihar, 161005, China)

**Abstract:** In order to explore the latest sowing date of alfalfa in Qiqihar, Longmu 803 alfalfa was used as experimental material, this text studied the effects of alfalfa on the emergence days, overwintering rate, root growth and grass yield by setting different late sowing periods. The results showed that the shortest emergence days from July 8 to July 29 were 4 days; the diameter of root neck, depth of root neck into soil, diameter of main root, length of main root, number of fibrous roots, number of branches and wintering rate of alfalfa all decreased with the delay of sowing date except T1; The highest yield of alfalfa was 11302.79 kg/hm$^2$ on July 8, and the yield of other treatments decreased with the sowing date. This studies had shown the latest sowing date for alfalfa to survive the winter in Qiqihar should be before July 22.

**Key words:** Alfalfa; Overwintering rate; Root characteristic; forage yield; late sowing date

紫花苜蓿（*Medicago sativa* L.）不仅是粗蛋白含量高、适应性强、多用途多年生优质豆科牧草，还可改良土壤、涵养水源、防风固沙，具有较高的经济价值和生态价值，是草食畜牧业发展不可或缺的物质基础，在草食畜产品安全生产及生态文明建设中起着重要的作用。苜蓿干草进口量自 2008 年到 2022 年从 1.8 万吨增长到 178 万吨，国内优质苜蓿草的需求量巨大，产业发展需求迫切[1]。

我国北方地区是苜蓿的主产区之一，能否安全越冬是限制北方地区苜蓿种植的关键因素[2]。松嫩平原西部地区是东北地区重要的农牧业生产基地，属典型的大陆性季风气候，冬季寒冷少雪，春季干旱多风，对多年生作物的越冬极具挑战[3]。植物根系是吸收养分和水分的主要器官，其形态和生理特性对植物地上部分的固定、产量和品质形成联系密切[4-6]。王晓龙等通过对不同秋眠级苜蓿根系性状指标进行分析，发现根颈直径、入土深度、根颈体积、根系长度、主根直径、侧根直径、侧根数量与越冬率关系密切[7]。苜蓿根颈中的抗氧化酶活性及非结构碳氮与苜蓿的抗寒性密切相关[8-10]。苜蓿在环境温度适宜的条件下尽早播种可以充分利用光热，保证苜蓿的生长发育，粗壮的根系利于苜蓿越冬[11]。有研究发现苜蓿的根颈越粗其耐寒能力越强[12]。在豆科牧草的补播实践中，播期是决定建植成败的关键因素之一[13]。然而苜蓿在高寒地区能够安全越冬的最晚播期罕见报道，故本试验通过研究不同晚播期对紫花苜蓿根系性状、越冬率和产量

[33] 作者简介：李莎莎，女，汉族，助理研究员，硕士研究生，主要从事牧草育种与栽培研究，Email：liheshasha@126.com

的影响，探究本地区紫花苜蓿能够安全越冬的最晚播期，以期为该区域紫花苜蓿播种以及草原补播紫花苜蓿提供科学依据，为本省奶业、畜牧业的健康可持续发展做出贡献。

# 1 材料与方法

## 1.1 试验地概况

试验地位于黑龙江省农业科学院畜牧兽医分院富拉尔基区试验基地。地处东经 123°41′，北纬 47°15′，春季干旱多风，冬季寒冷少雪，海拔 147 m，全年降水量 346 mm，无霜期 130~140 d，极端最高气温 37.5 ℃，最低气温-39.5 ℃，年有效积温（≥10 ℃）2722.1 ℃。土壤为黑风沙土，土壤有机质 2.2%~2.6%，速效氮为 8.5 mg/kg，速效磷为 2.5 mg/kg，速效钾为 105.5 mg/kg，土壤 pH 值 7.4。

## 1.2 试验材料与方法

供试紫花苜蓿品种为龙牧 803 苜蓿，由黑龙江省农业科学院畜牧兽医分院提供。试验于 2020-2021 年进行，小区面积为 7.5 $m^2$（长 5 m×宽 1.5 m）。采用随机区组设计，3 次重复。条播，行距 30 cm，播深 1.5~2 cm，播量 22.5 kg/$hm^2$。常规田间管理，人工除杂草。共设置 7 个播种期，播期处理见表 1。

表 1 不同晚播期播种时间处理

Table 1 Treatments of seeding time for different late planting periods

| 处理 | 播种时间 |
|---|---|
| T1 | 7 月 1 日 |
| T2 | 7 月 8 日 |
| T3 | 7 月 15 日 |
| T4 | 7 月 22 日 |
| T5 | 7 月 29 日 |
| T6 | 8 月 5 日 |
| T7 | 8 月 12 日 |

## 1.3 测定项目及方法

### 1.3.1 出苗天数及越冬率调查

出苗天数：播种后随机在各小区选 3 个 1 m 长的样段，观测记录样段内的出苗情况，直至无新苗长出，记录出苗天数，14 天后结束统计。

越冬率：2020 年霜前，在每个小区内随机选取 3 个 1 m 长的样段，每个样段用彩色塑料杆标记，记录每个样段内的苜蓿植株总数。第二年返青后，再次记录各小区样段内的苜蓿株数。计算公式如下：

越冬率=返青株数/植株总数×100%

### 1.3.2 根系形态特征测定

2020 年霜前，在各小区样段外随机挖取 5 株植株（挖掘深度超过根系长度）带回实验室，清洗后用游标卡尺和直尺测定每株的根颈直径、根颈入土深度、主根直径、主根长度、须根数，记录每株的分枝数。

地上高度：用直尺测定根颈最上端到植株最高处的绝对高度。

### 1.3.3 产量测定

2021 年 6 月 20 日、7 月 20 日、9 月 10 日对各处理分别全区刈割，测定鲜草产量，各处理分别取 1 kg 鲜草，自然风干后，称鲜干重，计算干鲜比和干草产量。计算公式如下：

鲜干比=鲜草样重/干草样重

干草产量=鲜草产量/干鲜比

## 1.4 数据统计与分析

采用 Excel 2010 和 SPSS 22 进行数据处理和方差分析。结果以“平均值±标准差”表示，$P<0.05$ 表示差异显著。

# 2 结果与分析

### 2.1 不同晚播期对紫花苜蓿出苗及越冬率的影响

由表 2 可知，T2-T5 的出苗天数为 4 天，其余各处理的出苗天数为 5 天；越冬率最高为 T2 处理的 95.85%，除 T1 外，越冬率随播种期的延后逐渐降低，T2 和 T3 的越冬率分别显著高于 T1 和 T5 处理（$P<0.05$），与 T6 和 T7 处理差异极显著（$P<0.01$）。

表 2　不同晚播期紫花苜蓿的出苗天数和越冬率

Table 2 Days to emergence and overwintering rate of alfalfa at different late sowing stages

| 处理 | 出苗天数 | 越冬率/% |
|---|---|---|
| T1 | 5 | $83.62\pm9.35^{ABb}$ |
| T2 | 4 | $95.85\pm11.18^{Aa}$ |
| T3 | 4 | $95.33\pm14.63^{Aa}$ |
| T4 | 4 | $87.63\pm10.22^{ABab}$ |
| T5 | 4 | $76.61\pm12.50^{ABbc}$ |
| T6 | 5 | $72.04\pm8.19^{Bc}$ |
| T7 | 5 | $58.66\pm9.32^{Bd}$ |

注：1.同列不同小写字母表示差异显著（$P<0.05$），大写字母表示差异极显著（$P<0.01$），下表同。

### 2.2 不同晚播期对越冬前紫花苜蓿株高与根系性状的影响

由表 3 可知，不同晚播期的紫花苜蓿种植当年地上高度随播种期的延后呈下降趋势，种植当年最高的为 T1 处理 38.15 cm，最矮的为 T7 处理 5.88 cm，二者之间差异极显著（$P<0.01$）；T1-T4 处理间根颈直径差异不显著（$P>0.05$），4 个处理分别与其余各处理差异显著（$P<0.05$）；除 T1 处理外，其他处理的根颈入土深度随播期的推迟逐渐下降，T1 和 T2 处理与 T6 和 T7 处理差异极显著（$P<0.01$）；主根直径最大的是 T3 处理 3.22 cm，T1-T4 各处理分别与 T5-T7 各处理差异显著（$P<0.05$）；除 T1 外，主根长度、须根数、分枝数均随播期延后呈下降趋势，7 月 29 日及以后播种的紫花苜蓿降低幅度显著（$P<0.05$）。

表 3 不同晚播期对紫花苜蓿越冬前株高与根系性状的影响

Table 3 Effects of different late sowing stages on plant height and root traits of alfalfa before overwintering

| 处理 | 地上高度/cm | 根颈直径/cm | 根颈入土深度/cm | 主根直径/cm | 主根长度/cm | 须根数 | 分枝数 |
|---|---|---|---|---|---|---|---|
| T1 | $38.15\pm2.96^{Aa}$ | $3.70\pm0.21^{a}$ | $1.57\pm0.05^{Aa}$ | $2.93\pm0.12^{a}$ | $29.42\pm2.56^{Aa}$ | $2.67\pm0.21^{Aa}$ | $3.38\pm0.25^{a}$ |
| T2 | $33.59\pm3.12^{Aa}$ | $4.03\pm0.09^{a}$ | $1.76\pm0.07^{Aa}$ | $2.95\pm0.08^{a}$ | $30.90\pm2.08^{Aa}$ | $2.75\pm0.18^{Aa}$ | $3.00\pm0.33^{a}$ |
| T3 | $25.82\pm1.05^{ABab}$ | $3.92\pm0.33^{a}$ | $1.10\pm0.11^{ABb}$ | $3.22\pm0.24^{a}$ | $30.40\pm1.56^{Aa}$ | $1.40\pm0.11^{ABb}$ | $2.91\pm0.15^{a}$ |
| T4 | $18.45\pm2.51^{ABb}$ | $3.68\pm0.71^{a}$ | $0.89\pm0.04^{ABb}$ | $3.09\pm0.15^{a}$ | $27.18\pm2.74^{Aa}$ | $1.40\pm0.07^{ABb}$ | $2.11\pm0.04^{b}$ |
| T5 | $13.82\pm1.34^{Bb}$ | $2.77\pm0.16^{b}$ | $0.73\pm0.06^{ABb}$ | $2.33\pm0.09^{b}$ | $19.0\pm1.85^{ABb}$ | $0.4\pm0.01^{Bc}$ | $2.00\pm0.10^{b}$ |
| T6 | $10.09\pm0.72^{Bb}$ | $2.34\pm0.18^{b}$ | $0.36\pm0.02^{Bb}$ | $1.84\pm0.07^{b}$ | $15.64\pm0.87^{ABb}$ | $0\pm0.00^{Bc}$ | $1.50\pm0.06^{b}$ |
| T7 | $5.88\pm0.25^{Bb}$ | $1.46\pm0.23^{b}$ | $0.31\pm0.05^{Bb}$ | $1.01\pm0.04^{b}$ | $3.00\pm0.24^{Bc}$ | $0\pm0.00^{Bc}$ | $1.33\pm0.05^{b}$ |

### 2.3 不同晚播期对紫花苜蓿产量的影响

由表 4 可知，刈割前不同播期的紫花苜蓿株高最高为 T4 处理 72.37 cm，最矮为 T5 处理 65.86 cm，各处理之间差异不显著（$P>0.05$）；干鲜比在 3.11~3.43 之间，不同播期之间差异不显著（$P>0.05$）；干草产量最高的为 T2 处理 11302.79 kg/hm$^2$，最低为 T7 处理 7020.65 kg/hm$^2$，二者之间差异显著（$P<0.05$），7 月 22 日及以前播种的四个处理之间差异不显著（$P>0.05$）。

表 4 不同晚播期对紫花苜蓿产量的影响

Table 4 Effect of different late sowing periods on alfalfa yield

| 处理 | 株高/cm | 鲜干比 | 干草产量/(kg/hm$^2$) |
|---|---|---|---|
| T1 | $67.84\pm11.30^{a}$ | $3.43\pm0.21^{a}$ | $10070.59\pm109.53^{ab}$ |
| T2 | $71.13\pm5.84^{a}$ | $3.33\pm0.09^{a}$ | $11302.79\pm578.16^{a}$ |
| T3 | $72.25\pm7.62^{a}$ | $3.38\pm0.15^{a}$ | $11034.42\pm384.40^{a}$ |

| | | | |
|---|---|---|---|
| T4 | 72.37±14.21[a] | 3.11±0.19[a] | 10460.07±251.47[ab] |
| T5 | 65.86±6.33[a] | 3.28±0.07[a] | 9477.09±75.49[bc] |
| T6 | 69.17±7.16[a] | 3.26±0.23[a] | 8346.57±214.52[c] |
| T7 | 70.66±7.94[a] | 3.63±0.40[a] | 7020.65±375.60[d] |

# 3 讨论

## 3.1 晚播对紫花苜蓿出苗天数的影响

种子萌发出苗阶段是对外界环境条件最为敏感的时期，光照、温度、覆土深度及土壤水分等环境因子是制约种子萌发的重要因素[14]。温度影响种子的大部分生理生化反应，低温会抑制种子萌发所需的各种酶活性，适宜的温度可以让酶活性保持较高的水平[15]。本研究结果表明，7 月 8 日至 7 月 29 日之间出苗天数相对较短，根据试验地当年的气象条件分析，7 月中下旬是全年日平均气温最高的时期。这与王英哲[16]、牛犇[17]的研究日均温的升高加快了出苗速度结果一致。王晓龙等[18]的研究发现，不同品种苜蓿的发芽指数和简化活力指数均随温度的升高逐渐上升。

## 3.2 晚播对紫花苜蓿根系生理指标和越冬率的影响

苜蓿播期的延迟缩短了植株生长发育时间，进而影响了根系的生长发育[19]。根系是苜蓿吸收、转化和储藏养分的器官，其生长发育状况直接影响其地上部分的生物产量[20]。有研究表明，根颈直径、根系入土深度、主根直径和须根数都与其越冬性能显著相关[21]。晚播缩短了植物生长发育的时间，光合产物在根系等越冬组织的积累相应减少，一定程度上降低了植物的越冬能力。本研究结果表明，7 月 8 日播种的苜蓿越冬率最高，之后播种的苜蓿越冬率随播期延迟逐渐降低；同时，随着播期的延迟，根颈直径、根颈入土深度、主根直径、主根长度、须根数与分枝数均呈下降的趋势，与越冬率的变化趋势相同。这与李强[19]、孙万斌[20]、朱爱民等[22]的研究结果一致。本研究中 7 月 1 日播种的紫花苜蓿越冬率小于 7 月 8 日和 7 月 15 日播种的原因可能是 7 月 1 日播种处理种植当年遭受菟丝子的危害，越冬前对其进行了齐地刈割。有研究显示，末次刈割时间不同越冬率差异显著[23]。

## 3.3 晚播对紫花苜蓿干草产量的影响

除与苜蓿品种自身特性因素相关外，苜蓿草产量受环境条件影响较大，其中种植密度是制约其产量生成的主要因素之一，过于稀疏无法充分利用单位面积内的光、水肥等，导致产量降低[24-25]。一般来说，作物群体的单位面积产量在一定范围内随密度的增加呈线性提高，密度过高，影响群体内的通风和透光，进而影响生长发育不利于产量的提高；密度过低，单株产量大，但是群体产量严重受限[26]。本研究的结果表明，7 月 8 日播种的紫花苜蓿干草产量最高，其变化趋势与越冬率一致，越冬率越低，植株密度越小，干草产量越低。越冬率高时，翌年紫花苜蓿植株密度较大，干草产量大；越冬率降低，翌年植株密度降低，干草产量随之降低。7 月末之后播种的紫花苜蓿产量显著降低，从产量角度来看，在齐齐哈尔的气候环境条件下，苜蓿的最晚播期不宜晚于 7 月中旬。

# 4 结论

本研究结果表明，根颈直径、根颈入土深度、主根直径、主根长度、越冬率及产量均随晚播期的延后呈下降趋势，7 月 29 日及以后播种的紫花苜蓿越冬率和干草产量显著下降。综上，齐齐哈尔及相同气候环境条件的地区紫花苜蓿最晚播期不宜晚于 7 月 22 日，晚于 7 月 22 日播种则会直接影响紫花苜蓿翌年越冬，导致草产量显著降低。

**参考文献：**

[1] 张林萍.走出一条质量高、效益好、结构优的新路子[N].中国畜牧兽医报,2023-3-26(1).

[2] 陈宝书.牧草饲料作物栽培学[M].北京:中国农业出版社,2001.

[3] 那佳,黄立华,晏益民,等.松嫩平原西部盐碱地紫花苜蓿产量和品质对刈割频次与施肥的响应[J].农业资源与环境学报,2021,38(5):882-890.

[4] 潘新雅.紫花苜蓿根系性状的多样性及其对水磷供应的响应[D].西北农林科技大学,2022.

[5] 杨建昌.水稻根系形态生理与产量、品质形成及养分吸收利用的关系[J].中国农业科学,2011,44(1):36-46.

[6] Lu W, Wang X C, Wang F J. Adaptive minirhizotron for pepper roots observation and its installation based on root system architecture traits[J]. Plant Methods, 2019(29):15:29.
[7] 王晓龙,杨婴,来永才,等.不同秋眠等级苜蓿根系性状对越冬的影响[J].草业学报,2023,32(1):144-153.
[8] Sminth D. Winter injury and the survival of forage plants[J].Herb Abstr,1964(33):203-209.
[9] 简令成.生物膜与植物寒害和抗寒性的关系[J].植物学通报,1983(1):19-25.
[10] 杜永吉,于磊,孙吉雄,等.结缕草 3 个品种抗寒性的综合评价[J].草业学报,2008(3):6-16.
[11] 朱爱民,黄卫丽,韩国栋,等.不同根颈直径苜蓿生理生化特性对低温胁迫的响应[J].草地学报,2021,29(10):2214-2220.
[12] Schwab P M, Barnes D K, Sheaffer C C. The relationship between field winter injury and fall growth score for 251 alfalfa cultivars[J]. Crop Science, 1996(36):418-426.
[13] 李强,丛山,赵成振,等.播期和播前刈割对羊草草甸中紫花苜蓿建植的影响[J].草业学报,2022,31(11):94-104.
[14] 李阳,亓雯雯,李绍阳,等.苜蓿种子萌发和幼苗生长对温度、光照和埋深的响应[J].生态学杂志,2021,40(2):332-339.
[15] 孙守江,唐艺涵,马驭,等.紫花苜蓿种子吸胀期胚根线粒体 AsA-GSH 循环对低温胁迫的响应[J].草业学报,2023,32(3):152-162.
[16] 王英哲,徐博,徐安凯,等.播期对紫花苜蓿草产量、生长发育及越冬率的影响[J].中国农学通报,2015,31(8):16-20.
[17] 牛犇,杜文华.不同播种时期对紫花苜蓿出苗及越冬率的影响[J].甘肃畜牧兽医,2018,48(4):75-76+87.
[18] 王晓龙,杨婴,李红,等.6 个苜蓿品种种子萌发对低温的响应[J].中国草地学报,2022,44(7):79-86.
[19] 李强,周道玮,张慧.9 种豆科饲草越冬性能对晚播期的响应[J].草业科学,2018,35(8):1899-1909.
[20] 孙万斌,马晖玲,周青平,等.高寒半湿润地区不同苜蓿品种越冬期根系生理及构型特征[J].草地学报,2022,30(4):919-930.
[21] 崔国文.紫花苜蓿田间越冬期抗寒生理研究[J].草地学报,2009,17(2):145-150.
[22] 朱爱民,韩国栋,张玉霞,等.不同播种时期对紫花苜蓿越冬率影响及分析[J].草地学报,2020,28(2):446-453.
[23] 王伟东,邓波,王显国,等.末次刈割时间对科尔沁沙地苜蓿越冬率及根系营养物质含量的影响[J].草地学报,2017,25(4):810-813.
[24] 孟凯,李星月,贾振宇,等.种植密度对内蒙古中部地区苜蓿生长,饲草产量及营养品质影响[J].草业学报,2019,28(7):73-81.
[25] 魏永鹏,南丽丽,于闯,等.种植密度和行距配置对紫花苜蓿群体产量及品质的影响[J].草业科学,2017,34(9):1898-1905.
[26] 张德,龙会英,曾丽萍.种植行距对紫花苜蓿生产性能和营养价值的影响[J].中国草食动物科学,2023,43(2):69-72.

# “粮改饲”试点政策效果评价—基于农户收入的视角

张文娥[1]　谢先雄[2]　赵敏娟[1,3*]

（1. 西北农林科技大学经济管理学院，陕西 杨凌 712100；2. 湖南农业大学经济学院，湖南 长沙 410125；3. 西安财经大学，陕西 西安 710100）

**摘要：**“粮改饲”试点政策是调整优化农业结构、助推草食畜牧业高质量发展的重要途径，而保障农户收入是“粮改饲”试点政策落实与持续推进的重要前提。本文基于农牧交错带 1 479 个农户调查数据，运用内生转换回归模型（ESR）实证检验了“粮改饲”试点政策对农户收入的影响，并进一步考察了这一影响的异质性。研究发现：第一，参与“粮改饲”试点政策能够显著提升农户收入。在反事实假设情境下，参与“粮改饲”试点政策的农户若未参与“粮改饲”，其收入将下降 17.91%。这一增收效应在不同收入水平的农户群体间存在差异，突出表现为“宜富不宜贫”的特点。第二，异质性分析证实，参与“粮改饲”试点政策的增收效应在不同改种程度和不同养殖规模的农户群体间均存在明显差异，表现为改种程度在 75～100 之间、养殖规模在 30～100 个羊单位之间的农户群体，其参与“粮改饲”试点政策对收入的促进效果更好。

关键词：“粮改饲”试点政策；农户收入；内生转换回归模型

**中图分类号：**F327　　**文献标识码：**A

# Evaluation of the effect of the pilot policy of "food-fodder change" - from the perspective of farmer's income

ZHANG Wen-e[1]　XIE Xian-xiong[2]　ZHAO Min-juan[1,3]

(1. College of Economics and Management Northwest A&F University, Yangling, Shaanxi 712100;
2 College of .Economic Hunan Agricultural University, Changsha, Hunan, 410125;
3. Xi’an University of Finance and Economics, Xi’an 710100, China)

**Abstract:** The pilot policy of “food-fodder change” is an important way to adjust and optimize the agricultural structure and promote the high-quality development of herbivory animal husbandry, and ensuring farmers’ income is an important prerequisite for the implementation and continuous promotion of the pilot policy of “food-fodder change”. Based on the survey data of 1 479 farmers in the agro-pastoral zone, this paper empirically tested the impact of the pilot policy of “food-fodder change” on farmers' income by using endogenous transformation regression model (ESR), and further investigated the heterogeneity of this impact. The research findings are as follows: First, participating in the “food-fodder change” pilot policy can significantly increase farmers' income. In

收稿日期：2024-4-6
基金项目：农业部、财政部重点专项基金项目 (CARS-07-F-1)；国家自然科学基金面上项目 (72173097)；国家社会科学基金重大项目 (22&ZD083)资助
作者简介：张文娥（1993-），女，甘肃定西人，博士研究生，主要研究方向为农业经济与管理，E-mail：2314949615@qq.com；*通信作者 Author for correspondence, E-mail: minjuan.zhao@nwsuaf.edu.cn

the counterfactual hypothesis scenario, if farmers participating in the pilot policy of “food-fodder change” do not participate in “food-fodder change”, their income will decline by 17.91%. The effect of income increase is different among different income groups, which is characterized by "suitable for rich but not poor". Second, the heterogeneity analysis confirmed that the income increase effect of participating in the “food-fodder change” pilot policy was significantly different among farmer groups with different seed conversion degrees and different farming scales. It was shown that the farmer groups with a seed conversion degree between 75 and 100 and a farming scale between 30 and 100 sheep units had a better income promotion effect from participating in the “food-fodder change” pilot policy.

**Keywords:** The pilot policy “food-fodder change″; farmers’ income; Endogenous transformation regression model

2015 年，中央一号文件首次提出并开展“粮改饲”试点工作。所谓“粮改饲”试点政策，就是以经济补偿方式激励农户开展青贮玉米等优质饲草料种植，引导畜牧养殖从籽粒玉米饲喂向青贮玉米饲喂的适度转变。其政策的宏观目标在于通过种养结合的方式推动试点区域农业结构调整[1]，微观层面则以促进农户增收为最终目的。农户作为“粮改饲”试点政策落实的关键利益群体，稳定并提升其收入是政策得以持续推进的重要前提[2]。理论上，若农户因参与“粮改饲”而使得其收入降低，短期来看，这会挫败农户参与“粮改饲”的积极性，增加中途退出风险，导致政策的不可持续；长期来看，这会加剧农户对该政策的负面预期，制约政策实施的有效性和持续性。然而，“粮改饲”试点政策已实施 8 年，但该政策在农户层面是否实现了稳收增收的目标并不明朗。实践中，部分农户参与“粮改饲”试点政策的积极不高，中途退出现象时有发生。基于这一现实背景，亟需明确参与“粮改饲”对农户收入的影响，这不仅有助于研判“粮改饲”试点政策的实施效果，也对完善政策实施方案以激励农户持续参与行为具有重要的现实意义。

梳理国内外现有文献发现，目前学界缺乏“粮改饲”试点政策对农户收入影响的关注。既有研究主要围绕各试点地区“粮改饲”试点政策的实施现状、问题与成效[3-4]、“粮改饲”试点政策的技术保障措施[5-6]、“粮改饲”政策的实施效果[7-9]等问题开展。以农户收入视角开展“粮改饲”试点政策效果评价的文献鲜见。基于此，本文利用农牧交错带的实地调研数据，采用内生转换模型（Endogenous transformation regression model，简称 ESR 模型），基于理论分析框架，实证检验了参与“粮改饲”试点政策对农户收入的影响，并进一步剖析了这一影响的群组异质性。值得一提的是，本研究采用 ESR 模型充分考虑了可观测因素和不可观测因素导致的选择性偏误问题，通过构造“反事实”分析框架使得估计结果更为科学，实证结果可为“粮改饲”试点政策在农户微观层面的实施效果提供经验证据。

# 1 理论分析与研究方法

## 1.1 理论分析

理论上，农户参与“粮改饲”试点政策可通过直接和间接两种作用机制影响家庭总收入。

**1.1.1 直接作用机制** 参与“粮改饲”试点政策主要通过影响转移性收入和种植业收入进而影响农户总收入。一方面，农户作为“粮改饲”试点政策参与主体，为弥补部分生产成本和激励农户参与“粮改饲”试点政策的积极性，国家通过财政手段给予项目实施主体必要的资金补贴（主要为青贮玉米种植补贴，不超过 60 元/吨）。补贴资金打入农户的“一卡通”账户，直接增加了农户当年的转移性收入。另一方面，“粮改饲”试点政策的实施方式为调减籽粒玉米种植面积，增加青贮玉米的种植面积。据笔者调查，一亩中等农田种植籽粒玉米产量基本在 400～750 公斤，而种植青贮玉米亩产可达 4000～8000 公斤。按照当年籽粒玉米和青贮玉米的市场价格计算（2.2 元/公斤和 0.32 元/公斤），一亩中等农田种植籽粒玉米的收入为 880～1650 元，种植青贮玉米的收入为 1280～2560 元。理论上，农户通过参与“粮改饲”，可直接提升当年的种植业收入。

**1.1.2 间接作用机制** 参与“粮改饲”试点政策主要通过影响农户家庭的土地、资本、劳动力等可变生产

要素间接影响农户收入。具体而言：首先，与种植籽粒玉米相比，种植青贮玉米不仅可提前 1～2 月完成收割，省去了种植籽粒玉米时追肥、打药、脱粒、晾晒等环节；同时，还提高了农业机械化程度，实现对劳动力的部分替代[10]，减轻了劳动力在种植业生产中的投入时间和投入强度[11]。这些劳动力、资本等可变要素在家庭内部经过再调整被分配至其他生产部门，以实现家庭收益最大化：一是，在以农牧业收入为主要生计方式的农牧交错带，这部分因种植青贮玉米被挤出的劳动力和资本要素更多被配置于畜牧业生产，增加畜牧业投资，如购买家畜、修建饲草料贮存基地和家畜保暖棚圈等；同时，农户通过种植青贮玉米转变了家畜饲喂模式，提高了家畜生产性能[12-13]，进而增加畜牧业收入。二是，由于畜牧业吸收了大部分劳动力，因此降低了劳动力在非农部门的分配比重，家庭非农就业人数减少，使得非农收入下降。三是，在政府推动青贮玉米规模化种植的背景下，农户更倾向转入耕地或者减少耕地转出来达到青贮玉米种植效益的最大化，进而减少了农户的财产性收入。由此可见，参与“粮改饲”试点政策对农户收入影响的间接作用机制主要表现为增加畜牧业收入、减少非农收入和财产性收入三条路径。

综上所述，在理论层面，农户参与“粮改饲”试点政策至少能够从以上直接和间接两条作用机制对农户总收入产生影响，但最终影响效应如何，尚需运用经验事实予以检验。

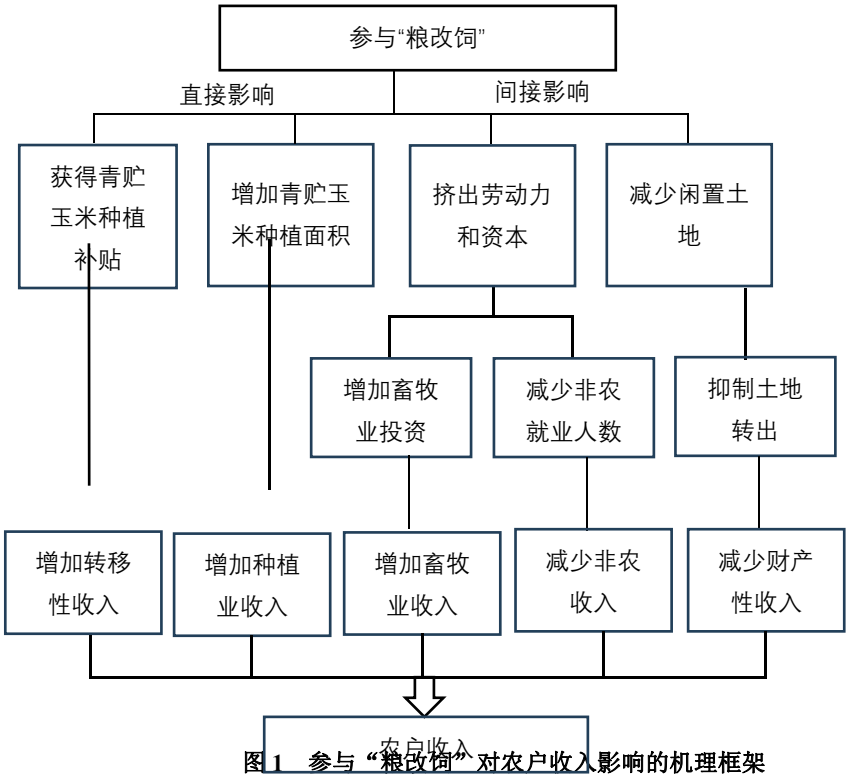



**图 1　参与“粮改饲”对农户收入影响的机理框架**

## 1.2　研究方法

**1.2.1 数据来源**　北方农牧交错带种养脱节问题突出，优质饲草料发展滞后，严重制约了草食畜牧业的持续发展，农业结构调整已成为该地区刻不容缓的战略问题。2020 年，农业农村部在印发的《2020 年畜牧兽医工作要点》文件中指出，要将“粮改饲”实施的重点区域转移至北方农牧交错带。基于此，课题组于 2022 年 8 月对农牧交错带陕西、甘肃两省开展农户实地调研。调研采用分层和随机抽样相结合的方法，首先，在综合考虑试点区域种养规模、经济发展水平等因素的基础上，分别从陕西、甘肃两省选取榆林市和庆阳市作为样本市，并根据两市“粮改饲”试点情况，分别从每个市选取 2～3 个试点县作为样本县区；其次，在每个样本县区选取 4～5 个样本乡镇，在样本乡镇内选取 3～4 个样本行政村；最后，在每个样本村中随机选择 14～17 个玉米种植户进行一对一随机访谈。此次调查共涉及到 2 省 2 市 5 县 24 个乡镇 96 个行政村，累计发放农户问卷 1600 份，村级问卷 80 份，剔除关键信息不匹配、变量缺失严重等问卷后，得到有效农户问卷 1479 份（“参与户”和“非参与户”分别为 662 份和 817 份），问卷有效率分别为 91.5%。

**1.2.2 变量设置**　因变量　借鉴已有文献[14-15]，本文的因变量为农户总收入，收入结构包括种植业收入、

畜牧业收入、非农收入、转移性收入和财产性收入。

自变量 是否参与“粮改饲”试点政策 根据问卷中“2021 年是否种植青贮玉米并获得补贴”进行判断，若农户回答“是”，赋值为 1，反之赋值为 0。

控制变量 借鉴相关研究并结合实际调研情况，本文选取了可能影响农户收入的控制变量，涉及受访者个人特征、家庭特征、农牧业经营特征、外部环境和村庄特征 5 方面。

工具变量 为了保证模型的可识别性，本文借鉴 Yang 等[16]做法，选择“村庄地形”作为工具变量。基于以下考虑，青贮玉米需要专业的青贮机械进行收割与贮存，而村庄内地表起伏在一定程度上增加了青贮机械作业的难度。一般来说，山区地块面积较小、形状不规则且坡度较大，青贮机械田间可达性低，降低农户参与“粮改饲”试点政策的可能性。但地形又是一个村庄内天然存在的重要自然条件，是在“粮改饲”试点政策实施之前就客观存在的，并不会对农户收入产生直接影响。因此，本文认为，选择“村庄地形”作为工具变量满足外生性条件。各变量的定义与描述性统计结果如表 1 所示。

表 1 汇报了参与“粮改饲”和未参与“粮改饲”各组变量间 t 检验结果，未控制农户其他经济特征的情况下，是否参与“粮改饲”对农户收入的影响在 1%统计水平上显著为正。尽管从直观来看，两组样本均值的收入差值存在显著差异，但并不能直接说明这些差异是由农户参与“粮改饲”引起的。要准确论证参与“粮改饲”对农户收入的影响，必须充分考虑样本选择性偏误。

**表 1 变量设置及组间差异**

**Table 1 Variable Settings and differences between groups**

| 变量名称 Variable name | 定义 Definition | 均值 Mean | | 差异 Difference |
|---|---|---|---|---|
| | | 参与户 Participate | 未参与户 Not Participate | |
| 农户是否参与 Farmers participate or not | 2021 年是否种植青贮玉米并获得青贮补贴：是=1；否=0 Whether to plant silage corn and receive silage subsidies in 2021: yes =1; No =0 | 1.00 | 0.00 | — |
| 农户收入 Farmer income | 家庭总收入（万元/年） Total family income(10,000 yuan/year) | 17.972 | 13.615 | 4.357*** |
| 受访者个人特征 Interviewee's personal characteristics | | | | |
| 年龄 Age | 实际年龄（岁）actual age (years) | 52.18 | 55.13 | -2.95*** |
| 受教育程度 Educational level | 实际教育年限（年）Actual years of education (years) | 6.90 | 6.87 | 0.03 |
| 养殖年限 Breeding years | 实际养殖年限（年）Actual breeding life (years) | 14.06 | 18.51 | -4.45*** |
| 风险偏好 Risk preference | 风险偏好=1；风险中立=2；风险规避=3 Risk preference=1; Risk neutral =2; Risk aversion =3 | 2.03 | 2.14 | -0.11** |
| 家庭特征 Family characteristics | | | | |
| 劳动力人数 Labor force | 实际参与劳动的人数（人）Actual labor force participation (person) | 2.81 | 2.85 | -0.04 |
| 承包地面积 Contracted land area | 2021 年自家承包耕地面积（亩） Area of contracted farmland in 2021 (mu) | 28.56 | 35.51 | -6.95*** |
| 转入地面积 Transferred area | 2021 年转入土地面积（亩） Land area to be transferred in 2021 (mu) | 28.53 | 12.78 | 15.75 |
| 社会网络 Social network | 家庭农业决策者关系好的朋友数量（个）Number of close friends of family farming decision-makers (per person) | 35.83 | 33.38 | 2.45 |
| 借款难易度 Ease of borrowing | 非常困难=1；比较困难=2；一般=3；比较容易=4；非常容易=5 Very difficult More difficult =2; Generally =3; Relatively easy =4; Very easy =5 | 3.31 | 3.16 | 0.15** |

| | | | | |
|---|---|---|---|---|
| 农牧业经营特征 Agricultural and animal husbandry management characteristics | | | | |
| 玉米种植面积<br>Corn acreage | 2021 年玉米种植面积（亩）<br>Corn planting area in 2021 (mu) | 13.36 | 27.43 | -14.07*** |
| 家畜养殖规模<br>Livestock breeding scale | 2021 年牛羊养殖数量（只）<br>Number of cattle and sheep raised in 2021 (only) | 105.69 | 56.98 | 48.71*** |
| 小型机械数量<br>Number of small machines | 2021 年小型机械拥有数量（个）<br>Number of small machinery owned in 2021 (units) | 2.35 | 2.16 | 0.19* |
| 畜牧棚圈数量<br>Number of livestock sheds | 2021 年拥有牛棚圈数量（个）<br>Number of stalls owned in 2021 (units) | 0.61 | 0.43 | 0.18*** |
| 外部环境特征 External environment characteristics | | | | |
| 粮改饲政策宣传<br>Publicize the policy of changing food and feed | 无宣传=1；较少=2；一般=3；较大=4；非常大=5 No publicity =1; Less =2; Generally =3; Greater =4; Very big =5 | 2.67 | 2.42 | 0.25*** |
| 粮改饲技术培训 Technical training on changing grain to feed | 是否参加培训：是=1；否=0<br>Whether to attend training: Yes =1; No =0 | 0.18 | 0.08 | 0.10*** |
| 家畜销售难易度<br>How easy it is to sell livestock | 非常困难=1；比较困难=2；一般=3；比较容易=4；非常容易=5 Very difficult More difficult =2; Generally =3; Relatively easy =4; Very easy =5 | 2.74 | 2.73 | 0.01 |
| 村庄特征 Village characteristics | | | | |
| 政策落实条件 Policy implementation conditions | 村是否有青贮机械是=1；否=0 Whether there is silage machinery in the village: yes =1; No =0 | 0.25 | 0.22 | 0.03 |
| 政策落实程度<br>Degree of policy implementation | 村内是否整体推进粮改饲：是=1；否=0<br>Whether to promote overall grain and feed reform in the village: yes =1; No =0 | 0.28 | 0.22 | 0.06*** |
| 工具变量 Instrumental variable | | | | |
| 村庄地形 Village topography | 平原=1；丘陵=2；山地=3 Plain =1; Hill =2; Mountain =3 | 1.18 | 1.30 | -0.12*** |

注：*、**、***分别表示 10%、5%、1%的显著性水平。

Note: *, ** and *** represent 10%, 5% and 1% significance levels respectively.

**1.2.3 模型构建** 本文使用内生转换模型来处理样本自选择问题。主要基于以下考虑：第一，内生转换模型在解决自选择问题与内生性问题的同时，还考虑了不可观测因素的影响，减少有效信息遗漏问题，因而比倾向得分匹配法的估计结果更加有效[17]；此外，由于完全信息极大似然估计（FIML）能同时估计农户参与“粮改饲”的决策方程和收入方程，并能得到一致的标准误差，因此被认为是估计内生转换模型的有效方法。因此，本文引入逆米尔斯比率$\lambda_{ia}$、$\lambda_{in}$及其协方差$\sigma_{ua} = cov(u_i, \varepsilon_{ia})$、$\sigma_{un} = cov(u_i, \varepsilon_{in})$，利用完全极大似然法估算 ATT 值。

农户参与“粮改饲”和未参与“粮改饲”对应的收入模型分别表示如下：

$$Y_{ia} = X_{ia}\beta_a^{'} + \sigma_{\mu a}\lambda_{ia} + \varepsilon_{ia}, \quad if A_i = 1 \qquad (1)$$

$$Y_{in} = X_{in}\beta_n^{'} + \sigma_{\mu n}\lambda_{ia} + \varepsilon_{in}, \quad if A_i = 0 \qquad (2)$$

在上式中，$Y_{ia}$、$Y_{ib}$分别代表的是参与户、未参与户的收入，$X_{ia}$、$X_{ic}$表示影响农户收入的因素；$\varepsilon_{ia}$、$\varepsilon_{in}$为收入的误差项。

农户参与“粮改饲”的收入效应估计。本文基于反事实框架，通过对比真实情景和反事实情景下参与“粮改饲”农户和未参与“粮改饲”农户收入水平的期望值，估计参与“粮改饲”对农户收入影响的平均处理效应。

真实情形：参与“粮改饲”农户收入的期望值：

$$E[Y_{ia}|A_i = 1] = X_{ia}\beta_a^{'} + \sigma_{\mu a}\lambda_{ia} \qquad (3)$$

$$E[Y_{in}|A_i = 0] = X_{in}\beta_n^{'} + \sigma_{\mu n}\lambda_{iu} \qquad (4)$$

同时考虑反事实情形：参与户未参与“粮改饲”试点政策情形下农户收入的期望值：

$$E[Y_{in}|A_i=1]=X_{in}\beta_a^{'}+\sigma_{\mu n}\lambda_{ia} \quad (5)$$

$$E[Y_{ia}|A_i=0]=X_{ia}\beta_n^{'}+\sigma_{\mu a}\lambda_{iu} \quad (6)$$

则通过（4）式和（6）式之差，得到参与“粮改饲”试点政策农户收入的平均处理效应：

$$ATT_i=E[Y_{ia}|A_i=1]-E[Y_{in}|A_i=1]=(X_{ia}-X_{in})\beta_a^{'}+(\sigma_{ua}-\sigma_{un})\lambda_{ia} \quad (7)$$

通过（5）式和（7）式之差，得到未参与“粮改饲”试点政策农户收入的平均处理效应：

$$ATU_i=E[Y_{in}|A_i=0]-E[Y_{ia}|A_i=0]=(X_{in}-X_{ia})\beta_n^{'}+(\sigma_{un}-\sigma_{ua})\lambda_{iu} \quad (8)$$

# 2 结果与分析

本文运用内生转换模型将农户参与模型和农户收入模型进行联立估计，结果表明[34]：两阶段独立性 LR 检验在 1%水平上拒绝了参与模型与收入模型相互独立的原假设；模型拟合优度 wald 检验在 1%的统计水平上显著。且表示误差项相关系数的估计值 rho_1、rho_2 在 1%统计水平上显著，这表明参与户和未参与户并不是随机产生的，而是农户根据“粮改饲”前后自身效用变化做出的“自选择”。

## 2.1 参与“粮改饲”对农户收入影响的处理效应

表 3 汇报了在考虑可观察特征和不可观察特征的基础上，参与“粮改饲”对农户收入影响的平均处理效应估计结果。值得说明的是，（a）、（b）与（3）、（5）式相对应，分别表示参与“粮改饲”和未参与“粮改饲”对农户收入影响的事实结果；（c）、（d）与（4）、（6）式相对应，分别表示“粮改饲”农户未参与“粮改饲”和未参与“粮改饲”农户参与“粮改饲”时的反事实假设结果。由表 3 可知，参与“粮改饲”对农户收入影响的平均处理效应在 1%的统计水平上显著为正，ATT 的估计值为 0.513，t 值为 10.26。这表明，在反事实假设框架下，对于实际参与“粮改饲”的农户而言，倘若他们不参与“粮改饲”，其收入将下降 0.513，下降比例为 17.91%，即由人均 2865 元下降到 2352 元。而 ATU 的结果表明，当未参与“粮改饲”的农户参与“粮改饲”时，其收入将上升 0.561，即由从 1225 元上升到 1785 元，上升比例为 45.80%。这表明，参与“粮改饲”可显著提升农户的收入。

**表 3 参与“粮改饲”对农户收入影响的平均处理效应**

**Table 3 The average treatment effect of participating in the "food-fodder change" on farmers' income**

| | 参与粮改饲 Participate in “food-fodder change” | | 未参与粮改饲 Not participate in “food-fodder change” | | ATT | ATU | T 值 |
|---|---|---|---|---|---|---|---|
| 参与户 Participate | （a） | 2.865 （0.031） | （c） | 2.352 （0.038） | 0.513*** （0.050） | — | 10.26 |
| 未参与户 Not Participate | （d） | 1.785 （0.027） | （b） | 1.225 （0.014） | — | 0.561*** （0.031） | 18.15 |

注：***代表在 1%统计水平上显著；括号内为标准误；ATT、ATU 分别表示“粮改饲”农户、“未粮改饲”农户的平均处理效应。

Note: *** represents statistically significant at 1% level; Standard error in parentheses; ATT and ATU respectively represent the average treatment effect of farmers with "food-fodder change" and farmers without " food-fodder change ".

## 2.2 稳健性检验

本文采用倾向得分匹配法（PSM）对参与“粮改饲”影响农户收入的估计结果进行稳健性检验。由于不同的匹配方法产生不同的样本损失，为使得研究数据能够得到充分利用，本文选择半径匹配法、K 近邻匹配法、核匹配法和局部线性回归匹配 4 种方法进行匹配检验（表 4）。由表 4 检验结果可知，4 种匹配方法估计中，参与户的平均处理效应在 0.917～0.963 之间，均通过了 10%统计水平的显著性检验，表明参与“粮改饲”对农户收入具有显著的正向影响，这与基准模型的估计结果一致。

**表 4 倾向得分匹配法估计结果**

**Table 4 Estimation results of propensity score matching method**

| 匹配方法 Matching method | 农户收入 Farmers' income | | | | |
|---|---|---|---|---|---|
| | 参与户 Participate | 未参与户 Not participate | ATT | 标准误 Standard error | T 值 T-value |

[34] 限于篇幅有限，联立估计结果未放入文章内。感兴趣读者可向作者索要。

| | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|
| 半径匹配（卡尺=0.01）<br>Radius matching (caliper =0.01) | 0.986 | 0.066 | 0.919* | 0.499 | 1.84 |
| K 近邻匹配（K=4）<br>K nearest neighbor matching (K=4) | 0.971 | 0.049 | 0.922* | 0.510 | 1.81 |
| 核匹配（带宽=0.06）Core matching (bandwidth =0.06) | 0.972 | 0.008 | 0.963* | 0.490 | 1.97 |
| 局部线性回归匹配（带宽=0.06）<br>Local linear regression matching (bandwidth =0.06) | 0.971 | 0.054 | 0.917* | 0.541 | 1.69 |

注：代表在 10%统计水平上显著；ATT 标准误为资助稳健标准误，重复抽样次数 500 次。

Note: The representation is statistically significant at the 10% level; The ATT standard error was the subsidized robustness standard error, and the number of repeated samples was 500 times.

### 2.3 参与“粮改饲”试点政策对不同收入群体的收入效应分析

前文实证检验了参与“粮改饲”试点政策对农户收入的正向影响，但是收入效应是否在不同收入群体间存在差异历来是研究的重点。因此，本文根据农户 2021 年总收入情况，对样本农户进行分位数回归，估计结果见表 5。回归结果表明，参与“粮改饲”试点政策对农户收入的影响随着分位数不断升高呈现出由负转正且系数增大的变化趋势。显著性水平在 15%～25%的分位数水平上为负，在 85%～95%的分位数水平上为正。这表明，一方面，参与“粮改饲”试点政策显著降低了收入低于 25 分位数农户群体的总收入；另一方面，参与“粮改饲”试点政策能够显著提升收入高于 85 分位数农户群体的总收入。总体来看，“粮改饲”试点政策对农户收入影响存在收入水平异质性，突出表现为“益富不益贫”的特点，这意味着，“粮改饲”试点政策存在增大农村内部收入不平等的风险。

**表 5　农户参与“粮改饲”对其收入的影响：分位数回归**

**Table 5 Effects of farmers' participation in "food-fodder change" on their income: quantile regression**

| 农户收入分位数<br>Farmer income quantile | 估计系数<br>Estimation coefficient | 标准误<br>Standard error | T 值<br>T-value | 控制变量<br>Control variable |
|---|---|---|---|---|
| 15 分位数 15-quantile | -0.648*** | 0.221 | -2.93 | 已控制 Controlled |
| 25 分位数 25-quantile | -0.295** | 0.142 | -2.08 | 已控制 Controlled |
| 35 分位数 35-quantile | -0.125 | 0.127 | -0.99 | 已控制 Controlled |
| 45 分位数 45-quantile | 0.002 | 0.118 | 0.01 | 已控制 Controlled |
| 55 分位数 55-quantile | 0.025 | 0.137 | 0.18 | 已控制 Controlled |
| 65 分位数 65-quantile | 0.133 | 0.134 | 0.99 | 已控制 Controlled |
| 75 分位数 75-quantile | 0.069 | 0.136 | 0.51 | 已控制 Controlled |
| 85 分位数 85-quantile | 0.333* | 0.234 | 1.79 | 已控制 Controlled |
| 95 分位数 95-quantile | 1.008* | 0.598 | 1.69 | 已控制 Controlled |

注：控制变量与基准回归模型一致；*、**、***分别代表在 10%、5%、1%统计水平上显著。

Note: The control variables are consistent with the baseline regression model; *, ** and *** are statistically significant at 10%, 5% and 1%, respectively.

### 2.4 异质性分析

事实上，不同农户对“粮改饲”试点政策红利的分享不会是同质、等量的状态。因此，有必要对农户参与“粮改饲”的增收效应进行群组异质性分析。根据政策目标，本文试图从改种程度和养殖规模两方面考察参与“粮改饲”对农户收入影响的异质性。

**2.4.1 改种程度**　从表 6 可以看出，无论改种程度如何，参与“粮改饲”均对农户收入均产生显著的正向影响，且随着改种程度的不断扩大呈现出倒“U”型特征。改种程度在 75 到 100 之间的农户群体所得到的增收效应最大，而在 25%以下的群体所获得的增收效应最小，为 0.346。可能的解释是，一方面，改种程度较少的农户，一般以种植籽粒玉米为主，需耗费较多的劳动力，制约了劳动力在畜牧业或非农就业部门的再分配，抑制其收入的提升。另一方面，“粮改饲”补贴是按照青贮玉米的收贮量（每吨不超过 60 元）来发放，而改种程度较低的农户能够领到的补贴数额相对较少，这对提升农户收入十分有限。

**表 6 不同改种程度下参与“粮改饲”对农户收入的影响**

**Table 6 Effects of participation in "food-fodder change" on farmers' income under different planting degree**

| | 改种程度：青贮玉米种植面积占农户全部耕地面积的比重（%）<br>Conversion degree: Proportion of silage corn planting area in total cultivated land area of farmers (%) | | | | |
|---|---|---|---|---|---|
| | 占比<25The<br>Proportion is <25 | 25≤占比<50<br>25≤ Proportion <50 | 50≤占比<75<br>50≤ Proportion <75 | 75≤占比<100<br>75≤ Proportion <100 | 占比=100<br>Proportion =100 |
| ATT | 0.346***（0.023） | 0.384***（0.054） | 0.555***（0.036） | 0.701***（0.056） | 0.600***（0.051） |
| T 值<br>T-Value | 14.916 | 7.130 | 15.207 | 12.497 | 11.789 |
| ATU | 0.419***（0.045） | 0.538***（0.044） | 0.643***（0.019） | 0.946***（0.020） | 0.846***（0.027） |

注： ***代表在 1%统计水平上显著。

Note: *** represents statistically significant at 1% level.

**2.4.2 养殖规模** 表 7 示出，参与“粮改饲”试点政策对养殖规模小于 100 的农户群体收入均有显著影响。其中，养殖规模介于 30 和 100 之间的农户增收效应最高，为 0.660。此外，从表 7 中还可看出，参与“粮改饲”试点政策对养殖规模大于等于 100 的农户群体增收效果并不显著。造成这一结果可能的原因是，对于规模养殖户而言，依托规模经营的优势，可节约饲草料购买成本以及产前、产中和产后的交易费用。而参与“粮改饲”对提升其收入的边际作用则非常有限。

**表 7 不同养殖规模下参与“粮改饲”对农户收入的影响**

**Table 7 Effects of participation in "food-fodder change" on farmers' income under different farming scales**

| | 参与粮改饲<br>Participate in “food-fodder change” | 未参与粮改饲<br>Not participate in “food-fodder change” | ATT | T 值 | ATU |
|---|---|---|---|---|---|
| 规模<30<br>Size <30 | 1.707（0.050） | 1.544（0.008） | 0.163***（0.050） | 3.240 | 0.437***（0.070） |
| 30≤规模<100<br>30≤Size <100 | 2.316（0.011） | 1.659（0.018） | 0.660***（0.021） | 31.115 | 0.970***（0.034） |
| 规模≥100<br>Size ≥100 | 3.807（0.992） | 3.239（0.014） | 0.568（0.992） | 0.573 | 0.895（2.168） |

注：养殖规模按相应标准折算为标准羊单位；括号内为标准误。

Note: The breeding scale is converted into the standard sheep unit according to the corresponding standard; Standard error in parentheses.

# 3 讨论

响应“粮改饲”试点政策对农户收入的影响主要表现为影响其收入结构的变动。具体来说，农户参与“粮改饲”试点政策直接增加了其转移性收入和种植业收入；同时，参与“粮改饲”试点政策间接影响了农户家庭土地、资金、技术等生产要素，进而增加了农户家庭的畜牧业收入，但也减少了农户的非农收入和财产性收入。农牧交错带农户的畜牧业收入成为农户收入中最重要的组成部分，而财产性收入在农户收入中所占的比例微小[18]。虽然近些年来农村劳动力非农就业成为主要趋势，但也存在典型的周期性，即在农闲时节从事本地非农就业工作，在农忙时节返回务农[19]。研究地区农户主要以农业生产为主，一年从事非农生产的时间有限，因而非农收入在农户收入中所占的比例较小。农户参与“粮改饲”试点政策导致农户畜牧业收入上升的效果会超过其造成非农收入和资产性收入的下降效果。因此，本研究认为农户参与“粮改饲”试点政策通过影响农户收入结构，最终提升农户的总收入。

此外，对于拥有不同资本禀赋的农户而言，参与“粮改饲”试点政策对其收入的影响也会存在差别。具体来说，对于那些在养殖、耕地等方面没有优势的低收入农户而言，囿于资金、技术和人力资本的约束，农户参与“粮改饲”试点政策的积极性较低。同时由于土地资源禀赋限制和后期投资不足，很难发挥青贮玉米收割的规模优势和集约优势，制约了农户收入的进一步提高。对于那些在养殖、耕地等方面有绝对优势的高收入农户而言，一方面，他们对农业的依赖程度较高，且本身对优质饲草的需求量较大；另一方面，这部分农户受经济约束较小，且承受风险的能力较强。在参与“粮改饲”试点政策以前，主要以“玉米秸秆+精料”的饲喂模型从事农牧业经营，但这种经营模型表现出效率低下且畜产品质量问题频出的弊端[20]。

参与“粮改饲”试点政策以后，相当于给自家的草食家畜找到了优质的“主食”，让“羊肥”、“牛壮”成为畜牧业经营常态化结果。因此，这部分农户群体参与“粮改饲”试点政策的积极性更高。而“粮改饲”参与程度越高，易于形成青贮玉米种植的连片经营，从而获得更大的规模效应和要素投入结构的进一步优化升级。如，可以利用青贮机械实现对劳动要素的代替和对资本要素的节约，从而进一步提高农牧业生产效率，并使得农户从“粮改饲”试点政策中获得更高的农牧业经营的经济红利。

## 4 研究结论与对策建议

本文基于农牧交错带 1479 个农户的调研数据，综合运用内生转换模型（ESR）、Field 分解法等计量方法，实证检验了参与“粮改饲”对农户收入的影响，并剖析了这一影响的异质性问题。研究得出如下结论与政策启示：

（1）总体上，参与“粮改饲”有助于提高农户的总收入。具体来说，在反事实假设框架下，对于实际参与“粮改饲”的农户而言，倘若他们不参与“粮改饲”，其收入水平将下降 0.513，下降比例为 17.91%；且改种规模在 75 到 100 之间的农户群体所得到的增收效应最大。因此，应提高研究区农户对“粮改饲”试点政策的参与比例和参与程度：一方面，通过创新培训形式和丰富培训内容，着力解决农户在“粮改饲”过程中的技术瓶颈问题，提高农户参与“粮改饲”试点政策的积极性；另一方面应加大政策宣传和推广力度，扩大“粮改饲”试点政策的影响力，让“青贮玉米+精饲料”成为家喻户晓的养殖模式，推动农牧交错带草食畜牧业的高质量发展。

（2）实证结果表明，参与“粮改饲”扩大了农户之间的收入差距。因此，适时调整政策扶持重点，谨防农户收入差距扩大是未来政策推广中应重点关注的问题。同时，笔者在调研过程中发现，目前政策补贴资金是按农户收贮量的标准进行补贴，但多数地方对收贮量有一定的要求，这意味着，项目资金实际落实到小规模青贮户中的机会并不多，这不利于缩小农户的收入差距。因此，本文认为，缓解收入差距扩大的问题可通过适当放低对青贮收贮量的界定标准，使得更多参与“粮改饲”试点政策的农户能享受到政策红利这一途径进行探索性尝试。

（3）异质性分析表明，规模在 30 到 100 个标准羊单位之间的农户群体增收效果最为明显。因此，在“粮改饲”试点政策推广过程中，优化畜牧业发展环境将也是今后该地区应重点关注的方向。如相关部门应重视适度养殖规模评价，并制定针对性的畜牧业支持政策。如相关畜牧业补贴政策适当向小规模养殖户倾斜，促进更多小规模养殖户转型升级。

## 参考文献：


［1］ 胡向东. 关于“粮改饲”种植结构调整的思考[J].价格理论与实践,2017,(02):19-20

［2］ Yu Z, Yao L, Wu M. Farmers’ attitude towards the policy of remediation during fallow in soil fertility declining and heavy metal polluted area of China[J].Land Use Policy,2020,97:104741

［3］ 苏云顺,王蕾,亏开兴,等. 姚安县“粮改饲”实施情况与发展对策[J].草食家畜,2022,(04):62-66

［4］ 庄洪廷. “粮改饲”优化种养结构 草牧业发展提质增效[J].新农业,2022,(18):49

［5］ 周秀玲,郭长城. 青贮玉米高产栽培技术[J].现代农村科技,2022,(09):19-20

［6］ Okoye C O, Wangang Y L, Gao L, et al. The performance of lactic acid bacteria in silage production: A review of modern biotechnology for silage improvement[J].Microbiological research,2022,266:127-212

［7］ 周道玮,黄迎新,钟荣珍,等. “粮改饲”产能及其产肉效率研究[J].土壤与作物,2023,12 (01):61-68

［8］ 王怡然,孙芳,丁玎. 京津冀区域冀北地区“粮改饲”结构调整效益分析[J].中国农业资源与区划,2019,40(11):158-165

［9］ 蔡爽,修长百. 通辽市“粮改饲”结构调整效益研究[J].内蒙古民族大学学报(社会科学版),2019,45(05):91-97

［10］ LIU Y M, HU W Y, SIMON, et al. The influence of labor price change on agricultural machinery usage in Chinese agriculture[J].Canadian journal of agricultural economics,2014,62(2):219-243

［11］ BENIN S. Impact of Ghana’s agricultural mechanization services center program[J].Agricultural economics,2015,46(SI):103-117

［12］ 成广雷,邱军,王晓光,等. 我国青贮玉米组合(品种)的农艺性状、生物产量和品质变化[J].中国农业科技导报,2022,24(04):30-37

［13］ 李忠秋,刘春龙. 青贮饲料的营养价值及其在反刍动物生产中的应用[J].家畜生态学报,2010,31(03):95-98
［14］ 谢先雄,赵敏娟,蔡瑜,等. 农地休耕如何影响农户收入？——基于西北休耕试点区 1240 个农户面板数据的实证[J].中国农村经济,2020,(11):62-78
［15］ 崔民,夏显力. 农地整治对农户收入差距的影响研究[J].农业技术经济,2023,1-15
［16］ YANG X, LIN S, LI Y, HE M. H. Can high-speed rail reduce environmental pollution? Evidence from China[J].Journal of cleaner production,2019,118135
［17］ LOKSHIN M, SAJAIA Z. Impact of interventions on discrete outcomes: maximum likelihood estimation of the binary choice models with binary endogenous regressors[J].The stata journal,2011,11(3):368-385
［18］ 诸培新,张建,张志林. 2015. 农地流转对农户收入影响研究——对政府主导与农户主导型农地流转的比较分析[J].中国土地科学,29(11):70-77
［19］ 许彩华, 管睿, 余劲. 2023. 农户非农就业充分性对农地流转行为的影响研究——基于性别差异视角的分析[J]. 农业技术经济, (08):39-52
［20］ 王明利, 张英俊, 杨春. 2010. 打造精品草食畜牧业——草原畜牧业可持续发展的必然选择[J]. 中国畜牧杂志, 46(14):24-28

# 甘肃兰州新区5个燕麦品系适应性及种子生产性能比较研究

秦奋[1]　王延飞[1]　杨迎香[1]　王勇智[2]　李新苗[1]　贺春贵[1]*

（1.甘肃华丰草牧业有限公司，甘肃兰州新区 730300；2.郑州华丰草业科技有限公司， 河南郑州 450001）

**摘要**: 为筛选出在甘肃兰州新区种子生产性能高且适应性较好的燕麦品种（系），采用田间随机区组试验，对 5 个燕麦品种（系）的生长特性、产量性状、种子性状进行了品比试验。结果表明：不同燕麦品种（系）株高、千粒重、小穗数、穗长，鲜草产量、干草产量和籽粒产量之间差异显著。歌莱德株高 138.7cm 最高,AQ-20 株高 128.3cm 次之，凯速株高 115.50cm 最低,与前两者间差异显著（P＜0.05)。AQ-20 的千粒重 29.64g 最大,歌莱德的千粒重 28.56g 次之,AQ-5-1 的千粒重 26.00g 最小，与前两者间差异显著（P＜0.05)。歌莱德小穗数为 45 最高，AQ-20 小穗数为 38 次之，凯速小穗数为 29 最低，与前两者间差异显著（P＜0.05)。歌莱德穗长 26.8cm 最长，AQ-20 穗长 23.9cm 次之，边锋穗长 18.20cm 最短,与前两者间差异显著（P＜0.05)。在成熟期收获时，歌莱德鲜草产量 2575.46kg/667m$^2$、干草产量 871.17kg/667m$^2$ 和籽粒产量 382.41kg/667m$^2$ 都显著高于其他品种（系），AQ-20 鲜草产量 2213.08kg/667m$^2$、干草产量 776.51kg/667m$^2$ 和籽粒产量 360.18kg/667m$^2$ 都是第二高，凯速的鲜草产量和籽粒产量最低，分别为 1559.41kg/667m$^2$ 和 312.72kg/667m$^2$，而边锋的干草产量 518.33kg/667m$^2$ 最低，并且和凯速干草产量 522.80kg/667m$^2$ 无显著差异。歌莱德生育期最长，为 100d，而凯速生育期最短，为 85d。综合分析结果表明：5 个燕麦都能适宜兰州新区地理条件和气候条件，但歌莱德和 AQ-20 的种子生产性能较好，更适合在该地区进行种子生产。

关键词：燕麦；种子生产性能；适应性；兰州新区

**Five oat strains were tested Comparative study on the adaptability and seed production performance at Lanzhou New Area in Gansu Province**

QIN Fen[1]　WANG Yanfei[1]　YANG Yingxiang[1]　WANG Yongzhi[2]　LiXinmiao[1] HE Chungui[1,*]

（1.*Gansu Huafeng Grass Animal Husbandry Co.,Ltd.，Lanzhou New Area* 730300,*China;*2.*ZhengZhou HuaFeng Grass Industry Technology Co., Ltd.，Zhengzhou* 450001,*China*）

**Abstract**:　In order to select the varieties (lines) suitable for high seed production performance and good adaptability at Lanzhou New Area in Gansu Province the product ratio test of plant height, 1000-grain weight, spike length, number of spikes, fresh grass yield, hay yield and grain yield of 5 oat varieties (lines) was tested,The results showed significant differences in plant height,thousand-grain weight, spike length, number of spikes, fresh grass yield, hay yield and grain yield .The height of Glade strain was the highest 138.7cm, the height of AQ-20 strain was the second 128.3cm, and the height of Kaysoon strain was the lowest 115.50cm, which was significantly different from the former two (P <0.05). AQ-20 has the largest thousand grain weight 29.64g, followed by a thousand grain weight 28.56g, and AQ-5-1 has the smallest thousand grain weight 26.00g, with a significant difference from the former two (P <0.05).The number of Glade spikelets was 45, AQ-20 was the second 38, and the number of Kaysoon spikelets was 29, a significant difference from the previous two (P <0.05).Glade has the longest spike length　26.8cm , AQ-20 is the second( 23.9cm),Kaysoon has the shortest spike length 18.20cm,here was significant difference between the 1000-grain weight of the former two (P <0.05).When harvested at maturity, Glade of the yield of 2575.46kg/667m$^2$, hay yield 871.17kg/667m$^2$ and grain yield 382.41kg/667m$^2$ were significantly higher than other varieties (lines), The AQ-20 fresh grass yield 2213.08kg/667m$^2$, hay yield 776.51kg/667m2, and grain yield 360.18kg/667m$^2$ were all the second highest, Kaysoon had the lowest fresh grass and grain yield, For 1559.41kg/667m$^2$ and 312.72kg/667m$^2$, respectively, While the Blade had the lowest hay yield of 518.33kg/667m$^2$, And there was no significant difference from the yield of Kaysoon hay, 522.80kg/667m2.The longest growth period is 100d of Glade, while the shortest growth

period is 85d of Kaysoon.The comprehensive analysis results show that all 5 oats are suitable for the geographical and climatic conditions of Lanzhou New Area, but the seed production performance of Golad and AQ-20 is better, which is more suitable for promoting seed propagation in this area.

**Key words**: oat; seed production performance; adaptability; Lanzhou New Area

燕麦(*Avena sative* L．)是禾本科燕麦属，一年生植物，一般分为带稃型（皮燕麦）和裸粒型（裸燕麦）两大类[1-3]。皮燕麦又称饲用燕麦[4]，是一种优良的饲草饲料作物，其饲用价值较高[5]，在畜牧业生产中的作用越来越重要[6]。燕麦具有抗旱、耐贫瘠、耐适度盐碱等特点[7],在我国以种植皮燕麦和裸燕麦为主，主要分布在华北，西北，甘肃、西南和青藏高原等地，是高寒牧区冬春补饲和建立人工草地的首选草种[8]，并且随着燕麦新品种的引进和高效栽培模式的推广，燕麦有望成为西北解决旱地、贫瘠地、盐碱地和耕地闲季覆盖的有效作物，在增强农田和草地生态功能、提高农民收入等方面发挥作用[9]。本试验在甘肃兰州新区对歌莱德，边锋，AQ-20，AQ-5-1，凯速 5 个饲用燕麦品种（系）进行了适应性及种子生产性能比较试验，以期选择出种子产量高、适应性好的燕麦品种（系），为当地建立饲用燕麦高效生产体系提供科学依据。

# 1 材料与方法

## 1.1 试验区概况

本试验在甘肃兰州新区中川镇平岘村甘肃华丰草牧业有限公司兰州草品种制种试验站进行。该试验站处于黄土高原丘陵地带的山间狭窄曲折谷地，呈“一山隔两沟”的“U”形谷地状，具有天然花粉隔离效果，加之不同农作物牧草之间自然隔离，这种地形特别适宜于集中进行原种繁育。试验站海拔 1800m，气候较冷凉，年平均温度 6.5-7.8℃，≥0℃的活动积温 2938-3305℃，≥10℃的活动积温 2280-2697℃,无霜期 125d左右（9月下旬到10月上旬初霜，5月上旬终霜），年平均日照时数2600小时。年自然降水量245-290mm。试验地为渠灌系统。

## 1.2 实验材料与设计

### 1.2.1 供试材料

5 个供试燕麦品系歌莱德，边锋，AQ-20，AQ-5-1，凯速的详情见表 1

表 1 供试材料
Table 1 The tested materials

| 品系名称（Variety name) | 种子净度 Seed purity | 种子发芽率 Cermination percentage | 品系来源 Line source |
|---|---|---|---|
| 歌莱德 | 98.40% | 96 | 加拿大 Canada |
| AQ-20 | 97.60% | 94 | 甘肃 Gansu |
| AQ-5-1 | 98.30% | 93 | 甘肃 Gansu |
| 边锋 | 98.50% | 95 | 美国 America |
| 凯速 | 98.60% | 95 | 美国 America |

注：AQ-20(华燕 1 号）和 AQ-5-1(华燕 2 号）是甘肃省农科院与甘肃华丰草牧业有限公司合作培育的新品系。

### 1.2.2 实验设计

试验采用随机区组设计，每个品种（系）设 3 次重复，每个小区面积 15 ㎡ （3 m×5m），各小区间隔 1m，留为观测道路。于 2023 年 5 月 1 日条播，播种深度 3～5cm，行距 20cm，播量 12kg/667m$^2$，播种后及时镇压，小区四周设 1m 保护行。适时浇灌追肥，人工适时拔除杂草。

## 1.3 测定项目与方法

### 1.3.1.农艺性状

成熟期收获时，每个小区中随机取 10 株植（除去边际效应）进行室内考种，严格按照《燕麦种质资源描述规范和数据标准》[10]观察测定其株高、穗长、小穗数、千粒重等指标。

### 1.3.2 籽粒产量

完熟期各小区全区刈割，进行人工脱粒，自然风干后称重，计算籽粒产量。

### 1.3.3 产草量

乳熟期各小区取具有代表性的 1m² 样方,留茬高度 5cm,称重计算鲜草产量。从称重后的燕麦鲜草中取 500 g 样品，放入网袋，风干至恒重并称重,最后换算成单位面积鲜草产量和干草产量。

### 1.3.5 生育期

观察并记录不同燕麦品种的出苗期、分蘖期、拔节期、孕穗期、抽穗期、乳熟期和完熟期。记录标准为目测 50％的植株进入某生育期为准,植株的 20％进入此生育期为初期,80％为盛期[9]。

### 1.3.6 种子发芽率及种子形态特征

随机从完熟期采收后种子中各取 100g 样品,严格按照《燕麦种质资源描述规范和数据标准》[10]观察描述种子形态特征和发芽率测定（室温 19-20℃）。

### 1.4 数据统计

试验所得的原始数据用 Excel 2010 整理，用 SPSS 22.0 单因素方差分析。

## 2 结果与分析

### 2.1 农艺性状

表 2 不同燕麦的农艺性状

表 2 Agronomic characters of different oat varieties

| 品系 Line | 株高 cm Plant height | 穗长 cm Spike length | 小穗数 Number of spikes | 千粒重 g 1000-grain weight |
|---|---|---|---|---|
| 歌莱德 | 138.70[a] | 26.80[a] | 45[a] | 28.56[b] |
| AQ-20 | 128.30[b] | 23.90[b] | 38[b] | 29.64[a] |
| AQ-5-1 | 122.70[c] | 20.80[c] | 35[c] | 26.00[c] |
| 边锋 | 116.80[d] | 18.20[d] | 30[d] | 28.46[b] |
| 凯速 | 115.90[d] | 20.16[c] | 29[d] | 28.57[b] |

注:图中不同小写字母表示不同处理在 0.05 水平差异显著(P<0.05)

Note:Different lowercase letters within each panel indicate a significant difference at the 0.05 level.

不同燕麦品种（系）的各农艺性状指标间存在差异（表 2）。歌莱德株高最高，为 138.7cm,显著高于其他品系（P＜0.05），AQ-20 株高 128.3cm 次之，凯速株高最低，而边锋和凯速株高间无显著差异,分别为 116.8cm 与 115.9cm；歌莱德的穗长值最大，为 26.80cm，与其他品系间差异显著（P＜0.05）,AQ-20 穗长 23.9cm 次之，边锋穗长最短，为 18.20cm，AQ-5-1 和凯速穗长间无显著差异，分别为 20.8cm 和 20.16cm；歌莱德的小穗粒数最多，为 45，与其他品系间差异显著（P＜0.05）,AQ-20 小穗数为 38 次之，而边锋和凯速穗粒数较少，分别为 30 和 29，两者间差异不显著；在千粒重方面，AQ-20 千粒重最大为 29.64g,显著高于其他品种（系）（P＜0.05），歌莱德的千粒重 28.56g 次之,AQ-5-1 千粒重最小(26.00g)。歌莱德、凯速、边锋三者间差异不显著（P>0.05），但都显著高于 AQ-5-1。

### 2.2 种子产量和草产量

5 个燕麦品（种）系的鲜草产量，干草产量和籽粒产量测定结果间存在差异（表 3）。其中歌莱德鲜草（2575.46kg/667 ㎡）和干草产量（871.17kg/667 ㎡）显著高于其他品系（P＜0.05），AQ-20 鲜草产量 2213.08kg/667m² 和干草产量 776.51kg/667m² 次之，而边锋鲜草和干草产量最低，分别为 1554.28kg/667 ㎡和 518.33kg/667 ㎡；歌莱德籽粒产量最高，为 382.41kg/667 ㎡, 显著高于其他品种( P＜0.05），AQ-20 籽粒产量 360.18kg/667m² 次之，凯速籽粒产量最低，仅为 312.72kg/667 m²。边锋和凯速的鲜草产量，干草产量和籽粒产量间差异不显著（ P＞0.05） 。

表 3 不同燕麦草产量和籽粒产量

Table5 grass yield and seed yield of different oat varieties

| 品系 Line | 鲜草产量 kg/667 ㎡ Fresh yield | 干草产量 kg/667 ㎡ Hay yield | 籽粒产量 kg/667 ㎡ Seed yield |
|---|---|---|---|
| 歌莱德 | 2575.46[a] | 871.17[a] | 382.41[a] |
| AQ-20 | 2213.08[b] | 776.51[b] | 360.18[b] |
| AQ-5-1 | 2017.23[c] | 655.33[c] | 349.06[c] |
| 边锋 | 1554.28[d] | 518.33[d] | 327.72[d] |
| 凯速 | 1589.41[d] | 522.80[d] | 312.72[d] |

注:图中不同小写字母表示不同处理在 0.05 水平差异显著(P<0.05)

Note:Different lowercase letters within each panel indicate a significant difference at the 0.05 level.

**表 4 不同燕麦品种(系)的生育期**

Table 4 The phonological phase of different oat varieties 月/日 Month/Day

| 品种 Varieties | 播种期 Sowing date | 出苗期 Seeding stage | 分蘖期 Tiller stage | 拔节期 Elongating stage | 孕穗期 Booting stage | 抽穗期 Heading stage | 乳熟期 Milking stage | 完熟期 Hard rough stage | 生育期 Growth days |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| 边锋 | 5-1 | 5-10 | 5-25 | 6-8 | 6-22 | 7-1 | 7-16 | 8-6 | 88 |
| AQ-20 | 5-1 | 5-10 | 5-27 | 6-10 | 6-26 | 7-5 | 7-20 | 8-11 | 93 |
| AQ-5-1 | 5-1 | 5-10 | 5-27 | 6-10 | 6-26 | 7-3 | 7-18 | 8-9 | 91 |
| 歌莱德 | 5-1 | 5-10 | 5-28 | 6-12 | 6-30 | 7-10 | 7-27 | 8-18 | 100 |
| 凯速 | 5-1 | 5-10 | 5-23 | 6-6 | 6-23 | 6-29 | 7-4 | 8-3 | 85 |

### 2.3 生育期的表现

参试的不同品种（系）燕麦于 2023 年 5 月 1 日播,为春季播种,其生育期为 88-100d(表 4),均能在兰州新区完成其生育期。

各品种在播种后 9d 出苗,凯速的生育期比其他品种早，歌莱德生育期最迟。边锋比其他品种较早进入孕穗期,比最晚的歌莱德燕麦甚至提前了 8d。凯速最先开始抽穗,其后边锋、AQ-5-1、AQ-20 等品种都开始进入抽穗期,歌莱德抽穗最晚。参试品种（系）在 8 月初成熟,最先成熟的凯速、边锋比最晚成熟的歌莱德提前了 15d 左右。以上生育期均按照《燕麦种质资源描述规范和数据标准》[10]划分。

### 2.4 种子发芽率及形态特征

参试的 5 个燕麦品种（系）种子发芽率及形态特征差异不显著（表 5），种子发芽率在 92%-94%；种子都有芒，但都为弱性；芒型扭曲，粒型纺锤形，粒色黄色。歌莱德粒色相较于其他四个品种系微偏白，AQ-5-1 相对其他四个品种（系）粒色偏深黄色。从外观和千粒重可知，歌莱德和 AQ-20 籽粒相对其他品系比较饱满。

表 5 种子发芽率及形态特征

Table 5 Seed germination rate and morphological characteristics

| 品系名称 | 发芽率% | 芒性 | 芒型 | 粒型 | 粒色 |
|---|---|---|---|---|---|
| 歌莱德 | 94 | 弱 | 扭曲 | 纺锤形 | 浅黄色 |
| 凯速 | 93 | 弱 | 扭曲 | 纺锤形 | 黄色 |
| 边锋 | 92 | 弱 | 扭曲 | 纺锤形 | 黄色 |
| AQ-5-1 | 94 | 弱 | 扭曲 | 纺锤形 | 深黄色 |
| AQ-20 | 94 | 弱 | 扭曲 | 纺锤形 | 黄色 |

### 2.5 经济效益核算

表 6 2023 年 5 个燕麦品种（系）经济效益核算表

Table 6 Economic Benefit Accounting Table for Five Oat Varieties (Lines) in 2023

| 序号 | 品种 | 经济产值(元） | 成本投入（元） | 经济效益（元） |
|---|---|---|---|---|
| 1 | 歌莱德 | 3340.5 | 1900 | 1440.5 |
| 2 | AQ-20 | 3092.88 | 1900 | 1192.88 |
| 3 | AQ-5-1 | 2880.72 | 1900 | 980.72 |
| 4 | 边锋 | 2588.316 | 1900 | 688.316 |
| 5 | 凯速 | 2503.68 | 1900 | 603.68 |

按照兰州新区 2023 年市场干草价（1200 元/t）和种子价格（6 元/kg)核算（表 6），歌莱德经济产值为 3340.5 元/667 ㎡，扣除成本投入(人工、机械、地租、水肥等），每亩纯收入最高 1440.5 元，AQ-20 次之为 1192.88 元，凯速纯收入 603.68 元最低。经本试验分析认为歌莱德种子制种的经济效益最好，AQ-20 次之，凯速最低。

## 3 讨论

农艺性状是描述和鉴定牧草种质资源的重要方法，也是评价牧草生产性能的重要依据[11]，供试的 5 个燕麦品种的农艺性状表现均较好,对当地生态环境的适应性较强。5 个品系的株高都达到 110 cm 以上，穗长,小穗数等农艺性状均属于中上等水平。

产量是衡量作物生产性能和经济性能的重要指标，是生产者追求的最终目标 [11-14]。燕麦的干草产量受株高、穗长、穗粒数等多因子的影响[15]。而千粒重是籽粒质量的重要指标， 标志着籽粒的发育程度，千粒重越大，籽粒越饱满，发育越完全，籽粒质量相对较高[3]。遗传和环境因素对燕麦籽粒产量的影响是综合效应。本研究中，在相同的栽培条件下，5 个燕麦籽粒产量差异显著，且 5 个品种（系）在本验站籽粒产量略低于其他地方产量，可能与品种（系）对土壤和气候的适应性有关，有待于进一步试验研究。孙乌日娜等[16]和杨晶等[17]研究表明，气候、土壤、试验环境、品种差异等因素可造成作物产量的波动。

燕麦生育期可作为考察燕麦成熟度的一项重要指标[18]，是品种（系）成熟的重要依据，通过观测品种（系）在不同地区的生育情况，可以评价该品种（系）是否适宜该地区种植[19]。燕麦品种的生育期受到气候环境和栽培条件的影响[20]，本试验研究的 5 个燕麦品种（系）均能在兰州新区完成整个生育期生长,生育期 85-100d 不等,不存在特别晚熟或成熟不了的品种,这与柴继宽等[15]、徐长林[7, 11]、赵永锋等[8]研究表明燕麦在北方地区生育期为 100d 左右的结果基本一致。

## 4 结论

通过对 5 个燕麦品种（系）的农艺性状和种子生产性能分析评价得出，5 个燕麦品种（系）在兰州新区种子均可饱满成熟，且收获种子发芽率均在 90%以上。5 个燕麦（系）均表现出较好的适应性，适合种子实业生产，可为种子不能成熟的区域提供优质种子。其中歌莱德和 AQ-20 的干草产量和种子生产性能最突出，两者的经济效益最高，最适宜在兰州新区推广进行种子繁育和饲草生产。

### 参考文献

【1】 赵秀芳，戎郁萍，赵来喜. 我国燕麦种质资源的收集和评价[J]. 草业科学，2007，24（3）：36−40.
【2】 尹祥佳，南铭，李晶，等. 饲用燕麦种质资源遗传多样性和抗性评价研究[J]. 中国种业，2021（10）：15−18.
【3】 赵桂琴，慕平，魏黎明. 饲用燕麦研究进展[J]. 草业学报，2007，16（4）：116−125.
【4】 张新军，周海涛，李天亮，等. 燕麦野生资源的收集评价与利用[J]. 河北农业科学，2011，15（1）：6−7+10.
【5】 闫天芳，魏臻武，王爱华，等. 8 份燕麦材料在江淮地区生产性能及饲用价值评价[J]. 中国草地学报，2020，42（3）：111−118.
【6】 张杰，闫志坚，尹强，等. 22 种燕麦饲草品种在达拉特旗地区的评价与筛选[J]. 中国草地学报，2020，42（6）：134-140.

【7】 崔海,王加启,卜登攀,等.燕麦饲料在动物生产中的应用[J].中国畜牧兽医，2010,37（6）：214 -216.
【8】 徐长林．高寒牧区不同燕麦品种生长特性比较研究[J]．草业学报,2012,21(2):280-285 .
【9】 崔海，王加启，卜登攀，等. 燕麦饲料在动物生产中的应用. 动物生 产，2010，37(6)：214-216.
【10】 郑殿生，王晓鸣，张京. 燕麦种质资源描述规范和数据标准. 北 京：中国农业出版社，2006：8-24.
【11】 王巍. 吉林省西部地区 21 个燕麦品种生产性能和营养价值评 价. 长春：东北师范大学，2016.
【12】 董世魁，蒲小朋，马金星，等. 甘肃天祝高寒地区燕麦品种生产性能评价. 草地学报，2001，9(1)：44-49.
【13】 张锦华，李青丰，李显利. 旱作老芒麦种子产量构成因子的研 究. 中国草地，2000，22(6)：34-37.
【14】 温丽，毕盛楠，徐兴健，等. 饲用燕麦种子产量与产量相关性状相关性分析及综合评价[J]. 土壤与作物，2023，12（1）：69－75.
【15】 孙建平，董宽虎，蒯晓妍，等. 晋北农牧交错区引进燕麦品种生产性能及饲用价值比较. 草业学报，2017，26(11)：222-230.
【16】 杨晶，刘文辉，梁国玲，等. 高寒地区不同燕麦品系抗倒伏相 关性状分析. 草业学报，2020，29(12)：50-60.
【17】 王桃，徐长林，姜文清，等. 高寒草甸区饲用燕麦品种营养价值综合评价研究. 中国草地学报，2010，32(3)：68-75.
【18】 周镇磊，刘建明，曹东，刘宝龙，王东霞.作物杂志，2024（1）：132-140.
【19】 王巍. 吉林省西部地区 21 个燕麦品种生产性能和营养价值评价. 长春：东北师范大学，2016.
【20】 史睿智，仁增旺堆，片多，等. 4 个燕麦品种在西藏那曲申扎县的适应性评价. 中国草地学报，2022，44(2)：49-54.

# 四倍体蒙农 5 号新麦草倍性相关特征的研究

何茹雪，周成美，艾芊，贾晓娣，王佳妮，云岚*

（内蒙古农业大学草原与资源环境学院，内蒙古 呼和浩特 010010）

**摘要：**本研究通过流式细胞仪法等对四倍体蒙农 5 号新麦草的倍性、木质素、叶绿素、营养成分进行分析，结果表明：不同世代蒙农 5 号新麦草植株的相对荧光强度是对照材料二倍体新麦草的二倍左右，且四倍体新麦草的叶绿素 a、叶绿素 b、叶绿素总含量均显著高于二倍体新麦草，木质素含量显著低于二倍体新麦草。营养成分中四倍体新麦草的粗蛋白、磷、脂肪、钙含量均显著高于二倍体新麦草，中性洗涤纤维、酸性洗涤纤维、粗纤维的含量均显著低于二倍体新麦草。综上所述，四倍体蒙农 5 号新麦草的饲草品质优于二倍体新麦草，且四倍体新麦草的核型遗传较稳定。

**关键词：**新麦草；四倍体；叶绿素；木质素；营养成分

新麦草（*Psathyrostachys juncca*(Fisch.)Nevski），又名俄罗斯野黑麦，是短根茎的下繁丛生型优质牧草，具有较丰富的抗性基因[1]。染色体是遗传物质的载体，其形态及倍性研究是植物遗传育种的前提。倍性鉴定是种质资源遗传背景、保存和进一步利用研究的基础。染色体加倍是培育优良牧草品种的主要技术措施之一，目的在于最大限度地提高其产量、营养价值、抗逆性以及杂交种育性恢复等性状。

由于新麦草具较低的染色体倍性水平（2n＝14）适合于开展倍性育种，具有重要的潜在价值。云岚等[2]研究发现，新麦草分蘖期加倍幼苗与二倍体幼苗的形态差异相比较，四倍体叶片长、宽均显著高于二倍体。赵宁等[3]研究发现，与二倍体新麦草相比四倍体新麦草的种苗生活力强，种子营养成分含量高，对低温、干旱等极端环境的适应能力强。本试验以蒙农 5 号新麦草(*P.juncca*(Fisch.)Nevski cv.‘Mengnong No.5’)为材料，研究四倍体新麦草倍性的相关特征，以期为新品种新麦草的推给种植以及良种繁育提供技术支撑。

## 1 材料与方法

### 1.1 试验地概况

试验地位于内蒙古包头市土默特右旗内蒙古农业大学职业技术学院实验园区（110.31°E，40.33°N）。属于典型的温带大陆性季风气候，其特点为光照充足，雨热同期，昼夜温差大，降水量少，无霜期短。

### 1.2 试验设计与方法

参试材料蒙农 5 号新麦草（*P. juncca*(Fisch.)Nevski cv. ‘Mengnong No.5’），为 2021 年由内蒙古农业大学登记的四倍体新麦草品种。试验采用流式细胞仪对不同世代蒙农 5 号新麦草（第一代 TND-a：种植于 2018 年；第二代 TND-b：种植于 2019 年；第三代 TND-c：种植于 2020；第四代 TND-d：种植于 2021 年）进行倍性、叶绿素、木质素、营养成分进行测定。

### 1.3 数据处理分析

采用Microsoft Excel、SPSS 22.0等软件，对试验所得数据进行统计分析，采用Graphpad Pism 9.5 软件进行绘图。

## 2 结果与分析

### 2.1 不同世代新麦草倍性鉴定结果

通过流式细胞仪对不同世代蒙农5号新麦草进行倍性测定，结果显示（图1），二倍体蒙农4号新麦草植株主峰的相对荧光强度为44.12±1.97，一到四代蒙农5号新麦草植株主峰的相对荧光强度分别为：86.33±2.17、86.61±3.16、92.17±6.21、92.17±6.21，是对照材料的二倍左右。不同世代蒙农5号新麦草与蒙农4号新麦草的相对荧光强度之间存在显著差异（$P<0.05$）。在不同世代蒙农5号新麦草中，第一代和第三代中四倍体新麦草占比90%，第二代和第四代中四倍体新麦草占比为100%（表1）。

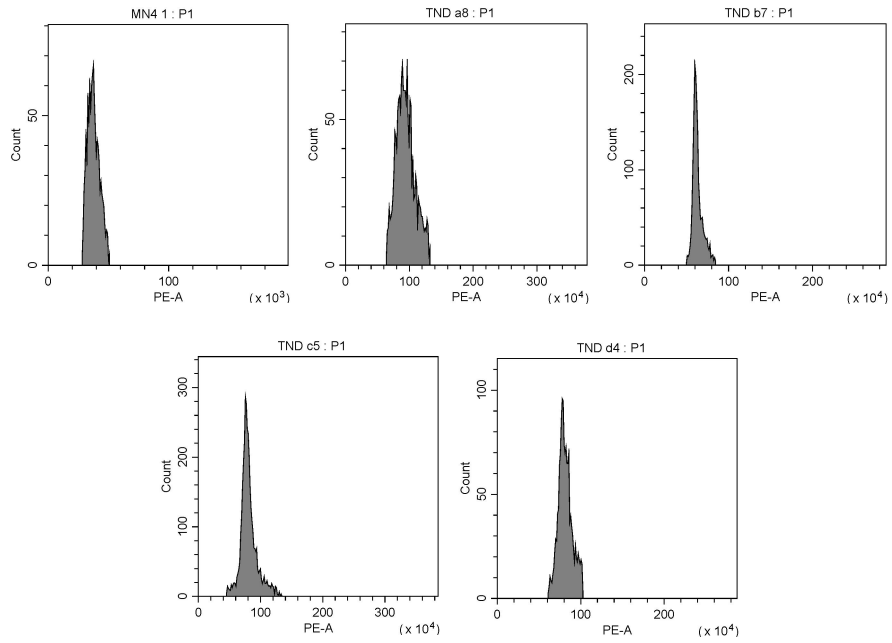



图 1　不同新麦草材料流式细胞仪倍性鉴定结果

Figure.1　Ploidy identification results of different materials of *Psathyrostachys juncea* by flow cytometry

表 1　不同倍性新麦草材料的相对荧光强度

Table.1　Relative fluorescence intensity of different ploidy *Psathyrostachys juncea* materials

| 试验材料<br>Testing materials | 二倍体占比%<br>Proportion of diploids | 四倍体占比%<br>Proportion of tetraploids | 相对荧光强度<br>Relative fluorescence intensity |
|---|---|---|---|
| MN4 | 100% | 0% | 44.12±1.97 c |
| TND-a | 10% | 90% | 86.33±2.17 b |
| TND-b | 0% | 100% | 86.61±3.16 b |
| TND-c | 10% | 90% | 92.17±6.21 a |
| TND-d | 0% | 100% | 83.31±2.01 b |

## 2.2 新麦草叶片叶绿素含量分析

通过对蒙农 4 号新麦草和不同世代蒙农 5 号新麦草的叶绿素 a、叶绿素 b 和叶绿素总含量的测定得出（图 2），不同世代的蒙农 5 号新麦草的叶绿素 a、叶绿素 b 以及总叶绿素的含量均显著高于对照组蒙农 4 号新麦草（$P<0.05$），不同世代蒙农 5 号新麦草之间叶绿素含量差异性不显著。

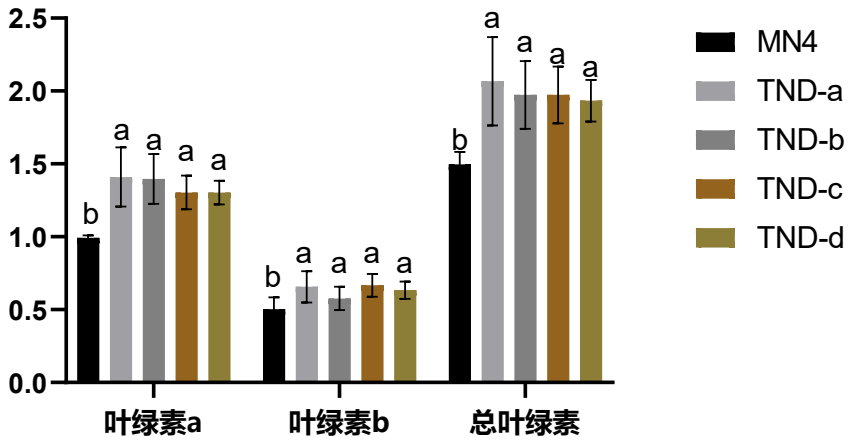



图 2　不同新麦草材料叶绿素含量

Figure.2　The chlorophyll content of *Psathyrostachys juncea* of different materials

### 2.3 新麦草叶片木质素含量分析

通过对蒙农 4 号新麦草和不同世代蒙农 5 号新麦草的木质素含量的测定得出（图 3），蒙农 5 号新麦草的木质素含量均显著低于蒙农 4 号新麦草（$P<0.05$）。其中，第四代蒙农 5 号新麦草的木质素含量最低，较对照组蒙农 4 号新麦草的木质素含量低 26.37%。

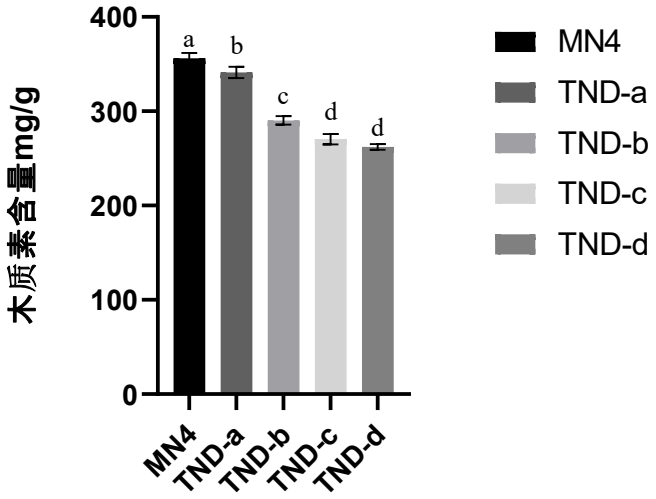



图 3　不同新麦草材料木质素含量

Figure.3　Lignin content of different materials of Psathyrostachys juncea

### 2.4 新麦草营养成分分析

通过对二倍体蒙农 4 号新麦草和四倍体蒙农 5 号新麦草营养成分的测定得出（表 2），开花期的新麦草的粗蛋白、磷、脂肪、钙含量高于结实期，且四倍体新麦草的粗蛋白、磷、脂肪、钙含量显著高于二倍体新麦草（$P<0.05$）。四倍体新麦草在结实期的干物质和灰分的含量显著高于二倍体新麦草（$P<0.05$）。四倍体新麦草的中性洗涤纤维、酸性洗涤纤维和粗纤维的含量在开花期和结实期均显著低于二倍体新麦草（$P<0.05$）。

表 2　新麦草的营养成分分析

Table.2　Analysis of nutritional composition of *Psathyrostachys juncea*

| 品种 Variety | 生育期 Growth periods | 粗蛋白% Crude protein | 磷% Phosphorus | 干物质% Dry matter | 脂肪% Crut fat | 中性洗涤纤维% Neutral detergent fiber | 酸性洗涤纤维% Acid detergent fiber | 粗纤维% Crude fiber | 灰分% Ash | 钙% Calcium |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| 蒙农 4 号新麦草 | 开花期 | 10.46±0.14 c | 0.31±0.01 c | 94.52±0.06 c | 5.08±0.13 c | 56.06±0.39 b | 34.88±0.26 b | 31.37±0.32 b | 10.39±0.03 c | 0.18±0.04 c |
| | 结实期 | 9.12±0.13 d | 0.24±0.01 d | 95.16±0.07 b | 5.69±0.06 b | 61.56±0.34 a | 39.32±0.31 a | 35.07±0.47 a | 10.61±0.20 b | 0.20±0.01 c |
| 蒙农 5 号新麦草 | 开花期 | 13.39±0.17 a | 0.33±0.01 a | 94.50±0.08 c | 6.22±0.13 a | 53.57±0.76 c | 32.81±0.25 c | 29.99±0.69 c | 10.26±0.08 c | 0.26±0.02 b |
| | 结实期 | 12.43±0.06 b | 0.32±0.01 b | 95.45±0.07 a | 6.37±0.20 a | 56.46±0.52 b | 34.71±0.16 b | 30.80±0.49 bc | 11.23±0.06 a | 0.36±0.01 a |

注：同列不同小写字母表示差异处理，$P<0.05$

## 3 讨论

目前已有大量研究致力于人工诱导禾本科牧草染色体加倍，为的是最大限度地提高牧草的产量、营养价值、抗逆性以及杂交种育性恢复等性状。本研究对蒙农 5 号新麦草进行倍性测定，结果显示不同世代蒙农 5 号新麦草的相对荧光强度为 83.31-92.17，是对照组二倍体材料的二倍左右，说明蒙农 5 号新麦草的核型遗传较稳定，可作为新麦草育种的优良种质资源。叶绿素含量的提高使得植物能够吸收更多的光能，能够保证牧草进行正常的生命活动，合成足够能量为其生长发育提供物质基础。本试验中四倍体新麦草的叶绿素 a、叶绿素 b、叶绿素总含量均显著高于二倍体新麦草，明显表现出多倍体植株的光合色素含量特征，与崔华蕾[4]以白榆叶片为试验材料，发现白榆的叶绿素 a、叶绿素 b 及总叶绿素含量随着倍性的增加而增大的结果相似。木质素由于其特殊的化学结构而难以被消化降解，所以木质素含量的多少直接影响牧草的消化率和适口性。本试验得出四倍体新麦草的木质素含量显著低于二倍体新麦草，说明蒙农 5 号新麦草的适口性优于蒙农 4 号新麦草。与崔莉莉[5]以苏丹草为研究对象，得出四倍体苏丹草的木质素含量显著低于二倍体的结论相似。苏和[6]对不同倍性冰草的研究，表明四倍体杂种冰草富含粗蛋白、粗脂肪、钙等营养成分，具有较高的营养价值。牧草的营养成分是反映牧草品质的重要性状，本研究发现四倍体新麦草的粗蛋白、磷、脂肪、钙含量均显著高于二倍体新麦草，中性洗涤纤维、粗纤维的含量均显著低于二倍体新麦草。

## 4 结论

四倍体蒙农 5 号新麦草的核型遗传较稳定且牧草品质优于二倍体新麦草，其叶绿素 a、叶绿素 b、叶绿素总含量均显著高于二倍体新麦草，木质素含量显著低于二倍体新麦草。四倍体新麦草营养成分中的粗蛋白、磷、脂肪、钙含量均显著高于二倍体新麦草，中性洗涤纤维、酸性洗涤纤维、粗纤维的含量均显著低于二倍体新麦草。

## 参考文献


[1] 何佩臻. 新麦草种子生产关键技术初探[D].内蒙古农业大学,2023.

[2] 云岚,云锦凤,李俊琴等.新麦草愈伤组织多倍体诱导与倍性鉴定[J].草业学报,2010,19(06):126-131.

[3] 赵宁,赵来喜,刘敏轩等.不同倍性新麦草种子萌发特性的研究[J].种子,2008(09):26-28+33.

[4] 崔华蕾,郭欢欢,杨丽晓等.二倍体及多倍体白榆叶片形态与光合特性分析[J].黑龙江农业科学,2023(03):68-72.

[5] 崔莉莉. 四倍体苏丹草新种质组织结构特性和能源利用潜力初探[D].南京农业大学,2016.

[6] 苏和. 四倍体杂交冰草新品系农艺及分子细胞遗传学特性的研究[D].内蒙古农业大学,2013.

# 巴彦淖尔地区植物多样性与常见种药用价值

樊佳悦[1]，郑丽娜[1]，王伟[1]，郝治满[1]

（蒙草生态环境（集团）股份有限公司，内蒙古自治区 呼和浩特 010011）

**摘要：**为深入了解巴彦淖尔地区的野生植物物种丰富度及其药用价值，本研究通过 2017-2018 年，2020-2021 年野外实地采集与调查，对该区域的植物种类进行统计。通过采集植物样本、记录详细信息统计分析，我们确定了该区域内前 100 种常见植物种类，发现巴彦淖尔地区拥有丰富的野外植物资源。通过查阅相关文献资料，确认常见植物中 51%的植物具有药用价值，也对 20 种常见植物药用价值详细的分析。利用所采集植物的经纬度信息，探讨了它们适宜的生长条件。这一研究不仅有助于我们理解植物的生长习性，也为未来的药用植物种植与栽培提供了科学依据。此外发现许多蒙药的治疗用途与中药存在差异，对于拓宽药用植物的应用领域和推动民族医药的发展具有重要意义。

**关键词：**巴彦淖尔市；野生植物种类；多样性分析；药材植物

**Abstract:**In order to understand the species richness and medicinal value of wild plants in Bayannur area, this study collected and investigated plant species in the region from 2017 to 2018 and 2020 to 2021. Through statistical analysis of plant samples and detailed information, we identified the top 100 common plant species in the area, and found that the Bayannur area has abundant wild plant resources. By reviewing the relevant literature, it was confirmed that 51% of the common plants had medicinal value, and the medicinal value of 20 common plants was analyzed in detail. Using the longitude and latitude information of the collected plants, the suitable growth conditions of the plants were discussed. This study not only helps us understand the growth habits of plants, but also provides a scientific basis for the future planting and cultivation of medicinal plants. In addition, it is found that the therapeutic uses of many Mongolian medicines are different from those of traditional Chinese medicine, which is of great significance for broadening the application field of medicinal plants and promoting the development of ethnic medicine.

**Key words:**Bayannur；Wild plant species；diversity analysis； medicinal plants

巴彦淖尔地区属于半干旱地区生态环境脆弱，环境复杂，植物多样性高，共有种子植物 895[1]种，占内蒙古地区种子植物种类的 35.08％。依据 2021 年《国家重点保护野生植物名录》巴彦淖尔市有分布的国家重点保护野生植物 13 种,隶属 10 科 13 属,总数占全区保护种的 28.3%[2]，根据内蒙古自治区第四次自然资源普查，巴彦淖尔地区野生植物可供药用的中药用植物占相当比例,约有 780 种[3],种子植物资源多且药用资源丰富，巴彦淖尔地区对珍稀濒危药用植物研究较多，但对常见种植物药用价值分析的相关资料较少，且缺少野外实地调研资料，从 20 世纪 90 年代至 2010 年，不到 20 年的时间里中药资源锐减至 6000 余种，400 种常用药材中有 20%以上已经处于在短缺状态，可见不科学的过度开采只会加重濒危物种灭绝风险。药用价值的常见物种在巴彦淖尔地区有批量种植生产的先天有利条件，本研究对巴彦淖尔地区常见及药用植物分析，为研究和挖掘该地区药用植物提供基础数据。避免后续民间野外采集利用对生态环境构成较大的威胁。

## 1、研究区域概况和研究目的与方法

### 1.1 研究区域概况

巴彦淖尔地区位于内蒙古自治区西北部，位于干旱半干旱地区，属于内蒙古高原的一部分，平均海拔 1000m 以上，阴山山脉与狼山横贯西北大部分地区。巴彦淖尔农田遍布有著名的河套平原产粮区，其气候属温带大陆性气候,无霜期 110-130d[1],错综复杂的环境和土地类型成就了巴彦淖尔地区丰富的植物种类。巴彦淖尔市药用植物种质蕴藏量为西部地区第三大[3]。

### 1.2 调查目的与意义

近年来由于人口持续增加，为满足大量的人口生存需要，大量人类活动对野生植物的生存构成极大的威胁，保护与合理利用现有野生资源是一个重要议题，调查巴彦淖尔地区现有野生植物种类和生境状况有利于及时实施科学的环境保护措施；对于平衡当地农田用地和自然植物生长地有重要意义；调查常见植物的药用作用，可以有效利用野生植物资源。

**1.3 研究材料以及方法**

植物资源多样性的基础是野外调查，蒙草团队查阅相关资料及巴彦淖尔实地调查，采取随机样点取样方法，确定采样时间、路线等，组织专业人员进行植物标本采集，后续通过专家鉴定以及采集信息的统计分析，确定河套平原地区优势种、常见种。通过查阅相关书籍与文献分析药用价值，4 年间共采集植物标本 14592 份，采集种子植物种类高达 724 种，占巴彦淖尔地区总种子植物种类数量的 80.89%。

**1.4 数据分析方法**

采用 Excel 进行统计以及 91 卫星助手对采集地点进行定位。

## 2、结果与分析

**2.1 常见植物的统计与分析**

根据采集数据，在 14592 份标本调研发现巴彦淖尔地区分布有 86 科，365 属，724 种植物种，其中菊科占比为 28%，禾本科占比为 25%，豆科占比为 18%，通过 Excel 统计出出现频率较高的前 100 种植物进分析，植物出现频率部分排名（如图 1）其中前十五种出现频率高的植物分别为[5]：匍根骆驼蓬（*Peganum nigellastrum Bunge* ）、虎尾草（*Chloris virgata Swartz*）、苦豆子（*Sophora alopecuroides L.*）、苍耳（*Xanthium strumarium L*）、狗尾草（*Setaria viridis (L.) P. Beauv*）.、苦马豆（*Sphaerophysa salsola (Pall.) DC.*）、蒺藜（*Tribulus terrestris L.* ）、乳苣（*Lactuca tatarica (L.) C. A. Mey.*）、芦苇（*Lactuca tatarica (L.) C. A. Mey.*）、鹅绒藤（*Cynanchum chinense R. Br.*）、蓼子朴（*Inula salsoloides (Turcz.) Ostenf.*）、苣荬菜（*Sonchus brachyotus DC.*）、砂蓝刺头（*Echinops gmelinii Turcz.*）、银灰旋花（*Convolvulus ammannii Desr.*）、阿尔泰狗娃花（*Heteropappus altaicus (Willd.) Novopokr.*）。前 20 种植物中，80%的植物具有药用价值并且可以针对性的治疗各种疾病[6]。除此之外，还对数量靠前的前一百种植物进行了药用价值分析，在前的一百种植物中，51%的植物具有明确的药用价值，它们在蒙药或者中药中仍然起着重要的作用，作为天然药物资源在不同的病症中得以利用；49%的植物并不具有或者是尚未开发药用价值，在后续的利用与研究中等待着后人发掘与补充。在没有药用功能或者尚未发现药用价值的植物中，没有药用价值但同属不同种植物却有药用价值的种类为 22 种，在这些植物中占比 44%。

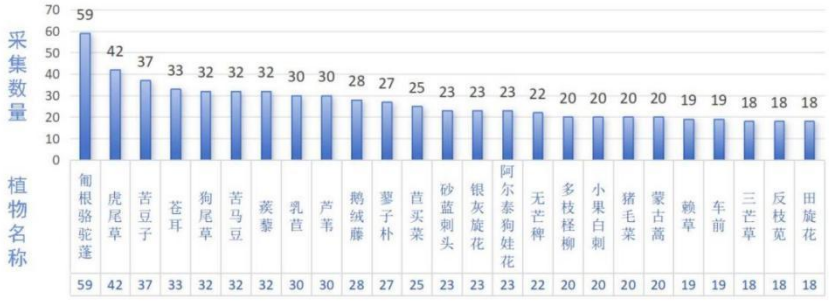



图 1 巴彦淖尔地区常见种采集数量

Figure1 The number of common species collected in Bayannur area

**2.2 植物药用价值分析**

对 20 种具有药用价值的植物进行统计与资料翻阅，调查指出其利用部位以及主要功效[5]见表 1。

表 1 巴彦淖尔 20 种植物药用价值分析

Table 1: Analysis of the medicinal value of common species in Bayannur

| 植物名称 | 学名 | 利用部位 | 主要药用作用 |
|---|---|---|---|
| 沙枣 | *Eleagnus angustifolia L.* | 果实、树皮、叶 | 抗炎 |

| | | | |
|---|---|---|---|
| 甘草 | *Glycyrrhiza uralensis Fisch. ex DC.* | 根及根茎 | 抗敏与免疫抑制 |
| 苦豆子 | *Sophora alopecuroides L.* | 根、根茎、全草、种子 | 动物血压先升后降 |
| 苍耳 | *Xanthium strumarium L.* | 果实、全草 | 降血糖、抗菌 |
| 苦马豆 | *Sphaerophysa salsola (Pall.) DC.* | 全草、果实 | 保持毛细血管抵抗力 |
| 沙苁蓉 | *Cistanche sinensis G. Beck* | 肉质茎 | 主治虚劳内伤 |
| 知母 | *Anemarrhena asphodeloides Bunge* | 根茎 | 抑制细菌 |
| 车前 | *Plantago asiatica L.* | 种子、全草 | 祛痰 |
| 反枝苋 | *Amaranthus retroflexus L.* | 全草 | 咽喉肿痛 |
| 黄芪 | *Astragalus membranaceus (Fisch.) Bunge* | 根 | 增强机体免疫功能 |
| 小果白刺 | *Nitraria sibirica Pall.* | 全草 | 消食健脾，滋补强壮 |
| 蒺藜 | *Tribulus terrestris L.* | 果实 | 头晕目眩，目赤多泪 |
| 芦苇 | *Phragmites australis (Cav.) Trin. ex Steud.* | 根茎、嫩茎、叶 | 热病烦渴、胃热呕吐 |
| 鹅绒藤 | *Cynanchum chinense R. Br.* | 根、乳汁、全草 | 风湿痛、腰痛、胃痛 |
| 蓼子朴 | *Inula salsoloides (Turcz.) Ostenf.* | 全草 | 外感发热、痢疾、泄泻 |
| 草木樨 | *Melilotus officinalis (L.) Lam.* | 全草 | 抗疟疾 |
| 多枝柽柳 | *Tamarix ramosissima Ledeb.* | 嫩叶 | 感冒、麻疹不透 |

### 2.3 常见药用植物的小生境信息利用

根据实地的考察与调研，了解该区域适合生长的植物，再借助经纬度信息，定位到采集地点得知植株生长小生境具体的环境条件(图 2）。对于同时期不同区域采集的标本形状以及植物利用部位，进一步精准找到增加利用部分生产效率的适宜环境条件，有针对性的进行大量种植提高生产率。以苍耳为例，苍耳的用药部分是全株的地上干燥部位，苍耳分布范围广，且具有抗菌、抗病毒、治疗关节炎与止痛、降血糖等要用作用[4]，测量苍耳株高可以间接得出药用的可利用量，测量八月采集标本植株株高，可以得出经纬度 108.33494,40.99616 的植物植株高度为最高为 37.5cm，该地区地势平坦阳光充足，靠近天籁湖湖畔，水资源丰富与其他苍耳小生境环境条件对比，该地区苍耳生长状况更好，可利用价值更高。




图 2 苍耳坐标点

Figure 2 Xanthella coordinate point

## 3、结论与讨论

### 3.1 巴彦淖尔有大量野生植物具有药用价值

通过调查得知巴彦淖尔地区，常见的植物中 51%具有药用价值，可见多数植物具备有明确记载的药物功能，可利用部位部位多，药用植物治疗病症的种类丰富、范围广，对于整个巴彦淖尔地区乃至整个内蒙古都有着极高的利用价值，是一笔宝贵的财富，不断弘扬优良中华名族传统中药文化的同时，又为当地人民的身体健康添加一份保障，这些优势种常见种在本土适宜的环境下大量生长，无论是对巴彦淖尔平原地区生态环境的稳定还是日后当地人民利用这种地理环境优势进行批量种植都起到极大的作用。在药用植物中，这些植物治疗的疾病种类多，一种植物具有多种疗效，功能丰富，且多数药用植物可以全株用药利用率高，浪费少，因此应当保护好当地生态环境，科学调研植物生境，开展药用植物的大量人工种植。野外采集常

见药用植物，由于草本植物生长周期短、速度快，适量采集对当地生态环境破坏小。

### 3.2 巴彦淖尔常见药用植物适合大量种植

在巴彦淖尔地区生长的野生药用植物，由于对当地环境相互适应，因此数量多、恢复速度快，人工野外采集利用后，来年继续生长补充，通过植株高度、干物质重量、专业检测，找出不同小生境下，药用成分最高的植物，并对生境气候、水土、光照等进行详细记录、分析，为科学人工种植做好详尽数据基础。如植物群落在演替中期对植物进行采集，优势种、常见种的适量采集还有利于该群落的生物多样性增长。

## 4、巴彦淖尔野生药用资源的合理利用与科学保护

### 4.1 加强保护当地药用资源

巴彦淖尔分布有国家重点保护野生植物，具有经济文化科学研究的价值，在实地野外调查与资料查阅中，发现当地对于野生植物的保护仍有不足，大量的珍惜植物被非法没有节制的采集，对当地生态环境以及自然植物资源造成了大量的破坏，该地生长肉苁蓉（*Cistanche deserticola Ma*）、知母（*Anemarrhena asphodeloides Bunge*）、苦参（*Sophora flavescens Alt.*）、锁阳（*Cynomorium songaricum Rupr.*）等具有极大药用价值的珍贵药材，对于珍稀濒危药用植物可以选择人工种植避免过量采集继续破坏，并加强就地保护。

### 4.2 开展同属药用植物开发与蒙药用植物研发

实地调查中发现许多药用植物的同属植物生长到一起，这些植物亲缘关系相近的同时生长条件环境相近甚至完全一致，且在巴彦淖尔地区没有药用价值但是同属植物有的占比为 44%，在同属中有记载的不同种植物有药用价值的情况也比比皆是，所以加强对于药用植物的同属植物的研究有利于开发更多的药用植物。在《内蒙古植物药志》中许多药用植物的中药可治疗病况与蒙药不同，名族药是我国药用植物文化中不可缺失的一部分是传统文化的瑰宝由此可见，植物的用途仍可以继续开发研究，使药用植物走可持续发展道路。

**参考文献:**

[1]金洪,张树森,李红,等.巴彦淖尔盟药用植物资源的保护[J].内蒙古农牧学院学报,1999,(03):44-52.

[2]于宏业.巴彦淖尔市国家重点保护野生植物种类及保护与利用[J].草原与草业,2022,34(03):54-57.

[3]赵泽源,魏欣欣,张明旭,等.内蒙古自治区第四次与第三次全国中药资源普查药用植物资源物种变化分[J].中国现代中药,2023,25(12):2453-2457.DOI:10.13313/j.issn.1673-4890.20230728001.

[4]齐英,李艳,何子骥,等.苍耳草化学成分、药理作用及质量标志物预测分析[J].中华中医药学刊,2023,41(02):32-38.DOI:10.13193/j.issn.1673-7717.2023.02.007.

[5]赵一之,赵利清,曹瑞．内蒙古植物志（第一卷至第六卷）［M］．内蒙古：内蒙古人民出版社，2020.

[6]朱亚民, 马毓泉, 李希贤, 内蒙古植物药志(第一卷、第二卷、第三卷） [M] 内蒙古：内蒙古人民出版社，1989.

# [35]‘龙牧茶’秣食豆选育报告

李莎莎，杨 曌*，王晓龙，柴 华，徐艳霞，吴 玥

（黑龙江省农业科学院畜牧兽医分院，黑龙江 齐齐哈尔 161005）

**摘 要：**为解决优质饲草品种匮乏的问题，培育高产、耐盐碱的饲草新品种，通过对采集的野生秣食豆种质资源进行单株混合选育和株系混合选育，择优去劣选育出产量高、耐盐碱的‘龙牧茶’秣食豆新品种。生产试验结果显示，‘龙牧茶’秣食豆多年多点的平均干草产量高达 14201.46 kg·hm$^{-2}$，4 个不同试验点的干草产量分别比对照提高了 17.06%，16.12%，16.45%和 15.16%；在 pH 值 8.2 的盐碱地生长良好。研究表明，‘龙牧茶’秣食豆蛋白质含量高，适口性好，消化率高，耐盐碱，适宜在黑龙江省全域推广种植。

**关键词：**‘龙牧茶’秣食豆；新品种；产量；耐盐碱；选育

# Report on the Selection and Breeding of 'Longmu Cha' fodder beans

LI Sha-sha, YANG Zhao, WANG Xiao-long, CHAI Hua, XU Yan-xia, WU Yue

(Branch of Animal Husbandry and Veterinary, Hei long jiang Academy of Agricultural Sciences, Qiqihar, 161005, China)

**Abstract:** In order to solve the problem of shortage of high quality forage varieties and to cultivate new forage varieties with high yield and salt tolerance, the single plant mixed breeding and line mixed breeding of wild forage legumes resources were carried out, a new variety Glycine max Merr. 'Longmucha' with high yield and salt tolerance was selected. The results of the production test showed that the average hay yield of 'Longmucha' on multiple years was 14201.46 kg·hm$^{-2}$, and the hay yield of four experimental sites increased by 17.06% , 16.12% , 16.45% and 15.16% compared with the control. It growed well in saline soil with pH 8.2. The research showed that *Glycine max* Merr. 'Longmucha' had high protein content, good palatability, high digestibility and salt-alkali resistance, it is suitable to be planted in the whole area of Heilongjiang Province.

**Key words:***Glycine max*(L.) Merr. 'Longmucha'; New varieties; Yield; Salt tolerance; Breeding

优良牧草品种是建立人工草地的重要物质基础，草种业是畜牧业高质量发展的基础性核心产业，是推动我国草原与草业事业跨越式发展的重要引擎[1-2]。黑龙江省不仅是产粮大省，还是畜牧业发展大省，优质饲草对畜产品的安全和畜牧业发展具有重要的意义[2]。黑龙江省冬季严寒少雪，夏季炎热少雨，特别是西部地区土壤盐碱化程度较高，引入的进口品种较难适应本地环境条件[3-4]。长期以来，优良品种短缺成为制约当地畜牧业发展的关键因素之一。

秣食豆（*Glycine max* (L.) Merr.）是豆科一年生半蔓生作物，为大豆属的一个饲用类型，别名马料豆、饲用大豆，适应性强、蛋白含量高、适口性好，主要分布于我国的东北地区，华北、西北亦有栽培[5]。秣食豆混贮饲料饲喂肉牛头均日增重相较于青贮玉米和甜高粱单贮饲料饲喂分别提高了 145 g 和 105.89 g，育肥增重效果明显[6]。秣食豆与青贮玉米混贮饲喂泌乳奶牛比饲喂单一青贮料日增鲜奶产量 1.5 kg[7]。目前国内秣食豆研究多集中在农艺性状、资源性状评价及与玉米混播的高效栽培方面，品种选育的研究较少[8-10]。

[35] 作者简介：李莎莎，女，硕士，助理研究员，研究方向为牧草育种与栽培研究。E-mail:liheshasha@126.com

*通讯作者：E-mail：hljyangzhao@163.com

基金项目：黑龙江省农业科技创新跨越工程项目（CX23GG06）；黑龙江西北部抗寒耐干旱苜蓿新品种设计与培育项目（2022ZD040120402）；黑龙江省饲草饲料产业技术协同创新推广体系（黑农厅函【2019】766 号）

为此，黑龙江省农业科学院畜牧兽医分院历时 13 年选育出高产优质、耐盐碱优质新品种‘龙牧茶’秣食豆，为本地区牧草产业发展提供优良品种，对本地区畜牧业高质量发展提供助力。

# 1 材料与方法

## 1.1 亲本来源及育种过程

亲本材料为课题组成员在黑龙江省宝清地区采集的野生秣食豆种质资源。从 2009-2010 年开始，在育种试验基地原始资源圃中，对采集的野生秣食豆的形态特征、生物学特性、物候期和生长发育规律及经济性状进行了评价鉴定、常规整理和单株混合选择，以植株高大、叶量丰富、无病虫害、株型整齐一致的优良植株混合收种。2011-2016 年将混合收获的种子播种，经过连续 6 年的混合选择，选优去劣筛选出性状稳定，叶量丰富，产量高，种子成熟期一致的优良群体材料，形成‘龙牧茶’秣食豆基础原种。2017-2019 年以松嫩秣食豆、野生秣食豆为对照，开展了品种比较试验。2021-2022 年在黑龙江省内开展两年四点的生产试验。

## 1.2 试验地概况

### 1.2.1 黑龙江省农业科学院畜牧兽医分院试验地

位于齐齐哈尔市，东经 123°41′、北纬 47°15′，春季干旱多风，冬季寒冷少雪，年均气温 4.64℃，极端最高温 39℃，极端最低温-40.3℃，≥10℃的积温 2722℃，年均降水量 346 mm 左右，无霜期 135 d 左右；土壤为黑风沙土，pH 值 7.4，肥力中等。

### 1.2.2 黑河市逊克县试验地

位于我国东北边陲，东经 128°27′、北纬 49°34′，年均气温在-2℃～1℃，极端最高温 38.2℃，极端最低温-44.5℃，≥10℃的积温 2300℃，年均降雨量 500～550 mm，无霜期 100～120 d。土壤为草甸黑土，pH 值 7.2，肥力较好。

### 1.2.3 黑龙江省农业科学院畜牧兽医分院佳木斯三江试验站

位于黑龙江省三江平原，东经130°24′、北纬46°48′，年平均气温3℃，极端最高温37.5℃，极端最低温-41.5℃，≥10℃的积温2621℃，年均降雨550～600 mm，无霜期130 d左右。土壤为黑钙土，pH值7.0，土质肥沃。

### 1.2.4 黑龙江省绿色草原牧场试验地

位于黑龙江省西南部松嫩平原腹地，北纬 46°24′，东经 125°18′，年均气温 3.2℃，极端最高温 37℃，最低温-39.3℃，≥ 10℃积温 2407℃，年降雨量 386 mm，无霜期 130 d，土壤为盐碱土，pH 值 8.2，肥力中等。

## 1.3 测定指标和方法

### 1.3.1 产量及其试验设计

品种比较试验：品比试验在松嫩平原齐齐哈尔市富拉尔基区黑龙江省农业科学院畜牧兽医分院试验地进行。试验采用随机区组排列，4 次重复，小区面积 18 $m^2$（3.6 m×5 m）。产草区行距 45 cm，8 行区，播种量 6.0 g/$m^2$；种子生产试验区行距 60 cm，6 行区，播量 4.5 g/$m^2$。四周设保护行 1 m，区组间留观察过道 1 m。

生产试验：生产试验在黑龙江省农业科学院畜牧兽医分院试验地、黑河市逊克县试验地、黑龙江省农业科学院畜牧兽医分院佳木斯三江试验站、黑龙江省绿色草原牧场试验地进行。4 个试验点统一设计，生产田试验面积 352 $m^2$（20 m×17.6 m），行距 45 cm；种子生产试验区面积 352 $m^2$（20 m×17.6 m），行距 65 cm，人工开沟点播，播深 3～5 cm。

### 1.3.2 观测内容及试验方法

物候期：播种后进行物候期观察记载。除成熟期以 80%种子成熟时期为准，其它各时期均以 50%植株达到该时期为准，并计算生育天数。

株高：每小区随机测量 10 株，3 次重复，测量地表至植株最高部位的高度，求其平均值。

牧草产量：选择在结荚期刈割测全区产草量，并取鲜草 1 kg 风干，测风干重，折合干草产量。

种子产量：种子达 80%成熟时，进行小区种子收获，测定种子产量。

营养成分测定：2019 年 8 月在秣食豆品种比较试验区内，分别取‘龙牧茶’秣食豆、松嫩秣食豆和野生秣食豆结荚初期样品各 500 g，在黑龙江省农业科学院畜牧兽医分院综合化验室测定分析营养成分。粗蛋白含量采用凯氏定氮法测定，粗脂肪含量采用索氏提取法测定，粗纤维含量采用酸碱消煮法测定，粗灰分含量采用灼烧法测定，中性洗涤纤维和酸性洗涤纤维含量采用范氏洗涤纤维法测定[11]。

### 1.4 数据统计与分析

采用 Excel 和 SPSS 软件进行数据处理和单因素方差分析，试验数据以“平均值±标准差”表示，采用 Duncan's 检验法进行多重比较，$P<0.05$ 表示差异显著，$P<0.01$ 表示差异极显著。

## 2 结果与分析

### 2.1 生物学特性

#### 2.1.1 物候期

3 年品比试验结果表明：‘龙牧茶’秣食豆生长速度快，在黑龙江省西部地区 5 月上旬至中旬播种，播后 10 d 左右苗齐，出苗后 20～25 d 开始分枝，8 月上旬开始进入开花期，8 月末进入结荚期，9 月下旬进入成熟期，生育期 129 d 左右，比对照生育天数缩短 3～4 d（见表 1）。

表 1 供试秣食豆在齐齐哈尔市的物候期

Table 1 The phenological period of test fodder beans in Qiqihar city

| 品 种 | 播种期 | 出苗期 | 分枝期 | 现蕾期 | 开花期 | 结荚期 | 成熟期 | 生育天数/d |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| 龙牧茶秣食豆 | 11/5/2017 | 5-20 | 6-14 | 7-11 | 8-3 | 8-23 | 9-17 | 129 |
| | 12/5/2018 | 5-21 | 6-17 | 7-13 | 8-5 | 8-25 | 9-20 | 130 |
| | 14/5/2019 | 5-23 | 6-18 | 7-14 | 8-7 | 8-28 | 9-21 | 129 |
| 松嫩秣食豆 | 11/5/2017 | 5-21 | 6-16 | 7-13 | 8-4 | 8-28 | 9-19 | 131 |
| | 12/5/2018 | 5-21 | 6-18 | 7-17 | 8-8 | 8-29 | 9-21 | 133 |
| | 14/5/2019 | 5-23 | 6-19 | 7-16 | 8-6 | 8-30 | 9-24 | 132 |
| 野生秣食豆 | 11/5/2017 | 5-22 | 6-16 | 7-13 | 8-4 | 8-28 | 9-20 | 132 |
| | 12/5/2018 | 5-21 | 6-18 | 7-17 | 8-9 | 8-29 | 9-21 | 133 |
| | 14/5/2019 | 5-23 | 6-21 | 7-18 | 8-7 | 8-31 | 9-26 | 134 |

#### 2.1.2 平均株高

牧草的生长高度直接关系到牧草产量的高低，对供试品种不同年份整个生育期株高调查的结果表明（见表 2）：‘龙牧茶’秣食豆各年份株高均比对照品种高，3 年平均株高 163.6 cm，比对照品种松嫩秣食豆和野生秣食豆分别高 3.15%和 13.85%，与野生秣食豆差异显著（$P < 0.05$）。

表 2 供试秣食豆不同年份株高

Table 2 Plant height in different years of forage beans for testing

| 品种 | 年份 | | | 平均（cm） |
|---|---|---|---|---|
| | 2017 | 2018 | 2019 | |
| ‘龙牧茶’秣食豆 | 160.20±15.32$^{a}$ | 159.30±7.62$^{a}$ | 171.20±14.12$^{a}$ | 163.60±9.62$^{a}$ |
| 松嫩秣食豆 | 149.20±9.36$^{b}$ | 159.40±13.63$^{a}$ | 167.20±11.85$^{a}$ | 158.60±12.15$^{a}$ |
| 野生秣食豆 | 137.60±18.51$^{c}$ | 153.10±14.77$^{a}$ | 140.50±16.13$^{b}$ | 143.70±10.34$^{b}$ |

注：相同年份之间进行比较，同列数据不同小写字母表示品种间差异显著（$P<0.05$），不同大写字母表示品种间差异极显著（$P<0.01$），相同字母或无字母表示差异不显著（$P>0.05$），下同。

### 2.2 生产性能

#### 2.2.1 品比试验

3 年品种比较试验，结果表明：‘龙牧茶’秣食豆产草量高，年可刈割 1 次，平均干草产量为 15580.63 kg·hm$^{-2}$，比对照松嫩秣食豆（13711.75 kg·hm$^{-2}$）增产 13.63%，差异显著（$P < 0.05$），比野生秣食豆（9872.59 kg·hm$^{-2}$）增产 57.82%，差异极显著（$P < 0.01$）。‘龙牧茶’秣食豆与松嫩秣食豆和野生秣食豆的鲜干比差异

不显著（$P$>0.05）（见表 3）。‘龙牧茶’秣食豆种子平均产量 2088.20 kg/hm$^2$，较对照松嫩秣食豆（2048.8 kg·hm$^{-2}$）高 1.9%，差异不显著，比对照野生秣食豆（1475.1 kg·hm$^{-2}$）高 41.56%，差异极显著（$P$ < 0.01）（见表 3）。

表 3 品种比较试验秣食豆产量和种子产量

Table 3 Yield and seed yield of fodder beans in variety comparison test

| 年份 | 品种 | 鲜草产量（kg·hm$^{-2}$） | 鲜干比 | 干草产量（kg·hm$^{-2}$） | 种子产量（kg·hm$^{-2}$） |
|---|---|---|---|---|---|
| 2017 | 龙牧茶 | 51101.27±672.54$^{Aa}$ | 3.27±0.12 | 15627.30±273.45$^{Aa}$ | 2102.10±83.65$^{Aa}$ |
| | 松嫩 | 48110.23±513.01$^{Ab}$ | 3.54±0.07 | 13590.46±300.16$^{Ab}$ | 2045.20±101.20$^{Aa}$ |
| | 野生 | 35424.42±442.75$^{Bc}$ | 3.62±0.15 | 9785.75±161.20$^{Bc}$ | 1472.50±72.51$^{Bb}$ |
| 2018 | 龙牧茶 | 45893.39±533.42$^{Aa}$ | 3.06±0.11 | 14997.84±143.50$^{Aa}$ | 2152.90±90.77$^{Aa}$ |
| | 松嫩 | 44295.35±691.70$^{Aa}$ | 3.34±0.24 | 13262.08±250.22$^{Ab}$ | 2109.40±135.22$^{Aa}$ |
| | 野生 | 31319.51±454.65$^{Bb}$ | 3.28±0.09 | 9548.63±183.51$^{Bc}$ | 1518.70±80.25$^{Bb}$ |
| 2019 | 龙牧茶 | 54796.95±715.54$^{Aa}$ | 3.40±0.12 | 16116.75±217.10$^{Aa}$ | 2009.70±132.24$^{Aa}$ |
| | 松嫩 | 46704.46±625.41$^{Ab}$ | 3.27±0.08 | 14282.71±173.69$^{Ab}$ | 1991.90±172.11$^{Aa}$ |
| | 野生 | 34449.79±431.15$^{Bc}$ | 3.35±0.14 | 10283.52±173.34$^{Bc}$ | 1434.10±103.26$^{Bb}$ |
| 3 年平均 | 龙牧茶 | 50597.20±465.58$^{Aa}$ | 3.25±0.34 | 15580.63±232.15$^{Aa}$ | 2088.20±115.84$^{Aa}$ |
| | 松嫩 | 46370.01±672.60$^{Ab}$ | 3.38±0.07 | 13711.75±276.82$^{Ab}$ | 2048.80±162.50$^{Aa}$ |
| | 野生 | 33731.24±500.27$^{Bc}$ | 3.42±0.23 | 9872.59±183.44$^{Bc}$ | 1475.10±83.10$^{Bb}$ |

### 2.2.2 生产试验

两年四点的生产试验结果表明（见表 4）：‘龙牧茶’秣食豆鲜草产量与干草产量 2 年的平均值均显著高于对照松嫩秣食豆（$P$ < 0.05），黑龙江省农业科学院畜牧兽医分院、佳木斯市三江试验站、黑龙江省绿色草原牧场试验地、黑河市逊克县试验点的干草产量比对照松嫩秣食豆分别增产 17.06%、16.12%、16.45%和 15.16%。4 个地区的产草量以佳木斯市三江试验站产草量最高，黑河市逊克县试验点次之，其次是黑龙江省畜牧研究和黑龙江省绿色草原牧场试验点。‘龙牧茶’秣食豆两年四点的种子产量略高于对照松嫩秣食豆，差异不显著（$P$>0.05）。

表 4 生产试验牧草产量和种子产量

Table 4 Production trial forage yield and seed yield

| 试　点 | 年　度 | 品　种 | 鲜草产量(kg·hm$^{-2}$) | 鲜干比 | 干草产量(kg·hm$^{-2}$) | 种子产量（kg·hm$^{-2}$） |
|---|---|---|---|---|---|---|
| 黑龙江省农业科学院畜牧兽医分院 | 2021 | 龙牧茶 | 46600.79±1032.15$^{a}$ | 3.61±0.22 | 12904.06±261.14$^{a}$ | 2008.23±74.65 |
| | | 松嫩 | 35357.06±725.51$^{b}$ | 3.19±0.09 | 11067.00±195.70$^{b}$ | 2000.72±112.19 |
| | 2022 | 龙牧茶 | 47351.58±851.62$^{a}$ | 3.35±0.17 | 14134.12±157.15$^{a}$ | 1972.42±54.12 |
| | | 松嫩 | 36854.92±524.19$^{b}$ | 3.06±0.14 | 12031.60±221.58$^{b}$ | 1957.39±80.05 |
| | 2 年平均 | 龙牧茶 | 46976.18±732.47$^{a}$ | 3.47±0.35 | 13519.08±210.50$^{a}$ | 1990.33±68.14 |
| | | 松嫩 | 36105.98±652.14$^{b}$ | 3.13±0.08 | 11549.30±213.52$^{b}$ | 1950.59±95.47 |
| 黑河市逊克县 | 2021 | 龙牧茶 | 47967.80±614.58$^{a}$ | 3.28±0.26 | 14613.05±157.42$^{a}$ | 1841.14±101.39 |
| | | 松嫩 | 38295.90±732.10$^{b}$ | 3.00±0.11 | 12784.21±217.75$^{b}$ | 1864.15±74.16 |
| | 2022 | 龙牧茶 | 48194.50±928.46$^{a}$ | 3.18±0.52 | 15165.89±251.50$^{a}$ | 1794.89±36.84 |
| | | 松嫩 | 41366.21±615.41$^{b}$ | 3.16±0.34 | 13073.77±153.22$^{b}$ | 1774.35±59.07 |
| | 2 年平均 | 龙牧茶 | 48081.14±1125.45$^{a}$ | 3.23±0.19 | 14889.47±173.58$^{a}$ | 1818.02±81.49 |
| | | 松嫩 | 39831.06±546.33$^{b}$ | 3.08±0.07 | 12928.99±190.52$^{b}$ | 1819.25±95.47 |
| 佳木斯市三江试验站 | 2021 | 龙牧茶 | 59143.99±539.47$^{a}$ | 3.99±0.33 | 14826.96±157.43$^{a}$ | 1721.87±112.57 |
| | | 松嫩 | 51058.98±635.92$^{b}$ | 4.06±0.15 | 12573.04±314.39$^{b}$ | 1729.80±80.50 |
| | 2022 | 龙牧茶 | 61191.80±791.40$^{a}$ | 3.73±0.27 | 16421.86±251.30$^{a}$ | 1787.23±162.47 |

| | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|
| | | 松嫩 | 55452.80±422.63[a] | 3.88±0.34 | 14336.87±243.22[b] | 1778.74±106.91 |
| | 2 年平均 | 龙牧茶 | 60167.90±594.46[a] | 3.85±0.22 | 15624.41±184.14[a] | 1754.55±133.05 |
| | | 松嫩 | 53255.89±762.51[b] | 3.96±0.41 | 13454.96±273.15[b] | 1754.27±76.40 |
| 绿色草原牧场 黑龙江省 | 2021 | 龙牧茶 | 46290.86±649.16[a] | 3.83±0.46 | 12099.05±195.61[a] | 1928.52±101.25 |
| | | 松嫩 | 35305.25±476.93[b] | 3.39±0.15 | 10406.10±208.50[b] | 1874.52±76.12 |
| | 2022 | 龙牧茶 | 47376.38±664.51[a] | 3.52±0.20 | 13446.72±248.50[a] | 1886.22±162.44 |
| | | 松嫩 | 39086.14±591.64[b] | 3.39±0.08 | 11531.41±213.20[b] | 1881.42±73.65 |
| | 2 年平均 | 龙牧茶 | 46833.62±561.49[a] | 3.67±0.33 | 12772.88±232.41[a] | 1907.36±100.58 |
| | | 松嫩 | 37195.69±638.16[b] | 3.39±0.16 | 10968.77±209.15[b] | 1877.97±70.46 |

### 2.3 营养品质

品比试验营养成分测定分析结果表明（见表 5），‘龙牧茶’秣食豆的粗蛋白含量显著高于野生秣食豆（$P < 0.05$），与松嫩秣食豆差异不显著；中性洗涤纤维和酸性洗涤纤维含量显著低于野生秣食豆（$P < 0.05$）；粗脂肪、粗纤维和粗灰分含量差异不显著。说明‘龙牧茶’秣食豆新品种的蛋白含量高，适口性好，消化率高。

表 5 品种比较试验秣食豆品质测定结果

Table 5 Results of quality determination of fodder beans in variety comparison test

| 品种 | 粗蛋白/% | 粗脂肪/% | 粗纤维/% | 粗灰分/% | 中性洗涤纤维/% | 酸性洗涤纤维/% |
|---|---|---|---|---|---|---|
| 龙牧茶秣食豆 | 18.24[a] | 0.98 | 28.01 | 8.31 | 45.27[a] | 34.53[a] |
| 松嫩秣食豆 | 16.75[a] | 0.94 | 28.62 | 6.93 | 48.01[a] | 37.21[b] |
| 野生秣食豆 | 13.41[b] | 1.05 | 32.68 | 7.48 | 52.37[b] | 38.46[b] |

## 3 讨论

### 3.1‘龙牧茶’秣食豆生物学特性分析

物候期是作物生长发育的重要特征，是监测作物长期生长过程的重要时间节点，对评估作物生长状况、预测气候变化对作物的影响及合理农业管理措施的制定具有重要意义[12]。生育期缩短是“蒙饲燕 2 号”粮饲兼用型皮燕麦新品种选育的重要农艺性状[2]。本研究中，‘龙牧茶’秣食豆生育天数 129 d 左右，各生育期较对照两个秣食豆品种提前 1～3 d，生育天数缩短 3～4 d，说明其对黑龙江省寒冷的气候环境具有更强的适应性。与相同地区选育的国审秣食豆品种生育天数相近[4]。

### 3.2‘龙牧茶’秣食豆生产性能分析

作物的生长高度是动态衡量作物健康和整体生长状况的关键指标，是估测其生物学产量的核心要素[13]。干草产量是衡量饲草生产性能和适应性的关键指标[14]。高产是牧草品种选育的重要指标之一，我国苜蓿现有的育成品种中，登记高产的品种有 25 个，占育成品种的 46.3%[15]。生产性能是龙牧 1 号羊草新品系选育的关键育种目标之一[16]。草产量是多花黑麦草和饲用燕麦在成都平原地区引种综合评价的重要性状指标[17]。本研究中，‘龙牧茶’秣食豆在品种比较试验中干草产量比对照松嫩秣食豆和野生秣食豆分别高 13.63% 和 57.82%，增产效果显著。同时两年四点的生产试验中佳木斯和黑河地区干草产量较高，不同生态区域种植的秣食豆干草产量存在差异，但是相同区域内‘龙牧茶’秣食豆干草产量显著高于对照品种，说明‘龙牧茶’秣食豆产量突出，生产性能稳定。‘龙牧茶’秣食豆在黑龙江东部三江平原、西南部松嫩平原盐碱地和东北边陲在生产性能上均有较好的表现，说明其适应性强，可推广范围大。

### 3.3‘龙牧茶’秣食豆营养品质分析

牧草的营养品质对家畜的生长发育和生产性能至关重要[18]。品质不仅是牧草育种的重要表型性状之一，还是饲用燕麦品种综合评价的关键性状[19-21]。在饲草的区域性引种及品种比较研究中，饲草品质是重要的评价因素[22-24]。牧草的品质主要取决于粗蛋白和粗纤维含量，粗蛋白含量越高，粗纤维含量越低，营养价值越高[25-26]。中性洗涤纤维和酸性洗涤纤维含量则直接影响牧草的适口性和消化率，中性洗涤纤维过高影

响动物的采食量[27-28]。本研究中，‘龙牧茶’秣食豆的粗蛋白含量较高，中性洗涤纤维和酸性洗涤纤维含量低，说明‘龙牧茶’秣食豆可吸收利用的营养成分多，适口性好，品质优良。粗蛋白含量比牡丹江秣食豆结荚期粗蛋白含量高，低于鼓粒期和成熟期[29]。与杨曌等[30]对不同刈割时期松嫩秣食豆品质研究的结果一致，‘龙牧茶’秣食豆新品种的粗蛋白含量高于 3 个不同刈割时期松嫩秣食豆粗蛋白含量。

## 4 结论

‘龙牧茶’秣食豆蛋白含量在 18%以上，草质柔软，适口性好，消化率高，品比试验干草产量达 15580.63 kg·hm$^{-2}$，种子产量 2088.2 kg·hm$^{-2}$，且具有较强的耐盐碱性能，适宜在黑龙江省内推广种植。

**参考文献：**


[1]刘加文.大力发展中国草种业[J].草地学报，2016，24（3）：483-484.

[2]田青松，于东洋，张瑞霞，等.‘蒙饲燕 2 号’燕麦草选育报告[J].草地学报，2018，26（2）：459-466.

[3]张冬梅，王建丽，尤佳，等.黑龙江省饲草业现状及发展对策[J].现代畜牧科技，2022（2）：24-26.

[4]杨曌，李红，黄新育，等.‘松嫩’秣食豆新品种选育报告[J].草地学报，2015，23（4）：887-892.

[5]孔令泽来.秣食豆对高原环境胁迫的形态生理响应及内在调控机制研究[D].东北农业大学，2022.

[6]马垭杰，张贞明，权金鹏，等.不同饲草单贮、混贮饲料饲喂肉牛试验效果观测[J].畜牧兽医杂志，2017，36（6）：111-113+115.

[7]沈怀民，刘树声，徐健，等.青贮玉米与秣食豆混播及饲喂效果[J].养殖技术顾问，2004，（4）：21.

[8]郭兴玉，陈金沅，张跃鹏，等.秣食豆种质资源的灰色关联度分析与综合评价[J].黑龙江畜牧兽医，2023（11）：91-97.

[9]安昊云，王皓，贾倩民等.禾豆混播与调亏灌溉对河西地区饲草产量、品质和水分利用的影响[J].草业科学，2021，38（1）：122-135.

[10]邝肖.不同施氮量对青贮玉米/秣食豆混播产量和氮素利用的影响[D].东北农业大学，2019.

[11]杨胜.饲料分析及饲料质量检测技术[M].北京：北京农业大学出版社，1993.

[12]王志波，吴瑞俊，姜峻，等. 2005-2020 年安塞站大豆和谷子不同物候期生态观测数据集[J].中国科学数据，2023（3）：1-10.

[13]张建，谢田晋，杨万能，等.近地遥感技术在大田作物株高测量中的研究现状与展望[J]. 智慧农业，2021，（3）：11-15.

[14]周惠丽，耿小丽. 9 个紫花苜蓿品种在甘肃河西地区引种栽培研究[J].中国草食动物科学，2023，43（6）：59-64.

[15]王旗旗，解继红，于林清，等.我国苜蓿育种研究进展及展望[J].草学，2023（4）：1-7.

[16]杨曌，李红，张英俊，等.龙牧 1 号羊草新品系选育和品种比较试验研究[J].黑龙江畜牧兽医，2019（17）：109-112.

[17]杨建，雷雄，陈煜坤，等.多花黑麦草与饲用燕麦引进品种在成都平原的生产性能评价[J]. 草业科学，2020，37（6）：1124-1132.

[18]赵力兴，郭敬春，温丽，等. 20 个苜蓿品种生产性能及营养品质比较[J].饲料研究，2022，45（13）：97-101.

[19]叶雪玲，甘圳，万燕，等.饲用燕麦育种研究进展与展望[J].草业学报，2023，32（2）：160-177.

[20]唐佳新，徐丽君，涂哈迪，等.呼伦贝尔地区不同燕麦品种农艺性状和营养品质的比较[J]. 草学，2023（4）：27-32.

[21]王润莲，武俊英，刘慧军等.内蒙古地区 10 个燕麦品种生产性能及营养品质的比较研究[J]. 饲料研究，2023，46（10）：128-133.

[22]付志慧，格根图，贾玉山，等. 9 个多花黑麦草品种在土默川地区的生产性能和营养价值分析[J].中国草地学报，2023，45（8）：41-49.

[23]张兰，宋谦，马淑梅，等.不同紫花苜蓿品种在陇东地区的生产性能和营养价值评价[J].饲料研究，2023，46（6）：96-100.

[24]杨敏，徐树花，饶雄，等.乌蒙山冷凉山区饲用燕麦农艺性状与营养品质评价[J].草地学报，2023，31（4）：1071-1080.

[25]陈懂懂，李奇，霍莉莉，等.长江源和黄河源区草地牧草养分、理论承载力及饲用价值[J]. 草地学报，2023，31（7）：2186-2193.

[26]何旭阳，杨振安，张桥英.青藏高寒草甸 3 种牧草营养成分和饲用价值比较[J].草学，2019（4）：34-37.

[27]翁月，崔国文，姚凤娇，等.不同种皮颜色秣食豆的农艺性状和营养价值评价[J].草地学报，2014，22（5）：1091-1095.

[28]林碧珍，林宝妹，郑开斌，等.7 种可饲用植物营养成分分析[J].饲料研究，2022，45（5）：106-109.

[29]黄岩，多田琦，遇瑶，等.施肥对提高秣食豆产量和饲用品质的影响[J].草业学报，2017，26（4）：211-217.

[30]杨曌，李红，李莎莎，等.不同刈割时期对松嫩秣食豆产量及品质的影响[J].黑龙江畜牧兽医，2018（20）：148-150.

# 饲喂箭筈豌豆对黄淮肉羊生长性能、血液免疫指标及甲烷排放的影响

张孝安[1,2]，魏慧情[1,2]，陈瑶[1]，孙义铭[1]，赵梦宇[1]，张子军[1,3]，任春环[1,3]，

黄桠锋[1,2,3]*

(1.安徽农业大学 动物科技学院，安徽 合肥 230031； 2. 颍县农业绿色发展推进中心,安徽 颍上 236200; 3. 定远县现代农业技术合作推广中心,安徽 定远 233200）

**摘要：**箭筈豌豆（*Vicia sativa*）为豆科野豌豆属一年生草料兼用作物，具有产量高、营养品质优良、适口性好等特点，刈割后可晾晒成高品质干草以饲喂家畜。本研究以“牧草—生长性能—甲烷排放”为主线，以 4 月龄黄淮肉羊公羊为供试家畜，饲喂苜蓿干草（40%添加，AR）为对照组，箭筈豌豆苜蓿干草混合组（50%替代 AR，CAR）、箭筈豌豆干草（100%替代 AR，CR）为试验组，比较绵羊生长性能、血液免疫指标、甲烷排放（$CH_4$）。探究了饲喂箭筈豌豆干草对黄淮肉羊生长性能、血清免疫指标，、$CH_4$ 排放的影响机制，以期为日粮结构调整减少反刍家畜甲烷排放，发展绿色健康草地畜牧业，保障国家生态安全提供新的思路和靶点。

**关键词：**箭筈豌豆；甲烷；羊；生长性能；血液免疫指标

收稿日期：2024 年 4 月 8 日

基金项目：国家自然科学基金青年基金(31772566)农区“草食畜牧业-种植业”养分综合平衡生产技术应用试验(23339045)；财政部和农业农村部国家现代农业产业技术体系(CARS-38)

作者简介：张孝安（2000-），男，安徽宣城人，在读硕士生，主要从事不同饲养模式下肉羊生长性能的营养调控研究。E-mail:1716424299@qq.com

通讯作者：黄桠锋（1989-），男，安徽黄山人，讲师，硕士生导师，主要从事草畜一体化工作。E-mail: huangyafeng316@163.com

# Effect of feeding arrow pea on growth performance, blood immune index and methane

# emission of Huanghuai mutton sheep

**Abstract:** Vicia sativa is an annual forage crop of the wild pea genus in the legume family. It has the characteristics of high yield, excellent nutritional quality, and good palatability. After cutting, it can be dried and sun dried into high-quality hay for feeding livestock. The main line of this study was "forage growth performance methane emission". Four month old Huang Huai mutton rams were used as test livestock. Alfalfa hay (40% added, AR) was used as the control group. Vetch pea alfalfa hay mixed group (50% replaced AR, CAR) and Vetch pea hay (100% replaced AR, CR) were used as the test group to compare sheep growth performance, blood immune indicators, methane emissions (CH4). The influence mechanism of feeding vetch hay on the growth performance, serum immunity index, and CH4 emission of Huang Huai meat sheep was explored, in order to provide new ideas and targets for the adjustment of diet structure to reduce methane emission of ruminant livestock, develop green and healthy grassland animal husbandry, and ensure national ecological security.

**Keywords:** arrow pea; methane; sheep; growth performance; blood immune index

箭筈豌豆（*Vicia sativa*）为豆科野豌豆属一年生草料兼用作物，具有产量高、营养品质优良、适口性好等特点。箭筈豌豆不但可作为绿肥作物改良土壤，还可用于生产干草、青贮饲草及放牧草地以饲喂牛羊等反刍动物[1,2]。有研究报道，与饲喂紫花苜蓿（*Medicago sativa*）干草相比，饲喂箭筈豌豆干草可使肉羊的日增重显著提高 3.4%~27.7%[1]，且能有效降低反刍动物的甲烷（$CH_4$）排放量[3-5]。本文主要探究饲喂箭筈豌豆对黄淮肉羊生长性能、血液免疫指标以及甲烷排放的影响，以期能为箭筈豌豆在我国的种植推广提供科学依据。

## 1.材料与方法

### 1.1 试验方法

#### 1.1.1 试验时间与地点

预饲期 14 天，正式期 70 天，共 84 天，其中正式期前 63 天为育肥期，后 7 天为 $CH_4$ 测定期。试验期为 2023 年 8 月至 2023 年 10 月，本试验于中国安徽省阜阳市颍上县国家农业绿色发展长期固定观测颍上试验站开展。

#### 1.1.2 试验动物与分组

选取 36 只体态健康，生长状况良好，体重相近（26.11±0.62 kg）的 3 月龄黄淮肉羊公羊进行饲喂试验。试验羊只统一编号后随机分为三组，每组 12 只，即 AR 组（40%紫花苜蓿+20%脆秆水稻秸秆+40%精料）、CAR 组（20%紫花苜蓿+20%箭筈豌豆+20%脆秆水稻秸秆+40%精料）和 CR 组（40%箭筈豌豆+20%脆秆水稻秸秆+40%精料）。

#### 1.1.3 饲养管理与试验饲粮

正式试验期每天饲喂黄淮肉羊公羊两次（8:30 和 18:30），试验期间自由饮水，采食，定期对羊群服用伊维菌素进行驱虫，并对羊舍进行清扫，消毒，以保证羊舍环境的干燥，清洁，防止疫病的产生。日粮参照我国《肉羊饲喂标准》（NY/T 816-2021）制定，日粮中原料经粉碎、混合加工制成的全混颗粒饲料，晾干待用，试验日粮原料组成及其营养成分见表 1。

**表 1　箭筈豌豆干草替代苜蓿干草日粮原料组成与营养成分含量（风干基础）**

**Tab. 1　Raw material composition and nutrient content of diets with vetch hay instead of alfalfa hay (air drying basis)**

| 原料 raw material | 苜蓿组 Alfalfa | 苜蓿豌豆组 alfalfa and Vicia sativa | 豌豆组 Vicia sativa |
|---|---|---|---|
| 紫花苜蓿干草 | 40.00 | 20.00 | 0.00 |
| 箭筈豌豆花期干草 | 0.00 | 20.00 | 40.00 |
| 脆秆水稻秸秆 | 20.00 | 20.00 | 20.00 |
| 玉米 | 28.00 | 28.00 | 28.00 |
| 麦麸 | 2.91 | 4.80 | 6.60 |
| 大豆粕 | 5.40 | 3.60 | 1.85 |
| 食盐 | 0.70 | 0.70 | 0.70 |
| 碳酸钙 | 1.10 | 1.05 | 1.00 |
| 磷酸氢钙 | 0.89 | 0.85 | 0.85 |
| 预混料 Premix 1 | 1.00 | 1.00 | 1.00 |
| 精粗比 | 40:60 | 40:60 | 40:60 |

| 常规营养成分含量 | | | |
|---|---|---|---|
| 干物质 DM (%) | 93.4 | 91.8 | 93.1 |
| 粗蛋白质 CP (%) | 14.11 | 14.10 | 14.10 |
| 中性洗涤纤维 NDF (%) | 38.82 | 37.46 | 37.09 |
| 酸性洗涤纤维 ADF (%) | 20.43 | 19.69 | 18.95 |
| 粗灰分 Ash (%) | 8.49 | 10.04 | 11.58 |
| 钙 Ca (%) | 0.90 | 0.90 | 0.90 |
| 磷 P (%) | 0.51 | 0.51 | 0.51 |

注：预混料组成 mg/kg：铁 1500、铜 Cu 150、锰 600、锌 1000、维生素 A 25000 IU、维生素 D3 40000 和维生素 E 400 mg/kg。
Note: premix composition mg / kg: iron 1500, copper Cu 150, manganese 600, zinc 1000, vitamin A 25000 IU, vitamin D3 40000 and vitamin E 400 mg / kg.

### 1.2 样品采集与指标测定

#### 1.2.1 生长性能与血清免疫指标测定

分别于育肥试验始末，晨饲前对各组试验羊进行称重，连续称量两天计算 ADG。育肥试验结束后，于晨饲前空腹颈静脉采血 10 mL，置于静止 30 min 后，用高速离心机离心 15 min，分离出上层血清，做好标记并置于-80℃冰箱中保存待用。采用 ELISA 法测定血清免疫球蛋白（免疫球蛋白 A，免疫球蛋白 G 和免疫球蛋白 M）含量；各处理组血清样品均另外收集 1 管备用。

#### 1.2.2 甲烷排放测定

随机选取 18 只黄淮肉羊进行 $CH_4$ 排放量测定（每组各 6 只），采用 $SF_6$ 示踪技术测定绵羊的 $CH_4$ 排放量。在气体代谢试验开始前 7 天，采用兽用投药枪将已知渗透速率的 $SF_6$ 渗透管投入到瘤胃内，并连接气体采集管路、集气罐、背部衬垫，让试验羊充分适应设备。随后，连续收集每只试验羊每天 24 小时的气体（08:00 至次日 08:00），记录产量。一次气体收集完毕后，更换新的集气罐（使用前检漏）。采用配备有电子捕获检测器和氢火焰离子化检测器的气相色谱仪，同时测定气体样品中 $CH_4$ 和 $SF_6$ 气体的浓度，以计算单只试验羊瘤胃内 $CH_4$ 产量。

## 2.结果与分析

### 2.1 箭筈豌豆干草替代苜蓿干草对黄淮肉羊生长性能的影响

箭筈豌豆干草替代苜蓿干草对黄淮肉羊生长性能的影响如表 2 所示，三组之间羔羊初始体重及末体重均差异不显著（$P > 0.05$），CR 组总增重极显著高于其他两组（$P < 0.001$），为 14.08 kg，AR 组与 CAR 组差异不显著（$P > 0.05$）。三个处理组的羔羊 ADG 变化较大，为 160.62~227.15 g/day，CR 组极显著高于 AR 组及 CAR 组（$P < 0.001$），为 227.15 g/day，CAR 组 ADG 比 AR 组高 9.64%，两组差异不显著（$P > 0.05$）。三组羔羊采食量差异不显著（$P > 0.05$）。CR 组饲料转化率（FCR）极显著低于 AR 组和 CAR 组（$P = 0.001$），为 6.7，AR 组 FCR 最高，为 9.51。

**表 2　箭筈豌豆干草替代苜蓿干草对黄淮肉羊生长性能的影响**

**Tab. 2　Effects of common vetch hay instead of alfalfa hay on growth performance of Huanghuai sheep**

| 项目 Item | AR | CAR | CR | SEM | *P* 值 *P*-value |
|---|---|---|---|---|---|
| 初始体重 (kg) | 26.23 | 26.21 | 26.10 | 0.763 | 0.993 |
| 末体重 (kg) | 36.19 | 37.33 | 40.19 | 0.995 | 0.194 |
| 总增重 (kg) | 9.96 $^{b}$ | 11.02 $^{b}$ | 14.08 $^{a}$ | 0.770 | <0.001 |
| 平均日增重 (g/day) | 160.62 $^{b}$ | 177.76 $^{b}$ | 227.15 $^{a}$ | 8.67 | <0.001 |
| 采食量 (kg/day) | 1.52 | 1.49 | 1.51 | 0.016 | 0.734 |
| FCR | 9.51 $^{a}$ | 8.64 $^{a}$ | 6.70 $^{b}$ | 0.357 | 0.001 |

注：AR 组（40%紫花苜蓿+20%脆秆水稻秸秆+40%精料）；CAR 组（20%紫花苜蓿+20%箭筈豌豆+20%脆秆水稻秸秆+40%精料）；CR 组（40%箭筈豌豆+20%脆秆水稻秸秆+40%精料）；同一行上标不同字母表示品种间差异显著（P < 0.05）。
Note: AR group (40% alfalfa + 20% brittle stalk rice straw + 40% concentrate); CAR group (20% alfalfa + 20% arrow pea + 20% brittle stalk rice straw + 40% concentrate); CR group (40% arrow pea + 20% brittle stalk rice straw + 40% concentrate); different letters on the same line indicate significant differences between varieties (P <0.05)

### 2.2 箭筈豌豆干草替代苜蓿干草对黄淮肉羊血清免疫指标的影响

箭筈豌豆干草替代苜蓿干草对黄淮肉羊羔羊血清免疫指标的影响如图 1 所示。苜蓿组、苜蓿豌豆组、豌豆组三个处理组下羔羊血清免疫球蛋白 A（IgA）为 212.2~256.3 ug/mL，组间差异不显著（$P > 0.05$），但是苜蓿豌豆组的较苜蓿组有明显较高的趋势（$P = 0.095$）。三个处理组羔羊的血清免疫球蛋白 M（IgM）

含量变化较大，为 1358.3~1962.0 ug/mL，其中豌豆组、苜蓿豌豆组 IgM 较苜蓿组显著提高了 42.6%~44.4%，而苜蓿豌豆组与豌豆组无显著差异（$P > 0.05$）。三个处理组羔羊的血液免疫球蛋白 G（IgG）含量变化较小，为 17.0~20.4 mg/mL，组间无显著差异（$P > 0.05$）。

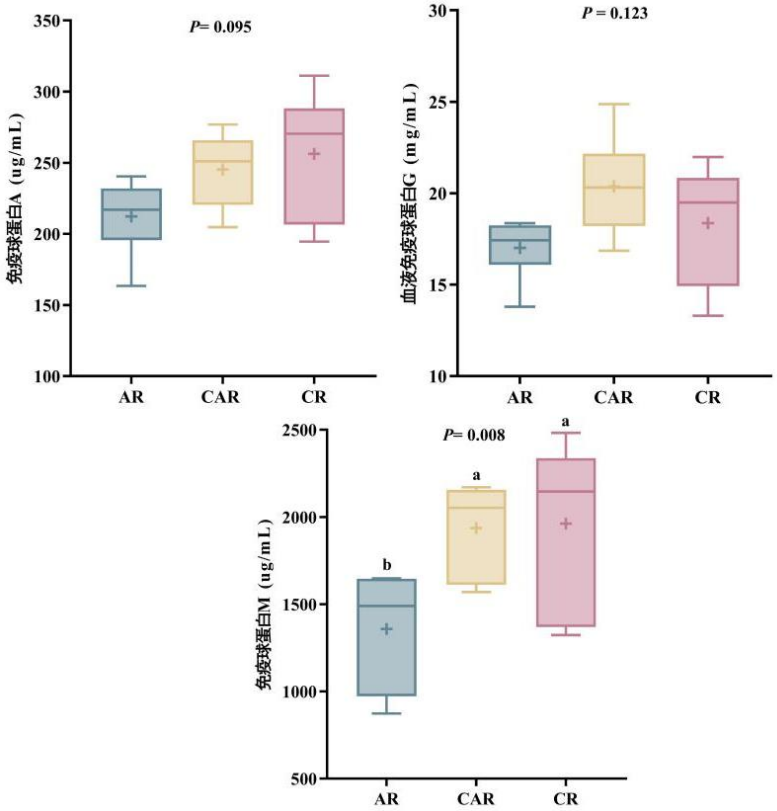



**图 1　箭筈豌豆干草替代苜蓿干草对黄淮肉羊血液免疫指标的影响**

**Fig. 1　Effects of common vetch hay instead of alfalfa hay on blood immune indexes of Huanghuai sheep**

### 2.3 箭筈豌豆干草替代苜蓿干草对黄淮肉羊甲烷排放的影响

箭筈豌豆干草替代苜蓿干草对黄淮肉羊 $CH_4$ 排放的影响如图 2 所示，三个处理组每日 $CH_4$ 排放量为 60.53~86.65 L/day，其中豌豆组日 $CH_4$ 排放量较苜蓿组显著减少了 30.14%（$P < 0.05$），而苜蓿豌豆组的较其他两组均无显著差异。三个处理组单位日增重 $CH_4$ 排放量为 0.27~0.54 L $g^{-1}$ $ADG^{-1}$，其中豌豆组单位日增重 $CH_4$ 排放量显著低于其他两组（$P < 0.05$），而苜蓿组与苜蓿豌豆组单位日增重 $CH_4$ 排放量无显著差异（$P > 0.05$）。

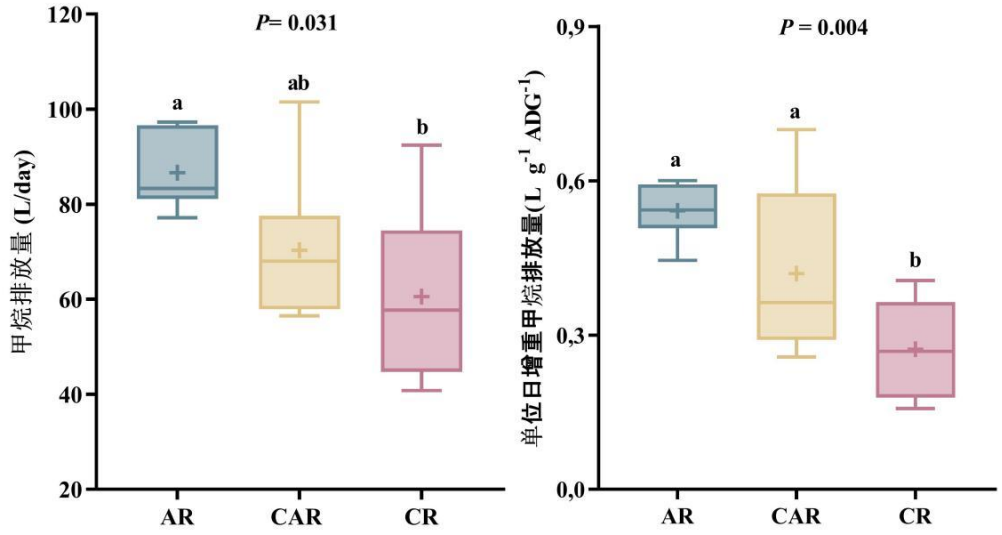



**图 2　箭筈豌豆干草替代苜蓿干草对黄淮肉羊甲烷排放的影响**

**Fig. 2　Effects of common vetch hay instead of alfalfa hay on methane emission of Huanghuai sheep**

# 3.讨论

## 3.1 箭筈豌豆干草替代苜蓿干草饲喂黄淮肉羊羔羊的育肥效果

ADG 和末体重是反映家畜生长性能的重要指标，对养殖户的收入有直接影响[6]。绵羊生长性能受不同日粮影响，高能量水平日粮可满足绵羊日常生长的营养需求[7]。本研究中饲喂箭筈豌豆组羔羊 ADG 显著高于其他两组，可能是由于日粮营养水平不同。这与 Ajebu 等人[8]研究结果一致，补充饲喂营养价值及饲料转化率更高的麦芽组绵羊的体重增加幅度更大。另外，采食量也是影响家畜生长性能，畜产品品质的重要因素，在本研究中苜蓿组，苜蓿豌豆组与豌豆组绵羊采食量接近，可能是由于本试验采用加工颗粒日粮，一定程度上缓解了不同饲草间适口性不同的问题。饲喂箭筈豌豆组羔羊料肉比显著低于其他两组，可能是由于不同日粮饲料转化率之间的差异导致，饲料转化率越高，料肉比越低。提高饲料利用率，降低料肉比，提高动物生长性能在家畜养殖过程中具有重要意义。

## 3.2 箭筈豌豆干草替代苜蓿干草对黄淮肉羊血清免疫指标的影响

羔羊血清中免疫球蛋白含量的增加可以提高羔羊的免疫功能，帮助羔羊发展自身的免疫系统，对于评估羔羊营养物质代谢状态和畜牧健康状况至关重要[9-10]。IgA 在血清中占比仅次于 IgG，占血清总免疫球蛋白的 20%左右，大多存在于各种粘膜分泌物中，包括唾液、乳汁、初乳、泪液，以及呼吸道、泌尿生殖道的分泌物，故又称黏膜免疫抗体。IgG 是血清中免疫球蛋白的主要成分，由淋巴 B 细胞在抗原刺激下产生，在血清总免疫球蛋白中含量超过的 70%，能对外来病原体迅速产生反应，抵御病毒侵袭机体[11]，IgM 是分子量最大的免疫球蛋白，主要由免疫器官中的浆细胞分泌合成，不超过血清总免疫球蛋白的 10%，IgM 的主要作用为抵御外来病原体，凝集血液等功能，参与某些自身免疫病及超敏反应的病理过程，它是机体检测外来病毒后首先产生反应的抗体。与 AR 组相比，CR 组与 CAR 组提高了羔羊血清免疫球蛋白含量，说明箭筈豌豆干草可能改善了羔羊的免疫状态。CR 组与 CAR 组提高血清免疫能力的原因可能是高浓缩单宁的作用，也可能是通过提高饲料利用率和瘤胃健康来改变细胞壁形态的间接影响，从而提高免疫功能反应。解湧芳等人[12]报道单宁能提高血液中 IgG、IgA 和 IgM 的含量，提高羔羊的免疫功能。Sunday 等人[13]整明给山羊饲喂含浓缩单宁的脱粒高粱顶，促进了山羊红细胞生成，提高了其血液携氧能力。Niu 等人[14]通过给鸡饲喂浓缩单宁，提高其血液中 IgG，IgM 含量，增强肉鸡免疫力。阳治康[15]等人报道单宁酸可提高仔猪血清中 IgG 含量，或许是因为单宁酸可通过影响生物被膜产生，从而减少病原微生物的增殖。综上所述，箭筈豌豆干草代替苜蓿干草饲喂绵羊可提高其生长性能，降低饲料比，提高免疫功能活性，这为箭筈豌豆干草在饲养场的经济高效使用提供了有意义的参考。

## 3.3 箭筈豌豆干草替代苜蓿干草饲喂黄淮肉羊甲烷排放量

$CH_4$ 是除 $CO_2$ 外最重要的温室气体，优化反刍动物饲料消化率和代谢途径，是迄今为止减少肠道 $CH_4$ 排放的最有效方法[16]。反刍动物 $CH_4$ 排放量受 DMI 影响，当牧草营养品质相同时，DMI 与 $CH_4$ 排放量呈正相关[17-18]。而在牧草营养成分差异较大时，$CH_4$ 排放量与牧草 NDF 和 ADF 含量呈正相关。NDF 和 ADF 可通过微生物发酵产生大量挥发性脂肪酸，为 $CH_4$ 的产生提供了大量的还原氢，这解释了本研究结果中

CR 组 $CH_4$ 排放量显著低于 AR 组的现象。此外，日粮中单宁含量也影响反刍动物甲烷排放，当日粮中单宁酸含量为 4%时，绵羊的日甲烷排放量显著降低，提高可消化氮利用率并显著提高沉积氮和氮存留率，表明单宁酸对反刍摄入蛋白质有一定保护作用，其可通过脂肪酸代谢抑制甲烷菌生成，减少甲烷的排放。吴爽等[19]研究发现，给奶牛饲喂营养品质较高的优质牧草，可减少其 18%的瘤胃 $CH_4$ 排放。Moss[20]等人表明，反刍动物日粮中 CP 含量高，NDF 含量低，抑制了瘤胃乙酸发酵，减少了动物 $CH_4$ 排放量。综上所述，箭筈豌豆可替代苜蓿饲喂反刍动物，影响瘤胃发酵方式，进而减少 $CH_4$ 排放量，提高养殖业环境效益。

参考文献 References：


[1] HUANG Y F, MATTHEW C, LI F, et al. Common vetch varietal differences in hay nutritive value, ruminal fermentation, nutrient digestibility and performance of fattening lambs [J]. Animal, 2021, 15(7): 100244.

[2] 南志标, 王彦荣, 聂斌, 等. 春箭筈豌豆新品种"兰箭 3 号"选育与特性评价[J]. 草业学报, 2021, 30(4): 111-120.

[3] SOLTANGHEISI A, RODRIGUES M, COELHO M J A, et al. Changes in soil phosphorus lability promoted by phosphate sources and cover crops [J]. Soil and Tillage Research, 2018, 179(6): 20-28.

[4] DU W C, HOU F J, ATSUSHI T, et al. Effects of the diet inclusion of common vetch hay versus alfalfa hay on the body weight gain, nitrogen utilization efficiency, energy balance, and enteric methane emissions of crossbred simmental cattle [J]. Animals, 2019, 9(11): 983.

[5] 潘月婷, 王春梅, 张程, 等. 箭筈豌豆/玉草混合全草饲粮改善绵羊消化代谢、减少甲烷生产[J]. 草业科学, 2019, 36(11): 2907-2914.

[6] MAJDOUB L, SAID B, KRAIEM K. Carcass traits and meat fatty acid composition of Barbarine lambs reared on rangelands or indoors on hay and concentrate [J]. Animal, 2015, 9(12), 2065–2071.

[7] WANG B, WANG Z, CHEN Y, et al. Carcass traits, meat quality, and volatile compounds of lamb meat from different restricted grazing time and indoor supplementary feeding systems [J]. Foods, 2021, 10(11): 2822.

[8] NURFETA A, ABDU Y. Feeding value of different levels of malt sprout and katikala atella on nutrient utilization and growth performance of sheep fed basal diet of Rhodes grass hay [J]. Tropical animal health and production, 2014, 46(3): 541-547.

[9] LIU Y, LIU J H, HAO L Z, et al. Effect of substituting steam-flaked corn for course ground corn on *in vitro* digestibility, average daily gain, serum metabolites and ruminal volatile fatty acids, and bacteria diversity in growing yaks [J]. Animal Feed Science and Technology, 2023, 296: 115553.

[10] VICARI T, BORNE J J G, GERRITS W J J, et al. Postprandial blood hormone and metabolite concentrations influenced by feeding frequency and feeding level in veal calves [J]. Domestic Animal Endocrinology, 2008, 34(1): 74–88.

[11] LARSSON P H. Purification of antibodies [J]. Methods in molecular medicine, 2008, 138: 197-207.

[12] 解湧芳, 李大彪, 牛晓雨, 等. 单宁对绵羊抗氧化能力及免疫性能的影响[J]. 中国畜牧杂志, 2022, 58(03): 185-190.

[13] OKUNADE S A, ISAH O A, OYEKUNLE M A, et al. Effects of supplementation of threshed sorghum top with selected browse plant foliage on haematology and serum biochemical parameters of Red Sokoto goats [J]. Tropical animal health and production, 2016, 48(5): 979-984.

[14] NIU J X,WANG Q J,JING C W,et al. Dietary galla chinensis tannic acid supplementation in the dietsimproves arowth perfomance. immune function and liver health status of broiler chickenly [J]. Frontiers in Veterinary Science, 2022, 9: 1024430.

[15] 阳治康, 殷运菊, 徐伟伟, 等. 有机酸与精油、单宁酸、复合酶制剂复配对断奶仔猪生长性能、血清生化指标和肠道健康的影响[J]. 中国畜牧兽医, 2024, 51(03): 978-989.

[16] BERRY D P, CROWLEY J J. Residual intake and body weight gain: a newmeasure ofefficiency in growing cattle [J]. Journal of Animal Science, 2012, 1: 109-115.

[17] PATINO C S, HOLMES K R, LASSEY, et al. Measurement ofmethane emission from sheep by the sulphur hexafluoride tracer technique and by thecalorimetric chamber: failure and success [J]. Animal, 2008, 2: 141-148.

[18] KNAPP J R, LAUR P A, VADAS W P, et al. Invited review:enteric methane in dairy cattle production: quantifying

the opportunities and impact of reducing emissions [J]. Journal of Dairy Science, 2014. 97(6): 3231-3261.

[19] 吴爽, 张永根, 夏科, 等. 不同粗饲料组合类型对奶牛瘤胃甲烷产量及氮代谢的影响[J].中国饲料, 2014, 03: 29–33.

[20] MOSS A R, JOUANY J P, NEWBOLD J. Methane production by ruminants:itscontribution to global warming [J]. Annales de Zootechie, 2000, 49: 231-253.

# 饲用籽粒苋可溶性碳水化合物含量及糖组成变动的影响因素

杜佳瑞，易启轩，于　梦，金怡彤，赵天玥，唐鸿宇，袁　宝*，王　鹏*

（吉林大学动物科学学院，吉林 长春　130062）

**摘要：**为探究籽粒苋的可溶性碳水化合物（WSC）及糖组成的变动和筛选最适宜做籽粒苋青贮的时间，本试验以 K472 籽粒苋为材料，选取不同的生育期、刈割时间、萎蔫处理及施肥条件进行处理，分析 WSC、蔗糖、果糖和葡萄糖的含量。结果表明，牧草 WSC 含量和糖组成的变动是对牧草青贮品质具有显著性影响的因素之一。本研究从生育期、刈割时间、萎蔫处理和施肥量四个方面对籽粒苋 WSC 含量和糖组成的变动进行研究后发现在乳熟期 17:00 时进行刈割后不进行萎蔫操作可有效的提高籽粒苋 WSC 含量和各组分糖含量。

**关键词：**籽粒苋；可溶性碳水化合物；糖组成

# Influence factors of soluble carbohydrate content and sugar composition of forage amaranth

DU Jiarui，YI Qi-xuan，YU Meng，JIN Yi-tong，ZHAO Tian-yue，TANG Hong-yu，YUAN Bao*，WANG Peng*

（College of Animal Sciences, Jilin University, Changchun, Jilin Province 10062, China）

**Abstract:** In order to investigate the variation of soluble carbohydrates (WSC) and sugar composition of seed amaranth and to screen the most suitable time for making seed amaranth silage, this experiment was conducted with K472 seed amaranth, and different fertility, mowing time, wilting treatments and fertilizer conditions were selected for treatments to determine the contents of WSC, sucrose, fructose, and glucose. The results showed that the variation of forage WSC content and sugar composition was one of the factors that had a significant effect on forage silage quality. In this study, the variation of WSC content and sugar composition of seeded amaranth was investigated in terms of fertility period, mowing time, wilting treatment and fertilizer application, and it was found that mowing without wilting at 17:00 during the lactation period was effective in increasing the WSC content of seeded amaranth and sugar content of each component.

**Key word:** Seed amaranth; Soluble carbohydrates; Sugar composition

饲用籽粒苋（*Amaranthus hypochondriacus L.*）是苋属一年生草本植物，具有适应性强，产量高和高蛋白等特点，是优良的饲草资源[1-3]。由于其含水量较高不易进行干草调制，但由于饲用籽粒苋具有良好的发酵特性[4]，因此常采用青贮调制的方法对其进行保存。

可溶性碳水化合物（WSC）是构成植物细胞壁及细胞内容物中可溶或易溶性的碳水化合物的总称[5]，主要包括葡萄糖、果糖、蔗糖等。WSC 的含量与牧草的品种有强相关性，禾本科牧草的 WSC 总含量极显著的高于豆科牧草[6]。WSC 是青贮发酵过程中微生物活动的底物，是保证青贮能够成功发酵的重要条件之一。由于籽粒苋的可溶性碳水化合含量较低，因此调制青贮时需选择合适的时机进行刈割并调制。WSC 在青贮发酵过程中会转化为乳酸和乙酸等有机酸，降低青贮饲料 pH 值抑制有害微生物的繁殖，达到长期保存的目的。

本研究就生育期、刈割时间、萎蔫时间三个方面对饲用籽粒苋中可溶性碳水化合物含量及糖组成的变动进行探究，旨在为饲用籽粒苋青贮提供理论依据。

# 1 材料与方法

## 1.1 试验材料与设计

籽粒苋品种为 K472，于 2021 年 6 月 5 日种植，人工条播，播量为 9 kg • $hm^{-2}$，播种密度为 1.5×105 株 • $hm^{-2}$。籽粒苋刈割时，留茬高度约 10cm，放置地上切成 2～3 cm 后混匀，从中取样 500 g。分别在籽粒苋的 4 个生育期，即 7 月 28 日（现蕾期）、8 月 15 日（初花期）、9 月 12 日（乳熟期）和 9 月 28 日（完熟期）随机选取长势一致的 10 株进行刈割。在 9 月 28 日（完熟期），于 8:00、11:00、14:00 和 17:00，选取长势一致的 10 株进行刈割。在 9 月 28 日（完熟期），于 6:00（早割）和 18:00（晚割），随机选取长势一致的 10 株进行刈割。刈割的籽粒苋立即切割为 2～3 cm，平铺在塑料板上进行萎蔫处理。6:00 刈割，在室外放置萎蔫 12 h。18:00 刈割，在室外放萎蔫 12 h。

## 1.2 化学成分分析方法

使用硫酸-蒽酮比色法在 620 nm 波长处测定吸光度，计算 WSC 含量。使用酶标记法在 460 nm 波长处测定葡萄糖（G）含量。使用间苯二酚法在 485 nm 波长处测定蔗糖（S）和果糖（F）含量。

## 1.3 数据处理与结果分析

试验数据采用 Excel 2010 整理统计，并采用 SPSS 27.0 软件进行方差分析与多重比较，用 GraphPad Prism 9.5 软件作图。

# 2 结果与分析

## 2.1 生育期对饲用籽粒苋可溶性碳水化合物含量及糖组成变动的影响

由图 1 可知，WSC 和 G 含量在乳熟期时最高，现蕾期最少，四组间差异均呈现显著性（$P$<0.05）。F 含量则随着时间的推移逐渐上升，在完熟期时达到峰值，并显著高于现蕾期、初花期和乳熟期（$P$<0.05）。

**图 1 生育期对饲用籽粒苋可溶性碳水化合物含量及糖组成变动的影响**

Fig. 1 Effects of growth stage on WSC content and sugar composition of forage Amaranth

## 2.2 刈割时间对饲用籽粒苋可溶性碳水化合物含量及糖组成变动的影响

由图 2 可知，WSC 的含量在 8:00 时含量最少，17:00 时含量最高。G、F 和 G＋F＋S 含量在 14:00 时达峰并显著高于 8:00 和 17:00（$P$<0.05）。S 含量的变化不随刈割时间的变动而变动，四组间差异不显著。

**图 2 刈割时间对饲用籽粒苋可溶性碳水化合物含量及糖组成变动的影响**

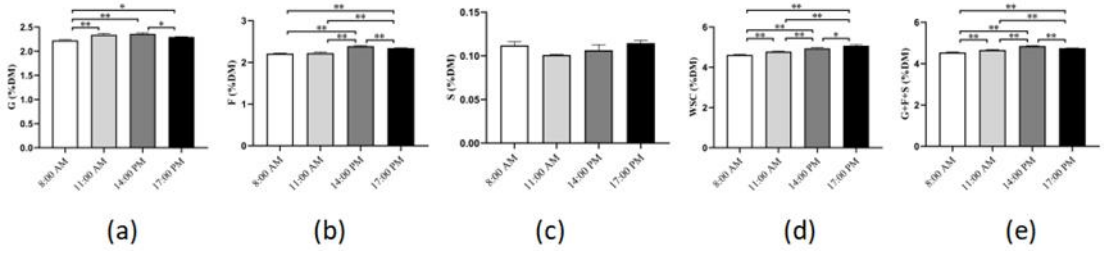
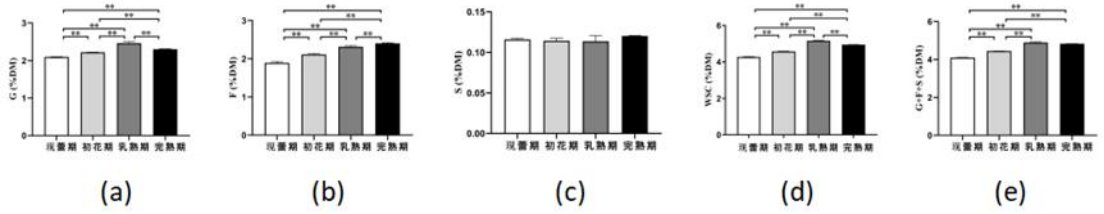
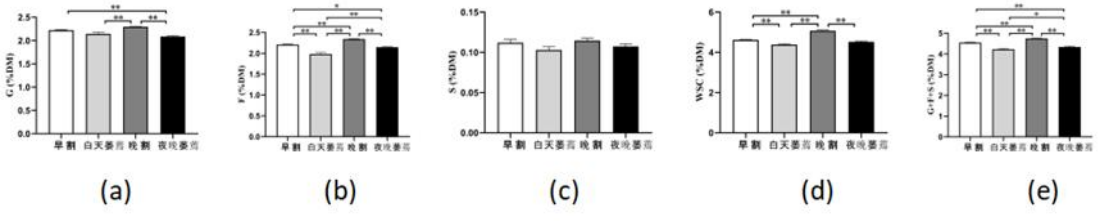



Fig .2 Effects of cutting time on WSC content and sugar composition of forage Amaranth




## 2.3 萎蔫处理对饲用籽粒苋可溶性碳水化合物含量及糖组成变动的影响

由图 3 可知，未萎蔫组的 WSC 及各类糖的含量高于萎蔫组。WSC 的含量在早割未萎蔫组最高，显著



高于早割萎蔫组和晚割萎蔫组（$P$<0.05）。未萎蔫组 G 和 S 含量较萎蔫组呈现出上升趋势，但无显著性差异。晚割组 F 和 G＋F＋S 的含量显著高于早割组（$P$<0.05）。

**图 3 萎蔫处理对饲用籽粒苋可溶性碳水化合物含量及糖组成变动的影响**

Fig. 3 Effects of wilting treatment on WSC content and sugar composition of forage Amaranth

## 3 讨论

在本试验中，从现蕾期到乳熟期的过程中，籽粒苋中 WSC、G 和 F 含量逐渐上升。由于 WSC、G 和 F 都是光合作用的产物，在此过程中，随着籽粒苋的生长和器官的逐渐成熟，光合作用逐渐增强，产物积累也逐渐增加。从乳熟期到完熟期的过程中，可能是由于籽粒苋的结实及果实的逐渐成熟，使得 WSC 等贮藏养分用于其生长过程，导致 WSC 和 G 的含量逐渐下降。

Ciavarella 等[7]研究发现，蝴蝶兰在未遮荫的情况下，WSC 含量在日出的时候最低，下午早些时候有所升高，这与本试验的结果一致。这可能是由于籽粒苋在白天进行光合作用，将二氧化碳和水转化为葡萄糖等碳水化合物，并储存起来。但晚上，由于缺乏光照，光合作用停止，而呼吸作用继续进行，导致植物体内储存的碳水化合物含量下降。

水分胁迫会影响植物体中的碳水化合物的代谢作用，在极度缺水的情况下，叶片中 $CO_2$ 的同化速率会受到抑制[8]，这与本试验的结果一致。这可能是因为水是光合作用中光能转化为化学能的媒介。缺水会导致气孔关闭，以减少水分的蒸腾损失，但同时也会限制二氧化碳的进入，从而减少光合作用的速率，导致糖类合成减少。且在缺水条件下，植物可能会增加呼吸作用以产生能量，因为光合作用减缓，植物需要通过呼吸作用来维持基本的生命活动。导致现有的碳水化合物被分解，从而降低可溶性碳水化合物的含量。

## 4 结论

从生育期、刈割时间、萎蔫处理三个方面对籽粒苋可溶性碳水化合物含量和糖组成的变动进行研究后发现，在乳熟期 17:00 时进行刈割后不进行萎蔫操作可有效的提高籽粒苋可溶性碳水化合物含量和各组分糖含量。

**参考文献**


[1] 马健,孙国庆,赵尚尚,等.不同生长期对籽粒苋干草和青贮饲料品质的影响[J].草业科学, 2019, 36 (3): 871-877

[2] WOOMER J S, ADEDEJI A A. Current applications of gluten-free grains–a review [J]. Critical Reviews in Food Science and Nutrition, 2021(1): 14-24.

[3] MANYELO T G, SEBOLA N A, RENSBURG E J V, et al. The probable use of *Genus amaranthus* as feed material for monogastri animals [J]. Animals, 2020, 9: 1-17

[4] HUBER J, GRAF G ENGEL R. Effect of maturity on nutritive value of corn silage for lactating cows [J]. Journal of Dairy Science, 1965, 48 (8): 1121-1123

[5] 任继周.草业大辞典[M]. 北京：中国农业出版社, 2008.

[6] 裴彩霞，董宽虎，范华. 不同刈割期和干燥方法对牧草营养成分含量的影响[J]. 中国草地, 2002, 1: 32-37

[7] CIAVARELLA T A , SIMPSON R J , DOVE H ,et al. Diurnal changes in the concentration of water-soluble carbohydrates in Phalaris aquatica L. pasture in spring, and the effect of short-term shading [J]. Australian Journal of Agricultural Research, 2000, 51 (6): 749-756

[8] GONZALEZ B, BOUCAUD J, SALETTE J, et al. Fructan and cryoprotection in ryegrass (*Lolium perenne L.*) [J]. The New phytologist. 1990, 115: 319-323

# 不同苜蓿青贮发酵剂对青贮苜蓿营养品质及发酵品质的影响

李迎澳[1]，刘自锐[1]，栗国民[1]，朱文煊[1]，王青秀[1]，赵淼淼[1]，马婧婧[1]，李德锋[1,2,3]，朱晓艳[1,2,3]，史莹华[1,2,3]，王成章[1,2,3]，孙浩[1,2,3*]

（1.河南农业大学动物科技学院，河南郑州 450046；2.河南省草地资源创新与利用重点实验室，河南郑州 450046；3.河南省牧草工程技术研究中心，河南郑州 450046；4.河南省畜牧局饲草饲料站，河南郑州 450046）

**摘 要：**试验旨在研究不同的青贮发酵剂产品对苜蓿青贮品质的影响，筛选出 1-2 种经济高效的苜蓿青贮发酵剂在苜蓿生产中示范、推广及应用。本研究选择在青贮苜蓿生产上广泛使用的 13 个不同来源的商品乳酸菌剂，来探究不同的发酵剂对青贮苜蓿的应用效果。结果表明，在感官指标方面，不同处理下青贮苜蓿的色泽、气味以及结构质地均表现优良，其中益青 2 号处理组的感官品质评价在所有处理组中表现最佳；在营养品质方面，所有处理组苜蓿青贮质量分级均在一级水平。综合苜蓿青贮营养指标粗蛋白含量以及 RFV 来看，青芯牧歌处理组在所有处理组中表现最佳；在发酵品质方面，台湾亚芯和益青 2 号 pH 值最低，芯来旺乳酸含量最高，益贮帮乙酸含量较高，综合不同青贮添加剂处理后的青贮苜蓿发酵品质，益青 2 号、台湾亚芯处理组在所有的处理组中表现最佳。综合感官指标、营养成分、发酵品质以及成本控制等指标来看，青贮添加剂筛选试验结果表明益青 2 号、青贮帮、青芯牧歌、一然生物 SD-601 青贮添加剂应用效果最佳。

**关键词：**苜蓿青贮；乳酸菌；发酵品质

# Effects of different alfalfa silage fermentation agents on the nutritional quality and fermentation quality of silage alfalfa

LI Ying-ao[1],LIU Zi-rui[1],LI Guo-min[1],ZHU Wen-xuan[1],WANG Qing-xiu[1],ZHAO Miao-miao[1],MA Jing-jing[1],LI De-feng[1,2,3],ZHU Xiao-yan[1,2,3],SHI Ying-hua[1,2,3],WANG Cheng-zhang[1,2,3],SUN Hao[1,2,3*]

(1. College of Animal Science and Technology, Henan Agricultural University, Zhengzhou, Henan Province 450046, China; 2. Henan Key Laboratory of Grassland Resources Innovation and Utilization, Zhengzhou, Henan Province 450046, China; 3. Henan Forage Engineering Research Center, Zhengzhou, Henan Province 450046, China; 4. Forage and Feed Station of Henan Animal Husbandry Bureau, Zhengzhou, Henan Province 450046, China)

**Abstract:**The experiment aims to study the effects of different silage fermentation agent products on the quality of alfalfa silage, and select 1-2 economically efficient alfalfa silage fermentation agents for demonstration, promotion, and application in alfalfa production. This study selected 13 different sources of commercial lactic acid bacteria widely used in the production of silage alfalfa to explore the application effects of different fermentation agents on silage alfalfa. The results showed that in terms of sensory

项目基金：国家自然科学基金(32001393)；国家现代农业产业技术体系（CARS-34）；河南省科技攻关联合基金项目（222103810006）资助.

作者简介：李迎澳(1999-)，男，汉族，河南南阳人，硕士研究生，主要从事饲草生产与加工研究，E-mail：18338329806@163.com；
*通信作者，E-mail: sunhao@henau.edu.cn

indicators, the color, odor, and structural texture of silage alfalfa under different treatments showed excellent performance. Among them, the sensory quality evaluation of the Yiqing 2 treatment group was the best among all treatment groups; In terms of nutritional quality, the quality grading of alfalfa silage in all treatment groups was at the first level. Based on the comprehensive nutritional indicators of alfalfa silage, such as crude protein content and RFV, the treatment groups of Qingxin Pastoral was the best among all treatment groups; In terms of fermentation quality, Taiwan Yaxin and Yiqing 2 have the lowest pH value, the highest lactic acid content in Xinlaiwang, and the higher acetic acid content in Yizhubang . Considering the fermentation quality of silage alfalfa treated with different silage additives, Yiqing 2 and Taiwan Yaxin treatment groups performed the best among all treatment groups. Based on comprehensive sensory indicators, nutritional composition, fermentation quality, and cost control, the results of the silage additive screening test showed that Yiqing 2, silage Bang, Qingxin Muge, and Yiran Biological SD-601 silage additives had the best application effect.

**Key words:** Alfalfa silage; Lactic acid bacteria; Fermentation quality

苜蓿以“牧草之王”著称，不仅产量及蛋白质含量高、品质好，且富含多种必需氨基酸及维生素，是一种优质的动物饲料。我国的苜蓿产业自 2001 年开始迅猛发展，到 2003 年进入鼎盛时期，苜蓿的种植面积大约是 3.34 万顷，之后逐渐走向低谷[1]。2008 年三聚氰胺事件之后，我国对优质苜蓿饲料的需求增大，在 2011 年，中国苜蓿的种植面积高达 32.7 万 $hm^2$，但仍供不应求，每年需要从国外进口大量的优质苜蓿草[1-3]。到 2020 年中国苜蓿的种植面积上升到 54.67 万 $hm^2$，商品草产量达 400 万 t，进口量为 169.4 万 t[4]。目前我国苜蓿的种植面积约 133 万 $hm^2$。河南省的苜蓿产业发展总体在上升。从 1979 年，苜蓿产业进入正轨，到 2004 年，苜蓿产业到达高峰，全省苜蓿的种植面积上百万亩。2008 年进入低谷，2012 年苜蓿产业快速发展，目前，全省苜蓿的种植面积约 96 万亩[5]。

我国气候特征属于典型的雨热同期，在苜蓿干草调制加工过程中，极易受到降雨的影响，从而腐败变质，营养成分流失，难以获得优质的苜蓿干草[6-7]。而苜蓿青贮受环境的影响小，营养损失少，可以最大限度保存青绿饲料的营养特性，消化率高且适口性好[8]。而苜蓿由于碳水化合物含量较低，直接进行青贮加工难以成功，因此需要添加苜蓿青贮发酵剂来进行苜蓿青贮调制加工。常见的青贮发酵剂种类主要包括：乳酸菌、糖蜜、纤维素酶/半纤维素酶、有机酸等。苜蓿青贮中添加糖蜜可以为发酵提供碳水化合物并起着发酵底物的作用，pH 值的降低可以抑制蛋白水解活性，从而改善苜蓿青贮发酵的品质[9]。苜蓿青贮中添加纤维素酶可以增加可溶性糖的含量，进而促进乳酸菌的发酵，来提高苜蓿青贮的营养价值[10]。苜蓿青贮中添加半纤维素酶可以降解饲料中的半纤维素，为乳酸菌的发酵提供充足的底物，并快速积累乳酸，增加糖含量，降低 pH 值，来改善苜蓿青贮营养品质[11]。苜蓿青贮中添加有机酸可以迅速降低 pH 值，抑制有害微生物，缩短青贮的发酵过程从而使苜蓿青贮感官评定达到优质青贮标准[12]。乳酸菌属于革兰氏阳性厌氧菌，是青贮发酵的关键。苜蓿青贮中通过添加乳酸菌能提高产酸效率，快速降低 pH 值并抑制其他有害微生物的生长，减少干物质的损失，提高有氧稳定性，可以获得优质的青贮饲料[13-14]。

目前，国产苜蓿的品质还不稳定、产量低，仍需要进口大量的国外优质苜蓿草，耗费的成本高。青贮苜蓿品质的进一步改善还有很大空间，市场上发酵剂的种类多且杂，难以确定最节本增效的。本研究筛选出几种经济高效的苜蓿青贮发酵剂，在河南省进行示范推广，来推动苜蓿产业高质量发展。

# 1 材料与方法

## 1.1 试验材料

### 1.1.1 青贮样品

试验用苜蓿北京正道生态科技有限公司提供的 WL-440HQ，2019 年秋季建植在河南农业大学原阳科教试验园区，每亩有效播种量 1.50 kg。第三个收获年第一茬现蕾期人工刈割，晾晒 24h 后。用铡草机将其机械切割成 2-5 cm 的小段，用于制作苜蓿青贮。

### 1.1.2 试验发酵剂

供试发酵剂 13 个品牌，分别来自 12 家公司，其中来自科拓生物公司的青贮帮、益贮帮和来自德国绍曼集团的保时青的规格是瓶装，其余的 10 个品牌都是袋装。青贮发酵剂的产品详细信息见表 1。

**表 1 青贮发酵剂产品信息**

**Table 1 Silage starter product information**

| 品牌 | 公司 | 规格 | 价格 |
|---|---|---|---|
| 宝来利来 | 山东宝来利来生物工程股份有限公司 | 袋装，25 吨/100g | 8 元/吨 |
| 拉曼优贮 | 拉曼生物科技(北京)有限公司 | 袋装，100 吨/200 克 | 25 元/吨 |
| 青贮帮 | 科拓生物 | 瓶装，100 吨/100 克 | 5-8 元/吨 |
| 益贮帮 | 科拓生物 | 瓶装，100 吨/100 克 | 5-8 元/吨 |
| 青芯牧歌 | 兰州大学&四川爱客信生物科技股份有限公司 | 袋装，200 吨/200 克 | 13 元/吨 |
| 先锋 1152 | 杜邦先锋 | 袋装，100 吨/100 克 | 13-14 元/吨 |
| 青贮传奇 | 内蒙古青贮传奇科技有限公司 | 袋装，25 吨/100g | 9.6 元/吨 |
| SILOSOLVE® | 科汉森（北京）贸易有限公司 | 袋装，100 吨/200 克 | 26-28 元/吨 |
| 保时青 | 德国绍曼集团（绍曼农业贸易有限公司） | 瓶装，100 吨/100 克 | 23 元/吨 |
| 台湾亚芯 | 大连亚芯生物科技有限公司 | 袋装，5 吨/100 克 | 21.6 元/吨 |
| SD-601 | 一然生物 | 袋装，100 吨/200 克 | 12 元/吨 |
| 益青 2 号 | 北京中青益草科技有限公司 | 袋装，100 吨/200 克 | 15 元/吨 |
| 芯来旺 | 芯来旺生物科技（扬州）有限公司 | 袋装，50 吨/100 克 | 13-14 元/吨 |

## 1.2 实验方法

### 1.2.1 实验设计

选择青贮苜蓿生产上广泛使用的不同来源的商品乳酸菌剂 13 个，采用单因子完全随机设计，分为 13 个组，以不添加发酵剂作为对照组，2-3kg 装小型专用青贮袋进行青贮，每个处理 5 个重复。2022 年 4 月-2022 年 5 月，使用河南农业大学原阳科教试验园区第三个收获年第一茬的 WL-440HQ 苜蓿，机械切碎成 2-5cm 的小段，将乳酸菌剂按比例兑水后喷洒苜蓿，进行装袋、抽真空和密封。发酵期 2 个月后开封取样进行物理性状和化学成分检测。

## 1.3 青贮饲料品质分析

### 1.3.1 感官评定

按照德国农业协会评分标准，根据青贮的气味、色泽和质地将青贮饲料划分为腐败，中等、尚好和优良[15]。

### 1.3.2 发酵品质

pH 值采用 pH 计测定（精度高于 0.1 单位），有机酸（乳酸、乙酸、丁酸及丙酸）含量采用离子色谱仪测定[16]-[17]。测定条件：色谱柱：Dionex IonPac TM AH11-HC，进样方式：自动进样器，进样量：25 μL 监测器：电导检测器，流动相：A1.5mM 氢氧化钠/B:100 mM/氢氧化钠，流速：1.0 mL/min。

### 1.3.3 常规营养成分

参照张丽英[18]的《饲料分析及饲料质量检测技术》青贮样品粗蛋白（CP）用凯氏定氮法、可溶性碳水化合物（WSC）用蒽酮-硫酸法、中性洗涤纤维（NDF）用 GB/ T 20806—2006 的方法、酸性洗涤纤维（ADF）用 NY/T1459—2007 的方法、粗灰分（Ash）用 GB/T6438-2007 的方法。相对饲喂价值依据 NDF 和 ADF 的含量按照以下公式计算得出：RFV=（88.94－0.779×ADF）×（120/NDF）/1.29

### 1.3.4 数据处理

用 Microsoft Excel 2010 对各试验组数据进行初步整理，以重复为单位进行统计分析；并按照随机区组法试验的设计要求，采用 SPSS 进行方差分析和 Duncan'S 多重比较，数据统一采用平均值±标准差表示。显著性分析水平表示为：$P < 0.05$ 差异显著，$P < 0.01$ 差异极显著。

## 2 结果与分析

### 2.1 感官评定分析

通过对乳酸菌添加剂处理后青贮苜蓿的感官评价对比分析发现（表 2），不同处理下青贮苜蓿的色泽、气味以及结构质地均表现优良，其中益青 2 号处理组在感官品质（色泽、气味以及结构质地）评价在所有处理组中表现最佳。在本试验对照组中，尽管并未添加乳酸菌添加剂，但青贮苜蓿感官品质仍表现中等，但色泽呈黄褐色，有刺激性酸香味。此外，拉曼优贮、先锋先牧 1152 处理组青贮苜蓿气味和结构质地表现优良，但色泽呈浅黄褐色。保时青、益贮帮、SD-601 处理组尽管在色泽和结构质地均表现优良，但青贮苜蓿有刺激性酸香味。以感官分析角度综合分析，益青 2 号>青芯牧歌、青贮帮、益青 2 号、芯来旺、青贮宝、SILOSOLVE®、台湾亚芯、青贮传奇>对照组、拉曼优贮、益贮帮、先锋 1152、保时青、SD-601。

**表 2 不同来源商用乳酸菌添加剂处理组青贮苜蓿的感官评价**

**Table 2 Sensory evaluation of alfalfa silage treated with commercial lactic acid bacteria additives from different sources**

| 处理 | 色泽 | 气味 | 质地结构 | 质量 |
|---|---|---|---|---|
| 对照组 | 黄褐色 | 略带刺激性酸香味 | 茎叶保持原状，结构良好 | 中等 |
| 青贮宝 | 浅黄绿色 | 芳香酒酸味 | 茎叶保持原状，结构良好 | 良 |
| 拉曼优贮 | 浅黄褐色 | 芳香酒酸味 | 茎叶保持原状，结构良好 | 中等 |
| 青贮帮 | 浅黄绿色 | 芳香酒酸味 | 茎叶保持原状，结构良好 | 良 |
| 益贮帮 | 浅黄绿色 | 略带刺激性，酸香味较淡 | 茎叶保持原状，结构良好 | 中等 |
| 青芯牧歌 | 浅黄绿色 | 芳香酒酸味 | 茎叶保持原状，结构良好 | 良 |
| 先锋 1152 | 浅黄褐色 | 芳香酒酸味 | 茎叶保持原状，结构良好 | 中等 |
| 青贮传奇 | 浅黄绿色 | 芳香酒酸味 | 茎叶保持原状，结构良好 | 良 |
| SILOSOLVE® | 浅黄绿色 | 芳香酒酸味 | 茎叶保持原状，结构良好 | 良 |
| 保时青 | 浅黄绿色 | 略带刺激性酸香味 | 茎叶保持原状，结构良好 | 中等 |
| 台湾亚芯 | 浅黄褐色 | 芳香酒酸味 | 茎叶保持原状，结构良好 | 良 |
| SD-601 | 浅黄绿色 | 芳香酒酸味较淡 | 茎叶保持原状，结构良好 | 中等 |
| 益青 2 号 | 黄绿色 | 芳香酒酸味 | 茎叶保持原状，结构良好 | 优 |
| 芯来旺 | 浅黄绿色 | 芳香酒酸味 | 茎叶保持原状，结构良好 | 良 |

### 2.2 青贮苜蓿营养成分

对不同乳酸菌添加剂处理后青贮苜蓿营养成分分析发现（表 3），在 RFV 方面，青芯牧歌处理组的营养品质与对照组和青贮帮组差异不显著但显著高于其他处理组（$P < 0.05$），保时青、青贮传奇、台湾亚芯处理组营养品质最低。在粗蛋白含量方面，青芯牧歌组显著高于除拉曼优贮以外的其他组（$P < 0.05$），但不同乳酸菌添加剂处理后青贮苜蓿粗蛋白含量均大于 22%。从粗纤维含量角度分析发现，苜蓿青贮粗纤维含量均处于较低水平。在酸性洗涤纤维方面，保时青组与 SILOSOLVE®组和台湾亚芯组差异不显著但显著高于其他组（$P < 0.05$），其他处理组苜蓿青贮 ADF 含量均小于 30%。而在中性洗涤纤维方面，保时青组

与 SILOSOLVE®和台湾亚芯组差异不显著但显著高于其他组（$P < 0.05$），且其他处理组苜蓿青贮 NDF 含量均小于 30%。在粗灰分方面，SILOSOLVE®和台湾亚芯组显著高于其他组（$P < 0.05$）。在碳水化合物方面，拉曼优贮显著高于其他组（$P < 0.05$），台湾亚芯组碳水化合物含量最低。整体而言，所有处理组苜蓿青贮质量分级（苜蓿青贮料质量分级-DB41/T 1906-2019）均在一级水平。综合苜蓿青贮营养指标粗蛋白含量以及 RFV 来看，青芯牧歌>对照组>青贮帮、拉曼优贮>SD-601>益青 2 号>益贮帮>青贮宝>芯来旺>先锋 1152、青贮传奇>SILOSOLVE®、台湾亚芯、青贮传奇、保时青。

**表 3 不同乳酸菌添加剂处理对苜蓿青贮营养成分的影响**

**Table 2 Effects of different lactic acid bacteria additive treatments on the nutritional composition of alfalfa silage**

| 处理 | 粗蛋白 | 酸性洗涤纤维 | 中性洗涤纤维 | 粗灰分 | 可溶性碳水化合物 | 相对饲喂价值 |
|---|---|---|---|---|---|---|
| 对照组 | 25.40±0.43$^{b}$ | 26.32±0.74$^{gf}$ | 26.32±0.74$^{gf}$ | 8.98±0.15$^{cd}$ | 2.56±0.44$^{bc}$ | 242.10±8.79$^{ab}$ |
| 青贮宝 | 24.52±0.09$^{def}$ | 27.85±0.11$^{cd}$ | 27.85±0.11$^{cd}$ | 9.15±0.01$^{bc}$ | 2.42±0.05$^{cd}$ | 224.66±1.12$^{de}$ |
| 拉曼优贮 | 25.60±0.05$^{ab}$ | 27.16±0.67$^{def}$ | 27.16±0.67$^{def}$ | 8.39±0.46$^{e}$ | 3.66±0.02a | 232.28±7.52$^{cd}$ |
| 青贮帮 | 24.94±0.07$^{c}$ | 26.40±0.40$^{gf}$ | 26.40±0.30$^{fg}$ | 9.54±0.05$^{b}$ | 1.38±0.13$^{fg}$ | 240.95±3.56$^{abc}$ |
| 益贮帮 | 24.92±0.16$^{c}$ | 26.88±0.03$^{ef}$ | 26.88±0.03$^{ef}$ | 9.16±0.03$^{bc}$ | 2.89±0.16$^{b}$ | 235.33±0.34$^{bc}$ |
| 青芯牧歌 | 25.93±0.13$^{a}$ | 25.71±0.07$^{g}$ | 25.71±0.07$^{g}$ | 8.48±0.19$^{e}$ | 2.68±0.23$^{bc}$ | 249.34±0.88$^{a}$ |
| 先锋 1152 | 24.38±0.26$^{ef}$ | 28.28±0.21$^{c}$ | 28.28±0.21$^{c}$ | 9.29±0.42$^{bc}$ | 1.13±0.24$^{gh}$ | 220.15±2.12$^{e}$ |
| 青贮传奇 | 24.44±0.12$^{def}$ | 29.19±0.43$^{b}$ | 29.19±0.43$^{b}$ | 8.60±0.22$^{de}$ | 2.00±0.14$^{de}$ | 211.06±4.13$^{f}$ |
| SILOSOLVE® | 23.78±0.35$^{g}$ | 29.29±0.25$^{ab}$ | 29.29±0.25$^{ab}$ | 10.03±0.38$^{a}$ | 1.11±0.42$^{gh}$ | 210.02±2.41$^{f}$ |
| 保时青 | 24.19±0.16$^{f}$ | 30.06±0.59$^{a}$ | 30.06±0.59$^{a}$ | 9.03±0.15$^{cd}$ | 2.05±0.00$^{de}$ | 202.84±5.40$^{f}$ |
| 台湾亚芯 | 23.36±0.02$^{h}$ | 29.66±0.49$^{ab}$ | 29.66±0.49$^{ab}$ | 10.43±0.18$^{a}$ | 0.86±0.40$^{h}$ | 206.58±4.56$^{f}$ |
| SD-601 | 25.34±0.05$^{b}$ | 27.14±0.75$^{def}$ | 27.14±0.75$^{ef}$ | 8.45±0.35$^{e}$ | 2.63±0.13$^{bc}$ | 232.54±8.43$^{cd}$ |
| 益青 2 号 | 24.81±0.30$^{cd}$ | 27.73±0.75$^{cde}$ | 27.73±0.75$^{cde}$ | 8.66±0.01$^{de}$ | 1.21±0.08$^{gh}$ | 226.04±8.08$^{de}$ |
| 芯来旺 | 24.70±0.23$^{cde}$ | 28.22±0.16$^{c}$ | 28.22±0.16$^{c}$ | 8.86±0.35$^{cde}$ | 1.68±0.40$^{fg}$ | 220.77±1.61$^{e}$ |

## 2.3 青贮苜蓿发酵品质

从表 4 可以看出，在 pH 方面，益贮帮显著高于其他组（P < 0.05），台湾亚芯和益青 2 号 pH 值最低。其中宝来利来、青贮帮、青芯牧歌、先锋 1152、青贮传奇、SILOSOLVE®、保时青、台湾亚芯、一然生物、益青 2 号以及芯来旺的 pH 值均位于 4.2＜pH＜4.6 区间，对照组、拉曼优贮的 pH 值均位于 4.5＜pH＜4.7 区间，而益贮帮的 pH 值大于 5.0。在有机酸含量方面，芯来旺乳酸含量最高，SD-601 和益贮帮组乳酸含量较低。而在乙酸含量方面，益贮帮显著高于其他组（P < 0.05），益青 2 号乙酸含量最低。在丙酸和丁酸含量方面，乳酸菌添加剂处理后苜蓿青贮均未能检测到丁酸，而除益贮帮之外，苜蓿青贮尽管可以检测到丙酸，但含量均处于较低水平。综合不同青贮添加剂处理后的青贮苜蓿发酵品质，综合排序为：益青 2 号>台湾亚芯>芯来旺>SILOSOLVE®>保时青>青芯牧歌>先锋 1152>青贮宝>青贮传奇>青贮帮>SD-601>对照组>拉曼优贮>益贮帮。

**表 4 不同来源商用乳酸菌添加剂对苜蓿青贮发酵品质的影响**

**Table 4 Effect of different sources of commercial lactic acid bacteria additives on the fermentation quality of alfalfa silage**

| | pH | 乳酸 | 乙酸 | 丙酸 | 丁酸 | 综合排序 |
|---|---|---|---|---|---|---|
| 对照组 | 4.58±0.02$^{c}$ | 22.54±4.17$^{abcd}$ | 4.17±0.76$^{ab}$ | / | / | 12 |
| 青贮宝 | 4.51±0.03$^{de}$ | 20.68±8.19$^{abcd}$ | 3.64±1.42$^{abc}$ | 0.01±0.02$^{b}$ | / | 8 |
| 拉曼优贮 | 4.64±0.02$^{b}$ | 17.54±3.18$^{bcd}$ | 3.57±0.63$^{abc}$ | 0.01±0.01$^{b}$ | / | 13 |

| | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|
| 青贮帮 | 4.52±0.02$^{d}$ | 15.95±2.46$^{bcd}$ | 1.67±0.26$^{de}$ | 0.01±0.01$^{b}$ | / | 10 |
| 益贮帮 | 5.04±0.03$^{a}$ | 13.63±2.62$^{cd}$ | 4.89±0.72$^{a}$ | 0.14±0.08$^{a}$ | / | 14 |
| 青芯牧歌 | 4.48±0.02$^{e}$ | 21.80±3.60$^{abcd}$ | 2.94±0.49$^{bcd}$ | 0.01±0.01$^{b}$ | / | 6 |
| 先锋 1152 | 4.43±0.01$^{f}$ | 16.17±5.01$^{bcd}$ | 1.60±0.59$^{de}$ | / | / | 7 |
| 青贮传奇 | 4.51±0.02$^{de}$ | 16.93±3.89$^{bcd}$ | 2.37±0.64$^{cde}$ | 0.02±0.02$^{b}$ | / | 9 |
| SILOSOLVE® | 4.38±0.01$^{g}$ | 23.87±7.02$^{abc}$ | 1.89±0.72$^{de}$ | / | / | 4 |
| 保时青 | 4.45±0.01$^{f}$ | 24.19±3.45$^{ab}$ | 4.11±0.25$^{ab}$ | 0.06±0.11$^{b}$ | / | 5 |
| 台湾亚芯 | 4.32±0.01$^{h}$ | 24.61±8.55$^{ab}$ | 1.81±0.86$^{de}$ | / | / | 2 |
| SD-601 | 4.51±0.01$^{de}$ | 13.21±1.43$^{d}$ | 1.56±0.07$^{de}$ | / | / | 11 |
| 益青 2 号 | 4.28±0.01$^{i}$ | 25.43±8.91$^{ab}$ | 1.16±0.36$^{e}$ | 0.01±0.00$^{b}$ | / | 1 |
| 芯来旺 | 4.38±0.02$^{g}$ | 28.34±1.46$^{a}$ | 1.87±1.26$^{de}$ | / | / | 3 |

# 3 结果与讨论

通过对乳酸菌添加剂处理后青贮苜蓿的感官评价对比分析发现在本研究中，无论是对照组还是发酵剂组所获得青贮苜蓿的色泽、气味以及结构质地均表现优良。乳酸菌可以使饲料变软变香提高饲料的适口性[19]。

## 3.1 不同乳酸菌对青贮苜蓿营养品质的影响

苜蓿青贮发酵的品质越好，流失的营养成分越少，所保存的营养成分越多[20]。在本试验中，与对照组相比，拉曼优贮、青芯牧歌这两组的粗蛋白的含量略高，其他组比对照组略低，但青贮苜蓿粗蛋白的含量都在 22%以上，证明粗蛋白无明显损失。乳酸菌添加剂可降低苜蓿饲料碳水化合物成分中的中性洗涤纤维和酸性洗涤纤维含量[21]。在本研究中，只有青芯牧歌组 ADF 含量低于对照组，其中保时青组的 ADF 含量最高，在 30%左右；保时青组的 NDF 显著高于对照组且其他组 NDF 含量均小于 30%。其中拉曼优贮组可溶性碳水化合物的含量最高，台湾亚芯组最低。苜蓿中碳水化合物的含量直接影响 pH 值，进而影响青贮发酵品质[22]。综合分析，青芯牧歌组的相对饲喂价值差异不显著高于对照组，其他发酵组的 RFV 低于对照组且其中的保时青、台湾亚芯的营养品质最低。

## 3.2 不同乳酸菌对青贮苜蓿发酵品质的影响

pH 值能抑制有氧发酵过程，从而防止青贮饲料的腐败，是青贮饲料发酵质量的重要衡量指标，通常优质青贮饲料的 pH 值应介于 3.8-4.2[23]。本试验中，拉曼优贮和益贮帮组的 pH 高于对照组，其他处理组均低于对照组，其中益青 2 号 pH 最低为 4.28，益贮帮的 pH 最高为 5.04。在有机酸含量方面，SILOSOLVE®、保时青、台湾亚芯、益青 2 号和芯来旺组的乳酸含量高于对照组，其中芯来旺组乳酸含量最高。其他处理组的乳酸含量均低于对照组且 SD-601 和益贮帮组乳酸含量较低；而在乙酸含量方面，除益贮帮组外，其他组乙酸含量均低于对照组，且益青 2 号乙酸含量最低。乙酸可以降低 pH 值，提高粗蛋白的含量，减少干物质的损失，改善青贮苜蓿的品质[24]。根据各处理组 pH 和有机酸含量的变化，益贮帮与对照组可能属于异型乳酸菌。接种异型乳酸菌后，苜蓿青贮的 pH 值提高，且乙酸含量增加，可以抑制霉菌的增殖，延长有氧稳定性[25]。丁酸会降低青贮品质，本试验中未检测到丁酸，说明青贮苜蓿的发酵品质整体比较好。

# 4 结论

根据河南省苜蓿青贮质量分级地方标准（苜蓿青贮料质量分级-DB41/T 1906-2019），对青贮苜蓿的感官指标，营养成分、发酵品质以及成本控制进行综合分析来看，青贮添加剂筛选试验结果表明益青 2 号、青贮帮、青芯牧歌、一然生物 SD-601 青贮添加剂应用效果最佳，青贮苜蓿感官指标以及营养指标均表现

优于其他添加剂产品，确保青贮发酵过程的顺利进行，以及青贮发酵品质的稳定。且青贮帮、益青 2 号、青芯牧歌以及 SD-601 等苜蓿添加剂应用成本较低，可以进行示范推广应用。

**参考文献 References:**


【1】 吴兆海,许庆方.发展苜蓿产业以促进奶业发展[C]//中国畜牧业协会（China Animal Agriculture Association）.第四届（2011）中国苜蓿发展大会论文集.[出版者不详],2011:105-108.

【2】 王文信.中国苜蓿种植业发展的对策[J].北京农学院学报,2022,37(01):117-120.

【3】 徐惠荣,刘亚钊.HP 滤波下的中国苜蓿草进口数量分析[J].北京农学院学报,2022,37(04):96-99.

【4】 王瑞港,徐伟平.我国苜蓿产业发展特征与趋势分析[J].中国农业科技导报,2021,23(12):7-12.

【5】 郑春雷,牛岩,王彦华.河南省苜蓿产业发展现状与思考[C]//中国畜牧业协会,内蒙古自治区赤峰市人民政府,内蒙古自治区农牧业厅.第五届中国苜蓿发展大会论文集.第五届中国苜蓿发展大会论文集,2013:485-489.

【6】 张颖超,王伟,侯美玲,等.不同干燥方法对苜蓿干草调制的影响[J].中国草地学报, 2015,37(1): 76-82.

【7】 王坤龙,李兆林,陈利娜,等.调制方式对紫花苜蓿干草品质的影响[J].粮食与饲料工业, 2015(10): 51-54,58.

【8】 付万龄,胡孔明.苜蓿青贮概述及其关键点把控[J].中国乳业,2022(12):21-26.

【9】 罗润博.糖蜜添加量对苜蓿青贮品质及微生物群落的影响研究[D].中国农业科学院,2021.

【10】 魏晓斌,殷国梅,薛艳林,等.添加乳酸菌和纤维素酶对紫花苜蓿青贮品质的影响[J].中国草地学报,2019,41(06):86-90.

【11】 蒋金娟,王鸿发,余超,等.半纤维素酶添加量对甘蔗梢青贮品质的影响[J].草学,2022(01):55-60.

【12】 宋伟红,苗树君,曲永利,等.添加有机酸对苜蓿青贮营养品质的影响[J].中国牛业科学,2011,37(04):19-21.

【13】 张丽媛.添加乳酸菌和糖蜜对苜蓿青贮的营养成分、发酵品质和细菌菌群的影响[D].内蒙古民族大学,2022.

【14】 李荣荣,郑猛虎,崔欣雨,等.优良乳酸菌的筛选及对苜蓿青贮发酵品质的影响[J].中国草地学报,2021,43(11):69-75+104.

【15】 李旭业,董扬,尤海洋,等.不同感官分级方法对全株玉米青贮饲料评价比较[J].现代畜牧科技,2017(3):1-3.

【16】 Guan H, Yan Y, Li X, et al. Microbial communities and natural fermentation of corn silages prepared with farm bunker-silo in southwest China[J]. Bioresource Technology, 2018, 265: 282-290.

【17】 翁玉楠,韦庆旭,张建鹏,等.乳酸菌制剂对饲用油菜与全株玉米或玉米秸秆混合青贮品质的影响[J].动物营养学报,2021,33(5):2993-3000.

【18】 张丽英.饲料分析及饲料质量检测技术[M].北京:中国农业大学出版,2007.

【19】 侯红雁.添加不同品种乳酸菌对半干苜蓿青贮发酵品质和体外氨基酸消化率的影响[D].山西农业大学,2021.

【20】 李彦飞,段佳鑫,初晓辉,等.优质本土乳酸菌对紫花苜蓿青贮饲料微生物数量及发酵品质的影响[J].饲料研究,2023,46(01):116-119.

【21】 高雪峰,樊星,赵鹏,等.乳酸菌青贮苜蓿饲用价值研究[J].农业与技术,2017,37(05):6-9.

【22】 宋慧.乳酸菌筛选及其对苜蓿青贮发酵性能的影响[D].内蒙古大学,2022.

【23】 Shah AA, Xianjun Y, Zhihao D,et al. Microbiological and chemical profiles of elephant grass inoculated with and without *L*actobacillus plantarum and *P*ediococcus acidilactici[J]. Arch Microbiol,2018,200(2):311-328.

【24】 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[J].黑龙江畜牧兽医,2021(08):114-118.

【25】 李志鹏.同型异型发酵乳酸菌添加剂及浓度对玉米-苜蓿混合青贮效果的影响[D].西北农林科技大学,2022.

# 三江源地区小花棘豆表型性状多样性及其与部分环境因子的相关性分析

吕亮雨，刘青青，蔡宗程，张海蓉，邢云飞，赫苗花，雷莎青，施建军*

（青海大学畜牧兽医科学院，青海 西宁 810016）

**摘要：**为了探究三江源地区野生小花棘豆（*Oxytropis glabra* DC.）的表型性状多样性及其与环境因子的关系，对三江源地区 6 个主要且具代表性的小花棘豆天然居群的 18 个表型性状进行变异系数和主成分分析，对这些表型性状与经度、纬度、海拔、土壤 pH 值和土壤电导率进行相关性分析，并基于这些表型性状对 6 个居群进行聚类分析。变异系数分析结果表明：供试居群 18 个表型性状的变异系数为 0.30%~53.79%，均值为 14.99%，其中，叶形指数、单株花序数、花序长和单荚果种子数变异系数的均值较高（均在 20%以上），而种子千粒质量变异系数的均值最小（0.47%）。相关性分析结果表明：各表型性状与经度和土壤 pH 值的相关性均不显著，多数表型性状与纬度、海拔和土壤电导率的相关性也不显著，仅单叶鲜质量与纬度呈显著（$p<0.05$）负相关，开花后株高和冠幅与海拔呈极显著（$p<0.01$）负相关，单叶鲜质量和种子千粒质量与土壤电导率分别呈极显著和显著负相关。主成分分析结果显示：前 3 个主成分的累计贡献率为 92.960%，说明这 3 个主成分能够反映小花棘豆表型性状的绝大部分信息。聚类分析结果表明：供试 6 个居群被分成 2 组，其中，甘德县柯曲镇和天峻县木里镇居群为一组，其他 4 个居群为另一组。综上所述，三江源地区小花棘豆表型性状变异较为丰富，但这些表型性状受经度、纬度、海拔、土壤 pH 值和土壤电导率的影响多不显著。

**关键词：**小花棘豆；表型性状多样性；环境因子；相关性分析；主成分分析；聚类分析

小花棘豆（*Oxytropis glabra* DC.）为豆科（Fabaceae）棘豆属（*Oxytropis* DC.）多年生草本植物[1]，主要生长在海拔 4 000 ~ 4 400 m 的山坡草地、石质山坡上[2]，且在青海三江源地区、内蒙古草原、新疆盆地和西藏荒漠等地均有栽培[3]。近年来，关于小花棘豆的研究主要集中在成分分析及毒性机理等方面[4]，而关于其优良品种选育的研究却未见报道。研究小花棘豆不同野生居群的表型多样性，有助于了解该种在不同生境下的表型特征及其在群落演替、维系生态平衡中的作用[5]，为更加安全、高效地利用这一野生资源治理生态环境，科学抑制退化草地中小花棘豆的蔓延，以及快速选育小花棘豆优良品种提供基础资料[6]。鉴于此，笔者在三江源地区选取 6 个主要且具代表性的小花棘豆天然居群，系统地研究了各居群根、茎、叶、花和种子等的表型性状，分析了部分地理和土壤因子与小花棘豆相关表型性状的关系，并对三江源地区供试小花棘豆居群的表型多样性进行了评价，以期了解三江源地区小花棘豆的表型分化程度和居群变异特征，为选育小花棘豆优良品种提供研究数据。

## 1 研究区概况和研究方法

### 1.1 研究区概况

本研究区位于青海省三江源区域，地理位置为东经 89.40°~102.27°、北纬 30.65°~36.20°之间，该地区为青藏高原腹地，平均海拔 4 000 m 左右；全年均温-5.6 ℃~3.8 ℃，极端最低温-48 ℃，年均降水量 262.2~772.8 mm，年蒸发量较大，一般在 730~1 700 mm。区域内重要植被类型有高寒草甸和高寒草原，代表植物种类有矮生嵩草（*Carex alatauensis* S. R. Zhang）、草地早熟禾（*Poa pratensis* Linn.）、小花棘豆等。区内土壤类型主要为壤土、高寒草甸土和泥炭土等。

**基金项目：**第二次青藏高原科学考察研究(2019QZKK1002)； 青海省自然科学基金项目（2023-ZJ-923M）
**作者简介：**吕亮雨（1997—），男，山东烟台人，博士研究生，主要从事牧草经营管理研究。
**通信作者** E-mail: mkyshjj@ 163.com

### 1.2 材料

以三江源地区 6 个主要且具代表性的小花棘豆天然居群为研究对象，各居群的基本情况见表 1。

表 1 供试三江源地区小花棘豆天然居群样地的基本情况 [1)]

| 编号 No. | 样地 Plot | 经度 Longitude | 纬度 Latitude | 海拔/m Altitude | 土壤 pH 值 Soil pH value | EC/(μS·cm$^{-1}$) | 土壤类型 Soil type |
|---|---|---|---|---|---|---|---|
| P1 | 河南蒙古族自治县优干宁镇 Youganning Town of Henan Mongolian Autonomous County | E101.22° | N34.18° | 3 615 | 7.62 | 292 | Lo |
| P2 | 玉树市上拉秀乡 Shanglaxiu Town of Yushu City | E96.31° | N32.99° | 4 316 | 7.33 | 213 | Lo |
| P3 | 玛沁县大武镇 Dawu Town of Maqin County | E100.21° | N34.46° | 3 696 | 6.35 | 185 | AMS |
| P4 | 达日县满掌乡 Manzhang Town of Dari County | E99.65° | N33.75° | 4 101 | 6.16 | 225 | Lo |
| P5 | 甘德县柯曲镇 Kequ Town of Gander County | E100.26° | N34.09° | 3 892 | 6.88 | 1 652 | GS |
| P6 | 天峻县木里镇 Muli Town of Tianjun County | E99.15° | N38.08° | 4 007 | 8.35 | 1 728 | C |

[1)]EC: 土壤电导率 Soil electrical conductivity. Lo: 壤土 Loam; AMS: 高寒草甸土 Alpine meadow soil; GS: 砂砾土 Gravelly soil; Ci: 煤渣 Cinder.

### 1.3 方法

于 2023 年 7 月至 9 月，在每个天然居群中分别选取完整、健康的当年生植株各 25 株，样株间的距离大于 20 m。统计单株叶序数、单株花序数；每株选取植株基部的 3 个荚果，统计单荚果种子数。用卷尺（精度 1 mm）测量每株样株开花后株高（从地面到植株顶端的高度）、冠幅（南北向和东西向冠幅的平均值）、营养枝长（植株基部生长良好的 3 个营养枝长度的平均值）、叶序长（植株基部生长良好的 3 个叶序长度的平均值）、花序长（植株基部生长良好的 3 个花序长度的平均值）、根系长度（将样株清洗干净，拉直主根，用直尺测量主根长度）及根系深度（沿垂直于根系的直线方向挖掘土壤，记录根系深度）；用电子天平（精度 0.001 g）称量单株根系鲜质量和单株茎叶鲜质量。在每株样株基部枝条的上、中、下部位均匀采集 20 枚成熟叶，用游标卡尺（精度 0.01 mm）测量叶长、叶宽、地径、营养枝直径（植株基部生长良好的 3 个营养枝直径的平均值），用电子天平称量单叶鲜质量。每株样株随机选取 20 粒成熟、饱满的种子，用游标卡尺测量种子纵径和种子横径，用电子天平称量种子千粒质量。根据检测结果计算叶形指数和种型指数，计算公式分别为叶形指数=叶长/叶宽，种形指数=种子纵径/种子横径。

### 1.4 数据处理与统计分析

使用 EXCEL 2010 软件整理实验数据；采用 SPSS 21.0 软件对相关数据进行方差分析、相关性分析、主成分分析和聚类分析，并制图。

## 2 结果和分析

### 2.1 表型性状变异系数分析

供试 6 个居群小花棘豆表型性状变异系数分析结果（表 2）表明：供试 6 个居群小花棘豆 18 个表型性状的变异系数为 0.30%~53.79%，均值为 14.99%。18 个表型性状中，叶形指数、单株花序数、花序长和单荚果种子数变异系数的均值均在 20%以上，根系长度、根系深度、单株根系鲜质量、单株枝叶鲜质量、开花后株高、营养枝长、营养枝直径、单株叶序数和叶序长变异系数的均值介于 12%~20%之间，而地径、冠幅、单叶鲜质量和种形指数变异系数的均值介于 6%~9%之间，而种子千粒质量变异系数的均值最小（0.47%）。6 个天然居群中，天峻县木里镇（P6）居群表型性状变异系数的均值最大（17.24%），河南蒙

古族自治县优干宁镇（P1）居群表型性状变异系数的均值最小（13.79%）。

**表 2　三江源地区不同居群小花棘豆表型性状的变异系数分析** [1)]

| 居群 Population | 各表型性状的变异系数/% Coefficient of variation of each phenotypic trait | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|
| | 根系长度/cm Root length | 根系深度/cm Root depth | 单株根系鲜质量/g Root fresh mass per plant | 单株枝叶鲜质量/g Branch and leaf fresh mass per plant | 地径/mm Ground diameter | 开花后株高/cm Plant height after flowering | 冠幅/cm Crown breadth |
| P1 | 13.10 | 10.85 | 17.70 | 5.43 | 1.71 | 13.95 | 8.96 |
| P2 | 19.06 | 14.61 | 16.29 | 10.64 | 7.30 | 25.76 | 6.61 |
| P3 | 14.84 | 10.12 | 17.27 | 12.08 | 13.77 | 15.17 | 3.94 |
| P4 | 16.35 | 16.99 | 19.93 | 18.08 | 7.02 | 22.66 | 8.98 |
| P5 | 16.04 | 20.07 | 13.74 | 9.10 | 12.70 | 18.63 | 3.29 |
| P6 | 17.15 | 26.33 | 15.58 | 17.18 | 8.24 | 19.82 | 8.14 |
| 均值 Average | 16.09 | 16.50 | 16.75 | 12.08 | 8.46 | 19.33 | 6.65 |

| 居群 Population | 各表型性状的变异系数/% Coefficient of variation of each phenotypic trait | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|
| | 营养枝长/cm Vegetative shoot length | 营养枝直径/mm Vegetative shoot diameter | 单株叶序数 Phyllotaxis number per plant | 叶序长/cm Phyllotaxis length | 叶形指数 Leaf shape index | 单叶鲜质量/g Fresh mass per leaf | 单株花序数 Inflorescence number per plant |
| P1 | 13.08 | 16.00 | 8.36 | 10.67 | 23.80 | 9.22 | 37.63 |
| P2 | 13.75 | 5.34 | 10.86 | 15.07 | 21.33 | 5.87 | 18.76 |
| P3 | 10.97 | 15.53 | 13.38 | 13.24 | 23.49 | 3.80 | 21.60 |
| P4 | 16.60 | 7.02 | 17.36 | 12.31 | 22.18 | 7.50 | 53.79 |
| P5 | 26.78 | 9.92 | 12.69 | 18.31 | 21.29 | 4.60 | 26.81 |
| P6 | 24.61 | 28.41 | 17.63 | 12.50 | 12.41 | 6.68 | 31.49 |
| 均值 Average | 17.63 | 13.70 | 13.38 | 13.68 | 20.75 | 6.28 | 31.68 |

| 居群 Population | 各表型性状的变异系数/% Coefficient of variation of each phenotypic trait | | | | |
|---|---|---|---|---|---|
| | 花序长/cm Inflorescence length | 单荚果种子数 Seed number per pod | 种形指数 Seed shape index | 种子千粒质量/g 1 000-grain mass of seeds | 均值 Average |
| P1 | 29.65 | 21.11 | 6.89 | 0.65 | 13.79 |
| P2 | 17.17 | 23.96 | 6.86 | 0.34 | 13.84 |
| P3 | 29.36 | 28.33 | 3.95 | 0.56 | 14.40 |
| P4 | 23.71 | 17.43 | 4.85 | 0.30 | 16.62 |
| P5 | 15.04 | 16.09 | 5.85 | 0.57 | 14.02 |
| P6 | 25.25 | 22.02 | 14.25 | 0.40 | 17.24 |
| 均值 Average | 23.36 | 21.49 | 7.11 | 0.47 | 14.99 |

[1)]P1：河南蒙古族自治县优干宁镇 Youganning Town of Henan Mongolian Autonomous County；P2：玉树市上拉秀乡 Shanglaxiu Town of Yushu City；P3：玛沁县大武镇 Dawu Town of Maqin County；P4：达日县满掌乡 Manzhang Town of Dari County；P5：甘德县柯曲镇 Kequ Town of Gander County；P6：天峻县木里镇 Muli Town of Tianjun County.

## 2.2 表型性状与部分环境因子的相关性分析

对小花棘豆 18 个表型性状与经度、纬度、海拔、土壤 pH 值和土壤电导率 5 个环境因子进行相关性分析，结果（表 3）表明：小花棘豆各表型性状与经度和土壤 pH 值的相关性均不显著，多数表型性状与纬度、海拔和土壤电导率的相关性也不显著，仅单叶鲜质量与纬度呈显著（$p<0.05$）负相关，开花后株高和冠幅与海拔呈极显著（$p<0.01$）负相关，单叶鲜质量与土壤电导率呈极显著负相关，种子千粒质量与土壤电导率呈显著负相关。

表 3　三江源地区小花棘豆表型性状与 5 个环境因子的相关性分析 [1)]

| 表型性状 Phenotypic trait | 与地理和土壤因子的相关系数 Correlation coefficient with each geographical and soil factor | | | | |
|---|---|---|---|---|---|
| | 经度 Longitude | 纬度 Latitude | 海拔 Altitude | 土壤 pH 值 Soil pH value | 土壤电导率 Soil electrical conductivity |
| 根系长度 Root length | -0.078 | -0.170 | -0.687 | -0.270 | -0.422 |
| 根系深度 Root depth | -0.196 | -0.284 | -0.260 | -0.237 | -0.790 |
| 单株根系鲜质量 Root fresh mass per plant | -0.063 | -0.140 | -0.434 | -0.048 | -0.724 |
| 单株枝叶鲜质量 Branch and leaf fresh mass | -0.269 | -0.354 | -0.160 | -0.309 | -0.794 |
| 地径 Ground diameter | 0.036 | -0.039 | -0.021 | -0.063 | -0.708 |
| 开花后株高 Plant height after flowering | -0.302 | -0.348 | | -0.059 | -0.476 |
| 冠幅 Crown breadth | -0.410 | -0.428 | | -0.035 | -0.351 |
| 营养枝长 Vegetative shoot length | -0.170 | -0.265 | -0.261 | -0.352 | -0.666 |
| 营养枝直径 Vegetative shoot diameter | -0.065 | -0.146 | -0.236 | -0.126 | -0.733 |
| 单株叶序数 Phyllotaxis number per plant | -0.193 | -0.272 | -0.330 | -0.207 | -0.739 |
| 叶序长 Phyllotaxis length | -0.170 | -0.245 | -0.390 | -0.100 | -0.795 |
| 叶形指数 Leaf shape index | 0.392 | 0.333 | 0.733 | -0.284 | 0.143 |
| 单叶鲜质量 Fresh mass per leaf | -0.645 | -0.875* | -0.262 | -0.118 | -0.934** |
| 单株花序数 Inflorescence number per plant | -0.661 | -0.617 | -0.233 | 0.264 | -0.766 |
| 花序长 Inflorescence length | -0.218 | -0.317 | -0.084 | -0.405 | -0.732 |
| 单荚果种子数 Seed number per pod | -0.478 | -0.571 | -0.235 | -0.542 | -0.731 |
| 种形指数 Seed shape index | 0.463 | 0.374 | 0.155 | 0.029 | -0.416 |
| 种子千粒质量 1 000-grain mass of seeds | -0.042 | -0.110 | -0.150 | 0.015 | -0.829* |

[1)]*: $p<0.05$; **: $p<0.01$.

## 2.3 表型性状主成分分析

对小花棘豆的 18 个表型性状进行主成分分析，结果（表 4）表明：前 3 个主成分的累计贡献率高达 92.960%，其中，第 1 主成分的贡献率为 67.715%，该主成分中根系深度（0.996）、叶序长（0.987）、营养枝直径（0.977）、单株叶序数（0.977）、营养枝长（0.970）、单株枝叶鲜质量（0.968）、单株根系鲜质量（0.967）、种子千粒质量（0.954）、花序长（0.936）和地径（0.924）的特征向量绝对值较高；第 2 主成分的贡献率为 15.564%，该主成分中冠幅（0.880）、叶形指数（-0.858）和开花后株高（0.716）的特征向量绝对值较高；第 3 主成分的贡献率为 9.681%，该主成分中仅单株花序数（0.857）和单叶鲜质量（0.701）的特征向量绝对值较高。

表 4 三江源地区小花棘豆表型性状的主成分分析

| 主成分 Principal | 各表型性状的特征向量 [1)] Eigenvector of each phenotypic trait[1)] | | | | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| | $l_{R1}$ | $l_{R2}$ | $m_R$ | $m_{BL}$ | $d_G$ | $h_F$ | $d_C$ | $l_{VS}$ | $d_{VS}$ | $n_P$ | $l_P$ |
| 1 | 0.769 | 0.996 | 0.967 | 0.968 | 0.924 | 0.603 | 0.406 | 0.970 | 0.977 | 0.977 | 0.987 |
| 2 | 0.329 | -0.071 | 0.102 | -0.146 | -0.286 | 0.716 | 0.880 | -0.094 | -0.095 | -0.009 | 0.076 |
| 3 | -0.397 | 0.028 | -0.175 | 0.129 | -0.027 | -0.226 | -0.205 | -0.111 | -0.082 | -0.072 | -0.046 |

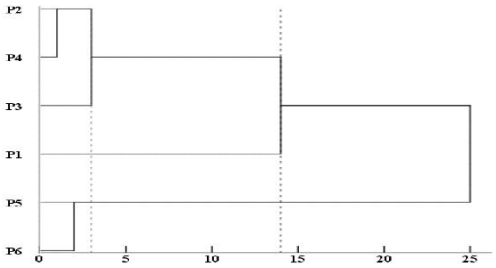
| 主成分 | 各表型性状的特征向量 [1)] Eigenvector of each phenotypic trait[1)] | 特征值 | 贡献率/% | 累计贡献率/% |
|---|---|---|---|---|

| | LSI | $m_L$ | $n_I$ | $l_I$ | $n_S$ | SSI | $m_S$ | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| 1 | 0.004 | 0.667 | 0.232 | 0.936 | 0.825 | 0.748 | 0.954 | 12.189 | 67.715 | 67.715 |
| 2 | -0.858 | 0.186 | 0.395 | -0.248 | -0.040 | -0.505 | -0.139 | 2.802 | 15.564 | 83.279 |
| 3 | 0.078 | 0.701 | 0.857 | 0.130 | 0.302 | -0.272 | 0.044 | 1.743 | 9.681 | 92.960 |

[1)] $l_{R1}$: 根系长度 Root length; $l_{R2}$: 根系深度 Root depth; $m_R$: 单株根系鲜质量 Root fresh mass per plant; $m_{BL}$: 单株枝叶鲜质量 Branch and leaf fresh mass per plant; $d_G$: 地径 Ground diameter; $h_F$: 开花后株高 Plant height after flowering; $d_C$: 冠幅 Crown breadth; $l_{VS}$: 营养枝长 Vegetative shoot length; $d_{VS}$: 营养枝直径 Vegetative shoot diameter; $n_P$: 单株叶序数 Phyllotaxis number per plant; $l_P$: 叶序长 Phyllotaxis length; LSI:叶形指数 Leaf shape index; $m_L$: 单叶鲜质量 Fresh mass per leaf; $n_I$: 单株花序数 Inflorescence number per plant; $l_I$: 花序长 Inflorescence length; $n_S$: 单荚果种子数 Seed number per pod; SSI: 种形指数 Seed shape index; $m_S$: 种子千粒质量 1 000-grain mass of seeds

### 2.4 基于表型性状的聚类分析

基于小花棘豆的 18 个表型性状，对供试的 6 个天然居群进行聚类分析。结果（图 1）表明：供试的 6 个居群被分为 2 组，其中，甘德县柯曲镇（P5）和天峻县木里镇（P6）居群为一组（组Ⅱ），其余 4 个居群为另一组（组Ⅰ）。当欧氏距离为 14 时，组Ⅰ的 4 个居群被分为 2 个亚组，其中，河南蒙古族自治县优干宁镇（P1）居群单独为 1 个亚组，玉树市上拉秀乡（P2）、玛沁县大武镇（P3）和达日县满掌乡（P4）居群为另一个亚组。




P1: 河南蒙古族自治县优干宁镇 Youganning Town of Henan Mongolian Autonomous County; P2: 玉树市上拉秀乡 Shanglaxiu Town of Yushu City; P3: 玛沁县大武镇 Dawu Town of Maqin County; P4: 达日县满掌乡 Manzhang Town of Dari County; P5: 甘德县柯曲镇 Kequ Town of Gander County; P6: 天峻县木里镇 Muli Town of Tianjun County.

**图 1　基于 18 个表型性状的三江源地区小花棘豆天然居群的聚类分析**

## 3　讨论和结论

在野生环境中自然分布的植物居群，其生长环境多样，居群的遗传变异丰富[7]。小花棘豆是三江源荒漠化草地和盐碱地区的重要生态草种[4]，生长环境多样[2]。本研究结果显示：供试 6 个天然居群小花棘豆 18 个表型性状的变异系数均值为 14.99%，多数表型性状的 $F$ 值达到显著水平，说明三江源地区小花棘豆的表型多样性较为丰富，这可能是小花棘豆自身遗传特性及长期环境异质性共同作用的结果 。

研究发现，植物的表型性状与环境因子密切相关[8]。小花棘豆的单叶鲜质量与纬度呈显著负相关，说明纬度越高，小花棘豆的单叶鲜质量越轻。开花后株高和冠幅与海拔呈极显著负相关，由于海拔越高，风速越大、温度越低，植物为了缓解生存环境的不良影响、适应恶劣的生存环境，只能缩小冠幅、降低株高[9]。主成分分析结果表明：前 3 个主成分的累计贡献率为 92.960%，说明这 3 个主成分能够反映小花棘豆表型性状的绝大部分信息。并且，根系深度、单株根系鲜质量、单株枝叶鲜质量、地径、开花后株高、冠幅、营养枝长、营养枝直径、单株叶序数、叶序长、叶形指数、单叶鲜质量、单株花序数、花序长、种子千粒质量是造成小花棘豆表型性状差异的主要因子。

聚类分析结果表明：供试的小花棘豆 6 个居群被分为 2 组，即河南蒙古族自治县优干宁镇（P1）、玉树市上拉秀乡（P2）、玛沁县大武镇（P3）和达日县满掌乡（P4）居群为一组，甘德县柯曲镇（P5）和天峻县木里镇（P6）居群为另一组，推测这可能与各居群的土壤电导率差异有关。有研究结果表明：较高的土壤电导率会导致植物的组织和器官受到盐胁迫影响，致使植物生长发育不良，各形态指标降低[10]。本研究中，P5 和 P6 居群的土壤电导率分别高达 1 652 和 1 728 μS·cm$^{-1}$，显著高于其他 4 个居群，而其他 4 个居群的土壤电导率较为接近。另外，P5 和 P6 居群小花棘豆的根系深度、单株根系鲜质量、单株枝叶鲜质

量、地径、营养枝长、营养枝直径、单株叶序数、叶序长和花序长均小于其他 4 个居群，因此，在基于表型性状的聚类结果中，P5 和 P6 居群聚为一组，其他 4 个居群聚为一组。

综上所述，三江源地区小花棘豆表型性状变异较为丰富，叶形指数、单株花序数、花序长、单荚果种子数变异系数的均值均高于 20%；根系深度、单叶鲜质量和叶序长等 15 个表型性状是影响小花棘豆表型差异的主要因子；并且，经度、纬度、海拔、土壤 pH 值和土壤电导率对该地区小花棘豆表型性状的影响多不显著。众所周知，植物表型性状受环境因子影响较大，在某些情况下不能够准确反映植物的遗传多样性[11]，因此，为了更全面地认识三江源地区小花棘豆的多样性水平，需要在分子水平上对其进行遗传多样性分析。

**参考文献：**


[1] 严杜建, 周启武, 路　浩, 等. 新疆天然草地毒草灾害分布与防控对策[J]. 中国农业科学, 2015, 48(3): 565-582.

[2] 程　翠.小花棘豆内生真菌及其与幼苗抗性关系的研究[D].呼和浩特：内蒙古农业大学,2009，1-8.

[3] 王美怡, 司　访. 宁夏小花棘豆种子萌发试验研究[J]. 种子, 2014, 33(3): 63-66.

[4] 王　硕, 陶大勇, 刘　强, 等. 小花棘豆的化学成分与药理作用研究进展[J]. 动物医学进展, 2019, 40(10): 104-107.

[5] PIGLIUCCI M, MURREN C J, SCHLICHTING C D. Phenotypic plasticity and evolution by genetic assimilation[J]. The Journal of Experimental Biology, 2006, 209: 2362-2367.

[6] DUBE S P, SIBIYA J, KUTU F. Genetic diversity and population structure of maize inbred lines using phenotypic traits and single nucleotide polymorphism (SNP) markers[J]. Scientific Reports, 2023, 13: 17851.

[7] 何恒流.中国北方野生毛樱桃遗传多样性和居群遗传结构的 SSR 分析[D].杨凌：西北农林科技大学,2015.

[8] 冯　云,张　韫,范少辉等.12 种竹子的叶表型变异及其与环境因子的关系[J].西北林学院学报,2024,39(1):147-153.

[9] 王　林, 李海波, 陈汉鑫, 等. 海拔高度对中国沙棘水碳代谢和生长的影响: 以关帝山区为例[J]. 生态学报, 2023, 43(5): 1995-2004.

[10] 王可辉, 武　迪, 王淑红, 等. 根际氧环境与盐胁迫对小麦苗期形态和生理特性的影响[J]. 山东农业科学, 2023, 55(6): 53-61.

[11] NYBOM H. Comparison of different nuclear DNA markers for estimating intraspecific genetic diversity inplants[J]. Molecular Ecology, 2004, 13: 1143-1155.

# ARTP 处理对直立型扁蓿豆植株生长的影响

王芬[1]，张跃华[1,2]，张雨桐[2,*]

(1.蒙草生态环境（集团）股份有限公司，内蒙古 呼和浩特 10010；2.内蒙古农业大学内蒙古 呼和浩特 10010）

**摘要：**利用 ARTP 辐照直立型扁蓿豆种子，观测生长两年间的植株初花期株高、地上生物量及再生速度的变化，分析 ARTP 辐射对其生长的影响。研究结果显示，生长两年间直立型扁蓿豆株高与对照没有显著差异；处理 30min 的植株再生速度、地上生物量均显著高于对照；且第二年处理 40min 地上生物量显著高于第一年；ARTP 处理在两年间对直立型扁蓿豆生长有显著影响，并显著提升了植株产量。

**关键词：** 直立型扁蓿豆；ARTP；地上生物量；再生速度；株高

扁蓿豆（*Medicago ruthenica* L.）是豆科苜蓿属多年生草本植物，多为典型草原和荒漠化草原的伴生种，随着生态条件及地理环境条件的不同，其植株的株型，荚果的大小及叶片形态都存在很大的差异[1]。直立型扁蓿豆(Medicago ruthenica Sojak cv.Zhilixing)具有茎秆直立、耐寒、抗旱、耐贫瘠、耐践踏等特点，叶量大，茎叶柔软，营养价值较高，适口性好，不含皂素，家畜过量采食不会发生鼓胀病，是苜蓿属抗逆育种的重要种质材料[2,3]。但直立型扁蓿豆牧草产量和种子产量均较苜蓿低，可通过选育新品种提升其牧草产量与种子产量，使其在生态环境修复及经济价值等方面发挥优势；也可为苜蓿优质高产新品种选育提供新材料。

ARTP 为常压室温等离子体(Atmospheric room temperature plasma)，主要依赖于均匀分布的高浓度中性活性粒子来改变植物体遗传特性，可直接改变核苷酸水平的分子结构，造成 DNA 损伤[4]。利用 ARTP 育种技术在微生物中已经得到广泛应用，同时也有研究表明经 ARTP 诱变后可显著提升作物产量[5]。本实验对 ARTP 诱变直立型扁蓿豆在大田生长两年的情况跟踪观测，以探究 ARTP 对其生长情况随时间变化的响应，为扁蓿豆种质资源创新和新品种选育提供依据。

## 1 材料与方法

### 1.1 试验材料

供试材料为育成品种直立型扁蓿豆（*Medicago ruthenica* L. Sojak.‘Zhilixing’），采集于内蒙古农业大学牧草地，种子千粒重 1.63g，发芽率 85%以上，经干燥处理后在 4℃种子柜贮藏。

### 1.2 试验地概况

试验地位于内蒙古农业大学牧草试验地，该地海拔为 1058m。气候为温带大陆性季风气候，反春时节温度上升迅猛，干旱少雨，夏季酷热短暂，降水集中，秋季气温骤降，霜冻
较早，冬季寒冷漫长，多寒潮天气，积雪较少，无霜期 130 d-140 d，降雨主要集中在 6-9 月份。土壤为沙壤土，肥力中等，具有良好的灌溉条件。

### 1.3 试验方法：

直立型扁蓿豆用 ARTP 仪辐射 0min、20min、30min、40min 直立型扁蓿豆吸胀种子，辐照后育苗建植，连续两年在初花期对株高、地上生物量及再生速度进行观测。

株高：于初花期（小区内 20 %植株开花）随机选取 10 株测定各处理的自然高度和绝对高度。

再生速度：刈割后每 7 天用卷尺（cm）测量其绝对株高，每个处理随机选取 10 株重复观测。

地上生物量：距地面 2-4cm 刈割后称量单株鲜重。

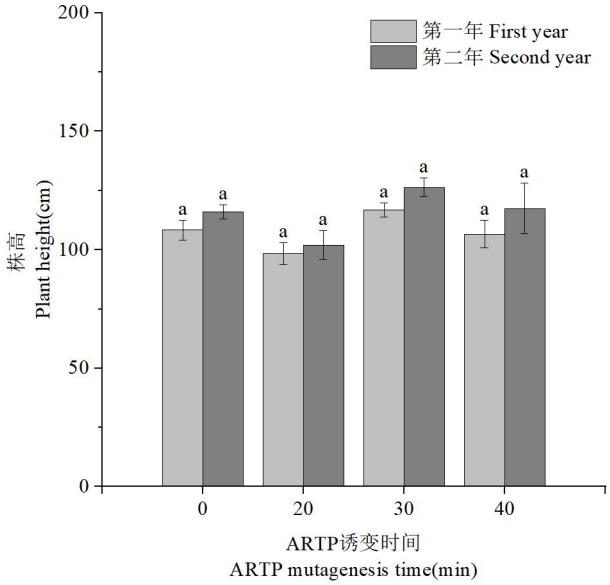
### 1.4 数据处理

使用 SPSS 26.0 进行数据分析，使用 Origin 24.0 进行作图。

## 2 结果与分析

## 2.1 不同 ARTP 辐照时间对生长两年株高和再生速度的影响

由图 1 可见，ARTP 诱变后直立型扁蓿豆的株高两年间不同处理之间无显著性差异（$P \geqslant 0.05$）。由图 2 可见，经 ARTP 处理后直立型扁蓿豆再生速度处理 30min 显著高于对照及其他处理时间；第一年处理 40min 显著低于对照及其他处理，第二年处理 20min 显著低于对照。




数据柱形标注不同小写字母表示差异显著（P<0.05）。下同

Value columns with different small letters mean significant difference (P<0.05). The same as below

图 1 不同 ARTP 辐照时间下直立型扁蓿豆的株高

Fig.1 Plant height of erect Melilotoides ruthenica under different ARTP irradiation time

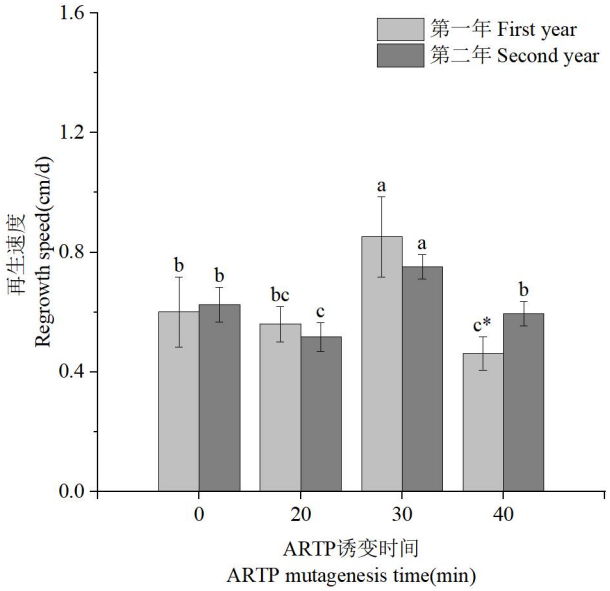



图 2 不同 ARTP 辐照时间下直立型扁蓿豆的再生速度

Fig.2 Regeneration rate of erect Melilotoides ruthenica under different ARTP irradiation time

## 2.2 ARTP 诱变对植株生长两年地上生物量的影响

由图 3 可见，ARTP 诱变处理后直立型扁蓿豆的地上生物量不同处理时间差异显著（$P<0.05$）。地上生物量第一年处理 20min、40min 显著低于对照；第二年处理 30min 显著高于对照和处理 20min。第二年处理 40min 显著高于第一年。

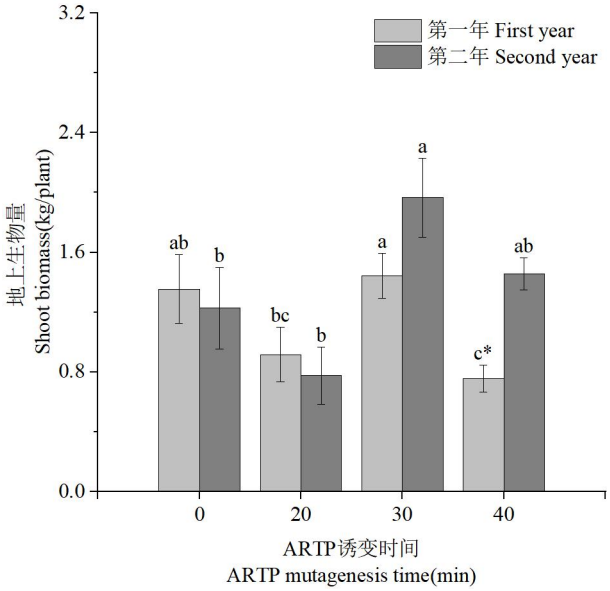



**图 3 不同 ARTP 辐照时间直立型扁蓿豆地上生物量**

Fig.3 Aboveground biomass of erect Melilotoides ruthenica under different ARTP irradiation time

## 3 讨论

ARTP 作用原理是使活性粒子透过细胞膜作用于 DNA 物质,引起基因损伤,细胞中的 DNA 不完全修复形成遗传稳定的突变[6]。本试验对 ARTP 诱变直立型扁蓿豆植株在大田生长情况进行分析，ARTP 处理对植株生长株高影响不明显，但是在处理 30min 时对再生速度及地上生物量有显著影响，此项结果与张雨桐[7]对 ARTP 处理 30min 时对幼苗的生长有促进作用的研究结果一致，也说明诱变效果两年间仍对植株生长有影响。

ARTP 诱变后第一年处理 20min、40min 的地上生物量显著低于对照及处理 30min，表明在处理 20min、40min 对植株的生长起到抑制作用，此结果与前人在幼苗时期研究结果一致[6]；第二年处理 30min、40min 显著高于处理 20min，与在幼苗时期在处理 40min 时则具有抑制作用[6]的结果不同；且地上生物量第二年处理 40min 显著高于第一年，这结果与玉米[8]、大豆[9]、番茄[10]、小麦[11]等农作物经 ARTP 处理后产量提高的结果一致；推测其可能是高于最适剂量诱变对植株分枝、叶量等产量相关指标起到促进作用，其促进能力有一定的滞后性。地上生物量在生长第二年处理 30min 与对照无差异，推测其可能是由于处理效果随时间推移减弱，诱变对植株造成的损伤在生长过程中逐渐自愈修复。

## 4 结论

探究 ARTP 诱变直立型扁蓿豆两年间对其生长的响应发现，其对株高影响不显著，但处理 30min 对其再生速度、地上生物量有显著促进作用；超过半致死量的处理两年后对地上生物量有显著提升，由此可见在进行诱变试验时，可尝试超过半致死量处理，以获得更多突变体。

## 参考文献（References）：

[1]. Campbell, T.A. and Z.L. Xia, Agronomic evaluation of Medicago ruthenica collected in Inner Mongolia. Crop Science, 1997. 37(2): p. 599.

[2]乌云飞,玉柱,石凤翎.直立型扁蓿豆的选育及其生物学特性的研究[J].内蒙古草业,1993(Z1):51-53.

[3] 张雨桐，石凤翎，乌日娜等．扁蓿豆育种研究进展[J]. 中国草地学报,2018,40(05):102-108.DOI:10.16742/j.zgcdxb.2018-05-15.

[4] Li H P,Sun W T,Wang H B,et al.Electrical features of radio-frequency,atmospheric-presure,bare-metallic-electrode alow dischargesilPlasma chemistry and Plasma Processing,2007,27(5):529-545.

[5]王轩, 刘超, 吕金殿, 李毅, 贺益清, 张明发. 植物用低温等离子体复合制剂(ARTP)对关中地区小麦生理性状及产量

的影响[J]. 陕西农业科学, 2016, 62 (11): 69-70+85.

[6]张雪,张晓菲,王立言,等.常压室温等离子体生物诱变育种及其应用研究进展[J].化工学报,2014,65(07):2676-2684.

[7]张雨桐, 石凤翎, 伊风艳, 韦玮, 钱亚斯, 王芬. 常压室温等离子体对直立型扁蓿豆生长特性的影响[J]. 中国草地学报, 2021, 43 (12): 20-26.

[8] 骆美洁, 赵衍鑫, 宋伟, 等. 常压室温等离子体对玉米种子及花粉萌发的影响[J]. 分子植物育种,2016,14(05):1262-1267.DOI:10.13271/j.mpb.014.001262.

[9] Ling L , Jiafeng J , Jiangang L ,et al. Effects of cold plasma treatment on seed germination and seedling growth of soybean[J]. Scien-tific Reports, 2014, 4:5859

[10] Meiqiang Y , Mingjing H , Buzhou M ,et al.Stimulating Effects of Seed Treatment by Magnetized Plasma on Tomato Growth and Yield[J].Plasma Science & Technology, 2005, 7(6):p.3143-3147.DOI:10.1088/1009-0630/7/6/017.

[11] Jiang J F,He X,Li L,et al.Effect of cold plasma treatment on seed germination and growth of wheat[J].Plasma Science and Technology,2014,1(16):54-58.

# Response of erect Melilotoides ruthenica to ARTP treatment over time

WANG Fen[1], ZHANG Yue-hua[1, 2] ， ZHANG Yu-tong[2,*]

(1.Mengcao Ecological Environment ( Group ) Co., Ltd , Hohhot, 010010, China; 2. inner mongolia agricultural university, Hohhot 100010, China)

**Abstract:** After ARTP radiation mutagenesis of upright Melilotoides ruthenica seeds, the plant height, aboveground biomass and regeneration rate of the plants in the two years were observed, and the effect of ARTP radiation mutagenesis on its growth was analyzed. The results showed that there was no significant difference in plant height between the two years of growth. The plant regeneration rate and aboveground biomass of 30 min mutation treatment were significantly higher than those of the control. The aboveground biomass of 40 min in the second year was significantly higher than that in the first year. ARTP treatment had a significant effect on growth and significantly increased plant yield in two years.

**Keyword:** Medicago ruthenica Sojak ‘Zhilixing’;ARTP; Aboveground biomass;Reproduction speed ;Plant height

# 内蒙古荒漠草原不同载畜率对绵羊生长性能和瘤胃发酵的影响

赵逢淼[39] 韩国栋*

(草地资源教育部重点实验室/农业农村部饲草栽培、加工与高效利用重点实验室/内蒙古自治区草地管理与利用重点实验室/内蒙古农业大学草原与资源环境学院，内蒙古 呼和浩特 010011)

**摘要**：本试验旨在研究在内蒙古荒漠草原自然放牧条件下不同载畜率对蒙古羯羊生产性能及瘤胃发酵的影响。试验采用完全随机区组设计，设置轻度放牧组（LG）、中度放牧组（MG）、重度放牧组（HG）3 个处理，每个处理 3 个重复，共选用 27 只体况相近且健康的 2 岁蒙古羯羊，试验首先预试期 10 d，正试期 120 d。结果表明：1）与轻度放牧相比，中度放牧和重度放牧处理下绵羊的平均日增重分别减少了 23.7%和 35.6%；2）随着载畜率的增加，总挥发性脂肪酸、乙酸、乙酸/丙酸有增加趋势（P＜0.05），pH 含量有降低趋势（P＜0.05），并且不同放牧时期瘤胃发酵参数也显著不同（P＜0.05）。3）乙酸和总挥发性脂肪酸浓度与体重增加和 ADG 呈负相关（p<0.01），乙酸/丙酸比与体重、体重增加和 ADG 呈负相关(p<0.01）。综上所述：在内蒙古荒漠草原自然放牧条件下，轻度放牧不仅提高了蒙古羯羊的日常体重增长，并且改善了瘤胃发酵功能，适度的放牧管理有助于提升家畜生产性能。

**关键词**：荒漠草原；放牧；载畜率；绵羊

# The effects of different stocking rates on the growth performance of sheep and rumen fermentation in the desert steppe of Inner Mongolia

Fengmiao Zhao[1] Guodong Han*

(Key Laboratory of Grassland Resources of Ministry of Education，Key Laboratory of Forage Cultivation，Processing and High Efficient Utilization of Ministry of Agriculture，and Key Laboratory of Grassland Management and Utilization of Inner Mongolia Autonomous Region，College of Grassland Resources and Environment，Inner Mongolia Agricultural University，Hohhot 010011，China)

Abstract: This experiment aimed to study the effects of different stocking rates on the production performance and rumen fermentation of Mongolian wethers under natural grazing conditions in the desert steppe of Inner Mongolia. A completely randomized block design was used, with three treatments: Light Grazing (LG), Moderate Grazing (MG), and Heavy Grazing (HG). Each treatment had three replicates, and a total of 27 two-year-old Mongolian wethers of similar body condition and health status were selected. The trial consisted of a preliminary period of 10 days followed by a main trial period of 120 days. The results showed that: 1) Compared to light grazing, the average daily gains of sheep under moderate and heavy grazing treatments decreased by 23.7% and 35.6%, respectively; 2) As the stocking rate increased, there was a trend towards an increase in total volatile fatty acids,

基金项目：国家自然科学基金项目（RZ2100002645）

作者简介：作者简介：赵逢淼（1998—），男，山西晋中人，博士研究生，从事草地生态与资源管理研究；E-mail: zhaofengmiao@emails.imau.edu.cn*通信作者 Author for correspondence, E-mail:hanguodong@imau.edu.cn

acetate, and the acetate/propionate ratio (P<0.05), as well as a decreasing trend in pH content (P<0.05), with significant differences in rumen fermentation parameters during different grazing periods (P<0.05). 3) Acetate and total volatile fatty acid concentrations were negatively correlated with both body weight gain and ADG (p<0.01), and the acetate/propionate ratio was negatively correlated with body weight, weight gain, and ADG (p<0.01). In conclusion, under natural grazing conditions in the desert steppe of Inner Mongolia, light grazing not only enhanced the daily weight gain of Mongolian wethers but also improved rumen fermentation function,Moderate grazing management helps to enhance the productive performance of livestock.
Keywords: Desert grassland; Grazing; Stocking rate; Sheep

草地覆盖了地球陆地面积的大约 41%，成为地球上最为广泛的陆地生态系统之一。在众多草地利用途径中，放牧不仅是其中最为关键的一种，而且它对于保持草地生态系统的健康和稳定起到了至关重要的作用[1]。在草地中放牧的家畜，是草地生态经济中不可或缺的一部分。它们对草地有着深远的影响，因为家畜需要调整自身来应对季节性饲料供应的变化，并在放牧的同时面对各种不同的牧场压力，形成高效的营养摄入及代谢适应机制。随着全球对畜产品需求的日益上升，放牧带来的草原压力也在逐渐加大。鉴于这种情况，为不同类型的草地建立合理的牧场管理体系，发展出更为科学的放牧策略，以及确定最理想的放牧密度和载畜率显得尤为重要。这些措施对于确保畜牧业的长远发展以及保护草地生态系统的平衡与可持续，都有着关键性的影响[2]。

在自然放牧条件下，载畜率会对家畜生长性能和瘤胃发酵参数有显著影响[3]。Kitessa 等研究显示，平均日增重随着载畜率的增加而下降，与轻度放牧和中度放牧相比重放牧平均日增重分别减少了 16%和 12%[4]。周洁艳等研究显示，随着载畜率增加，表现为总挥发性脂肪酸、乙酸、丁酸、含量呈降低趋势，丙酸、戊酸、异戊酸含量呈增加趋势；而 pH、丙酸、异丁酸无明显变化趋势[5]。然而，关于内蒙古荒漠草原的蒙古羯羊在不同载畜率下生长性能的研究却相当匮乏，这无疑影响了我们对草原生态环境和羊只生理营养间关系的全面理解。内蒙古荒漠草原作为我国重要的畜牧业基地，其特定的生态环境、气候条件对羯羊放牧的生长性能和瘤胃影响具有独特的研究意义。因此，本研究旨在揭示内蒙古荒漠草原不同放牧强度（轻度，中度和重度）下蒙古羯羊生长性能、瘤胃发酵的变化，探究生长性能与发酵参数之间的联系，以期为荒漠草原的羊只放牧管理，提高羊只的生产性能和生存环境的适应性提出指导。

# 1 材料与方法

## 1.1 试验动物和试验设计

本试验于 2023 年 6 月至 10 月在内蒙古自治区乌兰察布市的内蒙古农牧业科学院综合试验示范中心四子王基地（坐标：111° 53′ 41.7″ N，41° 46′ 43.6″ E，海拔 1456 米）进行。该试验基地自 2004 年起已开展放牧实验，具有一致的地形、植被和土壤类型。放牧试验安排在每天的上午 6 点到下午 6 点，夜间归牧，提供自由饮水并定期补盐。试验区分为 3 个区组，每个区组包括 3 种不同强度的放牧处理：轻度放牧（LG）、中度放牧（MG）、重度放牧（HG），每种处理重复 3 次，载畜率分别为 0.91、1.82、2.71 羊单位 •公顷$^{-1}$ • 半年$^{-1}$。共选取 27 只健康、年龄和体重相近的蒙古羯羊进行试验，并在进行驱虫、消毒处理后用耳标进行标记。

## 1.2 生产性能的测定

在实验周期的每个月对绵羊体质量进行测定，并计算其体重变化（WG）=最后体重-初始体重；平均日增重（ADG）=WG/试验周期。

## 1.3 瘤胃液的采集和 pH 的测定

在试验正试期第 60 d 和第 120 d 清晨放牧前，使用瘤胃液收集管经口收集瘤胃液，每只羊取瘤胃液 60 mL，弃去前 20 mL 避免唾液污染影响试验结果，经 4 层纱布过滤后，分别各取 5 mL 瘤胃液用手持便携式 pH 测定仪（Horiba,日本）进行测定，剩余瘤胃液置于 -80℃保存备用。

### 1.4 瘤胃发酵参数的测定

瘤胃挥发性脂肪酸（VFA）经气相色谱（T1310，Thermo Fisher Scientific，美国）测定，测定方法参考刘立成等的方法进行[6]。

### 1.5 数据处理与分析

试验数据采用 SPSS 20.0 软件进行统计分析，试验数据进行单因素方差分析，结果以“平均值±标准差”表示，P<0.01 为差异极显著，P<0.05 为差异显著，P>0.05 表示差异不显著。

## 2 结 果

### 2.1 放牧强度下蒙古羯羊体重和平均日增重

研究结果表明，在不同载畜率初始体重差异不显著的情况下（P＞0.05），轻度放牧较中、重度放牧组末体重、总增重和平均日增重差异显著（P＜0.05）。

表 1 不同载畜率下蒙古羯羊生长性能指标测定

Table 1 Determination of the growth performance indexes of Mongolian Capricorn sheep at different livestock loading rates

| 项目 Items | 轻度放牧 | 中度放牧 | 重度放牧 |
|---|---|---|---|
| 初体重 IBW/kg | 36.05±5.2$^{a}$ | 36.56±3.7$^{a}$ | 36.00±2.6$^{a}$ |
| 末体重 FBW/kg | 50.11±6.1$^{a}$ | 47.28±3.9$^{ab}$ | 45.06±3.0$^{b}$ |
| 总增重 TG/kg | 14.06±4.2$^{a}$ | 10.72±2.9$^{b}$ | 9.06±2.2$^{b}$ |
| 平均日增重 ADG/(g/d) | 117.13±35.0$^{a}$ | 89.35±23.5$^{b}$ | 75.46±18.10$^{b}$ |

### 2.2 载畜率和时期对蒙古羯羊瘤胃发酵参数的影响

载畜率对 pH、总挥发性脂肪酸、乙酸/丙酸含量有显著影响（P＜0.05），随着载畜率的增加，表现为总挥发性脂肪酸、乙酸、乙酸/丙酸有增加趋势，pH 含量有降低趋势；而乙酸、丙酸、异丁酸、丁酸、异戊酸、戊酸无明显变化趋势（P＞0.05）。

表 2 不同载畜率下蒙古羯瘤胃发酵参数指标

Table 2 Parameters of Capricorn rumen fermentation in Mongolia under different livestock loading rates

| 载畜率 | pH | 乙酸 | 丙酸 | 异丁酸 | 丁酸 | 异戊酸 | 戊酸 | 乙/丙 | 总 VFA |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| 0.91 | 7.09±0.18$^{a}$ | 3.94±0.19$^{a}$ | 1.17±0.09$^{a}$ | 0.14±0.01$^{a}$ | 0.78±0.14$^{a}$ | 0.18±0.02$^{a}$ | 0.17±0.01$^{a}$ | 3.39±0.29$^{b}$ | 6.38±0.35$^{b}$ |
| 1.82 | 6.8±0.24$^{b}$ | 4.3±0.63$^{a}$ | 1.15±0.14$^{a}$ | 0.15±0.02$^{a}$ | 0.8±0.05$^{a}$ | 0.2±0.02$^{a}$ | 0.18±0.01$^{a}$ | 3.7±0.3$^{a}$ | 6.79±0.85$^{a}$ |
| 2.71 | 6.9±0.13$^{ab}$ | 4.53±0.75$^{a}$ | 1.22±0.14$^{a}$ | 0.15±0.01$^{a}$ | 0.87±0.14$^{a}$ | 0.19±0.02$^{a}$ | 0.17±0.01$^{a}$ | 3.7±0.29$^{a}$ | 7.13±1.04$^{a}$ |

### 2.3 瘤胃脂挥发性肪酸与生长性能性状的关系

本研究监测了 27 只蒙古羯羊的生长性能，对生长性能性状与瘤胃 VFA 之间的关系（n=27）的分析表明，多个 VFA 与这些生长性能性状显著相关（图 1)。特别是，瘤胃乙酸和总挥发性脂肪酸浓度与体重增加和 ADG 呈负相关（$p$<0.01），乙酸/丙酸比与体重、体重增加和 ADG 呈负相关($p$<0.01）。

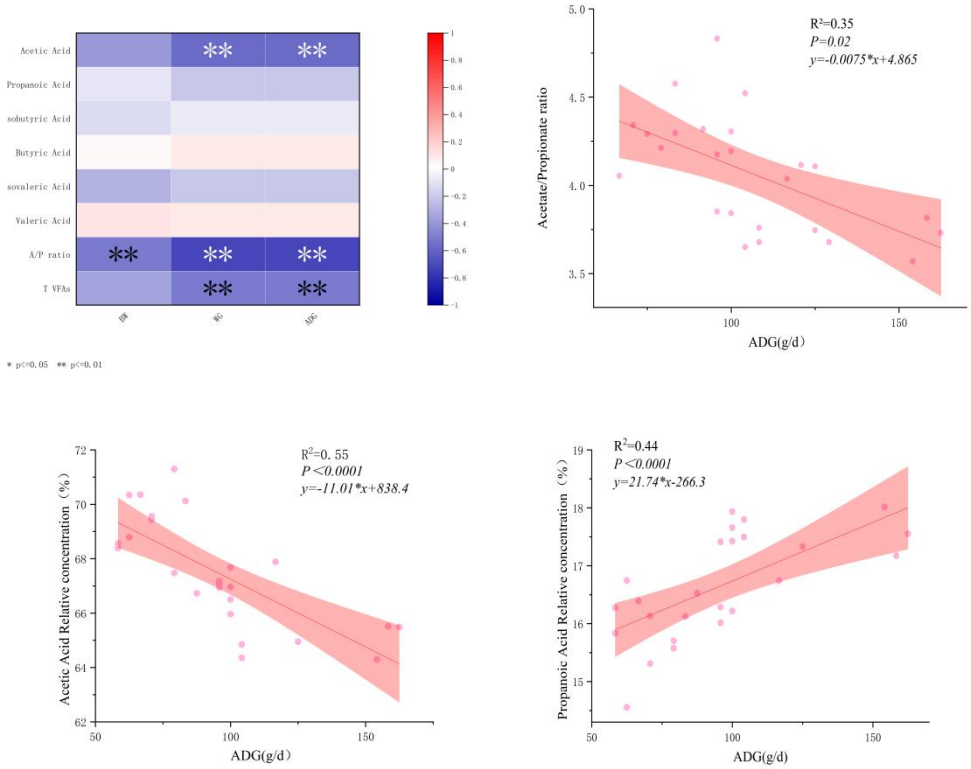



图 1 瘤胃发酵参数与生长性能性状的关系（n=27）。瘤胃 VFAs 与生长性能性状之间的关系。乙酸与丙酸的比值和乙酸、丙酸和其他挥发性脂肪酸的相对量与 ADG 显著相关（斯皮尔曼相关性，p<0.05）

Figure 1 ruminal fermentation yield and its relationship with growth performance traits (n=27). Relationship between rumen VFAs and growth performance traits. The ratio of acetate to propionate and the relative amount of acetate, propionate, and other volatile fatty acids were significantly associated with ADG (Spearman's correlation, p <0.05)

## 3 讨论

家畜的生长性能是评价其对饲养管理方式及环境等因素适应情况的重要指标[7]。McGregor 等研究显示，绵羊和山羊的体况随着载畜率的增加而降低[8]。本试验结果表明随着载畜率的增加，蒙古羯羊平均日增重呈降低趋势 P＞0.05，中度放牧和重度放牧较轻度放牧绵羊的平均日增重分别减少了 23.7％和 35.6％，适度放牧有利于提高绵羊生长性能。

瘤胃液 pH 是反映瘤胃内环境稳定程度和发酵指标的重要依据，瘤胃内 pH 受饲料组成，饲养管理方式，挥发性脂肪酸等因素的影响[9]。本试验中，随着载畜率的增加，瘤胃内 pH 下降，且放牧末期 pH 均低于放牧中期，瘤胃内 pH 在重度放牧低的原因可能是采食的牧草种类较少，消化率较低[10]，导致挥发性脂肪酸积累，pH 降低。挥发性脂肪酸是反刍动物重要的能量来源，对瘤胃环境的稳定具有关键作用[11]。本试验中乙酸/丙酸在轻度放牧均低于中、重度放牧，从能量利用效率的角度来说，乙酸/丙酸的降低反映的是饲草转化效率的提升[12]，因此，为提高放牧绵羊的生长性能，在放牧过程中应进行适当补饲，提高饲料转化效率。在本研究中，通过监测 27 只蒙古羯羊的生长性能，并分析其与瘤胃挥发性脂肪酸（VFA）之间的相关性，结果揭示了一些重要的生理机制。特别地，瘤胃中乙酸和总挥发性脂肪酸（TVFA）的浓度与羊只的体重增加和平均日增重（ADG）呈现显著的负相关性（p<0.01），同时，乙酸/丙酸比例也与体重、体重增加和 ADG 成负相关（p<0.01）。这一发现为理解放牧强度如何影响羊只的生产性能提供了新的见解。挥发性脂肪酸作为瘤胃发酵的主要产物，对于反刍动物提供了主要的能量来源。乙酸和总挥发性脂肪酸浓度与生长性能呈负相关可能表明，在较高的放牧强度下，瘤胃微生态平衡受到干扰，影响了发酵效率和营养素的吸收，进而影响动物的生长性能。此外，这些结果还暗示了不同放牧强度下调整瘤胃发酵模式的可

能性，以适应环境条件的变化。然而，尽管这种适应可能有助于生存，从生产性能的角度看，过度调整可能导致能量损耗，从而影响生长效率。

## 4 结论

在荒漠草原中，随着放牧强度的增加，绵羊的日均体重增加减少，轻度放牧可以提高绵羊的生长性能；轻度放牧有利于绵羊蛋白质吸收，提高绵羊饲料转化效率；瘤胃发酵特性在放牧强度影响下对家畜生长性能的重要影响，表明维持适度的放牧压力是提高生产性能与促进瘤胃健康的关键。

**参考文献：**


[1] 李金花,李镇清,任继周.放牧对草原植物的影响[J].草业学报,2002(1):4-11.

LI J H, LI Z Q,REN J Z.The effects of grazing on grassland plants[J].Acta Prataculturae Sinica,2002(1): 4-11.(in Chinese)

[2] Wang M,Zhang C,Chen S, et al. Moderate Grazing Increased Carbon, Nitrogen and Phosphorus Storage in Plants and Soil in the Eurasian Meadow Steppe Ecosystem[J]. Science of the Total Environment, 2024, 914: 169864.

[3] 刘宏金,徐世晓,韩学平,等.不同物候期牧草对藏系绵羊血清生化指标、瘤胃内环境参数及瘤胃微生物功能菌群的影响[J].动物营养学报,2020,32(3):1396-1404.

LIU H J,XU S X,HAN X P,et al.Effects of forage grass in different phenological periods on serum biochemical indexes,ruminal fermentation parameters and rumen microbial function flora of Tibetan sheep[J].Chinese Journal of Animal Nutrition, 2020, 32(3): 1396-1404.(in Chinese)

[4] Kitessa S,Nicol A. The Effect of Continuous Or Rotational Stocking on the Intake and Live-weight Gain of Cattle Co-grazing with Sheep on Temperate Pastures[J]. Animal Science, 2001, 72(1): 199-208.

[5] 周洁艳.黄土高原典型草原轮牧对滩羊消化代谢的影响[D].兰州.兰州大学, 2023.

ZHOU J Y.Effects of Rotational Grazing on Digestion and Metabolism of Tan Sheep in Typical Steppe of the Loess Plateau[D].Master's Thesis.Lanzhou:Lanzhou University,2023.(in Chinese)

[6] 刘立成,曹秀青,刘大森.毛细管气相色谱法测试瘤胃液 VFA 可行性的研究[J].饲料工业,2008,329(20):59-60.

LIU L C,CAO X Q,LIU D S,et al.Study on the feasibility of VFA by capillary gas chromatography[J].Feed Industry,2008, 329(20): 59-60.(in Chinese)

[7] 吴璞,曹旭亮,王虎成,等.红豆草茬地放牧对湖羊和小尾寒羊生长性能、瘤胃内环境参数及微生物区系的影响[J].动物营养学报,2022, 34(3):1730-1742.

WU P,CAO X L, WANG H C,et al.Effects of Grazing on Stubble Sainfoin Pasture on Growth Performance,Rumen Environmental Parametersand Microflora of Hu Sheep and Small-Tailed Han Sheep[J].Chinese Journal of Animal Nutrition,2022, 34(3):1730-1742.(in Chinese)

[8] Mcgregor B. Influence of Stocking Rate and Mixed Grazing of Angora Goats and Merino Sheep on Animal and Pasture Production in Southern Australia. 2. Liveweight, Body Condition Score, Carcass Yield and Mortality[J]. Animal Production Science, 2010, 50(2): 149-157.

[9] 李栋,张辉,丛立新,等.柞树叶和玉米秸叶对东北梅花鹿瘤胃内环境的影响[J].中国兽医学报,2021,41(4):792-795.

LI D,ZHANG H,CONG L X,et al.Effects of oak leaves and corn stalk and leaves on rumen internal enyironment of northeast Sika deer[J].Chinese Journal of Veterinary Science,2021,41(4):792-795.(in Chinese)

[10] Li C,Xue S,Tajima A, et al. Estimation of Herbage Intake and Digestibility of Grazing Sheep in Zhenglan Banner of Inner Mongolia By Using N-alkanes[J]. Animal Nutrition, 2015, 1(4): 324-328.

[11] Ellis J,Dijkstra J,Bannink A, et al.Quantifying the Effect of Monensin Dose on the Rumen Volatile Fatty Acid Profile in High-grain-fed Beef Cattle[J]. Journal of Animal Science, 2012, 90(8): 2717-2726.

[12] Liu H,Xu T,Xu S, et al. Effect of Dietary Concentrate to Forage Ratio on Growth Performance, Rumen Fermentation and Bacterial Diversity of Tibetan Sheep Under Barn Feeding on the Qinghai-tibetan Plateau[J]. Peerj, 2019, 7: 0.

# 饲用杂交大豆与全株青贮玉米间作对其生长特性和发酵品质的影响

李迎澳[40]，刘自锐[1]，栗国民[1]，朱文煊[1]，王青秀[1]，赵淼淼[1]，马婧婧[1]，李德锋[1,2,3]，朱晓艳[1,2,3]，史莹华[1,2,3]，王成章[1,2,3]，孙浩[1,2,3*]

（1.河南农业大学动物科技学院，河南郑州 450046；2.河南省草地资源创新与利用重点实验室，河南郑州 450046；3.河南省牧草工程技术研究中心，河南郑州 450046 ；4.河南省畜牧局饲草饲料站，河南郑州 450046）

**摘要：**研究不同间作组合对饲用杂交大豆和青贮玉米生长特性的影响，综合评价其生产性能、适应性、抗逆性、营养价值和经济效益，为河南省黄河滩区豆禾间作模式提供数据支撑和理论参考。本试验通过对玉米、大豆的生长特性以及其青贮发酵品质的分析，研究不同间作组合配置下青贮玉米的植株高度和鲜草产量、饲用大豆的产量、分别单贮和混贮的发酵品质，并且记录田间病虫害发生情况、抗倒伏等情况，综合比较了 3 个粮饲兼用玉米品种与 2 个饲用杂交大豆品种之间不同的间作组合。结果表明：在生长特性方面，试验组合中豆禾间作模式并未对玉米生长产生不利影响，且少数组合中可以提高玉米产量和果穗重量，如大京九 166/鲁饲 2 号；豪玉 16/鲁饲 2 号;豪玉 16/鲁饲 3 号。而饲用大豆由于玉米遮荫效果等因素存在，造成了产量下降。在发酵品质方面，鲁饲 2 号/中禾 107 间作下发酵品质较好，显著优于其他间作组合。综合玉米、饲用大豆生长特性和发酵品质来看，豪玉 16 与鲁饲 3 号组合田间表现最为优异，可以作为下一步推广示范的品种组合。

**关键词：**饲用大豆；青贮玉米；经济效益；发酵品质

# Effects of intercropping between feed hybrid soybean and whole plant silage corn on their growth characteristics and fermentation quality

LI Ying-ao[1],LIU Zi-rui[1],LI Guo-min[1],ZHU Wen-xuan[1],WANG Qing-xiu[1],ZHAO Miao-miao[1],MA Jing-jing[1],LI De-feng[1,2,3],ZHU Xiao-yan[1,2,3],SHI Ying-hua[1,2,3],WANG Cheng-zhang[1,2,3],SUN Hao[1,2,3*]

(1. College of Animal Science and Technology, Henan Agricultural University, Zhengzhou, Henan Province 450046, China; 2. Henan Key Laboratory of Grassland Resources Innovation and Utilization, Zhengzhou, Henan Province 450046, China; 3. Henan Forage Engineering Research Center, Zhengzhou, Henan Province 450046, China; 4. Forage and Feed Station of Henan Animal Husbandry Bureau, Zhengzhou, Henan Province 450046, China)

**Abstract:** The effects of different intercropping combinations on the growth characteristics of feed hybrid soybean and silage maize were studied, and their production performance, adaptability, stress resistance, nutritional value and economic benefits were comprehensively evaluated, which provided data support and theoretical reference for the soybean intercropping model in the Yellow River Beach area of Henan Province. In

项目基金：国家自然科学基金(32001393)；国家现代农业产业技术体系（CARS-34）；河南省科技攻关联合基金项目（222103810006）资助.

作者简介：李迎澳(1999-)，男，汉族，河南南阳人，硕士研究生，主要从事饲草生产与加工研究，E-mail：18338329806@163.com；*通信作者，E-mail: sunhao@henau.edu.cn

this study, through the analysis of the growth characteristics and silage fermentation quality of maize and soybean, the plant height and fresh grass yield, the yield of forage soybean, the fermentation quality of single storage and mixed storage of silage maize under different intercropping combination configurations were studied, and the occurrence of pests and diseases in the field, lodging resistance and other conditions were recorded, and the different intercropping combinations between three grain-fed combined maize varieties and two feed-fed hybrid soybean varieties were comprehensively compared. The results showed that in terms of growth characteristics, the soybean grain intercropping mode in the experimental combination did not adversely affect the growth of maize, and the yield and ear weight of maize could be increased in a few combinations, such as Dajingjiu 166/Lusi2/Haoyu 16/Lusi 3; Haoyu 16/Lusi 3. The yield of feed soybeans decreased due to factors such as the shading effect of corn. In terms of fermentation quality, the fermentation quality of Lusi 2/Zhonghe 107 intercropping was better, which was significantly better than other intercropping combinations. Based on the growth characteristics and fermentation quality of corn and feed soybeans, the combination of Haoyu 16 and Lusi 3 had the best performance in the field, which can be used as the next combination of varieties for promotion and demonstration

**Key words：** Feed soybeans; Silage corn; Sconomic benefits; Fermentation quality

玉米，禾本目禾本科植物，是一种重要的粮食作物，因其适应性好、产量高，品质好，玉米已成为人类种植最广泛的谷类作物之一[1]。现在我国是世界第二大玉米生产国，产量约占世界总产量的 23%，而且名目繁多。玉米是主要的饲料作物，是现阶段人们公认的饲料之王[2]。近年来，由于粮-经-饲三元种植结构的调整，玉米在粮食、经济、饲料中的地位日益凸显。尤其在饲料工业中，当前畜禽养殖日粮大多以玉米-豆粕型日粮为主，近 80%的饲料都是基于玉米为基础进行生产。大豆，优质的一年生饲料作物，是全球五大主要栽培农作物之一，也是我国最重要且用途最广泛的粮食作物之一。大豆富含蛋白质、脂质、维生素及多种生物活性物质[3]，其中蛋白质和脂肪含量最高，据统计整粒大豆含 42%的大豆蛋白[4]。随着我国草食畜牧业的不断转型升级，在粮改饲政策的持续推动下，青贮玉米在草食动物养殖中的应用逐年攀升，成为不可或缺的饲料产品之一。然而由于青贮玉米蛋白含量不高，特别是赖氨酸含量低，在进行畜禽养殖过程中仍需要提供一定的优质蛋白作为补充。研究表明，大豆-玉米混合青贮可以有效弥补玉米青贮中优质蛋白不足等问题，从而改善青贮饲料的营养价值，是一种营养价值高、增重效果好的青贮饲料[5]。张英俊等将青贮玉米和葛藤套种，证明玉米葛藤混合青贮蛋白质、脂肪、钙、镁都明显高于玉米单贮，赖氨酸含量大幅提高,比玉米单贮更适合奶牛或其他反刍家畜饲养[6]。且近年来豆禾间作模式在我国持续推动，有利带动了饲料行业的高质量发展，增加了单位面积的产出，刘洋等通过玉米/大豆间作发现，间作能够使玉米产量及产量相关的性状指标均有所提升[7]。杜雨芊等研究表明，玉米/杂交野生大豆间作更具有间作优势,可以大幅度提高土地利用率,且达到增产的效果[8]。豆科与禾本科作物间作种植的模式中，禾本科植物在生物量是较具优势的，但间作合理种植模式同样使间作的群体产量有较大的提高。随着社会经济的快速发展，土地占用也在增加。为了更好地利用有限的土地，土地开发和维护是一个必然的方向。其中豆禾间作模式，可以有效增加可耕地的有效面积，提高土地质量，增加土地产量，提高土地利用率，促进可持续性。

公元前 1 世纪的西汉时期，《氾胜之书》中大量记载当时农作物的种植模式——间作，有如瓜/豆间作，瓜/菜间作。公元 6 世纪的北魏末年，贾思勰在《齐民要术》也介绍多种间作类型，而这项技术也被应用至今。作物间作系统被认为是一种重要种植方式，可以大大优化作物群体质量、提高土地生产力[9]。间作体系中的作物具有各自的生态位，因而可形成空间上的融洽互补，提高光能利用率，进而单位面积的产出明显提升，最大目的的达到增产增收，故而受到了人们推崇并被认为是可以解决饲料供应危机的有效和可靠农耕种植模式[10]。孙振荣等通过玉米/南瓜间作发现二者均具有显著的增产增收效果[11]。邓维萍等发现葡萄/紫罗兰间作可促进葡萄新梢和果穗纵向生长，提高果实产量和风味物质含量从而提升葡萄品质[12]。彭良斌等试验证明燕麦与马铃薯带状间作表现出明显的增产效应[13]。这些技术的应用，提高了土地利用率和单位土地的产出。许多间作配置下产量优势始终都有体现。所有间作组合中，要以粮/粮间作下的豆/禾间作最为普遍，产量优势已受到普遍认可。豆科与禾本科作物间作种植的模式中，禾本科植物在生物量是较具

优势的，但间作合理种植模式也可同样使间作的群体产量有较大的提高。

2015 年中央一号文件将“粮改饲”纳入农村发展工作重点，“粮改饲”作为国家优化农业种植结构,促进畜牧业高质量发展的重点工作,开始在全国范围内进行试点推广。2020 年，中央一号文件要求全面深化农业种植结构调整，重点开展扩大“粮改饲”种植面积的行动，实现农业高质量发展。2022 年，中央一号文件提出在黄淮海等地区实施粮豆轮作，在黄淮海、长江中下游等适宜地区推广玉米大豆带状复合种植。目前，我省黄河滩区已经种植优质饲草 26 万亩，其中全株青贮玉米 12.9 万亩，占比百分之 49.6%。当前我省黄河滩区草业带建设处于起步阶段，仍存在着诸多问题，如有关黄河滩区适宜栽培的间作品种研究较少，对于影响作物产量形成主要因素研究不足，企业生产上利用的青贮玉米品种可能还不是最优，影响了牧草生产企业的经济效益。而品种筛选等关键环节尚且缺乏必要的技术支撑，亟待进一步研究、示范及推广。因此，在黄河滩区开展优质饲草品种筛选与示范以及青贮技术研究与推广具有非常重要的现实指导意义。本试验采用 3 个粮饲兼用玉米品种（分别为：大京九 166、豪玉 16、中禾 107）与 2 个黄淮海生产上种植的饲用大豆品种（鲁饲 2 号及鲁饲 3 号）间作，研究不同间作组合配置下青贮玉米的植株高度、鲜草产量、营养成分等，豆禾间作下豆禾产品青贮品质，揭示不同间作组合配置下对种植饲用杂交大豆和青贮玉米的影响，综合评价其生产性能、适应性、抗逆性、营养价值和经济效益，为河南省黄河滩区推荐经济效益较佳的间作种植模式。

# 1 材料与方法

## 1.1 开展豆禾间作模式试验与示范

### 1.1.1 试验地点

试验在河南省新乡市原阳县福宁集镇小吴庄河南农业大学科教试验园区进行，试验地位于北纬 35°00'、东经 113°70'。试验前测得土壤肥力为：碱解氮 63.5 mg/kg、有机质 0.73%、速效磷 10.8 mg/kg、速效钾 127 mg/kg。播种前根据土壤养分含量确定基肥与施肥量：施用磷酸二胺 525 kg/hm2、硫酸钾 225 kg/hm2 作为基肥，进行旋耕、耙细、平整土地等作业；播种后进行追肥、除草等护理工作。年末到该县气象局或园区气象站，收集年平均气温、降雨量、极端高温、年无霜期等气象数据；试验过程中，记录极端天气如大风、暴雨等气候状况。本次试验于 2022 年 6 月上旬进行本次播种，试验土质为沙壤土，当年秋季收获，前茬作物为小麦、燕麦和玉米。

该地区为北温带大陆性季风气候，根据多年气象条件，极端低温在 1-2 月份（-8~-14℃），极端高温在 7-8 月份（35~37℃），年平均气温 15℃，年平均照时数 2000 h 以上，年降水量 556 mm，0℃以上积温 5300℃，10℃以上积温 4700℃，年无霜期 224 d[14]。试验区的主要气候条件见表 1。

**表 1 2016-2020 年原阳县气候条件**

**Table 1 Climatic conditions in Yuanyang County from 2016 to 2020**

| 年份 | 降水量 | 年均温度 | 最高温度 | 最低温度 | 日照时数 |
|---|---|---|---|---|---|
| 2016 年 | 581 mm | 14.5℃ | 37℃ | -14℃ | 1926 |
| 2017 年 | 557 mm | 15.3℃ | 38℃ | -8℃ | 1933 |
| 2018 年 | 554 mm | 15.0℃ | 38℃ | -13℃ | 2171 |
| 2019 年 | 385 mm | 15.2℃ | 39℃ | -10℃ | 1973 |
| 2020 年 | 661 mm | 15.8℃ | 40℃ | -12℃ | 1941 |
| 2021 年 | 485 mm | 15.3℃ | 38℃ | -14℃ | 2018 |
| 2022 年 | 488 mm | 15.1℃ | 39℃ | -10℃ | 1982 |

### 1.1.2 试验材料与设计

本试验选取河南省畜牧业生产上推广的粮饲兼用玉米品种 3 个（分别为：大京九 166、豪玉 16、中禾 107），黄淮海生产上种植的饲用大豆品种 2 个（鲁饲 2 号及鲁饲 3 号），见表 2。在 2022 年夏季播种，当年秋季收获，综合评价其生产性能、适应性、抗逆性、营养价值和经济效益，为河南省黄河滩区推荐经济效益较佳的间作种植模式。

随机区组法设计，3 个重复，小区面积 6×4.8=28.8 $m^2$，其中长 6 m、宽 4.8 m。单播玉米行距 0.6 m，每个小区播种 8 行，株距 0.24 m，每行 25 株，每亩 4630 株。玉米与饲用大豆间作处理，玉米宽窄行播种，每个小区播种 6 行，其中宽行距 1.0 m、窄行距 0.4 m，平均行距 0.7 m，株距 0.22 m，每亩 4330 株；饲用大豆在宽行玉米之间种 2 行，条播行距 0.30 m，每个小区播种 6 行，每亩播种密度按饲用大豆占小区的比例折算（60 g/小区）。全株青贮玉米点播，每穴播种 2 粒，5-6 叶期定苗至 1 株；饲用大豆不间定苗。玉米和大豆均在 6 月上旬同期播种。

**表 2 供试材料**

**Table 2 Test material**

| 品种 | 来源 | 生育期 |
|---|---|---|
| 粮饲兼用玉米品种 | | |
| 大京九 166 | 北京大京九农业开发有限公司 | 103 天 |
| 豪玉 16 | 安徽国豪农业科技有限公司 | 100 天 |
| 中禾 107 | 甘肃省临泽县禾丰种业有限责任公司、北京世诚中农科技有限公司 | 99-105 天 |
| 饲用大豆品种： | | |
| 鲁饲 2 号 | 山东畜牧总站 | |
| 鲁饲 3 号 | 山东畜牧总站 | |

### 1.1.3 测试指标与方法

主要测定植株高度、鲜草产量、干物质产量、籽粒产量、营养成分等，记录田间病虫害发生情况、抗倒伏等情况。

适宜刈割期的确定：全株青贮玉米在蜡熟期的 1/2 乳线期刈割，饲用大豆和全株青贮玉米同期刈割。

株高测定：在每个处理各小区中部长势均匀的地方，刈割前分别随机选取 10 株全株玉米和 10 株大豆，测量两种作物从地面到顶端的伸直高度、玉米的穗位高度，求其平均值。

产量测定：在每个处理各小区中部长势均匀的地方，刈割 10 株全株玉米留茬 15 cm、4 行 4 m 长的大豆留茬 6-8 cm。刈割后立即分别称量，即为其小区鲜草产量，后根据刈割面积计算出单位面积鲜草产量，最终折合为每公顷鲜草产量。

持绿性测定：持绿性 $=\frac{\text{绿叶数}\times(\text{叶长}\times\text{叶宽}\times 0.75)}{1000\times(\text{绿叶数}+\text{黄叶数})}$

### 1.2 有机酸含量测定

有机酸含量有机酸总量及其构成可以反映青贮发酵的好坏，其中最重要的是乳酸、乙酸和丁酸，乳酸所占比例越大越好。优良的青贮饲料，含有较多的乳酸和少量的乙酸,而不含丁酸。品质差的青贮饲料,含丁酸多而乳酸少[15]。在各处理鲜草产量测定后，将全株玉米单播、全株玉米与饲用大豆间作处理分别进行青贮，豆禾青贮试验在河南农业大学原阳科教试验园区进行，2 个月后取样检测乳酸、乙酸等脂肪酸含量，具体操作方法如下：

### 1.2.1 试验材料

不同豆禾间作模式的青贮样品，对材料进行编号后，采用随机采样法进行采样。

### 1.2.2 主要试剂与仪器

试剂：超声过滤后的色谱甲醇，25%偏磷酸，超纯水

测试仪器：分析天平、超纯水机（MERCK MILLIPORE 纯水超纯水一体系统明澈 D24UV）、小型台式离心机

THERMO SCIENTIFIC DIONEX ICS-5000+

色谱柱：DIONEXTM LONPACTM AH11-HC

进样方式:自动进样器
进样量：25 μL
监测器：电导检测器
流动相:A1.5 mM/L 氢氧化钠 /B:100 mM/L 氢氧化钠

**表 3 离子色谱仪淋洗的时间与流速**

**Table 3 ：Time and flow rate of ion chromatograph leaching**

| 序号 | 时间 | 流速 mL/min | A% | B% |
|---|---|---|---|---|
| 1 | 0.00 | 1 | 100 | 0 |
| 2 | 17.00 | 1 | 100 | 0 |
| 3 | 17.10 | 1 | 0 | 100 |
| 4 | 35.00 | 1 | 0 | 100 |
| 5 | 35.10 | 1 | 100 | 0 |
| 6 | 50.00 | 1 | 100 | 0 |

1.2.3 试验方法

(1)标准曲线的绘制

配制标准溶液，配制乳酸、乙酸、丙酸、丁酸的混和标准储备液 1 mg/mL，将其逐级稀释为 1、2、5、10 μg/mL，经 0.25 μm 的微孔膜过滤。上机测试分析，标绘标准曲线，横、纵坐标分别是：有机酸的质量浓度、峰面积，确定回归方程，得出相关系数。

(2)试样有机酸测定

将 150 ml 三角瓶在电子天平去皮后，准确称取剪碎的细颗粒青贮饲料 15 g 样品，,并加入 100 mL 去离子蒸馏水，对锥形瓶瓶口封口密封使用封口膜，置于 4℃的冰箱中浸提 18h，然后再在 100 mL 容量瓶中过滤（使用定量滤纸），使用超纯水定容，摇晃均匀；用移液枪分别移取 1 mL 提取液、0.2 mL 25%的偏磷酸于 2 mL 离心管，放于 4℃冰箱静置 30 min，将静置后样品溶液放于离心机中，在 10000 rpm 状态下离心 10 min，取离心后的 100 uL 上清液，再取 900 uL 去离子水，于 2 mL 离心管（此过程相当于稀释十倍），并重复上步骤，稀释十倍，逐级稀释、振荡。然后使用针管将上清液移入具塞试管内，备用上机分析。

### 1.3 数据处理与统计分析

用 Microsoft Excel 2010 对各试验组数据进行初步整理，以重复为单位进行统计分析；采用 SPSS 方差分析，采用 *Duncan'S* 多重比较。数据统一采用平均值±标准差表示；显著性分析水平表示为：显著性分析水平表示为：$P > 0.05$ 没有显著差异，$P < 0.05$ 差异显著。

## 2 结果与分析

### 2.1 豆禾间作模式下玉米生长指标分析

株高是影响青贮玉米产量的重要性状之一。秆粗是影响青贮玉米产量和品质的重要因素之一[16]。株高与穗位呈显著正相关。但是穗位高时易发生倒伏现象，生产上相同株高条件下，应选择种植穗位较低的品种[16]。本试验选择 3 个粮饲兼用型玉米品种和 2 个饲用大豆品种进行豆禾间作模式研究，结果表明：与单作模式相比，间作模式对玉米鲜重、株高、茎重以及茎粗均没有产生显著性影响（P>0.05），但不同品种间存在显著性差异（P<0.05）。其中，尽管大京九 166 株高高于豪玉 16 和中禾 107，但其鲜重低于其他 2 个玉米品种，而在茎重和茎粗方面，并未产生显著性影响。而在所有间作组合中，大京九 166 与鲁饲 3 号套种在株高显著高于其他处理组（P<0.05），但由于茎重较低，其鲜重产量显著低于其他处理组（P<0.05）。基于产量、株高、茎重等指标综合分析发现，豆禾间作模式中中禾 107 产量较高且株高较低，略优于豪玉 16，显著优于大京九 166，适用于河南省黄河滩区推广种植。

**表 4 豆禾间作模式对玉米生长特性的影响**

**Table 4 Effects of soybean grass intercropping mode on growth characteristics of maize**

| 品种 | 鲜重（kg/株） | 株高/cm | 茎重/kg | 茎粗/mm |
|---|---|---|---|---|

| Varieties | Fresh Weight | Height | Stem Weight | Stem Diameter |
|---|---|---|---|---|
| 大京九 166 | 0.75±0.10$^{bc}$ | 269.25±15.41$^{ab}$ | 0.33±0.04$^{ab}$ | 18.70±1.44$^{a}$ |
| 大京九 166-鲁饲 2 号 | 0.80±0.10$^{abc}$ | 271.00±2.12$^{ab}$ | 0.34±0.03$^{ab}$ | 18.43±1.18$^{a}$ |
| 大京九 166-鲁饲 3 号 | 0.71±0.08$^{c}$ | 274.63±7.51$^{a}$ | 0.30±0.03$^{b}$ | 17.57±0.77$^{a}$ |
| 豪玉 16 | 0.79±0.09$^{abc}$ | 248.54±10.28$^{cd}$ | 0.31±0.07$^{ab}$ | 18.43±1.98$^{a}$ |
| 豪玉 16-鲁饲 2 号 | 0.87±0.09$^{ab}$ | 244.00±8.82$^{d}$ | 0.36±0.07$^{ab}$ | 19.14±3.43$^{a}$ |
| 豪玉 16-鲁饲 3 号 | 0.84±0.06$^{abc}$ | 253.00±8.15$^{cd}$ | 0.33±0.07$^{ab}$ | 18.78±1.61$^{a}$ |
| 中禾 107 | 0.83±0.02$^{abc}$ | 260.00±5.02$^{bc}$ | 0.40±0.03$^{a}$ | 18.74±0.95$^{a}$ |
| 中禾 107-鲁饲 2 号 | 0.89±0.14$^{a}$ | 258.75±5.19$^{bc}$ | 0.37±0.08$^{ab}$ | 19.25±1.88$^{a}$ |
| 中禾 107-鲁饲 3 号 | 0.91±0.05$^{a}$ | 259.88±7.38$^{bc}$ | 0.37±0.05$^{ab}$ | 18.17±1.26$^{a}$ |

## 2.2 豆禾间作模式下玉米生长指标分析

持绿性是玉米生长后期延缓叶片衰老或黄化而保持绿色的特性，是与产量、品质、抗性具有直接联系的重要性状[17]。为了进一步探究不同豆禾间作模式对玉米叶片生长特性的影响，测定了玉米穗位叶的叶长和叶宽以及黄绿叶数和叶重。结果表明，同一品种间，间作模式对玉米叶长和叶宽影响差异不显著（P>0.05）。不同品种间，玉米叶宽与叶长呈现相反的趋势。除大京九 166-鲁饲 3 号间作外，其余间作组合均能提高青贮玉米的持绿性。此外，玉米黄叶重和黄叶数均差异不显著，而绿叶数和绿叶重呈显著正相关关系。其中，大京九 166-鲁饲 3 号间作模式下，绿叶数及绿叶重均显著低于其他组合（P<0.05）。

**表 5 豆禾间作模式对玉米叶片生长指数的影响**

**Table 5 Effects of soybean grass intercropping mode on maize leaf growth index**

| 品种 Varieties | 叶宽/cm Leaf Width | 叶长/cm Leaf Length | 黄叶数 Yellow Leaf Number | 黄叶重 Yellow Leaf Weight | 绿叶数 Green Leaf Number | 绿叶重 Green Leaf Weight | 持绿性 Stay-green |
|---|---|---|---|---|---|---|---|
| 大京九 166 | 8.88±1.03$^{bc}$ | 92.25±2.53$^{ab}$ | 3.38±1.03$^{a}$ | 0.013±0.007$^{a}$ | 9.13±1.25$^{abc}$ | 0.14±0.03$^{a}$ | 0.448 |
| 大京九 166-鲁饲 2 号 | 8.88±1.31$^{bc}$ | 93.00±2.16$^{a}$ | 2.50±0.71$^{a}$ | 0.011±0.003$^{a}$ | 9.00±0.58$^{bc}$ | 0.13±0.01$^{ab}$ | 0.484 |
| 大京九 166-鲁饲 3 号 | 8.13±0.75$^{c}$ | 92.38±1.31$^{ab}$ | 3.38±1.25$^{a}$ | 0.012±0.008$^{a}$ | 8.63±0.48$^{c}$ | 0.11±0.01$^{b}$ | 0.404 |
| 豪玉 16 | 9.46±0.53$^{abc}$ | 90.54±2.79$^{ab}$ | 4.08±1.23$^{a}$ | 0.020±0.012$^{a}$ | 9.04±0.34$^{bc}$ | 0.15±0.02$^{a}$ | 0.442 |
| 豪玉 16-鲁饲 2 号 | 10.06±0.66$^{ab}$ | 88.00±4.45$^{bcd}$ | 3.00±0.71$^{a}$ | 0.017±0.005$^{a}$ | 10.38±1.11$^{ab}$ | 0.16±0.03$^{a}$ | 0.515 |
| 豪玉 16-鲁饲 3 号 | 9.50±0.91$^{abc}$ | 89.50±1.41$^{abc}$ | 3.50±1.15$^{a}$ | 0.021±0.010$^{a}$ | 10.25±0.29$^{ab}$ | 0.16±0.02$^{a}$ | 0.475 |
| 中禾 107 | 9.38±0.48$^{abc}$ | 85.75±3.30$^{cd}$ | 3.38±1.11$^{a}$ | 0.017±0.008$^{a}$ | 10.00±0.71$^{abc}$ | 0.16±0.02$^{a}$ | 0.450 |
| 中禾 107-鲁饲 2 号 | 10.17±0.58$^{ab}$ | 84.08±3.46$^{d}$ | 2.63±1.03$^{a}$ | 0.013±0.010$^{a}$ | 10.50±1.58$^{a}$ | 0.16±0.04$^{a}$ | 0.512 |
| 中禾 107-鲁饲 3 号 | 10.44±1.09$^{a}$ | 84.25±2.25$^{d}$ | 3.00±0.41$^{a}$ | 0.013±0.004$^{a}$ | 9.88±0.48$^{abc}$ | 0.15±0.02$^{a}$ | 0.506 |

## 2.3 豆禾间作模式下玉米果穗生长指数分析

从表 5 可以看出，与单作玉米相比，同一品种间作模式下大果穗重、穗粗、穗长以及穗位高度均未产生显著性差异（*P*>0.05）。而不同品种对比分析发现，豪玉 16 大果穗重显著高于大京九 166 以及中禾 107，其中豪玉 16-鲁饲 3 号组合大果穗重最高，这与穗长的变化规律基本保持一致。在穗粗方面，除豪玉 16-鲁饲 2 号组合显著高于大京九 166 单作以外，其他组合间差异不显著。而在穗位高度方面，不同间作模式下并未产生显著性差异。

**表 6 豆禾间作模式对玉米果穗生长的影响**

**Table 6 Effects of soybean grain intercropping pattern on maize ear growth**

| 品种 Varieties | 大果穗重/kg Ear Weight | 穗粗/cm Ear Width | 穗长/cm Ear Length | 穗位高/cm Ear Height |
|---|---|---|---|---|
| 大京九 166 | 0.34±0.03$^{b}$ | 52.31±1.53$^{b}$ | 22.38±0.85$^{ab}$ | 100.63±7.14$^{a}$ |

| | | | | |
|---|---|---|---|---|
| 大京九 166-鲁饲 2 号 | 0.35±0.02$^{b}$ | 53.20±0.97$^{ab}$ | 22.75±0.50$^{ab}$ | 97.00±5.58$^{a}$ |
| 大京九 166-鲁饲 3 号 | 0.34±0.01$^{b}$ | 53.69±1.40$^{ab}$ | 22.25±0.87$^{ab}$ | 105.50±4.42$^{a}$ |
| 豪玉 16 | 0.39±0.07$^{ab}$ | 55.14±2.42$^{ab}$ | 22.46±1.47$^{ab}$ | 95.42±5.03$^{a}$ |
| 豪玉 16-鲁饲 2 号 | 0.42±0.10$^{ab}$ | 57.39±1.86$^{a}$ | 23.50±2.48$^{ab}$ | 100.63±10.10$^{a}$ |
| 豪玉 16-鲁饲 3 号 | 0.45±0.07$^{a}$ | 53.31±7.91$^{ab}$ | 24.25±1.55$^{a}$ | 94.25±0.87$^{a}$ |
| 中禾 107 | 0.38±0.02$^{ab}$ | 54.75±1.16$^{ab}$ | 21.50±0.82$^{b}$ | 111.38±2.75$^{a}$ |
| 中禾 107-鲁饲 2 号 | 0.36±0.03$^{b}$ | 54.37±0.82$^{ab}$ | 21.79±0.92$^{b}$ | 109.88±9.87$^{a}$ |
| 中禾 107-鲁饲 3 号 | 0.36±0.02$^{b}$ | 54.16±0.69$^{ab}$ | 21.63±1.18$^{b}$ | 116.63±4.80$^{a}$ |

### 2.4 豆禾间作模式下大豆生长指数分析

从表 6 中可以看出，与饲用大豆单作模式相比，豆禾间作模式下饲用大豆的生物学产量均显著降低（$P$<0.05），且不同间作组合间无显著差异。此外，与鲁饲 2 号、鲁饲 3 号单作相比，豆禾间作模式对其株高和株密度均无显著影响，均表现为同一饲用大豆品种间无显著差异。

**表 7 豆禾间作模式对饲用大豆生长特性的影响**

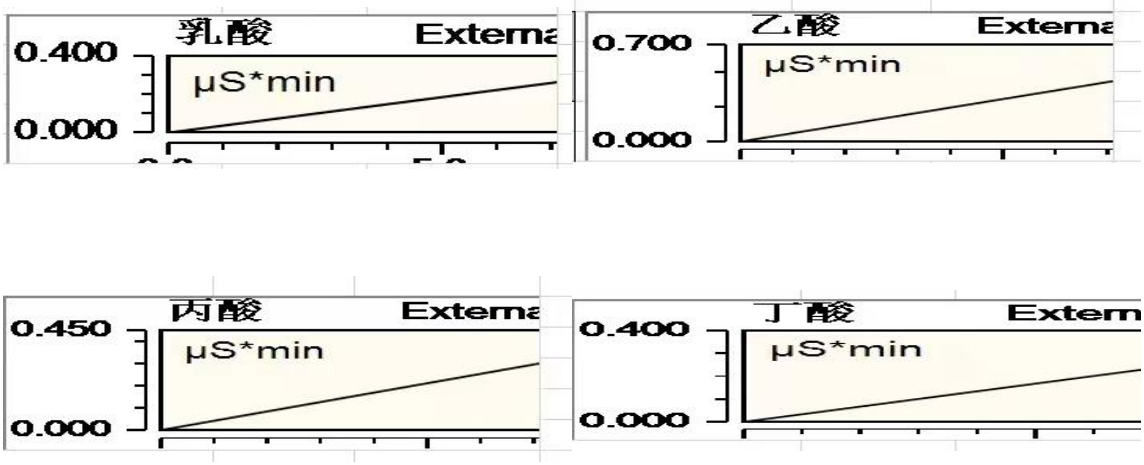
**Table 7 Effects of soybean grass intercropping mode on growth characteristics of forage soybean**

| 品种 | 鲜重/kg | 株高/cm | 密度/1m |
|---|---|---|---|
| 鲁饲 2 号 | 1.92±0.12$^{a}$ | 156.79±16.86$^{b}$ | 9.10±1.72$^{bc}$ |
| 鲁饲 3 号 | 2.28±0.45$^{a}$ | 177.59±18.93$^{ab}$ | 15.00±3.24$^{a}$ |
| 大京九 166-鲁饲 2 号 | 1.13±0.47$^{b}$ | 178.25±13.83$^{ab}$ | 8.83±1.04$^{bc}$ |
| 大京九 166-鲁饲 3 号 | 1.00±0.20$^{b}$ | 187.54±13.93$^{a}$ | 14.00±2.89$^{a}$ |
| 豪玉 16-鲁饲 2 号 | 0.76±0.14$^{b}$ | 186.13±11.73$^{ab}$ | 8.08±2.28$^{bc}$ |
| 豪玉 16-鲁饲 3 号 | 1.21±0.04$^{b}$ | 196.42±21.94$^{a}$ | 11.83±1.40$^{ab}$ |
| 中禾 107-鲁饲 2 号 | 1.26±0.42$^{b}$ | 181.33±6.09$^{ab}$ | 8.11±1.07$^{c}$ |
| 中禾 107-鲁饲 3 号 | 1.17±0.26$^{b}$ | 198.67±29.31$^{a}$ | 14.11±0.51$^{a}$ |

### 2.5 豆禾混贮营养品质分析

#### 2.5.1 标准曲线绘制与计算

混合标准储备液浓度分别为 1、2、5、10ug/mL，经 0.25 μm 的微孔膜过滤。横坐标是各有机酸的质量浓度，纵坐标是离子色谱仪测得的峰面积，然后以此绘制标准曲线，标准曲线如下图：




#### 2.5.2 离子色谱测定标样中有机酸含量结果

从表 7 可以看出，在有机酸含量方面，⑤鲁饲 2 号+中禾 107 乳酸含量最高，显著高于其他处理组，而⑦鲁饲 2 号+大京九 166 乳酸含量较低。而在乙酸含量方面，⑧鲁饲 3 号乙酸含量高于其他对照组，⑥

鲁饲 2 号+豪玉 16 乙酸含量最低。在丙酸含量方面，除⑧鲁饲 3 号外其余实验组均未能检测到丙酸，在丁酸含量方面，仅见⑥鲁饲 2 号+豪玉 16、⑤鲁饲 2 号+中禾 107、⑧鲁饲 3 号检测到丁酸，但含量均处于较低水平。除⑦鲁饲 2 号+大京九 166 外，间作的饲用大豆乳酸含量均显著高于单作（$P>0.05$）。⑤鲁饲 2 号+中禾 107 间作乳酸产量最高，①鲁饲 2 号最低。

综合豆禾青贮处理后的青贮豆禾发酵品质，综合排序为：鲁饲 2 号+中禾 107>鲁饲 3 号+大京九 166>鲁饲 3 号+中禾 107。

**表 8 豆禾间作模式对青贮发酵品质的影响**

**Table 8 Effect of soybean grain intercropping mode on silage fermentation quality**

| 编号 | 间作品种 | 乳酸（mg/g） | 乙酸（mg/g） | 丙酸（mg/g） | 丁酸（mg/g） |
|---|---|---|---|---|---|
| ① | 鲁饲 2 号 | 15.04±2.25$^{d}$ | 5.35±0.17$^{b}$ | - | - |
| ② | 中禾 107 | 16.37±0.48$^{cd}$ | 2.23±0.12$^{de}$ | - | - |
| ③ | 豪玉 16 | 17.24±3.76$^{cd}$ | 1.89±0.60$^{def}$ | - | - |
| ④ | 大京九 166 | 18.20±3.30$^{bcd}$ | 2.03±0.53$^{de}$ | - | - |
| ⑤ | 鲁饲 2 号+中禾 107 | 27.81±5.91$^{a}$ | 2.54±0.19$^{d}$ | - | 0.34±0.45 |
| ⑥ | 鲁饲 2 号+豪玉 16 | 17.62±5.02$^{bcd}$ | 1.24±0.50$^{f}$ | - | 0.60±0.41 |
| ⑦ | 鲁饲 2 号+大京九 166 | 14.44±4.27$^{d}$ | 1.62±0.59$^{ef}$ | - | - |
| ⑧ | 鲁饲 3 号 | 17.40±0.68$^{cd}$ | 9.68±0.21$^{a}$ | 1.75±0.13 | 0.02±0.03 |

# 3 讨论

间作被称为传统农业的精华，而且是一项被应用极为广泛的种植模式，国内外大量文献表明，豆科间作禾本科能够增加作物产量以及作物对养分的吸收利用，改善土壤肥力和微生物群落[18]，进而促进作物增产[19]。

## 3.1 饲用杂交大豆与青贮玉米间作对青贮玉米的影响

本试验显示，与单作模式相比，间作模式对玉米鲜重、株高、茎重以及茎粗均没有产生显著性影响。同一品种间，间作模式对玉米叶长和叶宽影响差异不显著。而不同品种间，玉米叶宽与叶长呈现相反的趋势。吾买尔·热合曼提出叶片生长好坏、颜色深浅及叶片大小直接影响玉米籽粒的产量[20]。在一定种植密度范围内，如果试验田玉米叶片越长、越宽、越厚、颜色鲜亮，其叶面积也越大[21]，叶面积指数越大，光合作用也就越强。说明试验中豆禾竞争阳光较强，豆禾间作在生长过程中形成的“空间差”被玉米有效利用。此外，同一品种间，不同间作模式下玉米黄叶重和黄叶数均差异不显著，而绿叶数和绿叶重呈显著正相关关系。而玉米生长缺乏氮素叶黄色，老叶尖端干枯，沿叶脉向里延伸，茎细瘦[22]，说明玉米生长良好无营养不良等情况，而本试验不同间作模式对玉米叶片影响不显著。

本次实验中，对青贮玉米生长特性分析，与青贮玉米单作模式相比，间作模式下青贮玉米的单作模式相比，同一品种间作模式下大果穗重、穗粗、穗长以及穗位高度均未产生显著性差异。肖世豪、潘语卓在甜玉米/大豆试验中，得出相同施氮下间作较单作模式下的甜玉米鲜穗产量 5 年都无显著差异[23]。结论相符。

## 3.2 饲用杂交大豆与青贮玉米间作对大豆产量的影响

本次试验中，对饲用大豆生长特性分析，与饲用大豆单作模式相比，豆禾间作模式下饲用大豆的生物学产量降低，且不同间作组合间无显著差异。豆禾间作产量变低，但株高株密度影响不显著。原因分析：当两种作物在同一地区种植时，因为资源充足，因而会出现生态位重叠，随着时间推移，资源趋于缺乏，物种间竞争和促进作用会同时存在[24]。发挥间作优势的重要决定性的因素是种间竞争作用[25]，竞争的结果往往是生态位发生分化，出现物种性状替代和特化，自然而然很多物种可共存，从而使群落结构趋于复杂化，在大豆/玉米间作中，群体内多数大豆产量降低，玉米产量增加，原因可能是与饲用玉米间作的大豆品种尚未找到[26]，且物种中的竞争在间作品种中对大豆此类低位植物生长不友好[27]。本次试验豆禾间作下，饲用大豆本应该高产，产量却降低，也可能与种植密度有关，宽窄未配置优良[28]，玉米和大豆间套种属于高低位作物配置，而本项试验按照的是传统种植方法，大豆由于缺少光资源等原因，倒伏严重，产量很低

[29]。后续可以重新配置适宜的宽窄行数。针对这一问题，杨文钰团队提出了带状复合种植的新理论,形成以"选品种、扩间距、缩穴距"为核心的玉米大豆带状复合种植技术体系,实现了间套种高低位作物协调高产[29]。

### 3.3 饲用杂交大豆与青贮玉米间作对发酵品质的影响

间作试验表明，混合青贮的青贮饲料与单贮玉米的发酵品质差异较大，虽然单贮玉米与单贮饲用大豆均能调制成较优质青贮饲料，但饲用大豆和青贮玉米混合青贮可以更好的提高青贮发酵的品质。李川东通过一年生野生大豆和饲用高粱收获后直接混合青贮，不仅可达到饲用高粱单贮青贮的良好发酵品质,且能明显提高青贮饲料的粗蛋白含量[30]。文兴金等通过川西北高原全株玉米和大豆混贮能获得较好的发酵品质，且推荐玉米与大豆按 7:3 鲜重比混合青贮[31]。与本试验结果相符。

实验中鲁饲 2 号、大京九 166 混合青贮的结果与预期不符，混贮品质本应增加，而试验结果下降。黄晓辉通过苦豆子和玉米秸秆的混合青贮试验，影响混贮料发酵品质的双因素方差分析结果表明,乳酸、乙酸和丙酸受青贮比例、时间及二者互作的共同影响,但青贮比例仍为最主要的影响因素[32]。后期可以通过调整间作种植比例或者发酵时间，得到混贮发酵品质更好的青贮饲料。

## 4 结论

1）豪玉 16 与饲用大豆间作模式下，玉米产量和果穗重量均得到小幅增加，豆禾间作模式并未对玉米生长产生不利影响。

2）由于玉米遮荫等因素影响，豆禾间作模式下饲用大豆产量发生显著下降。

3）综合豆禾经过青贮处理后的发酵品质，鲁饲 2 号+中禾 107 发酵品质较好，可以推广使用；鲁饲 2 号+大京九 166 间作种类较不适宜大规模栽种。

4）综合玉米、饲用大豆生长情况来看，豪玉 16 与鲁饲 3 号组合田间表现最为优异，可以作为下一步推广示范的品种组合。

**参考文献 References：**


【1】 张伟锋,刘新娇,李秋枫,卢小雨,郑耘,余道坚.世界玉米生产与贸易概况分析[J].世界农业,2014(03):111-114.

【2】 阎淑琴.浅谈玉米在农业结构调整中的地位、现状与发展[J].玉米科学,2001(04):89-91.

【3】 中国科学院华南植物研究所. 广东植物志. 第 5 卷[M]. 广东科技出版社, 2003:313

【4】 程莉君,石雪萍,姚惠源.大豆加工利用研究进展[J].大豆科学,2007(05):775-780.

【5】 王义鹏,赵帮泰,梅林森等.大豆-玉米混合青贮技术概述[J].四川畜牧兽医,2022,49(11):29-31.

【6】 张英俊,玉柱,罗海玲等.葛藤玉米混合青贮品质研究[J].中国畜牧杂志,2006(23):57-58.

【7】 刘洋,孙占祥,白伟等.玉米大豆间作对辽西地区作物生长和产量的影响[J].大豆科学,2011,30(02):224-228.

【8】 杜雨芊. 饲用杂交大豆与青贮玉米间作优势研究[D].内蒙古农业大学,2022.

【9】 申磊,王秀媛,滕元旭等.干旱区玉米大豆单间作生长及产量影响的研究[J].石河子大学学报(自然科学版),2022,40(01):13-20.

【10】 Alessandra Carrubba,Raffaele la Torre,Filippo Saiano,Pietro Aiello. Sustainable production of fennel and dill by intercropping[J]. Agronomy for Sustainable Development,2008,28(2)：247-256

【11】 孙振荣,王平,谢成俊,王镭,彭文静.寒旱区玉米间作南瓜高产模式研究[J].寒旱农业科学,2023,2(01):41-43

【12】 邓维萍,朱美玉,曾瑜,徐杰,梅馨月,杨敏,朱书生,杜飞.葡萄间作紫罗兰对葡萄生长及果实品质的影响[J].云南农业大学学报(自然科学),2023,38(02):241-251.

【13】 彭良斌,周杰,马怀英,臧华栋,靳建刚,薛志强,杨亚东,曾昭海.燕麦与马铃薯带状间作产量优势及土地利用率[J].中国农业大学学报,2023,28(03):38-49.

【14】 姚晋,何云,卢家顶等.河南省秋播饲用燕麦的越冬率、分蘖特性及其生产性能[J].草地学报,2023,31(02):528-539.

【15】 邱英志. 青贮过程中饲料营养价格降低的机理及价值评定方法[C]//重庆市饲料办公室,重庆市畜牧兽医协会,重庆市饲料工业协会.第六届重庆饲料工业暨养殖行业发展战略研讨会论文集.[出版者不详],2010:2.

【16】 徐玉鹏.7 个青贮玉米品种的产量及品质比较[J].河北农业科学,2009,13(06):12-13+36.

【17】 郭松,周子军,刘东瑶等.氮肥形态对不同持绿性玉米品种产量及叶片光合氮素的影响[J].玉米科学,2022,30(06):131-137.

【18】 Tilman David. Benefits of intensive agricultural intercropping.[J]. Nature plants,2020,6(6):604-605

【19】 Zhang Runzhi,Meng Lingbo,Li Ying,Wang Xuerong,Ogundeji Abiola O.,Li Xinrui,Sang Ping,Mu Yao,Wu Haolei,Li Shumin. Yield and nutrient uptake dissected through complementarity and selection effects in the maize/soybean intercropping[J]. Food and Energy Security,2021,10(2):e208

【20】 吾买尔·热合曼.玉米叶片生理及对应田间管理技术[J].新疆农业科技,2003(06):7.

【21】 曲佳,须晖,王蕊等. 基于叶长和叶宽的番茄叶面积简易测算方法的研究[C]//中国园艺学会,中国工程院农业学部.中国园艺学会 2010 年学术年会论文摘要集.《园艺学报》编辑部(Editorial Office of Acta Horticulturae Sinica),2010:1.

【22】 玉米、小麦、苹果缺乏氮磷钾元素的外观特征[J].西藏农业科技,1977(01):25.

【23】 肖世豪,潘语卓,俞霞等.5 年间作和施氮对甜玉米和大豆产量、农艺性状的影响[J].核农学报,2023,37(04):822-832.

【24】 VANDERMEER J.The Ecology of Intercropping[M]. New York:CambridgeUniversity Press，1989:1045-1055.

【25】 周贤玉，唐艺玲，王志国，等.减量施氮与间作模式对 甜玉米 AMF 侵染和大豆结瘤及作物氮磷吸收的影 响 [J].中国生态农业学报，2017，25(8):1139-1146.

【26】 Santalla M， Casquero P A , AMD Ron. Yield and Yield Components from Intercropping Improved Bush Bean Cultivars with Maize[J]. Journal of Agronomy & Crop Science, 2010, 183(4):263-269.

【27】 Davis J， Woolley J N . Genotypic requirement for intercropping[J]. Field Crops Research, 1993, 34(3):407–430.

【28】 CARDOSO, I.S., JAKELAITIS, A., MARQUES, K.O., GUIMARÃES, K.C. and PEREIRA, L.S., 2019. Quality of silage produced from intercropped corn RR and soybeans RR. Bioscience Journal [online], vol. 35, no. 6, pp. 1886–1898.

【29】 吉映. 玉米大豆一起种，增产不增地[N]. 湖南科技报,2022-03-08(006).

【30】 李川东. 一年生野生大豆和饲用高粱间作及其混合青贮的研究[D].南京农业大学,2008.

【31】 文兴金,杨继芝,肖启银等.川西北高原全株玉米和大豆混贮比例对青贮品质的影响[J].中国草地学报,2022,44(08):115-120.

【32】 黄晓辉. 苦豆子和玉米秸秆的混合青贮及其品质评价[D].兰州大学,2014

# 不同刈割强度下亲缘识别对赖草克隆生长的影响

张振[1]，杨晨曦[1]，沈禹颖[1*]

（1. 兰州大学，甘肃 兰州 730020）

**摘要：**本研究探究了亲缘识别对赖草表型特征的影响，并对模拟放牧（未刈割、轻度刈割和重度刈割）对亲缘识别作用的影响进行了评估。研究结果发现，赖草具有亲缘识别能力，并且在刈割条件下亲缘间相互作用提高近亲的适合度。在重度刈割条件下，与近亲共存时，赖草提高地上生物量且降低了根长和根表面积；而与远亲共存时，则表现出生物量减少，根长和根表面积增加的趋势。因此，在刈割条件下，受伤植物的生长受到其邻株亲缘关系的影响，且在面临不同亲缘关系的邻株时，植物在再生和竞争之间需要做出权衡。本研究表明，亲缘关系识别可能是维持放牧草地生产力的一个潜在机制，并强调了在放牧管理策略中考虑亲缘关系的重要性。

**关键词：**刈割强度；亲缘间相互作用；放牧；克隆植物

# Effects of kin recognition on the growth of *Leymus secalinus* under various clipped intensities

ZHANG Zhen[1], YANG Chen-xi[1], SHEN Yu-ying[1]

(1 College of Pastoral Agriculture Science and Technology, Lanzhou University, Lanzhou 730020, China)

**Abstract:** In this study, we examined the role of kin recognition in the growth of *Leymus secalinus* and evaluated the effect of simulated grazing (unclipped, light-clipped, and heavy-clipped) on kin recognition. The injured plants increased aboveground biomass and decreased root length and root areas when grown with kin, whereas those grown with non-kin showed the opposite. Our research indicates that the growth rate of damaged plants depends on the neighbour's kinship, and suggesting a trade-off between regrowth and competition when surrounded by differently related neighbours. These insights propose that kin recognition could serve as a potential mechanism for sustaining productivity in grazed grasslands, underlining the significance of incorporating kinship considerations into grazing management strategies.

**Keywords:** clipped intensity, kinship interaction, grazing, clonal plant.

植物间的亲缘识别是生态学和植物生物学领域当前关注的研究方向之一 (Zhang *et al.,* 2019)。这种识别能力使得植物能够基于亲缘关系调整其对环境资源信号（例如光照质量、土壤湿度和养分供应）的反应，从而优化其生理和形态反应策略(Hong *et al.,* 2023)。识别亲缘关系的能力可使植物改变反应策略并优化竞争表现，从而减少与近亲植物的竞争，促进合作行为，从而降低竞争成本并增强群落内的积极作用(Li *et al.,* 2021)。这种亲缘识别不仅在植物间的合作关系中起到关键作用，而且是植物适应环境压力和促进生态系统功能的重要机制 (Biedrzycki and Bais 2022)。

亲缘识别的能力在环境适应性上具有明显优势 (Biedrzycki and Bais 2022)。例如，Fan 等(2022)人的研究显示，在干旱环境下，具备亲缘识别能力的植物的存活率比缺乏此能力的植物高 20%。此外，亲缘识别

还增强了近亲植物对生物压力（如昆虫采食）的应对能力，通过损害信号的传递，使得未受损害的近亲植物做好防御准备，从而最大限度地减少损害 (Kalske *et al.,* 2019)。尽管大多数研究聚焦于受损植物向未受损植物发出的预警信号，然而，亲缘识别在放牧环境压力下的作用仍然存在空白。

赖草（*Leymus secalinus* (Georgi) Tzvel）作为一个分布广泛的种类，其在北半球温寒地带的自然草地中尤为常见，以其独特的生态学特征、耐旱、耐寒、耐碱以及抗病和抗风沙能力著称(Ye *et al.,* 2006)。赖草主要通过地下根茎进行无性繁殖，繁殖传播距离相对有限，导致其与不同亲缘关系的邻株频繁共存，这使其成为研究亲缘识别对植物应对环境胁迫影响的理想对象。通过深入探索亲缘识别在赖草应对刈割等环境胁迫中的角色，以及亲缘关系如何影响其适应性和表型性状的权衡，不仅可以加深我们对植物亲缘识别机制的理解，而且还为探索植物应对环境胁迫的复杂策略提供了新的视角。

# 1 材料与方法

## 1.1 材料收集

本研究采用赖草的根茎上的芽作为研究材料，材料来源于甘肃省定西市内官营镇草地（34°26′- 35°35′N，103°52′- 105°13′E）。赖草是该地区分布广泛的物种。该地区年平均降雨量为 386mm，年平均气温为 6.8℃，属于典型的温带半干旱气候。为确保样本之间具有不同的亲缘关系，我们在保证每个采集单元（25cm×25cm×35cm 的土块）之间至少相隔 10 米的条件下采集赖草根茎。每块土块中被选中的根茎至少具有 5 个相连的芽，满足实验需求。随后，相同土块中选取的根茎被放入标记好的自封袋中以便于分类。根据亲缘关系将芽分为亲缘植物组（来源于同一根茎）和非亲缘植物组（来源于不同根茎）。此外，为确保植物材料的一致性，我们将根系修剪到几乎相同的大小，并用水清洗剩余的根系。

## 1.2 试验设计

本研究在兰州大学榆中校区温室开展。温室白天温度为 26℃，夜间温度为 21℃，光照时间为 14:10 h，相对湿度为 60%-80%。在温室内，采用水培的方式培育赖草。我们将芽种植在装有 50% 浓度霍格兰溶液的量杯（1 L）中。为了评估亲缘识别对植物刈割的响应，本试验包含 2 个因素：3 种不同的邻居亲缘关系和 3 种不同强度的刈割处理，每种处理组合 6 次重复（3 种亲缘关系×3 种刈割强度×6 个重复）。我们在量杯中只种植了 1 个芽，作为单种处理 （single）；在量杯中成对种植 2 个芽，其中与亲缘植物的芽相邻为亲缘处理（kin），与非亲缘植物的芽相邻为非亲缘处理（non-kin）。在亲缘处理中，2 个芽都来自同 1 个根茎（AA），而在非亲缘处理中，2 个芽分别来自不同的根茎（AB）。这 2 个芽之间的距离为 5cm。然后，试验开始 1 个月后，对赖草进行刈割处理。未刈割的植株作为对照组（UC），而其他植株则分别接受了轻度刈割（LC，留茬高度为 8 cm）或重度刈割（HC，留茬高度为 5 cm）处理。在整个试验期间，植物每两周刈割 1 次，总共进行了 3 次刈割。每次刈割后，我们将剪下的植株部分放入信封中并做好标记。在试验期间，我们每 2 周 1 次随机重新分配花盆的位置，并且每周更换 1 次霍格兰营养溶液，以确保植物获得充足的养分。

## 1.3 指标测定及取样

在整个试验过程中，每次刈割之前使用卷尺对植株的高度进行测量。将每次剪下的部分装入信封中，进行烘干并称重。试验结束时，将试验中植物取出并装入自封袋中，在实验室内使用扫描仪（WinRHIZO REGENT，Canada）对根性状进行测量。扫描完毕后，将植株分为地上部分和地下部分，分别放入信封中，在 65℃的温度下烘干 48 小时至恒重，并进行称重。植物的地上生物量为每次刈割掉的生物量与收获时生物量之和。

## 1.4 统计分析

使用双因素方差分析（Two-way ANOVA）来检验不同处理对赖草的植株高度、地上生物量、再生率、根长和根系面积等的影响，这些处理包括邻居身份和刈割强度。采用 Tukey 的显著性差异检验，以确定各

处理间差异。以 $p<0.05$ 作为统计显著性的标准。

此外，评估了邻居身份和刈割强度之间的交互作用对赖草生长的影响，并计算了刈割或邻居身份的响应指数（RII）。RII 的值用于量化刈割或邻居亲缘关系对赖草生长的具体效应，

$$RII_{\text{clipped or kinship}} = \text{Ln}\left(\frac{X_{\text{clipped or neighbor}}}{X_{\text{unclipped or single}}}\right) \quad (1)$$

RII >1 表示刈割或邻居亲缘关系对赖草的生长产生了积极的影响。当 RII <1 时，表示刈割或邻居亲缘关系对赖草的生长产生了负面的影响。而当 RII =1 时，则表示刈割或邻居亲缘关系对赖草的生长没有影响。接下来，我们采用单样本 t 检验方法来分析各种处理下邻居或邻居身份响应的平均值是否与零存在显著差异。所有的数据分析工作都是利用 SPSS 25.0 for Windows (SPSS, Chicago, IL, USA) 以及 R ver.3.5.1 来完成的。

# 2 结果

## 2.1 亲缘识别对刈割响应的影响

刈割显著地降低了赖草的生长，对赖草的生长具有消极作用（图 1A）。在单独种植的条件下，其消极作用随着刈割强度的增加而增加。然而，在与近亲或远亲共存的条件下，刈割强度并没有对消极作用产生显著的作用（图 1A）。此外，在没有进行刈割的处理中，与近亲共存比与远亲共存的植物表现出更大的积极作用，近亲的存在能够提高赖草的生物量（图 1B）。与不刈割处理相比，重度刈割显著提升了亲缘相邻植物的生长反应，而轻度刈割则没有这样的效果（图 1B）。具体来说，与非亲缘相邻相比，在重度刈割条件下，亲缘相邻显著提高了赖草的生物量，显示出亲缘相邻具有更加积极的影响（图 1B）。

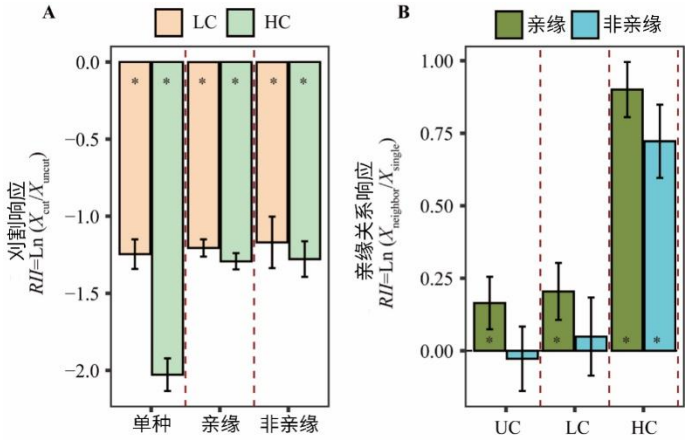



图 1 邻居身份对目标植株刈割响应的影响（A），以及不同刈割强度对亲缘关系响应的影响（B）。

## 2.2 亲缘识别和刈割对资源分配权衡的影响

刈割对植物的株高、分蘖数、生物量和根系特性产生了消极影响。在单独种植条件下，随着刈割强度的增加，上述生长指标的表现逐渐降低（图 2）。与单独种植相比，在面临轻度或重度刈割时，邻居的存在提高了赖草的分蘖数（图 2B）。此外，在刈割条件下，与远亲共存相比，与近亲共存时赖草会降低茎叶比，但在轻度刈割条件下，邻居身份对其他生长指标的影响并不明显（图 2C）。此外，在重度刈割条件下，与远亲共存相比，与近亲共存时赖草降低了茎叶比、根长和根面积，同时增加了地上生物量和植株高度（图 2C-F）。

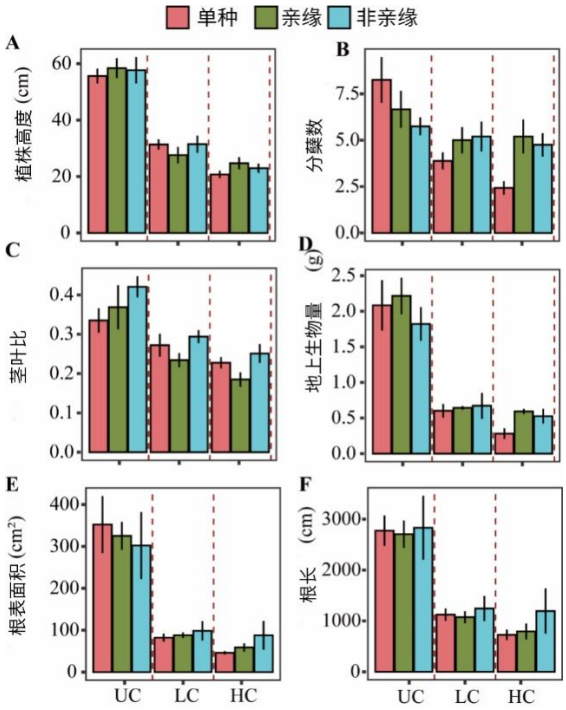



图 2 在不同的刈割强度下，单种、与近亲或远亲共存时的赖草株高、分蘖数、生物量分配和根系特征。

## 3 讨论与结论

植物间的亲缘识别作为维持草地生态系统生产力和适应性的重要机制，近年来成为植物生态学研究的热点(Biedrzycki and Bais 2010; Dudley 2015)。尤其在草地生态系统中，由于植物个体间繁殖距离的局限性，常常导致近亲个体共存的情况频繁发生(Zhang *et al.,* 2013)。因此，植物间的亲缘识别不仅对于草地生态系统的结构和功能维持至关重要，而且在面对放牧等生态干扰时，可能成为提高草地生产力和恢复力的关键适应机制。然而，亲缘识别在放牧利用下对受伤植物种的作用及其表型性状之间的权衡的影响需要进一步了解。本研究探讨了亲缘识别对于赖草在模拟放牧条件下受伤后的适应性反应，及其对于植物表型性状权衡的影响。

本研究发现，赖草的适应性，特别是在模拟放牧环境下受伤后的再生能力，显著受到邻居亲缘关系和刈割强度的共同影响。在轻度刈割条件下，亲缘和非亲缘邻居对赖草的生长影响不显著，这可能是因为轻度刈割未能显著改变资源获取能力，从而使得受伤植物的生长不受邻居植物的影响。然而，在重度刈割条件下，亲缘邻居的存在显著减轻了刈割的负面影响，表明在资源竞争激烈的情况下，亲缘识别能力可能促使植物更有效地利用有限资源进行再生。

进一步分析发现，与亲缘邻居共生的受伤赖草，其分蘖数增加但垂直生长受限。这种现象表明，在重度刈割后，亲缘识别不仅影响了资源的分配策略，而且促使植物更倾向于与近亲植物共存而非竞争。相反，与非亲缘邻居共生时，植物倾向于增加垂直生长，以在资源竞争中占据优势，从而说明亲缘识别能够调节植物的生长策略以适应刈割等生态干扰。

本研究结果进一步证明，在放牧等干扰条件下，亲缘识别不仅有助于赖草个体减少与近亲的竞争，而且通过调整资源分配，促进了受伤植物的地上生物量增加和根系特征的优化分配。这种适应策略的转变，特别是对于地上生长的加强和对根系投资的减少，表明亲缘识别机制在提高植物对放牧等生态干扰的适应性和生产力中发挥了关键作用。

综上所述，本研究揭示了亲缘识别在植物响应放牧等生态干扰中的生态功能和进化意义，强调了其对草地生态系统稳定性和生产力的重要贡献。通过优化资源分配和促进与近亲共存的生长策略，亲缘识别为植物提供了一种有效的适应机制，有助于增强放牧草地的恢复力和生产力。这些发现对于理解草地生态系统的功能机制以及制定科学的生态管理和保护策略具有重要意义。

参考文献

Biedrzycki ML, Bais HP (2010) Kin recognition in plants: a mysterious behaviour unsolved. Journal of Experimental Botany 61: 4123-4128. doi: 10.1093/jxb/erq250.

Biedrzycki ML, Bais HP (2022) Kin Recognition in Plants: Did We Learn Anything From Roots? Frontiers in Ecology and Evolution 9. doi: 10.3389/fevo.2021.785019.

Dudley SA (2015) Plant cooperation. Aob Plants 7. doi: 10.1093/aobpla/plv113.

Fan Y, Zhang R, Zhang Y, Yue M (2022) The effects of genetic distance, nutrient conditions, and recognition ways on outcomes of kin recognition in Glechoma longituba. Frontiers in Plant Science 13. doi: 10.3389/fpls.2022.950758.

Hong C, Shi W, Wu S, He Y, Ying Y (2023) The inferior root plasticity of Phoebe chekiangensis and Torreya grandis seedlings intercropped with Phyllostachys edulis leads to worse plant performance than monocultures under shade conditions. Plant and Soil. doi: 10.1007/s11104-023-05970-3.

Kalske A, Shiojiri K, Uesugi A, Sakata Y, Morrell K, Kessler A (2019) Insect Herbivory Selects for Volatile-Mediated Plant-Plant Communication. Current Biology 29: 3128-+. doi: 10.1016/j.cub.2019.08.011.

Li J, Li W, Xu X (2021) Root exudates induce rhizosphere effect benefits for plant N use efficiency and fitness of relatives for Glycine max. Plant and Soil. doi: 10.1007/s11104-021-05121-6.

Ye X-H, Yu F-H, Dong MJAoB (2006) A trade-off between guerrilla and phalanx growth forms in Leymus secalinus under different nutrient supplies. 98: 187-191.

Zhang Y, Shao X, Chen C, Zhang Y, Wang KJJAPS (2013) Morphological characteristics and biomass allocation of Leymus chinensis (Poaceae)(Trin.) responses to long-term overgrazing in agro-pastoral ecotone of northern China. 23: 933-938.

Zhang Z, Zhou F, Pan X, van Kleunen M, Liu M, Li B (2019) Evolution of increased intraspecific competitive ability following introduction: The importance of relatedness among genotypes. Journal of Ecology 107: 387-395. doi: 10.1111/1365-2745.13016.

# 荒漠草原优势种群对围封的响应

刘红梅[1,3]，张慧[2]，王梓晗[2]，吕世杰[2]，杨溢文[1]，刘 佳[1]，

刘丽英[1]，王玉芝[1]，杨立中[1]

**摘要**：为明确短花针茅草原围封恢复的特点和规律，研究以内蒙古锡林浩特市赛罕塔拉镇哈登呼舒嘎查的荒漠草原优势种为研究对象，采用对应分析和母序列关联度分析方法，基于重要指数、重要值、综合指数剖析围封年份和监测年份下的优势种与相应年份的关系，得到初步结论如下。短花针茅、无芒隐子草和碱韭对植物群落的主导作用依次降低，但恢复能力由高到低依次为碱韭、短花针茅和无芒隐子草。重要值反映的优势种群在监测年份和围封年份相对一致，重要指数反映的优势种群在监测年份和围封年份相对变动较大，综合指数反映的信息受重要指数影响较大。基于建群种短花针茅可知，荒漠草原围封 16 年左右可以达到稳定状态或者可利用状态。

**关键词**：荒漠草原；围封；优势种群；对应分析

# Response of dominant populations to enclosure in desert steppe

LIU Hongmei[1, 3]，ZHANG Hui[2]，WANG Zihan[2]，LV Shijie[2]，YANGYiwen[1]，LIUJia[1]，LIU Liying[1]，WANG Yuzhi[1]，YANG Lizhong[1]

（1. Inner Mongolia Academy of Forestry Sciences, Hohhot 010010, China 2. Inner Mongolia Agricultural University, Inner Mongolia, Hohhot 010018 China; 3. Key Laboratory of State Forestry and Grassland Administration on Sandy Land Biological Resources Conservation and Cultivation, Hohhot 010010, China;）

Abstract: in order to clarify the characteristics and rules of *Stipa breviflora* grassland enclosure restoration, the dominant species of desert grassland in Haden Hushugacha, Saihantala town, Xilinhot City, Inner Mongolia were studied, using correspondence analysis and parent sequence correlation degree analysis, based on important index, important value and comprehensive index, the relationship between the dominant species and the corresponding year was analyzed. The dominant effects of *Stipa breviflora*, *Cleistogenes songorica* and *Allium polyrhizum* on plant community decreased in turn, but the recovery ability of *Allium polyrhizum*, *Stipa breviflora* and *Cleistogenes songorica* decreased from high to low. The dominant populations reflected by important values were relatively consistent in the monitoring year and the enclosing year, while the dominant populations reflected by important indices varied greatly in the monitoring year and the enclosing year, the information reflected by the composite index is greatly influenced by the important index. Based on the established population *Stipa breviflora*, the desert steppe can reach a stable or usable state after being enclosed for 16 years or so.

Key words: desert grassland; enclosure; dominant species; correspondence analysis

收稿日期: 修回日期:

基金项目：国家自然科学基金项目（32260352）；内蒙古自然科学基金项目（2021MS03042）；林业科研能力提升项目（104004002）。

作者简介：刘红梅（1978-），女，内蒙古赤峰人，研究员，从事退化草地修复与保护性利用研究 E－mail: liuhongmei_123@126.com.

通讯作者：吕世杰（1978-），男，内蒙古赤峰人，讲师，从事应用统计与数量生态研究。E－mail: lshj123@163.com.

围封作为退化草地自然恢复的最简单便捷的方式之一，其在家庭牧场和区域草地种质资源保护、物种多样性保护具有重要意义[1,2]。草地植物群落在围封草地自然恢复过程中，各个植物种群具有异步性[3]，共优种植物群落的优势种群在恢复过程中必然存在差异，这种差异可能导致植物群落在恢复过程中出现单稳态或多稳态状态[1]。同时，受不同监测年份间温度和降水影响，其数量消长关系、空间变化以及结构组成均会发生较大的变化，进而影响植物群落的景观特征[4,5]。因此，不同优势种群在自然恢复过程中不仅受围封年限的影响，也受到监测年份气温和降水的影响。

在短花针茅草原，短花针茅作为建群种决定着植物群落的结构和功能，同时无芒隐子草和碱韭作为优势种，维持着植物群落时间上的相对稳定[3-6]；尽管如此，3 个植物种群年度间的数量消长、时空变化及结构的位移均会引起群落的巨大波动[4]。然而在这一波动过程中，3 个种群相互关系及其整体作用往往聚焦于种间关系[5,7,8]、生态位变化[9-11]，其作为植物群落主体的主导作用及其对自然环境的响应特点和规律鲜有报道。同时，放牧草地 3 个植物种群的地上现存量占植物群落地上现存量可高达 80%以上，这是优势种控制植物群落的主导作用体现，但是 3 个植物种群在生态属性上，却与 10 年围封草地一致，表现出衰退性[12]；许宏斌等人[13]的研究结果与此相近，禾本科植物在群落中优势度较未围封下降明显。这些研究结果说明，优势种群在自然恢复过程中，其恢复过程和恢复速率可能会存在差异。

为明确荒漠草原短花针茅、无芒隐子草、碱韭及其整体对围封年限和监测年份的响应特点和规律，研究以内蒙古高原荒漠草原亚带南侧短花针茅草原为对象，将围封年份（1999、2005 和 2014 年）和监测年份（2021-2023）作为影响因素，结合对应分析方法，拟解决问题如下：1）3 个优势种群及其整体对围封年限和监测年份响应特点；2）3 个优势种群（及其整体）对监测年份、围封年份的整体响应如何，不同优势种群的主导作用是否一致。相关问题的解决，不仅可明确草地植物群落自然恢复过程中优势种群变动情况，也可为优势种群对围封年限和监测年份的响应特点提供依据。

# 1 材料与方法

## 1.1 试验地概况[4]

试验研究区位于内蒙古高原荒漠草原亚带南侧呈条状分布的短花针茅草原的东南部，地处锡林郭勒盟苏尼特右旗塞罕塔拉镇哈登呼舒嘎查，地理位置 112°47′16.9″E，42°16′26.2″N。温带大陆性季风气候，短花针茅（*Stipa breviflora*，缩写为 *S.bre*）为建群种，无芒隐子草（*Cleistogenes songorica*，缩写为 *C.son*）和碱韭（*Allium polyrhizum*，缩写为 *A.pol*）为优势种，构成了短花针茅+无芒隐子草+碱韭群落类型。草地植被草层低矮，一般高度为 10～25cm；植被稀疏，盖度为 15～25%。土壤为地带性分布的淡栗钙土。

## 1.2 试验设计与取样方法

试验设 3 个围封区（小区面积分别为 1hm$^2$、2.6hm$^2$、2.6hm$^2$），分别于 1999、2005 和 2014 年开始围封，并于 2021-2023 年 8 月份进行草地植物群落监测（将围封年份和监测年份构造双因素无重复试验设计）。每年 8 月份，在围封草地随机选取 5 个 1m×1m 样方，分种测定植物种群高度、盖度和密度。

## 1.3 数据分析

### 1.3.1 指数计算

重要指数（Important index，II）：主要植物种群的优势地位及其变动情况，将优势种群（短花针茅、无芒隐子草、碱韭）高度、盖度和密度进行极大值标准化，然后将极大值标准化的高度、盖度和密度加和之后除以 3；

重要值（Important value，IV）：主要反映植物种群在植物群落中的地位和作用，将植物种群的相对高度、相对盖度和相对密度进行加和之后除以 3；

综合指数（Composite index，CI）：将重要指数和重要值进行平均即得综合指数，计算式为：$CI=(II+IV)/2$，综合放映优势种群的优势地位和变动情况。

### 1.3.2 对应分析[14]

对应分析又称为R－Q型因子分析，首先分别将围封年份、监测年份及二者影响下的优势种群（优势种群分别为*S.bre*、*C.son*、*A.pol*和整体，其中优势种群整体缩写为*D.S*）编制交叉列联表（*II*、*IV*、*CI*），形成原始数据矩阵，然后根据原始数据矩阵进行对应变换，再进一步将行变量和列变量的分类进行降维处理，最终绘制行列变量分类的对应分布图。

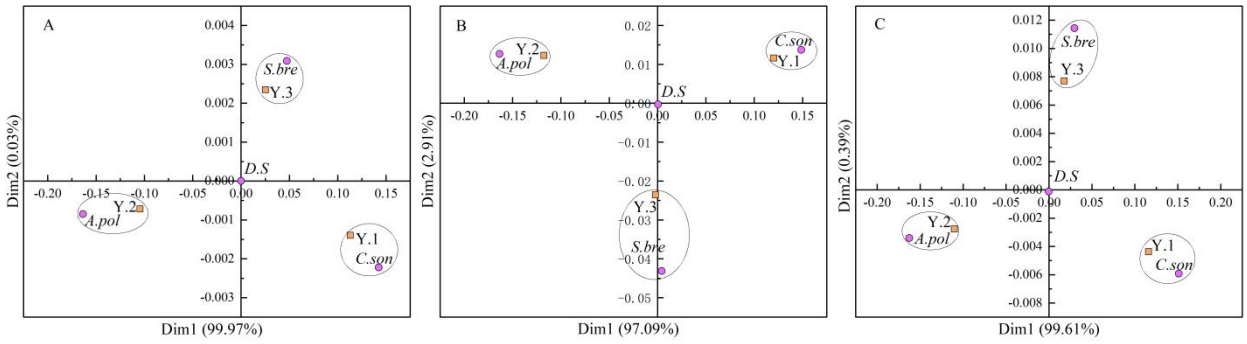
### 1.3.3 母序列关联分析[15]

以围封年份、监测年份及整体的*D.S*作为母序列，以相应的*S.bre*、*C.son*、*A.pol*为子序列，分别分析*II*、*IV*、*CI*这3个指数为基础的关联度，并进行关联序排列，以确定*S.bre*、*C.son*、*A.pol*单一种群作为优势种的作用大小（或者判断不同优势种群的优势度）。母序列关联分析在DPS 18.1中进行，并将分析结果汇总为数据表，分辨系数一般取值为0.1～0.5。

## 2 结果分析

### 2.1 监测年份内优势种群的变化

从监测年际间重要指数来看（图1A），监测年份2021年与无芒隐子草重要指数数据点比较接近，这一年无芒隐子草重要指数最大，为0.335；监测年份2022年与碱韭重要指数数据点比较接近，这一年碱韭重要指数最大，为0.524；监测年份2023年与短花针茅重要指数数据点比较接近，这一年短花针茅重要指数介于无芒隐子草和碱韭之间，为0.302。从物种重要值来看（图1B），监测年份2021年与无芒隐子草重要值数据点比较接近，这一年无芒隐子草重要值最大，为0.221；监测年份2022年与碱韭重要值数据点比较接近，这一年碱韭重要值最大，为0.209；监测年份2023年与短花针茅重要值数据点比较接近，这一年短花针茅重要值最小，为0.115。从综合指数来看（图1C），监测年份2021年与无芒隐子草综合指数数据点比较接近，这一年无芒隐子草综合指数最大，为0.278；监测年份2022年与碱韭综合指数数据点比较接近，这一年碱韭综合指数最大，为0.336；监测年份2023年与短花针茅综合指数数据点比较接近，这一年短花针茅综合指数最小，为0.209。综合来看，监测年份与重要指数的对应关系同监测年份与重要值的对应关系具有沿Dim1轴对称的特点，监测年份综合指数反应的对应关系更接近重要指数的对应关系。




**注：**图中A-C分别代表重要指数、重要值及综合指数。Note: A-C represents important index, important value and composite index respectively.

图1 优势种群在监测年份间的变化

Fig. 1 the change of the dominant population in the monitoring years

### 2.2 围封年份对优势种群的影响

从围封年份间重要指数来看（图2A），1999年围封与无芒隐子草的数据点最为接近，此时无芒隐子草重要指数最大，为0.409；2005年围封与短花针茅的数据点最为接近，短花针茅的重要指数最大，为0.376；2014年围封与碱韭的数据点最为接近，碱韭的重要指数为0.424。从围封年份间重要值来看（图2B），1999年围封与无芒隐子草的数据点最为接近，此时无芒隐子草的重要值最大，为0.232；2005年围封与短花针茅数据点最为接近，短花针茅的重要值最大，为0.153；2014年围封与碱韭的数据点最为接近，碱韭的重要值为0.189。从围封年限的综合指数来看（图2C），1999年围封依然与无芒隐子草关系最为紧密，2005年围封与短花针茅关系最为紧密，而2014年围封与碱韭关系最为紧密；3个优势种的综合指数均为最大，

分别为 0.321、0.264 和 0.307。综合来看，围封年份与优势种群重要指数的对应关系同围封年份与重要值的对应关系具有沿坐标轴原点对称的特点，同时综合指数反映的对应关系更接近重要值的对应关系。

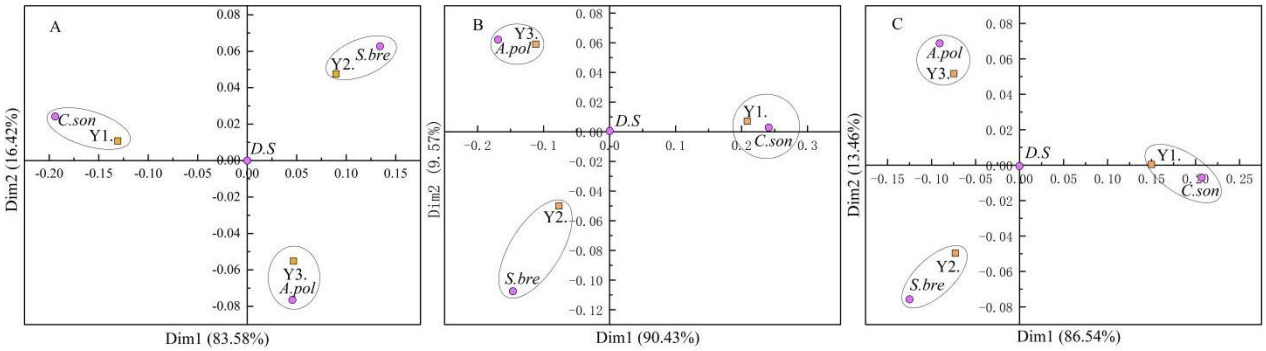



图 2　优势种群在围封年份间的变化

Fig. 2　the change of dominant population during the year of enclosure

## 2.3　围封和监测年份下的优势种群变化

1999 年围封草地在 2021-2023 年的监测过程中，无芒隐子草和碱韭分别对应 2021 和 2022 监测年份，此年份对应的植物种群具有较大的重要指数；同样，2005 年围封草地的短花针茅在 2022 监测年份具有较大的重要指数；2014 年围封草地在 2021-2023 年的监测过程中，没有优势种群与监测年份相对应（图 3A）。重要值分析结果与重要指数几乎一致，但是呈现出沿坐标原点对称的分布形式（图 3B）。综合指数（图 3C）反映的对应关系与重要指数呈现沿横轴的对称关系，而与重要值的对称关系呈现出沿纵轴对称的变化关系，重要指数和重要值反映的对称关系具有沿坐标原点对称的特点。由此可见，基于监测年份判断围封年份的优势种群变动情况，即存在相对稳定性，也存在变动性。

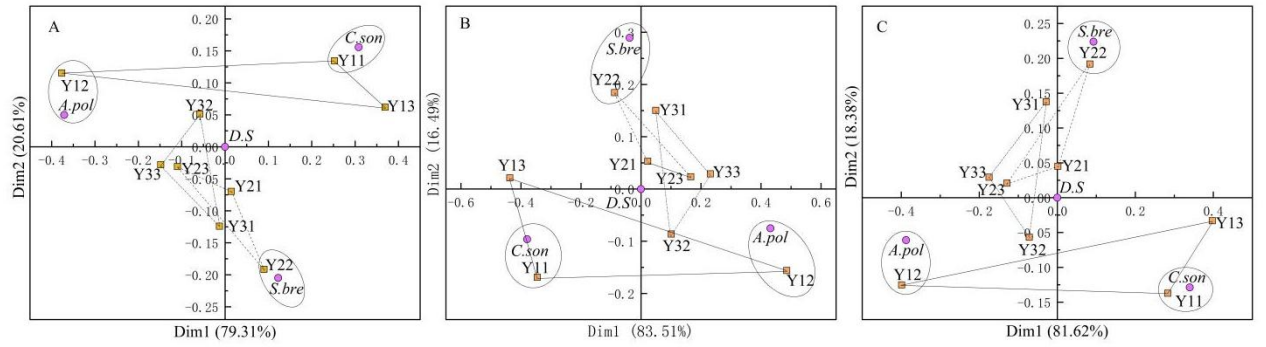



图 3　优势种群在围封和监测年份内的变化

Fig. 3　the change of dominant population in the year of enclosure and monitoring

## 2.4　各优势种群与其整体的关联度分析

如表 1 所示，3 个指数（重要指数，重要值和综合指数）监测年份呈现出的关联序由大到小依次为短花针茅、无芒隐子草和碱韭（例如，重要指数在监测年份的关联度分别为 0.6888、0.4696 和 0.4327）；3 个指数在围封年份呈现出的关联序由大到小依次为碱韭、短花针茅和无芒隐子草（例如，重要指数在监测年份的关联度分别为 0.6888、0.4696 和 0.4327）。分辨系数一般取值为 0.1～0.5，因此本结果符合关联度分辨系数的取值范围。因此，围封年份和监测年份呈现出的优势种群关联序不一致，说明优势种群在草地植被恢复过程与监测过程具有不一致的变化特点和规律。

表 1　各优势种群与其整体的关联度

Tab. 1 the degree of association between each dominant population and the whole population

| 指数 Index | 年份 Annual | *S.bre* | *C.son* | *A.pol* | 分辨系数 Distinguishing coefficient |
|---|---|---|---|---|---|
| II | Enclosure | 0.5470 | 0.3919 | 0.5904 | 0.4 |
| | Monitoring | 0.6888 | 0.4696 | 0.4327 | |
| IV | Enclosure | 0.5785 | 0.4445 | 0.5831 | 0.5 |
| | Monitoring | 0.7182 | 0.5191 | 0.5160 | |
| *CI* | Enclosure | 0.5745 | 0.3917 | 0.5940 | 0.4 |
| | Monitoring | 0.7488 | 0.4873 | 0.4435 | |

# 3 讨论

## 3.1 优势种群在围封和监测年份的变化

重要指数是基于优势种群监测年份高度、盖度和密度计算所得，由于没有群落其他物种的相对性，直接反映的是优势种群在监测年份的变动情况。这是因为，监测年份间温度和降水差异会导致不同植物种群的生长发育状况发生改变[16,17]。然而，重要值尽管也基于优势种群监测年份高度、盖度和密度计算所得，但由于存在群落其他种群的相对性，更反映优势种群在植物群落中的地位和作用，进而反映优势种在长期围封状态下的恢复状态[4,12]。这导致监测年份评判优势种在围封状态下的恢复程度，必然受到监测年份降水格局（季节变化和年际变化）的影响，同时也必然受到恢复程度的影响。因此，优势种在围封状态下相对稳定性和变动可能具有不同的指示作用。

本研究结果显示，基于重要值分析监测年份和围封年份优势种群变化时，其在对应分析图中具有相对的稳定性，即所处象限基本一致（图 1B、图 2B），但是在象限内的会发生改变；这表明基于重要值的分析结果具有相对稳定性，体现的是优势种群在恢复年限内的相对情况[4,12]。同时也可以看到恢复过程优势种群具有异步性[3]和监测年份的变动性[4]：监测年份显示（图 1B），2021 年无芒隐子草重要值较大，而 2023 年短花针茅重要值较大，对比图 1 可知，短花针茅对干旱的耐受性强于无芒隐子草和碱韭；围封年份显示（图 2B），1999 年围封草地无芒隐子草重要值较大，2005 年围封草地短花针茅重要值较大，而 2014 年围封碱韭植物种群重要值较大，这说明在荒漠草原在围封过程中，3 个优势种群的恢复能力和恢复过程不同，因此，无芒隐子草恢复需要更长的围封时间，而碱韭需要的恢复时间较短，建群种短花针茅需要恢复的时间介于前两者之间。这也间接证实了 3 个种群数量消长会引起景观特征发生重大改变[4,5]。

无论是重要指数，还是重要值，其在监测年份亦或是在围封年份分析过程中，优势种群与年份的对应关系比较一致，说明二者反映的内容具有一致性；但又因重要指数和重要值差异，年份与优势种群的对应点所处象限及位置均会发生变化，表明优势种群的恢复程度和恢复能力基于不同研究视角会有变化[16-19]。在 10 年围封和自由放牧状态下，短花针茅、无芒隐子草和碱韭植物种群生态属性均为负方向[12]，说明长期围封并不利于优势种群地位和作用增强[12,13]，结合实际调查发现，1999 年围封草地无芒隐子草处于绝对优势地位，重度退化草地围封初期（1-3 年）碱韭处于绝对优势地位；因此，数据分析结果与实际调查结果具有高度的一致性。

## 3.2 优势种群主导作用的变化

草地在围封状态下，植物群落得到恢复，然而优势种在时间序列上出现更迭显现，这与放牧强度增加导致优势种的发生变化具有相似性[20,21]。前者反映的是优势种恢复能力，后者反映的优势种抵抗能力，二者结合反映的是优势种在时间上和环境干扰下的稳定性[22-24]。优势种群之所以对植物群落具有主导作用，因为优势种群在群落中的地位和作用符合质量比假说[25]，同时因为优势种对环境的耐受程度以及适应策略，导致干扰下的植物群落会存在多稳态现象[6]。在围封草地恢复过程中，受优势种恢复能力和环境条件影响，也将会导致植物群落出现多稳态现象。

由母序列关联分析可知，监测年份反映的是短花针茅、无芒隐子草和碱韭这一排序结果，说明其对植

物群落主导作用也呈现出这一顺序；而围封年份反映的是碱韭、短花针茅和无芒隐子草，这一顺序反映的是优势种恢复能力大小。同时也注意到，在图 3 中存在两个轴线，分别为 11、21、31 和 13、23 以及 33，其中 13、23 和 33 式中接近横轴（Dim1 轴），反映的是不同优势种群的恢复能力，11、21、31 连线反映的是无芒隐子草、碱韭和短花针茅的顺序，反映的是不同优势种群的地位和作用（围封和监测年份关联序平均值）。因此整体来看，基于建群种恢复程度来看，荒漠草原围封年限应该是 16 年左右（2021-2005 年）。

植物群落恢复具有多稳态不仅与植物群落是共优种群落有关[1]，也与植物群落在恢复过程中对自然环境改善状态有关[1]。研究区土壤表层沙化[4]，围封不仅改善了土壤状况，也增加了植被覆盖度，同时有效的对风蚀进行了削弱，进而使得土壤流沙得到蓄积。这一过程导致密丛型禾草短花针茅遭受巨大压力，长期的围封使得其近地表分蘖节遭受掩埋，进而使得其在 1999 年围封草地发生退化，而疏丛型禾草无芒隐子草以及碱韭恰恰适应这一变化。所以长期围封并不利于草地的健康，不同的草地通过围封达到恢复到稳定状态或者可利用状态，需要明确围封年限[26-28]。

# 4 结论

1）优势种群恢复能力依次为碱韭、短花针茅和无芒隐子草。

2）优势种对植物群落应能能力依次为短花针茅、无芒隐子草和碱韭。

3）3 个优势种群受围封和监测年份、重要指数和重要值的影响，存在相对稳定与相对变动状态。

4）以建群种为判断依据，短花针茅草原围封恢复的最佳年限为 16 年左右。

参考文献


[1] 闫玉春,唐海萍,辛晓平,等.围封对草地的影响研究进展[J].生态学报,2009,29(9):5039-5046.

[2] 李佳秀,张青松,吴　勇,等.围封对草地植被生长和土壤特性的影响研究进展[J].中国草地学报,2023,45(5):137-150.

[3] Wu Qian, Ren Haiyan, Wang Zhongwu, et al. Additive negative effects of decadal warming and nitrogen addition on grassland community stability[J]. Journal of Ecology, 2020, 108(4): 1442–1452.

[4] 闫瑞瑞. 不同放牧制度对短花针茅荒漠草原植被与土壤影响的研究[D].内蒙古农业大学,2008.

[5] 吕世杰,刘红梅,吴艳玲,等.放牧对短花针茅荒漠草原建群种与优势种空间分布关系的影响[J].应用生态学报,2014,25(12):3469-3474.

[6] Lv Shijie, Yan Baolong, Wang Zhongwu, et al. Dominant species' dominant role and spatial stability are enhanced with increasing stocking rate[J]. Science of The Total Environment. 2020, 730: 138900.

[7] 张彬,张峰,郑佳华,等.短花针茅荒漠草原物种间关系的多度不对称性对载畜率的响应[J].草地学报,2023,31(2):510-517.

[8] 王琪,张峰,赵萌莉,等.放牧强度对短花针茅荒漠草原植物群落组成及种间关系的影响[J].生态环境学报,2021,30(10):1961-1967.

[9] 王琪,郑佳华,张峰,等.放牧强度对短花针茅荒漠草原植物种群生态位的影响[J].中国草地学报,2022,44(10):1-9.

[10] 熊梅,安海波,赵萌莉,等.放牧对荒漠草原主要植物种群空间格局与生态位的影响[J/OL].草地学报:1-12[2024-03-30].http://kns.cnki.net/kcms/detail/11.3362.s.20240110.1149.004.html.

[11] 吴艳玲,卫智军,运向军,等.放牧对短花针茅荒漠草原植物种群生态位及生态属性的影响[J].中国草地学报,2018,40(2):81-88.

[12] 卫智军,牛富宝,刘红梅,等.短花针茅荒漠草原植物种群生态位对放牧的响应[J].中国草地学报,2015,37(5):24-32.

[13] 许宏斌,苏艳龙,张雷,等.围封 10 年对荒漠草原群落物种多样性与优势种空间分布格局的影响[J/OL].生态学报,2024(10):1-8[2024-04-01].https://doi.org/10.20103/j.stxb.202211303463.

[14] 任雪松，于秀林. 多元统计分析(M). 北京: 中国统计出版社, 1999.

[15] 唐启义. DPS 数据处理系统（第二版）. 北京: 科学出版社, 2010.

[16] Campbell D R, Price M V, Waser N M, et al. Comparative impacts of long-term trends in snowmelt and species interactions on plant population dynamics[J]. Journal of Ecology, 2022, 110(5): 1102-1112.

[17] MU Xiaohan, HUANG Gang, LI Yan, et al. Population dynamics and life history response to precipitation changes for a desert ephemeral plant with biseasonal germination[J]. Frontiers in Plant Science, 2021, 12: 625475.

[18] Trowbridge C C ,Stanley A ,Kaye N T , et al. Long-term effects of prairie restoration on plant community structure and native

population dynamics[J]. Restoration Ecology,2017,25(4): 559-568.
[19] Kenny H ,Hans J ,Martin H , et al. Rapid Buildup of Genetic Diversity in Founder Populations of the Gynodioecious Plant Species Origanum vulgare after Semi-Natural Grassland Restoration.[J]. PloS one,2013,8(6): e67255.
[20] Biddiscombe E F. A survey of the natural pastures of the Trangie District, New South Wales, with particular reference to the grazing factor [J]. Australian Journal of Agricultural Research, 1953, 4(1): 1-28.
[21] Scott D. Sustainability of high-country pastures under contrasting development inputs. 9. Vegetation dynamics [J]. New Zealand Journal of Agricultural Research, 2007, 50(3): 393-406.
[22] Sennhauser E B. The Concept of Stability in Connection with the Gallery Forests of the Chaco Region [J]. Vegetatio, 1991, 94(1): 1-13.
[23] Grimm V, Wissel C. Babel, or the ecological stability discussions: an inventory and analysis of terminology and a guide for avoiding confusion [J]. Oecologia, 1997, 109(3): 323-334.
[24] Tilman D. The ecological consequences of changes in biodiversity: a search for general principles [J]. Ecology, 1999, 80(5): 1455-1474.
[25] Grime J P. Benefits of plant diversity to ecosystems: immediate, filter and founder effects[J]. Journal of Ecology, 1998, 86(6): 902-910.
[26] 杨波,宝音陶格涛.退化羊草草原轻耙处理后 30 年植物群落恢复演替规律研究[J].中国草地学报,2014,36(2):36-42.
[27] 孙崇之,唐士明,王珍,等.温带草原围封对植物群落的影响[J].草地学报,2023,31(5):1481-1489.
[28] 桂建华,马腾飞,胡姝娅,等.长期围封对羊草和大针茅典型草原植物群落特征的影响[J].山西农业科学,2022,50(5):720-727.

# 三江源地区野生多枝黄耆资源表型性状多样性分析

刘青青[1]，蔡宗程[2]，吕亮雨[1]，雷莎清[3]，马 芳[2]，施建军[1]
（1.青海大学 畜牧兽医科学院，青海 西宁 810016；2.青海大学 农牧学院，青海 西宁 810016；3.青海大学 昆仑学院，青海 西宁 810016）

**摘要：**为探究三江源地区野生多枝黄耆（*Astragalus polycladus*）资源表型性状多样性，以三江源地区 6 个市（县、镇）150 份野生多枝黄耆为材料，对其 18 个表型性状进行了差异性分析、主成分分析和相关性分析。结果表明：青海省内多枝黄耆资源具有丰富的表型多样性。相关性分析表明，多枝黄耆的表型性状与经纬度、海拔和土壤 pH 值等土壤和地理因子有一定的相关关系，且不同性状受土壤和地理因子影响也不同，其中花冠数、叶厚和根系数量受影响较大。主成分分析筛选出 4 个主成分，累计贡献率为 77.151%，其中，冠幅和株高对多枝黄耆表型性状多样性的影响最大。上述结果表明三江源地区多枝黄耆资源的表型性状具有丰富的多样性，具有极大的开发利用潜力。本研究为多枝黄耆优良种质资源的选育及保存提供了科学依据。

**关键词：**野生多枝黄耆；表型性状；多样性分析；青海省

多枝黄耆（*Astragalus polycladus*）是豆科（Leguminosae）黄芪属（*Astragalus* Linn.）多年生草本植物[1]，根粗壮，茎直立、纤细，丛生，高达 35 cm，奇数羽状复叶，叶柄向上逐渐变短，7—8 月开花，9 月结果[2]。多枝黄耆主要分布在海拔 2 100~4 100 m 的干旱山坡、河滩、道路和山谷中，在云南省西北部、四川省西部、四川省西北部、甘肃省南部、西藏自治区东部和青海省南部都有大量自然分布[3-4]。近年来，关于多枝黄耆的研究越来越多，主要集中于多枝黄耆根际促生菌的筛选及其与豆科饲草混播等方面[1,3,5-6]。关于多枝黄耆表型性状多样性的研究尚未见报道。鉴于此，在三江源地区选取 6 个主要且具代表性的多枝黄耆天然居群，系统研究各居群根、茎、叶、花和种子等的表型性状，分析部分地理和土壤因子与多枝黄耆表型性状的关系，以期了解三江源地区多枝黄耆的表型分化程度和居群变异特征，为选育多枝黄耆优良品种提供依据。

## 1 材料和方法

### 1.1 试验材料

以三江源地区河南县、玉树市、玛沁县、达日县、甘德县和木里镇共 6 个主要且具代表性的多枝黄耆天然居群（表 1）为研究对象，于 2023 年 7—9 月在 6 个居群中分别选取完整、健康的当年生植株各 25 株，样株间的距离大于 20 m，共计 150 份野生多枝黄耆。

**表 1 三江源地区野生多枝黄耆地理分布**

| 编号 number | 居群 Population | 经度/° Longitude | 纬度/° Latitude | 海拔/m Altitude | 土壤 pH 值 Soil pH | 土壤电导率/（μS/cm） | 土壤类型 |
|---|---|---|---|---|---|---|---|
| P1 | 河南县 | 101.22 | 34.18 | 3617.00 | 7.70 | 284 | 壤土 |
| P2 | 玉树市 | 96.31 | 33.00 | 4317.00 | 7.40 | 199 | 壤土 |
| P3 | 玛沁县 | 100.21 | 34.46 | 3696.07 | 6.31 | 171 | 高寒草 |
| P4 | 达日县 | 99.65 | 33.75 | 4100.00 | 6.12 | 2231 | 壤土 |
| P5 | 甘德县 | 100.26 | 34.09 | 3890.00 | 6.86 | 1615 | 砂砾土 |
| P6 | 木里镇 | 99.17 | 38.11 | 4007.77 | 8.10 | 1731 | 煤渣 |

### 1.2 测定项目及方法

**基金项目：**第二次青藏高原科学考察研究(2019QZKK1002)； 青海省自然科学基金项目（2023-ZJ-923M）
**作者简介：**刘青青（1997—），女，四川绵阳人，博士研究生，主要从事牧草经营管理研究。
**通信作者** E-mail: mkyshjj@ 163.com

用卷尺（精度 1 mm）测量株高（从地面到植株顶端的高度）、冠幅（南北向和东西向冠幅分别测量）。用电子天平（精度 0.00 1 g）测量根系鲜质量和地上部茎叶鲜质量，计算根茎比（根茎比=地上部分质量/地下部分鲜质量），记录单株根系数，用游标卡尺测量根粗。已地面第 1 个生殖枝为准，测量生殖枝茎长和茎粗。在每株基部枝条的上、中、下部位均匀采集工 20 枚成熟叶，用游标卡尺（精度 0.01 mm）测量叶长、叶宽和叶厚，用电子天平称量叶片鲜质量。选取一个长势良好的生殖枝用游标卡尺（精度为 0.01 mm）测量其花冠长和花萼长，调查花冠数。每株随机选取 20 粒成熟、饱满的种子，用游标卡尺测量种子纵径、种子横径和种子厚。

### 1.3 数据分析

试验数据使用 Excel 2010 进行整理，采用 SPSS 21.0 软件进行方差分析、相关性分析、主成分分析等。

## 2 结果与分析

### 2.1 三江区地区野生多枝黄耆表型性状分析

对 6 个天然居群的多枝黄耆的 18 个表型性状进行多重比较，结果（表 2）表明，6 个居群的东西冠幅为 14.00~31.20 cm，南北冠幅为 10.88~29.62 cm，株高在 9.46~15.93 cm 之间，这 3 个表型性状均以木里镇居群最小、河南县居群最大。叶片各性状中，叶长、叶宽和叶片鲜质量以甘德居群最小，仅为 7.16 mm、3.43 mm、0.24 g。叶长和叶片鲜质量以河南县居群最大，为 15.46 mm、0.35 g；叶宽平均值最大的是玉树居群为 4.91 mm，显著高于除河南县居群外的其他居群。叶厚在玉树市居群最大，高达 0.35 g，木里煤矿居群最小，仅为 0.18 g。根茎的各项形态指标中，根系数量的差异在各群体中差异不明显，根系数量平均值最大的是河南县居群为 15.40，仅显著高于玛沁、甘德和木里居群；根粗和生殖枝茎粗平均值最大也为河南县居群分别为 12.50 mm 和 1.86 mm，与除玉树居群外的其他居群差异显著；生殖枝茎长在达日居群达到最大，为 23.80 cm，较木里居群增加 56.0%，差异显著；根茎比最大的是甘德居群，为 0.63，最小的是玉树居群，为 0.42。花朵和种子的各性状中，河南县居群花冠长最大，高达 14.40 mm，最小的是木里镇居群，仅为 9.75 mm；花冠数最大在玉树居群，其次为达日居群，玉树、达日居群与其他居群差异显著；花萼长均值分布在 3.95~5.28 mm 之间，木里居群花萼长最大为 5.28 mm，甘德居群最小仅为 3.95 mm；种子厚、种子纵径和种子横径均值最大值都在河南县居群，其次为玉树居群，最小均在木里居群，且河南县、木里居群显著高于其他居群。

**表 2 三江源地区不同居群野生多枝黄耆表型性状比较分析**

| 表型性状 | 河南县 | 玉树市 | 玛沁县 | 达日县 | 甘德县 | 木里镇 |
|---|---|---|---|---|---|---|
| 东西冠幅/cm | 31.20 ±2.67 | 27.70±1.9 b | 23.82±1.89 c | 17.24±1.41 | 15.10±0.87 | 14.00±3.16 |
| 南北冠幅/cm | 29.62±0.88 | 26.80 ±3.02 | 21.86±2.22 c | 15.68±0.82 | 13.70±1.43 | 10.88±1.07 |
| 株高/cm | 15.93±0.68 | 13.26±0.32 b | 11.92±1.02 c | 10.92±0.83 | 10.90 ±1.53 | 9.46 ±0.26 |
| 根粗/mm | 12.50±1.46 | 11.86±0.69 a | 10.16±0.97 b | 8.78±0.37 c | 8.44±0.39 c | 8.72±1.37 c |
| 根系数量 | 15.40 ±1.14 | 14.40 ±1.52 | 12.60 ±1.52 | 15.20 ±1.48 | 13.00±1.58 | 10.40±1.34 |
| 生殖枝茎长 | 19.00±8.56 | 18.08±0.98 b | 17.08±0.56 | 23.80 | 23.71±1.31 | 15.26±1.12 |
| 根茎比 | 0.45±0.05 | 0.42±0.03 c | 0.43±0.043 | 0.50±0.05 b | 0.63±0.08 a | 0.61±0.05 a |
| 生殖枝茎粗 | 1.86±0.96 a | 1.01±0.05 c | 0.92±0.04 c | 1.07±0.07 c | 1.20±0.04 | 1.38 ±0.04 |
| 叶长/mm | 15.46±0.86 | 13.54±0.48 b | 12.65±1.03 b | 9.62 ±0.69 | 7.16±0.55 d | 10.5 ±0.53 |
| 叶宽/mm | 4.88 ±0.26 | 4.91 ±0.13 a | 4.50±0.34 b | 3.55±0.38 c | 3.43 ±0.21 | 4.19 ±0.07 |
| 叶厚/mm | 0.33 ±0.03 | 0.35±0.02 a | 0.31 ±0.03 a | 0.26±0.05 b | 0.26±0.04 b | 0.18±0.02 c |
| 叶片鲜质量/g | 0.35±0.01 a | 0.32±0.01 ab | 0.30±0.02 bc | 0.27±0.05 c | 0.24±0.02 d | 0.28±0.02 c |
| 花冠长/mm | 14.40 ±1.95 | 11.53±0.29 b | 10.54±0.58 b | 12.20±0.58 | 10.67±0.58 | 9.75±0.58 |
| 花冠数 | 15.60 ±1.52 | 21.40 ±1.67 | 18.00±1.00 b | 20.00±1.00 | 17.20±1.00 | 16.00±1.00 |
| 花萼长/mm | 4.81±0.07 | 4.73±0.07 ab | 4.45 ±0.29 b | 3.98 ±0.29 | 3.95 ±0.29 | 5.28±0.29 a |
| 种子厚/mm | 0.73±0.03 a | 0.73±0.03 a | 0.66±0.04 b | 0.61±0.04 b | 0.58±0.04 b | 0.55±0.04 c |
| 种子纵径/mm | 1.82±0.07 a | 1.77±0.09 a | 1.56±0.07 b | 1.45±0.66 b | 1.35±0.07 c | 1.19±0.07 d |
| 种子横径/mm | 1.57 ±0.07 | 1.33±0.03 b | 1.24 ±0.03 c | 1.16±0.03 c | 1.14±0.03 c | 1.09±0.03 c |

注: 同行不同字母表示在居群间 0.05 水平差异显著($P$<0.05)

### 2.2 三江源地区野生多枝黄耆表型性状主成分分析

对多枝黄耆的 18 个表型性状进行主成分分析，结果（表 3）表明：前 4 个主成分的累计贡献率高达 77.151%，其中，第 1 主成分的贡献率为 53.364%，该主成分中南北冠幅（0.95）、东西冠幅（0.95）、株高（0.93）、根粗（0.87）、叶长（0.87）、种子纵径（0.84）、叶片鲜质量（0.83）、种子横径（0.982）、叶宽（0.78）、花冠长（0.76）和叶厚（0.75）的特征向量绝对值较高；第 2 主成分的贡献率为 9.938%，该主成分中花冠数（-0.83）的特征向量绝对值较高；第 3 主成分的贡献率为 7.330%，该主成分中仅生殖枝茎长（0.91）的特征向量绝对值较高；第 4 主成分的贡献率为 6.519%，该主成分中仅根系数量（-0.76）的特征向量绝对值较高。

**表 3 三江源地区野生多枝黄耆表型性状的主成分分析**

| 表型性状 | 第 1 主成分 PC1 | 第 2 主成分 PC2 | 第 3 主成分 PC3 | 第 4 主成分 PC4 |
|---|---|---|---|---|
| 南北冠幅/cm | 0.95 | -0.12 | -0.01 | -0.09 |
| 东西冠幅/cm | 0.95 | -0.08 | -0.03 | -0.05 |
| 株高/cm | 0.93 | 0.12 | -0.04 | -0.28 |
| 根粗/mm | 0.87 | -0.04 | -0.08 | 0.04 |
| 叶长/mm | 0.87 | -0.01 | -0.19 | 0.26 |
| 种子纵径/mm | 0.84 | -0.10 | -0.07 | -0.23 |
| 叶片鲜质量/g | 0.83 | 0.04 | 0.13 | 0.38 |
| 种子横径/mm | 0.82 | 0.44 | -0.02 | -0.06 |
| 叶宽/mm | 0.78 | -0.16 | -0.45 | 0.25 |
| 花冠长/mm | 0.76 | 0.44 | 0.08 | 0.14 |
| 叶厚/mm | 0.75 | -0.29 | 0.28 | -0.02 |
| 种子厚/mm | 0.68 | -0.10 | 0.15 | -0.06 |
| 根茎比 | -0.68 | 0.43 | -0.15 | -0.09 |
| 花萼长/mm | 0.56 | 0.06 | 0.21 | 0.24 |
| 花冠数 | -0.06 | -0.83 | -0.08 | 0.19 |
| 生殖枝茎粗/mm thickness | 0.29 | 0.58 | 0.04 | 0.10 |
| 生殖枝茎长/cm | -0.10 | -0.03 | 0.91 | 0.21 |
| 根系数量 | 0.53 | -0.14 | 0.20 | -0.76 |
| 特征值 | 9.606 | 1.789 | 1.319 | 1.173 |
| 贡献率/% | 53.364 | 9.938 | 7.330 | 6.519 |
| 累积贡献率/% | 53.364 | 63.302 | 70.632 | 77.151 |

### 2.3 三江源地区野生多枝黄耆表型性状与部分环境因子的相关性分析

对多枝黄耆 18 个表型性状与经度、纬度、海拔、土壤 pH 值、土壤电导率和土壤类型等 6 个环境因子进行相关性分析，结果（表 4）表明：经度与花冠数之间存在极显著的负相关关系（-0.953；纬度与叶厚和根系数量之间呈现显著负相关（-0.837、-0.835），与根茎比之间呈现显著正相关（0.859），与其他表型状之间没有显著相关性；海拔与花冠数呈现显著正相关关系（0.854）；土壤 pH 值与生殖枝茎长呈现显著负相关关系（-0.848）；土壤电导率与南北冠幅、东西冠幅、叶宽和根粗之间均呈现显著负相关（-0.854、-0.868、-0.877、-0.846）；土壤类型与叶厚之间呈现显著负相关（-0.830），与根系数量之间呈现极显著负相关（-0.934）。由此可见，地理因子对多枝黄耆影响较大的表型性状是花冠数、叶厚和根系数量；土壤电导率和纬度对多枝黄耆表型性状的影响明显高于经度、海拔和土壤的 pH 值。

**表 4 三江源地区野生多枝黄耆表型性状与地理因子的相关性分析**

| 表型性状 | 经度/° | 纬度/° | 海拔/m | 土壤 pH 值 | 土壤电导率/ | 土壤类型 |
|---|---|---|---|---|---|---|
| 南北冠幅/cm Width | -0.099 | -0.598 | -0.204 | 0.099 | -0.854* | -0.769 |
| 东西冠幅/cm to west | -0.074 | -0.529 | -0.241 | 0.145 | -0.868* | -0.734 |

| | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|
| 花冠数 | -0.953* | -0.267 | 0.854* | -0.055 | -0.122 | -0.085 |
| 花萼长/mm | -0.195 | -0.404 | -0.030 | 0.474 | -0.659 | -0.607 |
| 叶长/mm | -0.085 | -0.179 | -0.242 | 0.338 | -0.809 | -0.554 |
| 叶宽/mm | -0.285 | -0.095 | -0.110 | 0.476 | -0.877* | -0.375 |
| 叶片鲜质量/g | -0.099 | -0.171 | -0.196 | 0.385 | -0.750 | -0.571 |
| 叶厚/mm | -0.202 | -0.837* | -0.061 | -0.206 | -0.789 | -0.830 |
| 花冠长/mm | 0.278 | -0.230 | -0.430 | 0.444 | -0.524 | -0.495 |
| 株高/cm | 0.132 | -0.544 | -0.360 | 0.178 | -0.728 | -0.716 |
| 种子横径/mm | 0.277 | -0.231 | -0.429 | 0.444 | -0.524 | -0.496 |
| 种子纵径/mm | -0.204 | -0.406 | -0.021 | 0.473 | -0.660 | -0.607 |
| 种子厚/mm | -0.374 | -0.447 | 0.013 | 0.454 | -0.669 | -0.611 |
| 根粗/mm | -0.166 | -0.428 | -0.153 | 0.325 | -0.846* | -0.657 |
| 根系数量 | 0.041 | -0.835* | 0.013 | -0.339 | -0.207 | -0.934 |
| 生殖枝茎长/cm | 0.136 | -0.370 | 0.246 | -0.848* | 0.644 | -0.409 |
| 生殖枝茎粗/mm | 0.521 | 0.059 | -0.575 | 0.519 | -0.263 | -0.214 |
| 根茎比 | 0.236 | 0.859* | 0.035 | 0.229 | 0.741 | 0.807 |

## 3 讨论

植物受自身遗传物质和环境共同作用的影响，导致表型性状具有一定的变异性。表型性状可以直接反映出植物的遗传多样性，对其优良品种的选育及保存具有重要意义[7-8]。已有很多学者通过叶片、茎长等形态指标，对甜菜、玉米等植物的表型多样性进行了研究[9-10]。本研究在叶片、茎长等基础上增加了冠幅、株高、花朵、种子和根系等性状来研究多枝黄耆表型多样性，研究结果更加准确可靠。本研究中，不同环境下的多枝黄耆表型性状存在显著差异，这是由于多枝黄耆的遗传特征和长期的环境差异共同作用的结果；同时，研究发现，生长在木里镇煤渣当中的多枝黄耆东西冠幅、南北冠幅、株高、根系数量、生殖枝茎长、叶厚、花朵和种子的各性状等指标均低于其他居群，可能的原因是木里镇海拔高、温度低、土壤贫瘠，恶劣的的生境条件抑制了多枝黄耆的生长发育。变异系数可反映变异程度和稳定性，变异系数越大，表明其变异程度越高，对环境的适应能力越强[11-12]。

主成分分析能揭示植物群体间的遗传差异，能加快种质资源分类速率[13]。本研究中，多枝黄耆的 18 个性状共提取出 4 个主成分，其累积贡献率为 77.151%。结果表明，南北冠幅、东西冠幅和株高对多枝黄耆表型多样性起主要作用。这与周安悦等[14]得出的引起豆科植物表型变异的性状是冠幅和株高的结果有一定的相似性。

研究发现，植物的表型性状与环境因子密切相关[15]。多枝黄耆的叶厚与纬度呈显著负相关，说明纬度越高，多枝黄耆的叶片越薄。冠幅和叶宽与土壤电导率呈极显著负相关，由于土壤电导率越大，植物受盐胁迫影响越严重，导致其根系不能更好的吸收土壤中的水分及 NPK 等营养物质，抑制多枝黄耆冠幅、叶片等生长发育[16]。众所周知，植物表型性状受环境因子影响较大，在某些情况下不能够准确反映植物的遗传多样性[17]，因此，为了更全面地认识三江源地区多枝黄耆的多样性水平，需要在分子水平上对其进行遗传多样性进行进一步的分析。

## 4 结论

青海省内多枝黄耆具有丰富的表型多样性，6 各天然居群 18 个表型性状的变异丰富；土壤和地理因子对多枝黄耆的表型性状有一定的相关关系，不同性状受地理因子影响也不同，其中花冠数、叶厚和根系数量受影响最大；主成分分析筛选出 4 个主成分，累计贡献率为 77.151%，其中，冠幅和株高对多枝黄耆表型性状多样性的影响最大。

## 参考文献:

[1] 柴加丽, 姚拓. 高寒草甸多枝黄耆根际促生菌特性研究与鉴定[J]. 中国草地学报, 2022, 44(10): 68-74.

[2] 吴玉虎. 昆仑植物志 第二卷[M]. 重庆: 重庆出版社, 2015.

[3] 中国饲用植物志编辑委员会. 中国饲用植物志 第二卷[M]. 北京: 农业出版社, 1989.
[4] 董彦君, 李宗善, 陈颖, 等. 黄耆属草本植物根部导管结构对环境因子的响应[J]. 生态学杂志, 2023, 42(12): 2936-2943.
[5] 王振龙, 姚拓, 李明源, 等. 若尔盖高寒草地优势牧草植物根际促生菌的筛选及特性[J]. 草业科学, 2023, 40(2): 319-328.
[6] 朱林, 王甜甜, 赵学琳, 等. 紫花苜蓿和斜茎黄耆水力提升作用及其对伴生植物的效应[J]. 植物生态学报, 2020, 44(7): 752-762.
[7] 李颖, 张树航, 郭燕, 等. 中国板栗可溶性糖相关性状多样性分析[J]. 植物遗传资源学报, 2023, 24(2): 493-504.
[8] 吴昊, 苏万龙, 石美娟, 等. 枣种质果实性状多样性分析与综合评价[J]. 植物遗传资源学报, 2022, 23(6): 1613-1625.
[9] LIU D L, WANG X Q, LI W S, et al. Genetic diversity analysis of the phenotypic traits of 215 sugar beet germplasm resources[J]. Sugar Tech, 2022, 24(6): 1790-1800.
[10] BELALIA N, LUPINI A, DJEMEL A, et al. Analysis of genetic diversity and population structure in Saharan maize (*Zea mays* L.) populations using phenotypic traits and SSR markers[J]. Genetic Resources and Crop Evolution, 2019, 66(1): 243-257.
[11] 刘慢, 秦燕, 刘文辉, 等. 青藏高原高寒地区无芒雀麦种质资源生产性能评价筛选[J]. 草地学报, 2023, 31(5): 1469-1480.
[12] 董博文, 李继东, 郑先波, 等. 山茱萸种质资源表型性状多样性及相关性分析[J]. 经济林研究, 2014, 32(2): 163-166.
[13] 郑国保, 马玲, 撖志明, 等. 不同生育期水分胁迫条件下宁夏枸杞果实的主成分分析与综合评价[J]. 节水灌溉, 2022(1): 47-51.
[14] 周安悦, 田青. 甘肃省豆科植物表型性状多样性综合分析[J]. 甘肃农业大学学报, 2023, 58(2): 155-168.
[15] 刘润红, 白金连, 包含, 等. 桂林岩溶石山青冈群落主要木本植物功能性状变异与关联[J]. 植物生态学报, 2020, 44(8): 828-841.
[16] 顾永超, 李多才, 侯扶江. 高寒草原季节牧场生物量对土壤水分的响应[J]. 草业科学, 2019, 36(6): 1490-1497.
[17] KATAMADZE A, VERGARA-DÍAZ O, UBEREGUI E, et al. Evolution of wheat architecture, physiology, and metabolism during domestication and further cultivation: Lessons for crop improvement[J]. The Crop Journal, 2023, 11(4): 1080-1096.

# 粮饲轮作阻控土壤侵蚀评价及机制研究

刘杰淋

（黑龙江省农业科学院草业研究所，哈尔滨，150086）

**摘　要：**对东北黑土区不同粮草轮作模式下的土壤抗冲性（ANS）及植被根系进行研究。结果表明，不同轮作模式的土壤 ANS 值在 17.55-94.77 L /g 之间。与对照相比，玉米-黑麦草模式的土壤抗冲能力增加了 259.87%，其次为高丹草(66.87%)和燕麦(18.12%)，而玉米连作较对照降低了 33.37%。土壤 ANS 随坡位而变化，坡上 ANS 比坡中和坡下高 116.50-134.21%。土壤 ANS 与根系质量密度(RMD)、根长密度(RLD)、根表面积密度(RSAD)呈正相关。此外，黑麦草的 RSAD、RLD 和 RMD 均高于其他饲草，且根系直径均低于其他饲草。

**关键词：**粮草轮作；黑土；坡面侵蚀；根系性状；土壤抗冲性

土壤侵蚀是严重威胁农业生产和生态环境的全球性问题。在东北黑土区，由于长期的不合理耕作和独特的自然特征，导致水土流失问题日愈严峻，作物类型与种植方式是目前影响东北黑土区坡耕地土壤侵蚀的关键因素。

土壤抗冲性（ANS）指土壤抵抗径流对其冲刷和搬运的能力，是评价土壤抗侵蚀性能的一个重要指标。研究表明，根系在防止土壤侵蚀方面的作用比海拔、坡度、地上生物量、植物多样性、土壤质地更为重要[1]。随着植物的生长，根系与土壤相互交织，降低了流水对土壤剥蚀的影响[2]。将饲草加入到农作制度中，也就是“粮草轮作”，对均衡利用土壤中的养分，促进生态功能恢复等方面发挥着重要的作用。然而，其在东北黑土区阻控土壤侵蚀效果及作用尚不清楚。本研究以东北黑土区前茬为玉米的坡耕地为研究对象，开展 3 种粮草轮作模式（高丹草、燕麦和黑麦草）和玉米连作，并以临近小区的撂荒地为对照，明确不同粮草轮作模式在土壤 ANS 和根系性状上的差异，以期为东北黑土区坡耕地水土流失有效防控提供理论支撑。

## 材料与方法

### 1.1 研究区概况

本研究在光荣小流域（位于黑龙江省海伦市光荣村，47.21°N，126.50°E）开展，该流域位于典型黑土的中部核心区，属于温带大陆性季风气候，年平均气温为 1.5 °C。年平均降水量为 530 mm，其中 65%集中在 6 月至 8 月份。土壤类型属典型黑土。超过 80%的农田为坡耕地，地形特点为漫川漫岗，坡长且缓，坡长大于 200 米，坡度小于 5°。主要作物是玉米和大豆。

## 研究方法

### 1.2.1 样品采集

于 2022 年 8 月采用长方形环刀（长 25 cm，宽 10 cm，高 10 cm）随机收集试验小区总共 45 个表层土壤样品，包括五种草本植物、三个坡位和三个重复，用于测定土壤 ANS。收集的样品地上部分被人工修剪，随后清除了残留凋落物。

### 1.2.2 测定项目及方法

土壤 ANS 测定：采用水力土槽实验，使用的水槽长 2 m，宽 0.2 m。流量和坡度分别设置为 40 $L \cdot min^{-1}$ 和 6 °。使用采样瓶收集径流和泥沙样品，并记录采样时间。采样的泥沙样品在 105 °C 下烘干至恒定重量，以确定土壤流失量（g）。使用以下方程计算土壤 ANS：

$$ANS=\frac{f \times T}{W}$$

式中：ANS 是土壤抗冲性，f 是流量，T 是产流时间，W 是烘干泥沙重量。

根系指标测定：土壤 ANS 试验结束后通过反复清洗，收集完整干净的根系使用 Epson V700 扫描仪及 WinRHIZO 图像分析软件（2007 专业版）对根系进行扫描分析，计算得到根系直径（RD）、根长密度（RLD）和根表面积密度（RSAD）。最后，清洗后的根系在 65 °C 下烘干 48 小时，并称重以获得根系生物量（RMD）。

### 1.3 数据处理

运用 Origin 2018 软件进行图表制作，Excel 2016 软件进行数据整理，SPSS 27 软件进行统计分析。

## 2 结果与分析

### 2.1 不同粮草轮作模式土壤 ANS 特征

5 种模式土壤 ANS 的平均值在 17.55-94.77 $L \cdot g^{-1}$ 之间（图 1）。粮草轮作饲草 ANS 特征与撂荒地相比，玉米土壤 ANS 减少 33.37%，而高丹草、燕麦和黑麦草模式土壤 ANS 分别增加 66.87%、18.12%和 259.87%。不同粮草轮作饲草 ANS 特征与玉米地相比，高丹草、燕麦和黑麦草模式土壤 ANS 分别增加 150.44%、77.26%和 440%。三个坡位之间土壤 ANS 没有显著差异（$p$>0.05），但坡上土壤 ANS 较坡中和坡下高出 116.50%至 134.21%。

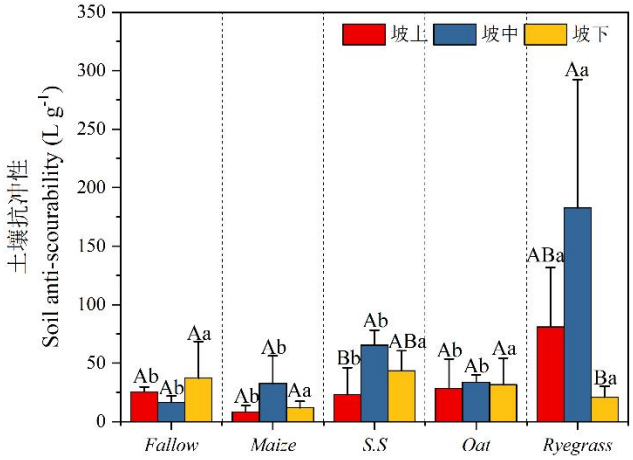



图 1 不同粮草轮作模式土壤抗冲性特征

### 2.2 不同粮草轮作模式根系特征

如图 2 所示，5 种模式间根系特征存在显著差异（$p$<0.05），RD 范围在 0.36-0.65 mm 之间，玉米平均 RD 最大，高丹草次之。RLD 的范围在 0.87-8.40$cm^2/cm^3$ 之间，黑麦草模式 RLD 是其他模式的 5.03-9.65 倍（$p < 0.05$）；其 PSAD 也最高，为 1.03 $cm^2/cm^3$，是其他模式的 3.56 -9.67 倍。高丹草的 RMD 最高。虽然在不同坡位之间没有发现根系性状的显著差异，但方差结果显示，坡中的 RD 最高(0.52 mm)，但其 RLD 最低(2.38 $cm/cm^3$)。RSAD 和 RMD 沿坡向下而降低。

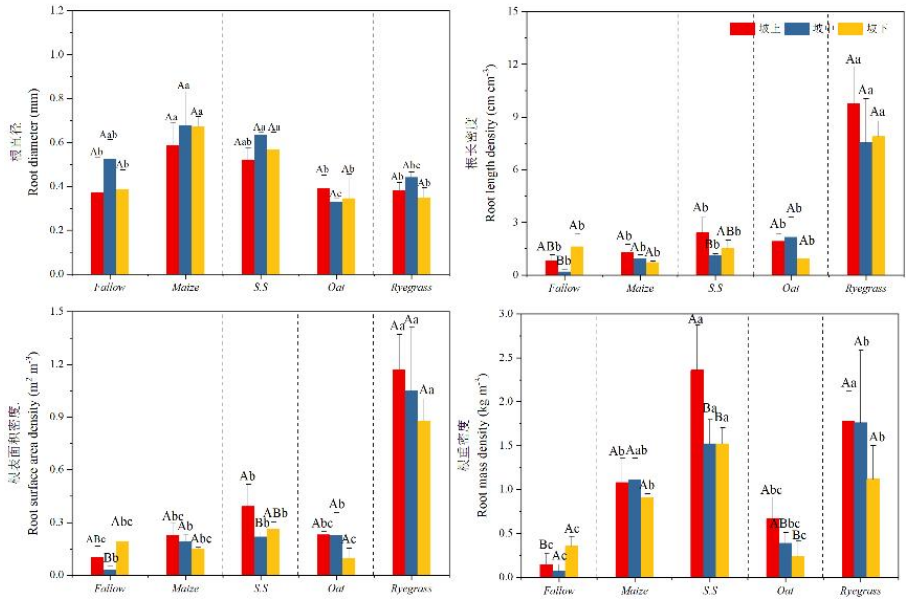



图 2 不同粮草轮作模式根系特征

### 2.3 土壤 ANS 与根系的关系

如图 3 所示，根系相关指标的相对重要性的排列顺序如下：RMD（6.97%，$p$<0.01）> RSAD（5.90%，$p$<0.05）> RLD（5.05%，$p$<0.05）> RD（2.06%）。另外 Pearson 相关分析结果表明，土壤 ANS 与 RSAD、RLD、RMD（p<0.05）呈显著正相关关系。土壤 ANS 与 RD 呈负相关关系（图 3）。

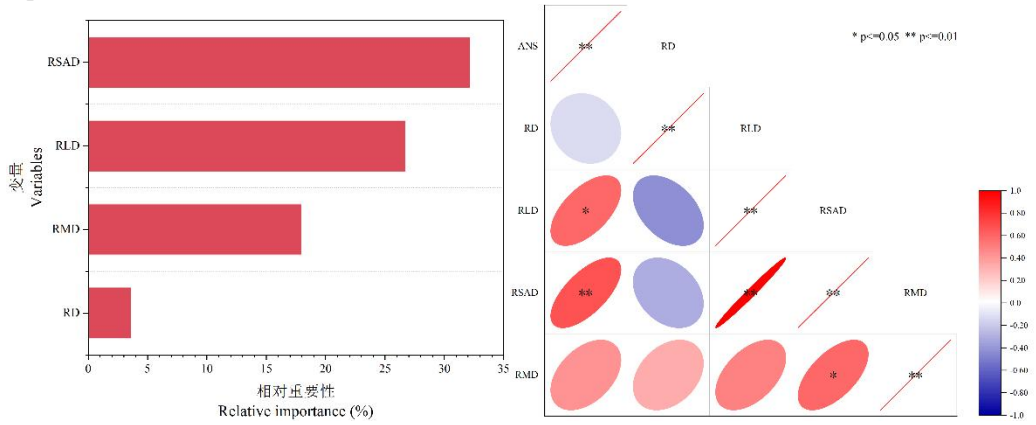



图 3 根系指标的相对重要性排序及与土壤抗冲性的相关关系

## 3 讨论

研究发现不同模式间的土壤 ANS 存在显著差异，这主要是不同饲草间根系的差异。一般来说，根系对土壤侵蚀的影响取决于根系生物量和根系形态（如 RD，RLD，RSAD）[3]。研究表明，随着 RMD、RLD 和 RSAD 的增加，土壤的剥蚀能力会减小[4]。在本研究中，我们发现 RSAD、RLD 和 RMD 是影响土壤 ANS 的主要因素。这与 Ma 等人在坡耕地的研究结果一致[5]。黑麦草的 RLD 比其他模式高出 5.03 到 9.65 倍（p<0.05），土壤 ANS 与 RLD 显著正相关（p< 0.05）。这说明黑麦草有更多的根系插入并缠绕土壤，从而增强了土壤抵抗地表流水冲刷的能力[6]。本研究的结果表明，土壤 ANS 也随着 RSAD 的增加而增加（$p$<0.05）。许多研究已经证明，RSAD 是影响土壤 ANS 的主要根系特征，RSAD 高代表根与土壤的更大接触面积以及更多的根际层，从而增加根系的粘结效应增强了土壤对径流的抗蚀能力[7]。不同草本植物之间的 RMD 存在显著差异，粮草轮作模式的 RMD 比休耕地高 2.23 到 9.31 倍（$p$<0.05）。这可能是由于耕作和施肥对根系生长的影响。

## 4 结论

在坡耕地进行粮草轮作能够有效地提高土壤对径流水侵蚀的抵抗能力，其中黑麦草模式较其他模式具有最高的土壤 ANS。根系特征（如 RSAD、RLD 和 RMD）显著影响了土壤 ANS，且土壤 ANS 与 RSAD、RLD 以及 RMD 呈显著正线性关系。

## 参考文献


[1] 王雅琼,张建军,李梁,等.祁连山区典型草地生态系统土壤抗冲性影响因子[J].生态学报,2018,38(01):122-131.

[2] 李强,刘国彬,许明祥,等.黄土丘陵区撂荒地土壤抗冲性及相关理化性质[J].农业工程学报,2013,29(10):153-159.

[3] Wang, J.; Yang, Y.; Wang, B.; Liu, G.; Li, J. Soil detachment caused by flowing water erosion in six typical herbaceous plant root systems on the Loess Plateau, China. Biosystems Engineering 2022, 217, 56-67.

[4] De Baets, S.; Poesen, J.; Gyssels, G.; Knapen, A., Effects of grass roots on the erodibility of topsoils during concentrated flow. Geomorphology 2006, 76, (1-2), 54-67.

[5] Ma, R.; Zheng, Z.; Li, T.; He, S.; Zhang, X.; Wang, Y.; Huang, H.; Ye, D. Temporal variation of soil erosion resistance on sloping farmland during the growth stages of maize (Zea mays L.). Hydrological Processes 2021, 35, (9), e14353.

[6] De Baets, S.; Poesen, J.; Knapen, A.; Galindo, P. Impact of root architecture on the erosion-reducing potential of roots during concentrated flow. Earth Surface Processes and Landforms: The Journal of the British Geomorphological Research Group 2007, 32, (9), 1323-1345.

[7] Zhou, Z.C.; Shangguan, Z.P. Soil anti-scouribility enhanced by plant roots. Journal of Integrative Plant Biology 2005, 47, (6), 676-682.

# 不同羊茅属种质坪用性评价

周晨烨[42] ，孙宗玖[1,2,3*]，李培英[1,2,3]，许莹月[1]，李有政[1]，于冰洁[1]，郑丽[1]，周磊[1]

(1.新疆农业大学草业学院，新疆 乌鲁木齐 830052；2.新疆草地资源与生态自治区重点实验室，新疆 乌鲁木齐 830052；3.西部干旱区草地资源与生态教育部重点实验室，新疆 乌鲁木齐 830052)

**摘 要：**针对当前乡土草种尚不能满足草坪建设的需求，为评价羊茅属种质坪用性能力，以选育的沟羊茅新品系（FV）及市场常用紫羊茅品种传奇（CQ）、草原（CY）、梦神（MS）为对象，通过对坪用性进行对比分析，明确各种质间的差异，并通过五级九分制附分法结合加权评价法进行综合评价，结果表明：新品系 FV 出苗天数显著低于 MS，而成坪天数及绿色期显著高于 MS；各种质再生速度随月份增加呈降低趋势；再生生物量呈先降后升趋势。

通过加权综合评价法认为，MS 坪用性评价最高，为 5.63，FV 最低，为 5.25，CQ、CY 居中（5.29、5.46）。

**关键词：**羊茅属；坪用性；五级九分制；加权综合评价

# Evaluation of Turf Quality of Different *Fescue* Germplasm

ZHOU Chen-ye[1], SUN Zong-jiu[1,2,3], LI Pei-ying[1,2,3], XU Ying-yue[1],Li You-zheng[1],YU Bing-jie[1],ZHEN Li[1],ZHOU Lei[1]

（1.College of Grassland Sciences, Xinjiang Agricultural University, Urumqi 830052, China; 2. Xinjiang Key Laboratory of Grassland Resources and Ecology, Urumqi 830052, China;3. Ministry of Education Key Laboratory for Western Arid Region Grassland Resources and Ecology, Urumqi 830052, China)

**Abstract:** In view of the fact that the current native grass species can not meet the needs of lawn construction, in order to evaluate the flat usability of fescue germplasm, the selected new Fescue strain (FV) and the commonly used purple fescue varieties (CQ), grassland (CY) and Monascus (MS) were selected as objects, and the differences among various qualities were clarified through comparative analysis of flat usability. The results showed that the emergence days of FV were significantly lower than MS, and the peeping days and green period were significantly higher than MS. The regeneration rate of various substances decreased with the increase of month. The regenerated biomass decreased first and then increased. According to the weighted comprehensive evaluation method, MS has the highest usability evaluation (5.63), FV has the lowest (5.25), and CQ and CY are in the middle (5.29 and 5.46).

**Key words:** *Festuca*; Plateau usability; Five levels of nine points system; Weighted comprehensive evaluation

坪用性评价及草坪质量评价是对草坪整体性状的评价，用来反映成坪后草坪是否满足对它的期望与要求[1]。和大田作物、牧草的评价相比，草坪质量的评价需要综合各方面因素[2]。参考《草品种审定技术规程》所相应的评价指标主要包括密度、均一性、色泽、质地、绿色期、抗旱性、耐热性、抗寒性、抗病性、抗虫性、杂草危害程度、成坪速度等，且各指标的测定方法主要采用目测法，以国际通用的五级，九分制进行评价[3]。草种质坪用性评价研究相对较多，主要集中在狗牙根（*Cynodon dactylon*）、结缕草（*Zoysia*

基金项目：新疆维吾尔自治区重点研发项目(2023B02031)资助。

作者简介：周晨烨，男，硕士研究生，主要研究方向为草种资源评价与利用研究

*通信作者 Corresponding author. E-mail：nmszj@21cn.com

*japonica*）、草地早熟禾（*Poa pratensis*）等。王咏琪[4]通过对草坪草的表观质量指标进行隶属函数分析和加权平均得出，“兰引III号”结缕草草坪草耐践踏性和耐磨损性最强；连鹤娜等[5]采用不同栽培措施并结合《草品种审定技术规程》对醉马草（*Achnatherum inebrians*）坪用性状的影响表明，生长调节剂浸种+无纺布覆盖处理下醉马草草坪的综合质量最好，是最佳的栽培措施，适合应用推广。

羊茅属（*Festuca*）种质为多年生密丛型禾草，是广泛应用于生态修复以及城镇绿化的优良草种之一，在坪用性方面也有不少研究，如矮生高羊茅育种领域，育成了 Regiment、Seine、Summedawn 等抗性极高的低矮型高羊茅新品系[6]，而近些年来，美国农业部门共 17 个单位组成了国家植物试验站（Axtivities Sites），其中有 4 个植物引种站，1 个国家种质资源实验室和国家种质保存中心。1990 年美国种子贸易公司与中国农业大学联合开展了草坪合作项目（于北京地区引进 76 个生产于美国的冷季型草坪草）[7]；古长标等[8]在南京进行了 17 个草坪草品种引种试验；王亚莉等[9]在河南信阳进行了引种试验，筛选出一大批适合我国生态环境的优良草坪草品种，并且进行了推广应用。易帷中[10]在研究狗牙根混播冷型草坪草对其生长及坪用性的影响过程中，通过五级评分法对各指标赋分，再利用加权综合评价法进行评价得出狗牙根与高羊茅混播优于其他品种。麦靖雯等[11]对黑麦草（*Lolium perenne*）、草地早熟禾和高羊茅 3 种冷季型草坪草建植的混合草坪进行比较与评价，得出黑麦草为北方温带地区建植混合草坪的首选草种。

# 1 材料与方法

## 1.1 实验材料

供试羊茅属种质共计 4 份，其中 1 份种质为沟羊茅新品系 FV，该品系于 1985 年采集于新疆哈密巴里坤草甸草原，经 30 年驯化选育而成，实验所用种子 2021 年 8 月采自新疆农业大学材料扩繁圃；其他 3 份种质为当前常用的紫羊茅品种，所用种子皆来自于市场，具体情况见表 1。

**表 1 羊茅种质基本特征**

**Table 1 The basic characteristics of Festuca germplasm**

| 品种（系）<br>Variety（Strain） | 原产地<br>Origin | 来源<br>Source | 种子活力（%）<br>Vitality | 发芽率（%）<br>Germination rate | 千粒重（g）<br>Thousand grain weight |
|---|---|---|---|---|---|
| 沟羊茅（*Festuca valesiaca*） | 中国新疆 | 新疆农业大学 | 95.56±3.85a | 85.00±6.80b | 0.59±0.02c |
| 传奇（*Festuca rubra* Chuanqi） | 丹麦 | 市场 | 82.22±3.85b | 89.00±3.39ab | 0.89±0.03bc |
| 草原（*Festuca rubra* Caoyuan） | 美国 | 市场 | 91.11±3.85a | 91.00±4.30ab | 1.03±0.05abc |
| 梦神（*Festuca rubra* Mengshen） | 丹麦 | 市场 | 72.22±5.09c | 68.00±7.27c | 1.00±0.02abc |

注：同列不同小写字母表示差异显著（$P<0.05$）

Note: Different lowercase letters in the same column indicate significant difference（$P<0.05$）

## 1.2 实验设计

以羊茅属品种（系）CQ、CY、MS 与 FV 为材料，采用随机区组试验设计，每材料 3 个重复，共计 9 个小区，用于坪用性、再生性的观测，小区面积 2.5m×3.0m，小区间隔 20cm。播种前，精细整地。2022 年 5 月开始播种，播种方法为撒播，播种量 12.0g/m2，播种后镇压、及时灌溉，保障出苗。试验期间根据土壤墒情进行灌溉，不定期杂草防除。

### 1.2.1 出苗天数、成坪天数、绿色期的测定

采用目测法进行，其评价标准为:出苗天数是指从播种日期到草籽出苗所需的天数;成坪天数是指从种植日期到预计草坪覆盖率达到 90%所需的天数；绿期是指草坪从萌芽(变绿)到草坪 80%呈现黄色所需的天数。

### 1.2.2 再生速度及生物量测定

2023 年 4 月 28 日开始在每个小区内随机选择 4 个 50cm×50cm 的样方进行修剪，留茬 5cm，并将样方内修剪下的草样装入信封袋中称取其重量为再生生物量（Regeneration biomass，RB），随后每 20 天修剪 1 次，修剪后每隔 5d 随机选取 20 株，用精度 1mm 的卷尺进行株高测定，计算再生速度（Regeneration rate，RR）。

### 1.2.3 坪用质量评定

2023 年 4 月-11 月，参考草坪质量评价体系[111]对羊茅属各种质的坪用性进行评价，评价指标有密度、均一性、色泽、盖度、质地、抗旱、抗寒及杂草危害程度，每月分别进行打分。

密度：采用计数法，在每个小区中随机选取 3 个 10cm×10cm 的样方，分别计算每个小区的分蘖(枝)数，并计算小区密度。单位为每平方厘米分蘖(枝)数。

均一性：是指整个草坪的外貌均匀程度，是草坪密度、颜色、质地等差异程度的综合反映，采用目测打分法。

色泽：采用目测打分法，细分为 5 个等级，分别是墨绿、深绿、绿、浅绿、黄绿。

盖度（基盖度）：采用针刺法，每重复随机针刺 50 次，计算针接触植被比例。

质地：采用游标卡尺测量，在每个小区内随机选取 20 片叶片，测量叶片最宽处的宽度，取平均值，单位为毫米（mm），根据评分标准，细分为 5 个等级，分别为＜3mm、3-4mm、4.1-5mm、5.1-6mm、＞6mm。

抗旱及抗寒：在自然生长过程中测定试验品种的抗旱抗寒能力，采用目测法。

杂草危害程度：即在正常管理条件下，在杂草发生较严重的季节牧草草坪草的受危害情况，以杂草盖度评价试验品种的抗杂草侵占能力。

以实测值为依据，采用五级九分制评分法对各指标附分，再利用加权综合评价法进行评价，各指标的附分标准及权重系数见表 2。其中权重系数参考刘建秀[112]和易帷中[55]的草坪品质评价指标权重中的观赏草坪权重进行设置。

**表 2 各指标评价标准及权重系数**

**Table 2 Evaluation standard and weight coefficient of each index**

| 指标 | 评分 | | | | | 权重系数 |
|---|---|---|---|---|---|---|
| Index | 8-9 | 6-7 | 4-5 | 2-3 | 1 | Weight coefficient |
| 密度（枝/100cm²）<br>DE（twig/100cm²） | ≥3.5 | 2.6-3.4 | 1.6-2.5 | 0.6-1.5 | ≤0.5 | 0.2 |
| 均一性<br>HO | 很均匀 | 均匀 | 较均匀 | 不均匀 | 很不均匀 | 0.1 |
| 色泽<br>COL | 墨绿 | 深绿 | 绿 | 浅绿 | 黄绿 | 0.2 |
| 盖度（%）<br>COV（%） | 90-100 | 80-90 | 70-80 | 60-70 | ≤60 | 0.1 |
| 质地（mm）<br>TE（mm） | ＜3 | 3-4 | 4.1-5 | 5.1-6 | ＞6 | 0.1 |
| 抗旱（%）<br>FD（%） | 0 | 0-5 | 5-10 | 10-15 | 15 | 0.1 |
| 抗寒（%）<br>FC（%） | 0 | 0-5 | 5-10 | 10-15 | 15 | 0.1 |
| 杂草危害程（%）<br>WH（%） | 0 | 0-5 | 5-10 | 10-15 | 15 | 0.1 |

### 1.3 数据统计与分析

采用 Excel 2019 进行数据的初步处理，使用 SPSS 26.0 统计软件中的 one-way ANOVA 进行同一种质不同处理间各指标的差异分析，显著性水平判断依据为 $P < 0.05$。

坪用性采用加权综合评价法：

$$W_i^{'} = \sum_{j}^{n} W_j V_{ij}$$

式中：$W_i^{'}$为评价综合得分，$n$为指标数，$W_j$为评价指标的权重，$V_{ij}$为相应指标的评价分数。

## 2 结果与分析

### 2.1 出苗天数、成坪天数及绿色期

表 3 看出，FV、CQ、CY、MS 的出苗天数依次为 8.0d、10.0d、9.0d、11.7d，且新品系 FV 出苗天数显著短于 MS（$P$<0.05），与 CQ、CY 差异不显著（$P$＞0.05）；成坪天数上，FV 显著高于新品系 MS（$P$<0.05），与 CQ、CY 无显著差异（$P$＞0.05）；绿色期看，新品系 FV（120 d）显著高于 MS（$P$<0.05），与 CQ、CY 无显著差异（$P$＞0.05）。

**表 3 各品种（系）出苗天数及草坪成坪天数、绿色期**

Table 3 seedling emergence days of each variety (strain), lawn plateau days and green period

| 品种（系）<br>Variety (Strain) | 出苗天数（d）<br>Emergence days | 成坪天数（d）<br>Plateau days | 绿色期（d）<br>Green Phase |
|---|---|---|---|
| FV | 8.0±0.6b | 53.7±1.7a | 120.0±0.6a |
| CQ | 10.0±0.6ab | 52.3±1.2ab | 118.0±1.5ab |
| CY | 9.0±1.2b | 52.3±0.3ab | 119.0±0.6ab |
| MS | 11.7±0.7a | 49.0±0.6b | 116.3±0.7b |

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 indicate significant difference ($P$<0.05) .The same below.

### 2.2 再生速度及再生生物量

图 1 看出，不同月份下羊茅属各种质间再生速度表现并不一致，其中 6 月 CY 再生速度较 FV、CQ、MS 显著增加 56.10%、56.10%、48.94%（$P$<0.05），而 5 月、7 月、8 月、9 月、10 月各种质间无显著差异。从月际动态看，各羊茅种质再生速度随月份延长呈显著降低趋势，其中 5 月再生速度最高，FV、CQ、CY、MS 分别为 1.09cm/d、1.23 cm/d、1.18 cm/d、1.20 cm/d。在 6 月时，材料 FV、CQ、MS 的再生速度相较 5 月显著降低了 65.88%、85.65%、76.69%（$P$<0.05），而 CY 无显著差异，为 0.85 cm/d；当 6 月-9 月时，FV、CQ、CY、MS 再生速度变化无显著差异；在 10 月时 CY、MS 再生速度较 9 月显著降低了 73.00%、70.44%（$P$<0.05），而 FV、CY 均无显著差异，分别为 0.15 cm/d、0.16 cm/d。

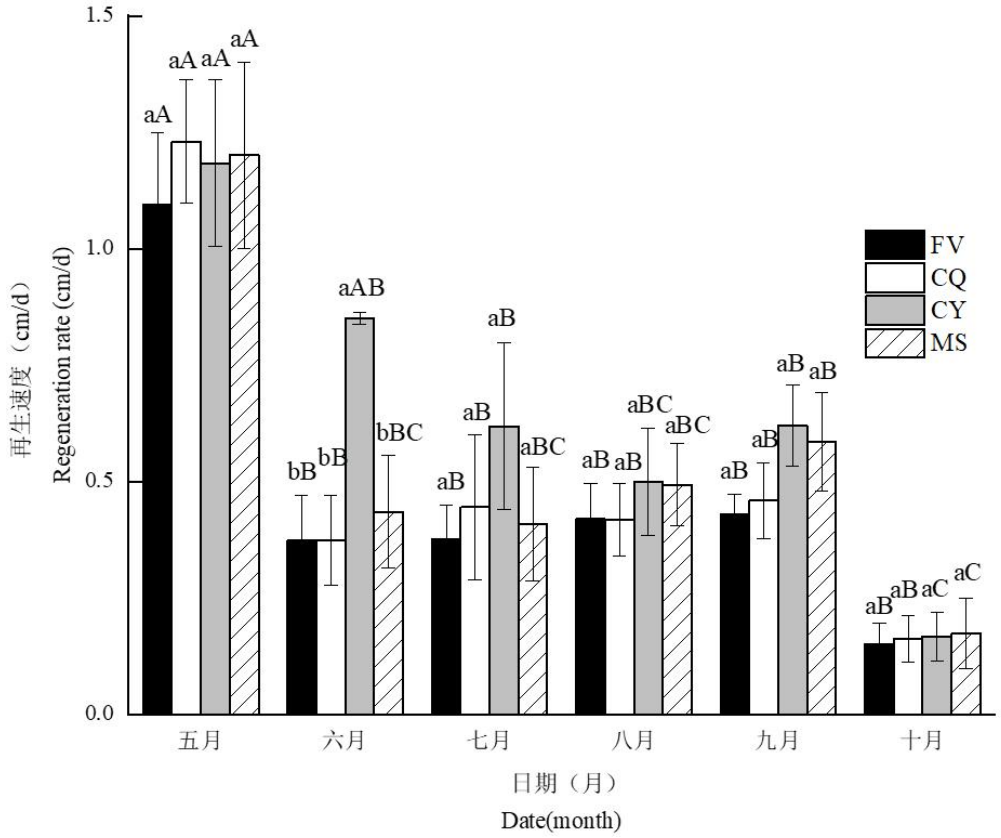



**图 1 各种质再生速度**

**Fig. 1 Regeneration rate of each germplasm**

注：小写字母为当月内不同种质的差异性；大写字母为各品种在不同月份的差异性。下同。

Note: Lowercase letters are the difference of different germplasm within the month; Capital letters are the differences between germplasm in different months; The same below.

图2可知，6月CY、MS再生生物量间差异不显著，为19.53 g/m$^2$、19.93 g/m$^2$，高于FV、CQ 46.80%-55.62%（$P$<0.05）；7 月 CY 依次显著高于 FV、CQ 72.60%、47.14%（$P$<0.05）；而 5 月、8 月、9 月、10 月各种质再生生物量间均无显著差异。从月际动态看，7 月各种质再生生物量均达到最低，且 7 月-10 月均表现为先升后降趋势，而 5 月-6 月则 FV、CQ 呈现降低，CY、MS 表现为增加。

在 5 月时，FV、CQ、CY、MS 的再生生物量分别为 14.98g/m$^2$、9.27g/m$^2$、10.54g/m$^2$、12.38g/m$^2$。在6月时FV再生生物量相较5月显著降低了30.63%（$P$<0.05），而CY、MS显著增加了85.37%、60.98%（$P$<0.05），CQ 无显著差异，为 8.85g/m$^2$；在 7 月时 FV、CQ、CY、MS 相较 6 月显著降低了 78.32%、50.87%、57.90%、78.08%（$P$<0.05）；在 8 月时 FV、CQ、MS 相较 7 月显著增加了 253.18%、88.92%、183.26%（$P$<0.05），CY 无显著差异，为 10.01g/m$^2$；在 8 月-10 月时各种质再生生物量变化皆无显著差异。

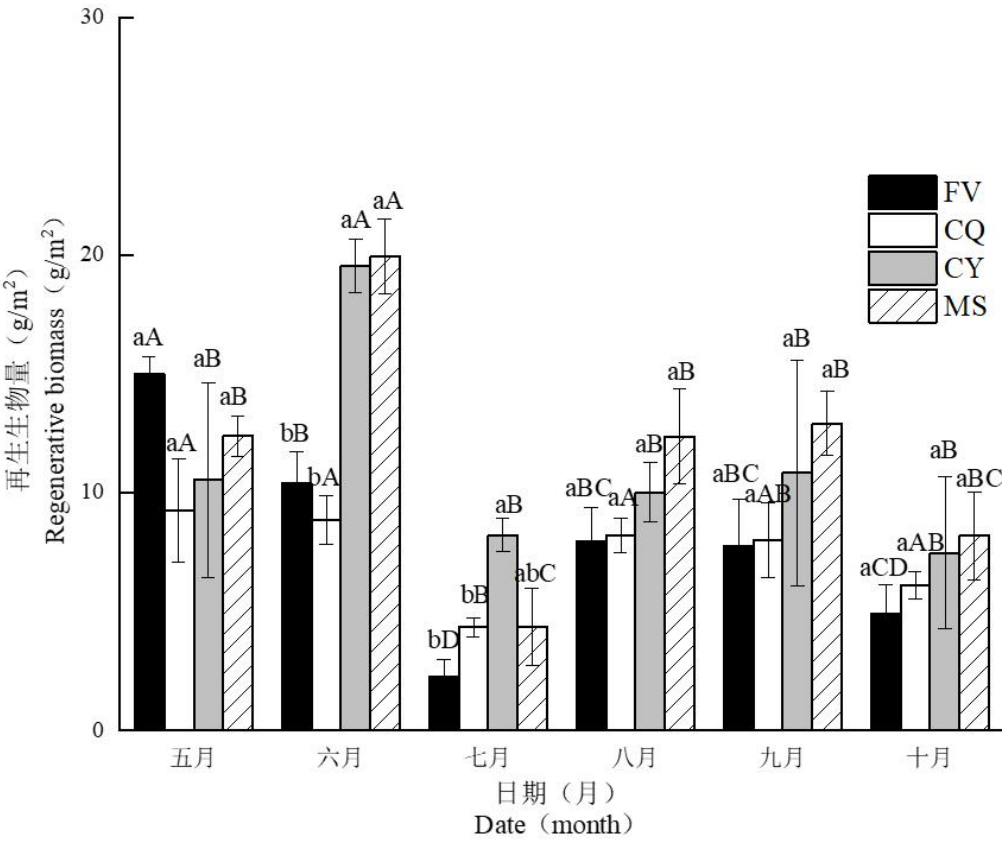



图 2 各种质再生生物量

**Fig. 2 Regeneration biomass of each germplasm**

2.3 坪用性评价

2.3.1 坪用性状指标分析

2.3.1.1 密度

由图 3 可知，4 月、5 月、8 月、9 月、10 月、11 月各种质草坪密度间均无显著差异，依次为 85.33-97.22、110.06-125.61、172.6-191.56、204.00-246.33、175.92-240.90、233.67-295.45 枝/100cm$^2$。而 6 月、7 月呈显著差异，其中 6 月 FV 较 CQ 显著高 43.76%（$P$<0.05），与 CY、MS 无显著差异；7 月 CY 较 FV、CQ、MS 显著高出 26.35%、30.03%、27.35%（$P$<0.05），而 FV、CQ、MS 间差异不显著。

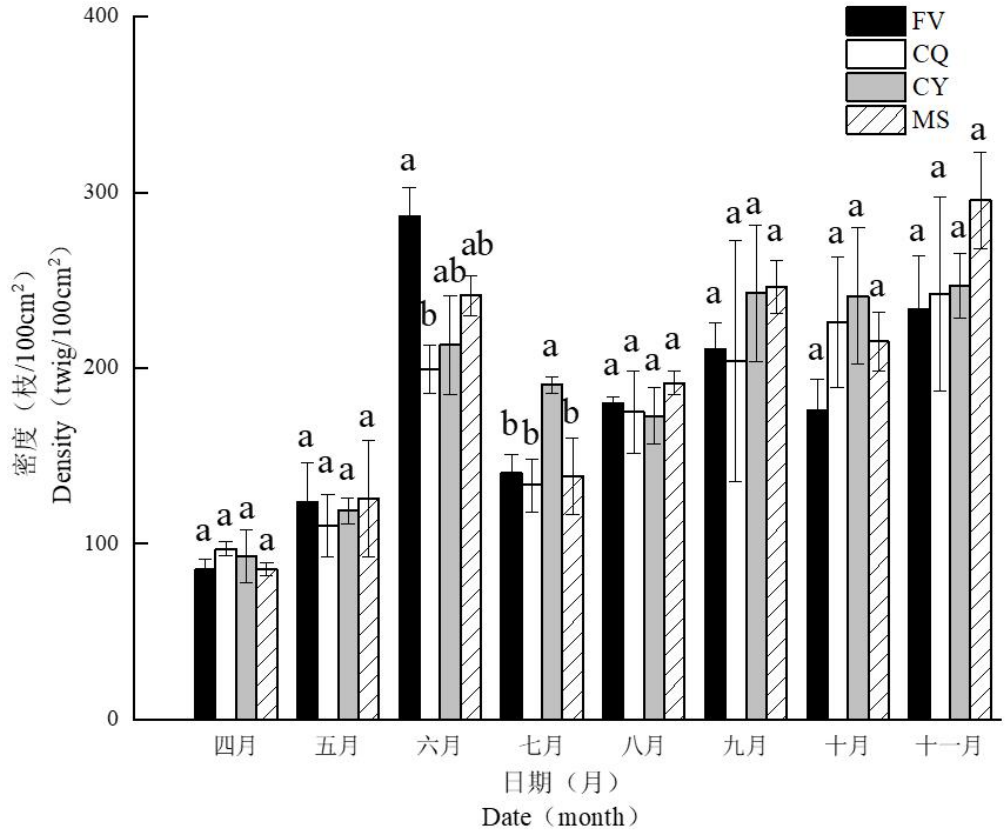



图 3 各种质草坪密度的变化趋势

**Fig. 3 The change trend of lawn density in different germplasm**

2.3.1.2 盖度

图 4 看出，4 月、6 月、8 月、10 月、11 月各种质草坪盖度均无显著差异，依次为 47.22%-57.22%、72.22%-81.67%、66.11%-77.22%、70.00%-78.33%、70.56%-79.45%，而 5 月、7 月、9 月差异显著，其中 5 月 MS 依次较 FV、CQ、CY 显著高 15.27%、12.98%、22.14%（$P$<0.05），FV、CQ、CY 间差异不显著；7 月 CQ、CY、MS 依次较 FV 显著高 18.80%、16.28%、19.40%（$P$<0.05），CQ、CY、MS 差异不显著；9 月 CQ 显著低于 CY 15.00%（$P$<0.05），FV、MS 则介于两者之间，差异不显著。

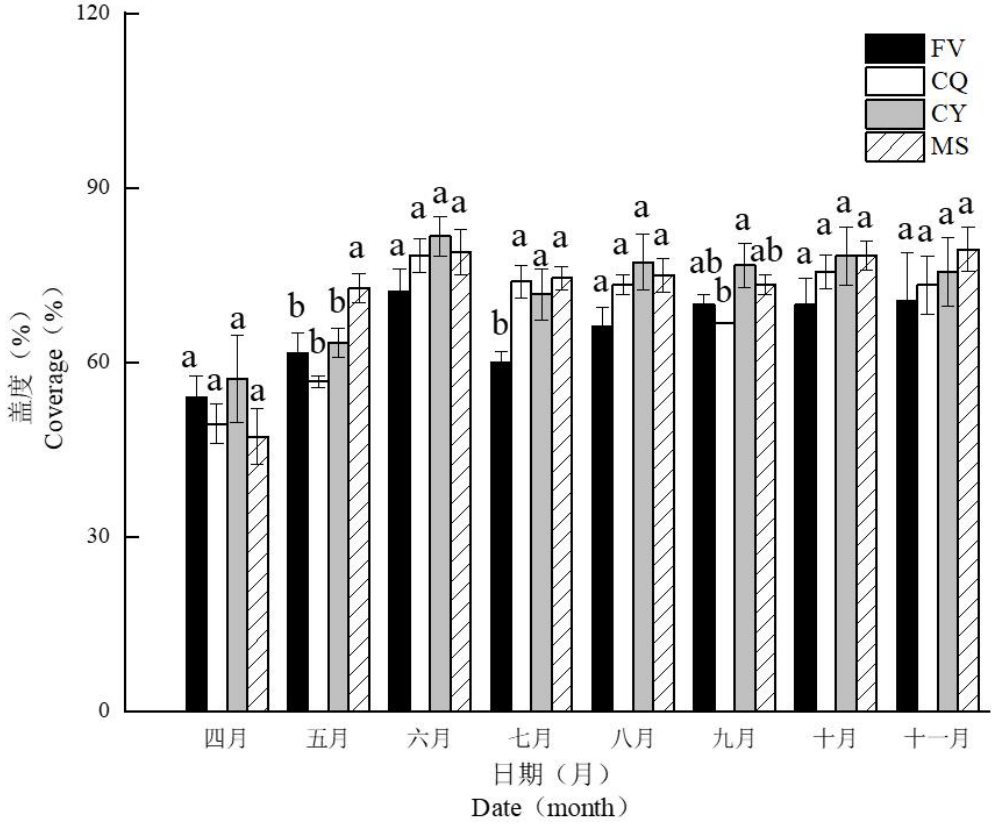



图 4 各种质草坪盖度的变化趋势

**Fig.4 The change trend of lawn coverage in different germplasm**

2.3.1.3 质地

由图 5 可知，4 月 FV 草坪叶片宽度最细，为 0.97 mm, 依次显著低于 CQ、CY、MS 的 54.11%、63.36%、64.39%（$P$<0.05），而 CQ、CY、MS 间差异不显著，为 1.50mm、1.59mm、1.60mm；在 5 月时 FV 最细，为 0.90mm，显著低于 CY 的 217.72%（$P$<0.05），低于 CQ、MS 但不显著；在 6 月时 FV 显著低于 CY、MS 的 67.23%、67.50%（$P$<0.05）；7 月 FV 草坪质地显著低于 CQ、CY、MS 的 40.13%、57.98%、58.61%（$P$<0.05），而 CQ、CY、MS 间差异不显著，为 0.73mm、0.83mm、0.83mm；8 月 FV、CQ 显著低于 CY、MS 的 39.36%-57.15%（$P$<0.05）；在 9 月、10 月时，各品种无显著差异，依次为 0.60mm、0.81mm、1.01mm、0.99mm；0.41mm、0.74mm、0.94mm、0.81mm；在 11 月时 FV 较 MS 显著低出 143.99%（$P$<0.05），低于 CQ、CY 但不显著。

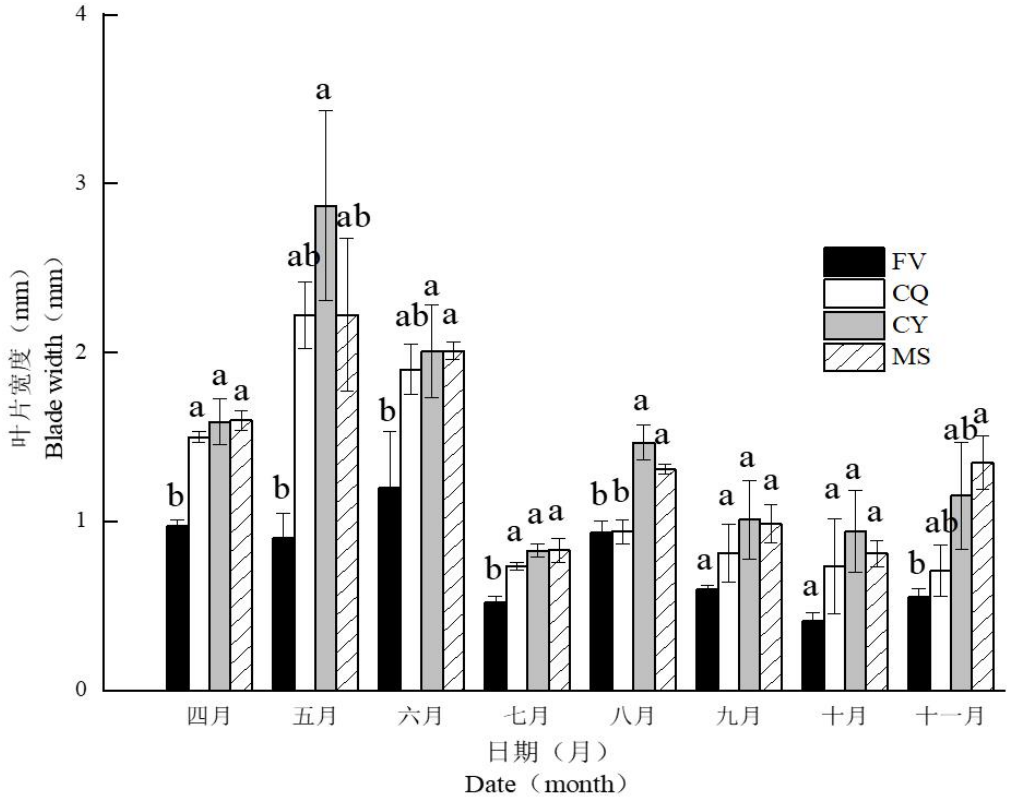



图 5 各品种草坪质地的变化趋势

**Fig. 5 The change trend of lawn texture in different varieties (strains)**

### 2.3.2 坪用性评价

表 4 看出，4 月时，FV 的色泽评分显著高于 CY149.70%（$P$<0.05），与 CQ、MS 无显著差异，而各种质的密度、均一性、盖度、质地、抗旱、抗寒、杂草危害之间无显著差异，从综合评价值看出 FV 显著高于 CQ、CY 的 12.65%、12.91%（$P$<0.05）；5 月时，MS 的盖度评分最高，为 4.00，显著高于 FV、CQ、CY 的 100.00%、166.67%、52.09%（$P$<0.05），FV 的杂草危害评分显著高于 CY35.01%，与 CQ、MS 无显著差异，从综合评价值看出 MS 显著高于 CQ、CY 的 12.74%、9.66%（$P$<0.05），与 FV 无显著差异；6 月时，FV 密度评分显著高于 CQ、CY 的 42.89%、29.18%（$P$<0.05），与 MS 无显著差异，FV 杂草危害评分显著高于 CY、MS 的 19.00%、19.00%（$P$<0.05），与 CQ 无显著差异，从综合评价值看出 CY 显著高于 CQ 的 6.26%（$P$<0.05），与 FV、MS 无显著差异；7 月时，CY 的密度评分最高，为 4.30，显著高于 FV、CQ、MS 的 34.48%、38.71%、37.38%（$P$<0.05），FV 的盖度评分最低，为 1.77；8 月时，各品种各指标间无显著差异；9 月时，CY 盖度评分显著高于 CQ 的 91.54%（$P$<0.05），而其余指标无显著差异； 10 月时，FV 综合评价值显著低于 CQ、CY、MS 的 8.30%、10.07%、11.13%（$P$<0.05）；11 月时，MS 综合评价值显著高于 FV、CQ 的 14.66%、11.75%（$P$<0.05）。从全年均值上看，FV、CQ 的杂草危害评分显著高于 CY 的 10.85%、9.15%（$P$<0.05），与 MS 无显著差异，而各品种其余指标间无显著差异，从全年的综合评价值均值看出，从高到底依次为：MS、CY、CQ、FV。

表 4 4 月-11 月草坪坪用性综合评价

Table 4 Comprehensive evaluation of turf field usability from April to November

| 月份 Month | 品种(系) Variety (strain) | 密度 DE | 均一性 HO | 色泽 COL | 盖度 COV | 质地 TE | 抗旱 FD | 抗寒 FC | 杂草危害 WH | 综合评价值 Composite indexes |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| | FV | 2.30a | 6.50a | 4.17a | 1.67a | 8.97a | 9.00a | 9.00a | 7.00a | 4.81±0.10a |

| | | | | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| 4 | CQ | 2.43a | 5.50a | 2.20ab | 1.00a | 8.90a | 9.00a | 9.00a | 6.67a | 4.27±0.09b |
| 月 | CY | 2.37a | 5.50a | 1.67b | 2.17a | 8.90a | 9.00a | 9.00a | 6.00a | 4.26±0.10b |
| | MS | 2.33a | 6.17a | 3.17ab | 1.00a | 8.90a | 9.00a | 9.00a | 7.17a | 4.51±0.06ab |
| | FV | 3.03a | 6.67a | 4.33a | 2.00b | 8.93a | 9.00a | 9.00a | 8.33a | 5.03±0.04ab |
| 5 | CQ | 2.57a | 6.00a | 3.67a | 1.50b | 8.37a | 9.00a | 9.00a | 7.33ab | 4.63±0.44b |
| 月 | CY | 2.67a | 6.00a | 4.00a | 2.63b | 7.60a | 9.00a | 9.00a | 6.17b | 4.76±0.40b |
| | MS | 3.07a | 6.33a | 5.00a | 4.00a | 7.70a | 9.00a | 9.00a | 6.83ab | 5.22±0.11a |
| | FV | 6.33a | 6.67a | 4.67a | 3.87a | 8.87a | 9.00a | 9.00a | 8.33a | 5.94±0.10ab |
| 6 | CQ | 4.43b | 7.00a | 5.00a | 5.13a | 8.53a | 9.00a | 9.00a | 8.00ab | 5.75±0.13b |
| 月 | CY | 4.90b | 6.67a | 6.17a | 5.80a | 8.47a | 9.00a | 9.00a | 7.00b | 6.11±0.19a |
| | MS | 5.20ab | 6.67a | 5.67a | 5.23a | 8.47a | 9.00a | 9.00a | 7.00b | 6.01±0.12ab |
| | FV | 3.20b | 5.00a | 4.33a | 1.77b | 9.00a | 5.67a | 9.00a | 8.00a | 4.55±0.19a |
| 7 | CQ | 3.10b | 5.67a | 4.67a | 4.00a | 9.00a | 6.00a | 9.00a | 8.00a | 4.92±0.12a |
| 月 | CY | 4.30a | 5.00a | 5.83a | 3.80a | 9.00a | 5.33a | 9.00a | 7.33a | 5.24±0.69a |
| | MS | 3.13b | 5.33a | 6.33a | 4.40a | 9.00a | 5.33a | 9.00a | 7.00a | 5.20±0.23a |
| | FV | 4.17a | 5.67a | 5.33a | 2.90b | 8.97a | 6.33a | 9.00a | 7.67a | 5.19±0.18a |
| 8 | CQ | 3.87a | 7.00a | 5.33a | 4.33a | 8.87a | 7.33a | 9.00a | 8.00a | 5.49±0.07a |
| 月 | CY | 3.83a | 6.00a | 6.33a | 4.70a | 8.87a | 5.67a | 9.00a | 7.33a | 5.46±0.41a |
| | MS | 4.33a | 6.33a | 6.33a | 4.83a | 8.90a | 7.00a | 9.00a | 7.33a | 5.74±0.06a |
| | FV | 4.57a | 6.00a | 5.33a | 3.37ab | 9.00a | 7.33a | 9.00a | 7.67a | 5.45±0.34a |
| 9 | CQ | 4.53a | 7.00a | 5.67a | 2.60b | 8.97a | 8.00a | 9.00a | 8.00a | 5.60±0.06a |
| 月 | CY | 5.27a | 6.33a | 6.33a | 4.97a | 8.93a | 6.67a | 9.00a | 7.33a | 5.91±0.19a |
| | MS | 5.23a | 6.67a | 6.00a | 4.33ab | 8.83a | 7.33a | 9.00a | 7.33a | 5.86±0.20a |
| | FV | 3.83a | 6.67a | 6.00a | 3.30a | 9.00a | 9.00a | 9.00a | 8.00a | 5.66±0.21b |
| 10 | CQ | 5.07a | 7.33a | 6.00a | 4.87a | 8.93a | 9.00a | 9.00a | 8.00a | 6.13±0.06a |
| 月 | CY | 5.47a | 6.67a | 6.33a | 5.13a | 8.93a | 9.00a | 9.00a | 7.67a | 6.23±0.21a |
| | MS | 4.60a | 7.67a | 7.00a | 5.13a | 8.93a | 9.00a | 9.00a | 8.00a | 6.29±0.12a |
| | FV | 5.13a | 6.33a | 4.00a | 3.97a | 9.00a | 9.00a | 7.33a | 8.00a | 5.39±0.46b |
| 11 | CQ | 5.20a | 6.33a | 4.67a | 3.97a | 8.97a | 9.00a | 7.33a | 8.00a | 5.53±0.07b |
| 月 | CY | 5.27a | 6.00a | 5.33a | 4.87a | 8.83a | 9.00a | 7.00a | 8.00a | 5.69±0.24ab |
| | MS | 6.23a | 7.33a | 5.33a | 5.57a | 8.80a | 9.00a | 8.00a | 8.00a | 6.18±0.65a |
| | FV | 4.07a | 6.19a | 4.77a | 2.86a | 8.97a | 8.04a | 8.79a | 7.87a | 5.25±0.16a |
| 全 | CQ | 3.90a | 6.48a | 4.65a | 3.42a | 8.82a | 8.29a | 8.79a | 7.75a | 5.29±0.19a |
| 年 | CY | 4.26a | 6.02a | 5.25a | 4.26a | 8.69a | 7.83a | 8.75a | 7.10b | 5.46±0.24a |
| | MS | 4.27a | 6.56a | 5.60a | 4.31a | 8.69a | 8.08a | 8.88a | 7.33ab | 5.63±0.10a |

# 3 讨论

## 3.1 羊茅属种质成坪性及再生性

草坪建植成功的关键也在于养护管理，管理方法的正确、科学有助于草坪的健康成长[12]，修剪、施肥和浇水等措施时草坪管理的主要工作[13]。修剪草坪的时间，次数和强度都会对草坪的正常生长产生一定的影响。本研究表明，在大田条件下沟羊茅新品系（FV）的出苗天数显著低于梦神（MS）品种，而在成坪天数及绿色期上要显著高于梦神，这可能与其为乡土品种，并且在基础发芽率方面显著高于 MS 品种有关。本刈割实验的留茬高度为低茬（5cm）设计，研究结果表明随着刈割次数的增加，各羊茅属的再生速度皆

成显著降低趋势，这与张锋等[14]人的研究结果相同，包乌云等[15]认为留茬高度对老芒麦（*Elymus sibiricus*）再生草的就对生长率产生极显著影响，随着留茬高度的增加而上升。各羊茅属的再生生物量呈显著后降的趋势这与李月明[16]单次留茬高度对草地生物量有显著增加效果的结果相似。

### 3.2 羊茅属坪用性评价

草坪草的密度受其遗传基础的影响，也与草坪强度、耐践踏性、弹性等使用指标密切相关[17]，密度大的草坪耐践踏[18]。多年生黑麦草的分蘖能力较草地早熟禾和高羊茅强[19]。本研究中，MS（4.27）、CY（4.26）的密度较大，而 FV（4.07）、CQ（3.90）的密度较小，一般来说盖度大的草坪美观、均一、耐践踏。本研究中各羊茅属品种（系）盖度为（40%-90%），由于测定方式采用针刺法的机械盖度，机械盖度较低于投影盖度；叶片质地是表示草坪叶片的细腻程度，本研究 FV、CQ、CY 和 MS 的叶宽为 0.23mm-2.77mm、0.22mm-3.96mm、0.21mm-5.10mm、0.41mm-4.42mm，说明这些材料质地较好；在受到不良环境影响时，草坪与其他植物一样同样具有一定的抗逆性，主要表现在抗旱、抗寒、抗病虫害等。

根据与草坪坪用价值有关的多种指标对草坪质量进行评价时，某些指标对其评价的不利作用会被其他有利作用的指标所弥补特点，综合评价草坪质量的结果与实际情况是最接近的[152]。本研究中，各品种（系）在 4 月-11 月中的各指标差异不同，因此采用附分加权法对各草坪进行综合评价，将密度、均一性、色泽、盖度、质地、抗旱、抗寒及杂草危害程度的权重分别设为 0.2、0.1、0.2、0.1、0.1、0.1、0.1、0.1，最终得出 MS（5.63）评价最高， CY（5.46）、CQ（5.29）评价一般，FV（5.25）评价最低。

## 4 结论

FV 成坪天数显著高于 MS（$P$<0.05），与 CQ、CY 之间无显著差异；从绿色期看，FV（120d）显著高于 MS，与 CQ、CY 之间无显著差异；各品种（系）再生速度随时间延长呈降低趋势，再生生物量于 7 月达到最低后缓慢上升；五级九分值评分法表明，加权综合评价法得出各品系草坪的坪用性评价值为 MS 评价最好，而 FV 评价较差，CQ、CY 评价一般。

参献文献


[1] 刘及东,陈秋全,焦念智.草坪质量评定方法的研究[J]. 内蒙古农牧学院学报, 1999,(02): 49-53.

[2] 陈志一.草坪栽培管理[M].北京:中国农业出版社,1993:290-298.

[3] 黄春琼,刘国道,白昌军.11 个坪用狗牙根品种比较试验[J].中国草地学报,2017,39(04):22-26+40.

[4] 王咏琪,丁杰,卫宏健,等.狗牙根和结缕草草坪的模拟践踏与磨损拟合分析[J].草地学报, 2022, 30(10): 2701-2711.

[5] 连鹤娜,李春杰.不同栽培措施对醉马草坪用性状的影响[J]. 草业学报, 2022,31(06):178-188.

[6] 丁远华,李静,李芳传.几种冷季型草坪景在黔西北地区的引种试验[J].四川草原,2004,(12):34-35+57.

[7] 张珺,易自力.我国草坪业的发展现状、开发前景与措施[J].湖南农业科学,2001,(04):62-63.

[8] 古长标,郭成宝,唐泉等.17 个草坪草品种在南京地区的引种试验[J].草业科,1999,(06):46-49.

[9] 王亚莉,范宏伟,史洪中等.冷季型草坪草在信阳地区生态适应性研究[J].中国园林,2001,(02):79-81.

[10] 易帷中,李培英,孙宗玖,等.狗牙根混播冷型草坪草对其生长及坪用性的影响[J].新疆农业大学学报, 2020, 43(02): 90-100.

[11] 麦靖雯,武鑫,徐彦花,等.3 种冷季型草坪草建植的混合草坪比较与评价[J].广东农业科学, 2019, 46(7):46-52.

[12] 李春萍,刘平.炼油工业中水灌溉对草坪草生长的影响[J].新疆农业大学学,2005,(03):77-81.

[13] 戴其根,周兰胜,张国良等.践踏对草坪影响的研究进展[J].草业科学,2005,(10):102-106.

[14] 张锋,沈向磊,赵永涛等.优质强筋小麦漯麦 8 号的综合评价及利用前景分析[J].中国种,2009,(S1):72-74.

[15] 包乌云,赵萌莉,红梅等.刈割对人工草地产量和补偿性生长的影响[J].中国草地学,2015,37(05):46-51.

[16] 李月明,王成.不同播种深度对不同玉米品种种子活力的影响[J].种子,2019,38(02):30-36.

[17] 宋桂龙,徐泽荣.运动场草坪耐践踏性研究进展[J].四川草原,2004,(08):6-9.

[18] 胡利珍,关贤交,杨知建等.野生结缕草耐践踏性综合评价[J].南方农业学,2013,44(07):1120-1124.

[19] 解新明,周峰,赵燕慧等.多年生能源禾草的产能和生态效益[J].生态学报,2008,(05):2329-2342.

# 呼和浩特干旱雨养条件下 81 份燕麦种质资源适应性评价

田振东[1]，张弘[2]，王召明[1]，张跃华[1]，于玲玲[1]，彭新[2]

1.蒙草生态环境（集团）股份有限公司 内蒙古 呼和浩特 010000，2.内蒙古农业大学 内蒙古 呼和浩特 010000

作者简介：田振东（1997-），男，内蒙古乌兰察布人，硕士，主要从事燕麦育种研究。

通讯作者：王召明 （1969-），男，蒙草生态环境（集团）股份有限公司创始人，科研总负责人，第十四届全国人大代表。

基金：2023 年国家草业技术创新中心（筹）重大创新平台建设专项（CCPTZX2023B05）

**摘　要：**内蒙古地区为我国饲草生产大区之一，干旱及水资源缺乏是影响饲草生产的重要因素。为筛选适合干旱雨养条件的燕麦种质，采用相关分析、主成分分析、隶属函数分析、聚类分析等方法对国内外 81 份燕麦种质材料的农艺性状和生产性状进行综合评价。结果表明 ZX-1127 在干旱雨养条件下具有最高的生产性能，供试材料综合评价从高到低排序（排名前 10）：ZX-1127、蒙燕 1 号、甜燕 2 号、品 5、坝燕 7 号、五寨三分三、加燕 2 号、黑玫克、ZX-5046、大莜麦。

**关键词：**干旱雨养条件；燕麦；主成分分析；隶属函数分析

# Adaptability Evaluation of 81 Oat Germplasm Resources Under Drought and Rain-fed Conditions in Hohhot Area

TIAN Zhen-dong[1], ZHANG Hong[2], WANG Zao-ming[1],ZHANG Yue-hua[1], YU Ling-ling[1],PENG Xin[2]

1.Mengcao Ecological Environment (Group) Co., Ltd., 2.Inner Mongolia agricultural university

**Abstract:**Inner Mongolia is one of the largest forage production areas in China, and drought and lack of water resources are important factors affecting forage production. In order to screen oat germplasm suitable for drought and rain, correlation analysis, principal component analysis, membership function analysis and cluster analysis were used to comprehensively evaluate the agronomic and production traits of 81 oat germplasm materials at home and abroad. The results show that ZX-1127 has the highest production performance under the condition of drought and rain, and the comprehensive evaluation of the tested materials is ranked from high to low (top 10): ZX-1127, Mengyan 1, Tianyan 2, Pin 5, Bayan 7, Wuzhaisanfensan, Jiayan 2, Heimeike, ZX-5046, and Dayoumai。

**Key words:** Drought and rain-fed conditions; Oats; Principal component analysis; Membership function analysis

燕麦（*Avena sativa* L.）是禾本科燕麦属（*Avena* L.）一年生粮饲兼用作物，作为饲草具有良好的营养价值和家畜喜食的优点[1-2]。因其抗旱、耐寒、耐盐碱、耐贫瘠、适应性广等特点，广泛种植于我国西北、西南、华北等地区的冷凉、高寒地带的不同土壤上[3]。

近些年我国随着“草牧业”和“粮改饲”政策的实施，燕麦种植面积呈快速增长态势,内蒙古中西部地区作为我国燕麦种植的主要大区之一，干旱及水资源缺乏成为了饲草产业发展的重要影响因素[4]，同时也

存在着燕麦品种混杂并且产量低,国外引进品种种植表现参差不一的问题[5-6]。高志昊[7]通过主成分分析及隶属函数法对 26 份宁夏燕麦种质材料的抗旱能力进行了综合评价及分级，筛选出 1 级抗旱材料 3 个。赵祎伟等[8]通过隶属函数法对青海当地 8 个栽培燕麦品种进行综合评价，认为青海 444 是生产牧草的优质品种。王彦超[9]通过隶属函数法对新疆地区 21 个燕麦品种进行综合评价，认为爱沃是新疆石河子地区最适品种。目前鲜见内蒙古地区燕麦适应性评价及筛选。本试验通过主成分分析、隶属函数法对收集到的 81 份燕麦种质资源在呼和浩特市开展干旱雨养条件下适应性及生产性能评价，拟在为呼和浩特地区及类似气候区适合推广种植的燕麦品种和后续育种工作提供参考依据。

# 1 材料与方法

## 1.1 试验地概况

试验于 2022 年 5-9 月在内蒙古自治区呼和浩特市新城区生盖营蒙草种业中心试验田进行试验地各土层有机质含量平均为 25.2g/kg，属中性土壤，土壤类型为壤土。土壤各耕层养分含量等具体信息见附表 1。

## 1.2 试验材料

试验共收集国内外燕麦材料 81 份，详情见附表 2。

## 1.3 试验设计

试验采取完全随机区组设计，每份燕麦供试材料设 3 个生物学重复，每重复种植 1 个小区，每小区面积为 20m$^2$(4m×5m)。2022 年 4 月初进行机械整地开垄，于 4 月 30 日到 5 月 2 日以条播方式播种，行距 20cm，播深 2-3cm;每小区播种 15 行，各小区播种量为 10kg/亩。播种后浇水 1 次，后期不浇水，其它田间管理同大田管理。

## 1.4 指标测定

指标测定参照内蒙古自治区地方标准《燕麦田间试验记载规范》（DB15/T 164-2019）,具体方法如下。

株高(cm)：燕麦乳熟期，每小区随机挑选 10 株，测量绝对株高。

茎粗(mm)：燕麦乳熟期，每小区随机挑选 10 株用游标卡尺测量第一茎节处的茎粗。

旗叶叶长、叶宽(cm)：在乳熟期，每小区随机挑选不同燕麦单株的旗叶 10 片，测定每片叶的叶长(叶鞘到叶尖长度)及叶宽(叶片最宽处)。

干草产量(kg/hm$^2$)：乳熟期，每小区去除边际效应后随机选取 3 个 1m 样段，分别齐地刈割后称取鲜草重(g)，再取 1000g 左右小样装入纱网袋带回实验室自然条件下阴干后分别称其干草重(g)。

种子产量(kg/hm$^2$)：各小区在种子成熟期进行调查。选取长势均匀一致的 3 个 2m 样段，离地 5cm 刈割，在其中随机选取 10 株统计其小穗数(个);待样品风干后脱粒、清选，测定各小区的千粒重(g)并折算各种子产量。

观测不同燕麦种质资源的生育时期，并做好记录。包括播种期、出苗期、分蘖期、孕穗期、抽穗期、乳熟期和蜡熟期及完熟期。记录标准为 50%的植株到某一生育时期。

# 2 结果与分析

## 2.1 生产性能性状比较分析

植株高度既是衡量其生长发育状况的重要标准，也是反映草地生产能力的生产指标[11]。供试 81 个燕麦种质资源在乳熟期株高均低于 80cm（表 1），株高变化幅度在 34.4-73.1cm 之间，81 个种质资源平均株高为 57.73cm，变异系数为 14.59%，最高种质资源是最矮种质资源的 2.13 倍。株高大于 70cm 的种质资源有 3 个，占种质资源总数的 3.7%；乳熟期株高主要分布在 50-70cm 的种质资源有 67 个，占种质资源总数的 82.7%; 株高小于 50cm 的种质资源有 11 个，占种质资源总数的 13.6%。株高最高的是 ZX-5131(73.1cm)，株高最矮的是 ZX-1197(34.4cm)。

鲜草产量（理论产量）变异系数为 40.28%，供试材料鲜草产量取值范围为 25346-2751.38 kg/hm$^2$，其中鲜草产量最大的为 ZX-1127，与鲜草产量最低的 ZX-1197 相差约 9.2 倍。干草产量变化范围为 2001-7837.25kg/hm$^2$，其中干草产量最大的为品 5，与干草产量最低的 ZX-1197 相差约 4 倍。干草产量较鲜

草产量差异缩小，表明各品种间干物质积累量差异小于鲜草产量，且鲜草产量与干草产量排名不一致，例如鲜草产量最高的 ZX-1127 干草产量排名第 5，可见不同种质资源间存在干物质积累速率差异。在后期研究中，可深入研究其造成干物质积累速率的机理，对干草产量的提高具有指导意义。单从草产量分析得知，ZX-1127、品五、五寨三分三、甜燕 2 号等是产量较高的燕麦种质资源，较适宜在呼和浩特地区生产利用。籽粒产量变异系数在各指标中是最大的，达到 64.59%。变异系数表示性状离散程度，变异系数越大则表明性状离散程度越大[12]。证明参试材料在该性状上的差异最大，具有较广的遗传差异基础。种子产量最高的为 ZX-1127 与种子产量排名第二的坝燕 7 号相差约 2 倍，说明在生产性能上可以着重关注该材料。各指标单因素 ANOVA 分析结果均为极显著水平，说明了各材料各指标统计数据具有统计学意义，且供试材料的各指标均为极显著差异。

表 1　供试燕麦品种（系）各指标分析及单因素 ANOVA 分析

Table 1　Analysis of various indicators and single factor ANOVA analysis of tested oat varieties (lines)

| | 株高 Height (cm) | 鲜草产量 Fresh grass yield (kg/hm$^2$) | 干草产量 Hay yield (kg/hm$^2$) | 茎粗 Stem diameter (cm) | 叶长 Leaf length (cm) | 叶宽 Leaf width (cm) | 籽粒产量 Grain yield (kg/hm$^2$) | 千粒重 1000 Grain weight (g) | 小穗数 Spikelet number |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| 最大值 Maximum value | 73.10 | 25346 | 7837.25 | 3.87 | 13.87 | 1.42 | 7733.21 | 40.57 | 30.10 |
| 最小值 Minimum value | 34.40 | 2751.38 | 2001 | 1.06 | 4.96 | 0.51 | 231.83 | 13.07 | 6.10 |
| 平均值 Average value | 57.77 | 12049.44 | 4291.24 | 2.60 | 9.09 | 0.87 | 1751.98 | 25.24 | 13.74 |
| 标准差 Standard deviation | 8.43 | 4853.56 | 1055.44 | 0.5 | 1.89 | 0.19 | 1131.53 | 6.75 | 3.44 |
| 变异系数 Coefficient of variation | 14.59% | 40.28% | 24.60% | 19.23% | 20.81% | 22.03% | 64.59% | 26.72% | 25.01 |
| F 值 F value | 61.191** | 10.402** | 6.372** | 13.991** | 29.779** | 13.636** | 31.800** | 22.183** | 5.521** |

注：*代表 $P<0.05$，**代表 $P<0.01$。

Note:* representative $P<0.05$，** representative $P<0.01$.

## 2.2 各性状相关性分析

对 9 个指标进行相关性分析。结果（表 5）表明，不同指标间存在不同程度的相关性，且大多指标均呈现出显著（$P<0.05$）或极显著($P<0.01$)相关关系。籽粒产量与株高呈显著正相关关系其余指标呈极显著正相关关系，其中与千粒重的相关关系最大；千粒重仅与籽粒产量呈极显著正相关关系；鲜草产量与除千粒重外其余指标均呈极显著或显著正相关，其中与干草产量正相关性最强；干草产量与小穗数、千粒重呈正相关关系，但不显著，与其它指标呈极显著或显著相关；株高与除千粒重外的其它指标均呈极显著正相关；叶长、叶宽除千粒重外与其它指标呈极显著正相关关系，其中与株高的相关关系最大。由此可以看出，各指标间相关性复杂，有必要通过主成分分析来简化指标，寻求影响燕麦生产性能的主要指标。

**表 2　9 个性状相关分析表**

Table 2　9 Personality related analysis table

| | 株　高 Height | 鲜草产量 Fresh grass yield | 干草产量 Hay yield | 茎粗 Stem diameter | 叶长 Leaf length | 叶宽 Leaf width | 籽粒产量 Grain yield | 千粒重 1000 Grain weight | 小穗数 Spikelet number |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| 株高 Heigh | 1 | 0.516** | 0.504** | 0.454** | 0.583** | 0.522** | 0.259* | -0.071 | 0.504** |
| 鲜草产量 Fresh grass yield | | 1 | 0.854** | 0.312** | 0.402** | 0.361** | 0.410** | 0.009 | 0.249* |
| 干草产量 Hay yield | | | 1 | 0.318** | 0.377** | 0.362** | 0.415** | 0.045 | 0.217 |
| 茎粗 Stem diameter | | | | 1 | 0.449** | 0.310** | 0.402** | 0.137 | 0.436** |
| 叶长 Leaf length | | | | | 1 | 0.635** | 0.353** | 0.201 | 0.444** |
| 叶宽 Leaf width | | | | | | 1 | 0.319** | 0.214 | 0.327** |
| 籽粒产量 Grain yield | | | | | | | 1 | 0.478** | 0.288** |
| 千粒重 1000 Grain weight | | | | | | | | 1 | 0.138 |
| 小穗数 Spikelet number | | | | | | | | | 1 |

注：*代表 $P<0.05$，**代表 $P<0.01$。

Note:* representative $P<0.05$，** representative $P<0.01$.

## 2.3 主成分分析

对 9 个指标进行标准化处理，以旋转后的因子载荷矩阵和起始特征值大于 1 为标准，

得到 FAC1、FAC2、FAC3 共 3 个公因子（表 3），累计贡献率为 71.807%，代表 3 个主成分因子可以反映 9 个指标 71.809%的信息。各因子选取旋转元件中载荷大于 0.7 的指标，第一主成分的贡献率为 30.98%，主要由株高、叶长、小穗数构成，主要反映了植物的生长形态，称为形态因子；第二主成分贡献率为 24.043%，主要由鲜草产量及干草产量构成，主要反映了样本的草产性能，称为草产量因子；第三主成分贡献率为 16.784%，主要由籽粒产量及千粒重构成，主要反映了样本的籽粒产量性能，称为籽粒产量因子。综合 3 个主成分分析结果，燕麦的形态因子、草产量性能、籽粒产量性能，可作为燕麦干旱雨养条件下评价其综合性能的综合指标。

**表 3　旋转后的因子载荷矩阵和方差贡献率**

Table 3　Factor load matrix and variance contribution rate after rotation

| 变量 variable | FAC1 | FAC2 | FAC3 |
|---|---|---|---|
| 株高　Heigh | 0.751 | 0.422 | -0.173 |
| 鲜草产量　Fresh grass yield | 0.240 | 0.917 | 0.056 |
| 干草产量　Hay yield | 0.213 | 0.922 | 0.091 |
| 茎粗　Stem diameter | 0.644 | 0.171 | 0.197 |
| 叶长　Leaf length | 0.777 | 0.225 | 0.166 |
| 叶宽　Leaf width | 0.666 | 0.236 | 0.184 |
| 籽粒产量　Grain yield | 0.256 | 0.386 | 0.732 |
| 千粒重　1000 Grain weight | 0.084 | -0.101 | 0.909 |
| 小穗数　Spikelet number | 0.767 | -0.006 | 0.079 |
| 特征值　Eigenvalue | 2.788 | 2.164 | 1.511 |
| 贡献率（%）　Contribution rate（%） | 30.980 | 24.043 | 16.784 |
| 累计贡献率（%） Accumulated contribution rate（%） | 30.980 | 55.023 | 71.807 |

## 2.4　隶属函数综合评价

采用隶属函数法对各指标进行综合分析，根据计算出 81 份材料分别在 3 个主成分下的隶属函数值，见附表 3。对于综合指标主成分 2 来说品 5 材料隶属函数值最大为 1.000，ZX-1187 的隶属函数值最小为 0.000，表明在综合指标主成分 2 下品 5 的草产量因子远远大于 ZX-1187；对于综合指标主成分 3 来说，ZX-1127 的隶属函数值最大为 1.000，ZX-5131 隶属函数值最小为 0.000，表明综合指标主成分 3 下 ZX-1127 的种子产量因子远远高于 ZX-5131，表明 ZX-1127 的综合种子产量表现最好。进一步结合 3 个主成分的贡献率，根据公式计算出 3 个主成分的权重，分别为 0.431、0.335、0.234。最后利用公式计算出材料干旱雨养条件下产量性状综合排名，排名前 10 的材料分别为 ZX-1127、蒙燕 1 号、甜燕 2 号、品 5、坝燕 7 号、五寨三分三、加燕 2 号、黑玫克、ZX-5046、大莜麦。

## 2.6　聚类分析

使用 HIPLOT PRO（https://hiplot.com.cn/cloud-tool/drawing-tool/detail/208），通过 3 个综合主成分因子，聚类方法采用 complete，距离采用 euclidean，将 81 份材料聚为 3 大类（图 1）。

第一大类共 2 份材料，分别为蒙燕 1 号、ZX-1127，3 个主成分的平均值较其它 2 个大类均较高（表 4），且综合主成分 3 的值均大于其它材料，说明该大类材料在干旱雨养条件下具

有较好的籽粒综合产量。

第二大类共 10 份材料，综合主成分 1 的平均值最低，最小值最小，说明该大类材料在综合主成分 1 中是最低的，说明其综合表型因子在这些材料中是最差的，且综合主成分 2 平均值最低，说明该大类材料在这 81 个材料中综合表现最差。

第三大类共 69 份材料，综合主成分 2 最高值分布于这个大类内，但综合主成分 3 中的最小值也位于该组，且平均值最低，说明该大类材料具有较低的籽粒产量因子。该大类资源丰富，可作为后期育种参考材料。

**图 1　基与主成分分析的聚类分析图**

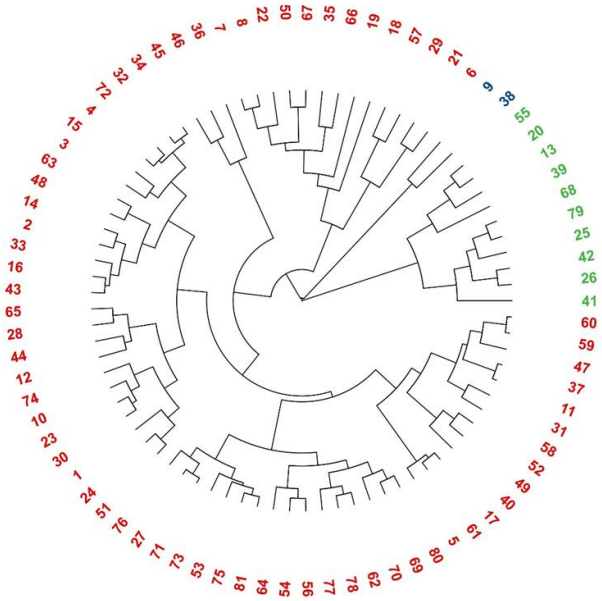


Figure 1　Cluster analysis of basis and principal component analysis

**表 4 各聚类综合主成分因子统计分析**

Table 4　Statistical Analysis of Comprehensive Principal Component Factors for Each Cluster

| 聚类 Cluster | 主成分 Principal component | 最小值 Minimum value | 最大值 Maximum value | 平均值 Average value | 标准差 Standard deviation |
|---|---|---|---|---|---|
| | 1 | 1.473 | 1.494 | 1.484 | 0.011 |
| 1 | 2 | 1.057 | 2.099 | 1.578 | 0.521 |
| | 3 | 2.241 | 3.194 | 2.717 | 0.477 |
| | 1 | -2.42 | -1.380 | -1.799 | 0.349 |
| 2 | 2 | -1.61 | 0.680 | -0.430 | 0.725 |
| | 3 | -0.54 | 1.010 | 0.276 | 0.506 |
| | 1 | -1.71 | 1.940 | 0.218 | 0.756 |
| 3 | 2 | -1.65 | 2.650 | 0.017 | 0.999 |
| | 3 | -1.96 | 1.540 | -0.119 | 0.945 |

## 3　讨论

内蒙古作为我国饲草生产的主要大区之一，水资源却是制约该地区农业持续发展的主要因素[13]。呼和浩特位于内蒙古自治区中南部、地处东经 111°46、北纬 40°53′，海拔 1103m，

常年干燥，属北方半干旱区域。因此筛选该区域干旱雨养条件下适宜的燕麦品种对指导该地区燕麦生产具有实际意义。

据报道,同一牧草不同品种的产量性状差异很大,其适应性和产量也有明显不同[19]。本试验中供试的 81 个燕麦种质资源草产量及种子产量均具有极显著差异且其变化幅度较大。其中品系 ZX-1127 的鲜草产量与籽粒产量均最高，在该地区干旱雨养条件下具有较好的生产性能。本试验中这两个性状极显著相关，这与赵宁[19]，蔡丽艳[20]报道的结果一致。

种质资源是优良基因的载体，因此对种质资源进行全面准确的评价尤为重要。资源评价的指标各有不同,且各项指标之间存在着一定的线性关系,使得代表的信息之间出现交叉或重叠[21]。本研究采用主成分分析、隶属函数法和聚类分析对干旱雨养条件下 81 份燕麦种质资源开展生产性能评价，并采用逐步回归的方法建立干旱雨养条件下燕麦生产性能综合评价模型。该方法以广泛应用于玉米[22-23]，水稻[24-25]，小麦[26-27]，马铃薯[28-29]等作物上。南铭等通过遗传多样性分析、主成分分析结合二维排序综合分析筛选出适宜黄土高原半干旱区的 8 个饲用燕麦[30]。史京京等采用主成分分析和聚类分析筛选出 5 个适合在黑龙江西部地区种植的饲用燕麦[31]。蔺豆豆等通过主成分分析、隶属函数法筛选出 3 份苗期抗旱性较强的燕麦材料[32]。本试验中筛选出较适合干旱雨养条件下呼和浩特地区及相同生态区种植的饲用燕麦 2 个，分别是蒙燕 1 号、ZX-1127。

## 4 结论

（1）ZX-1127 在干旱雨养条件下具有最高的生产性能。

（2）供试材料综合评价从高到低排序（排名前 10）：ZX-1127、蒙燕 1 号、甜燕 2 号、品 5、坝燕 7 号、五寨三分三、加燕 2 号、黑玫克、ZX-5046、大莜麦。

参考文献

[1] 李志强.燕麦干草质量评价[J].中国奶牛,2013(19):1-3.

LI zhiqiang. Quality evaluation of oat hay[J]. China Cows, 2013(19):1-3.

[2] 张成君,任生兰,边芳,等.陇中黄土高原半干旱区 9 个燕麦品种籽粒产量及其营养价值研究[J].草地学报,2022,30(11):3082-3089.

ZHANG chengjun, REN shenglan, BIAN fang, et al. Study on grain yield and nutritional value of 9 oat varieties in semi-arid area of Loess Plateau in central Gansu Province[J/OL]. Acta Agrestia Sinica:1-9[2022-11-11].

[3] 赵桂琴,慕平,魏黎明.饲用燕麦研究进展[J].草业学报,2007(04):116-125.

ZHAO guiqin, MU ping, WEI liming. Research progress of forage oats[J]. Journal of Prataculture, 2007(04):116-125

[4] 郭婷,薛彪,白娟,孙启忠.刍议中国牧草产业发展现状——以苜蓿、燕麦为例[J].草业科学,2019,36(05):1466-1473.

GUO tin, XUE biao, BAI juan, SUN qizhong. On the Development Status of Forage Industry in China-Take alfalfa and oats as examples[J]. Grassland Science, 2019, 36(5).

[5] 姜慧新,柏杉杉,吴波,等.22 个燕麦品种在黄淮海地区的农艺性状与饲草品质综合评价[J].草业学报,2021,30(01):140-149.

JIANG huixin, BAI shanshan, WU bo, et al.Comprehensive evaluation of agronomic characters and forage quality of 22 oat varieties in Huang-Huai-Hai area[J]. Journal of Prataculture, 2021,30(01):140-149.

[6] 叶文兴,石凤翎,赵萌莉,等.适宜内蒙古中西部地区饲用燕麦品种筛选[J].中国草地学报,2022,44(03):66-71.

YE wenxing, SHI fengling, ZHAO mengli, et al. Selection of oat varieties suitable for feeding in central and

western Inner Mongolia[J]. Journal of China Grassland, 2022,44(03):66-71.
[7] 高志昊.饲用型燕麦种质材料抗旱性评价与耐旱型品种筛选[D].宁夏大学,2022.
GAO zhihao. Evaluation of drought resistance of forage oat germplasm materials and screening of drought-tolerant varieties[D]. Ningxia University, 2022.
[8] 赵祎伟,马祥,张然,等.青海东部农区高产优质燕麦品种筛选[J].草业科学,2020,37(03):532-541.
ZHAO qiwei, MA xiang, ZHANG yan, et al. Screening of oat varieties with high yield and high quality in eastern agricultural areas of Qinghai Province[J]. Grassland Science, 2020,37(03):532-541.
[9] 王彦超.新疆石河子地区燕麦品种筛选试验研究[D].石河子大学,2020.
WANG yanchao. Experimental study on screening oat varieties in Shihezi area, Xinjiang[D]. Shihezi University, 2020.
[10] 张成君,任生兰,边芳,等.陇中黄土高原半干旱区 9 个燕麦品种籽粒产量及其营养价值研究[J].草地学报,2022,30(11):3082-3089.
ZHANG chengjun, REN shenglan, BIAN fang, et al. Study on grain yield and nutritional value of 9 oat varieties in semi-arid area of Loess Plateau in central Gansu Province[J]. Acta Agrestia Sinica, 2022, 30(11): 3082-3089.
[11] 张光雨,马和平,邵小明,等.西藏河谷区 9 个引进燕麦品种的生产性能和营养品质比较研究[J].草业学报,2019,28(05):121-131.
ZHANG guangyu, MA heping, SHAO xiaoming, et al. Comparative study on production performance and nutritional quality of 9 imported oat varieties in the valley of Tibet[J]. Journal of Prataculture, 2019, 28(5): 121-131.
[12] 王寒冬,张波,陈文杰,等.青海小麦品种的种子表型性状分析[J].麦类作物学报,2015,35(04):471-478.
WANG handong, ZHANG bo, CHEN wenjie, et al. Analysis of seed phenotypic characteristics of wheat varieties in Qinghai Province [J]. Journal of Triticeae Crops, 2015,35(04):471-478.
[13] 谢贤群.我国北方地区农业生态系统水分运行及区域分异规律研究的内涵和研究进展[J].地球科学进展,2003(03):440-446.
XIE xianqun. Connotation and research progress of water movement and regional differentiation law of agro-ecosystem in northern China[J]. Advances in Earth Science, 2003(03):440-446.
[14] 郑曦,魏臻武,武自念,等.不同燕麦品种(系)在扬州地区的适应性评价[J].草地学报,2013,21(02):272-279.
ZHEN xi, WEI zhenwu, WU zinian, et al. Adaptability evaluation of different oat varieties (lines) in Yangzhou area [J]. Acta Agrestia Sinica, 2013,21(02):272-279.
[15] 耿小丽,韩天虎,张少平,等.30 个燕麦品种(品系)在甘肃天祝地区的适应性评价[J].草地学报,2019,27(06):1743-1750.
GEN xiaoli, HAN tianhu, ZHANG shaoping, et al. Adaptability evaluation of 30 oat varieties (strains) in Tianzhu area of Gansu Province[J]. Acta Agrestia Sinica, 2019,27(06):1743-1750.
[16] 赵鸿,肖国举,王润元,等.气候变化对半干旱雨养农业区春小麦生长的影响[J].地球科学进展,2007,(03):322-327.
ZHAO hong, XIAO guoju, WANGrunyuan, et al. Effects of Climate Change on the Growth of Spring Wheat in Semi-arid Rain-fed Agricultural Areas[J]. Advances in Earth Science, 2007(03):322-327.
[17] 任春燕,梁国玲,刘文辉,等.青藏高原高寒地区早熟燕麦资源筛选和适应性评价[J].草业学报:1-14.
REN chunyan, LIANG guoling, LIU wenhui, et al. Screening and adaptability evaluation of early-maturing oat resources in alpine region of Qinghai-Tibet Plateau[J/OL]. Journal of Prataculture, 1-14[2023-05-11].
[18] 柴继宽.燕麦在甘肃不同生态区域的适应性、生产性能及品质研究[D].甘肃农业大学,2009.
CAI jikuan. Study on adaptability, production performance and quality of oats in different ecological regions of Gansu Province[D]. Gansu Agricultural University, 2009.
[19] 赵宁,赵秀芳,赵来喜,等.不同燕麦品种在坝上地区的适应性评价[J].草地学报,2009,17(01):68-73.

ZHAO ning, ZHAO xiufang, ZHAO laixi, et al. Adaptability evaluation of different oat varieties in Bashang area[J]. Acta Agrestia Sinica, 2009,17(01):68-73.
[20] 蔡丽艳,宋志萍,徐静,等.18 份燕麦属牧草种质材料的鉴定与评价[J].中国草地学报,2007,(04):21-27.
CAI liyan, SONG zhiping, XU jing, et al. Identification and evaluation of 18 oat forage germplasm materials[J]. Journal of China Grassland, 2007,No.157(04):21-27.
[21] 张静,高文博,晏林,等.燕麦种质资源耐盐碱性鉴定评价及耐盐碱种质筛选[J].作物学报,2023,49(06):1551-1561.
ZHANG jing, GAO wenbo, YAN lin, et al. Identification and evaluation of salt and alkali tolerance of oat germplasm resources and screening of salt and alkali tolerance germplasm[J]. Journal of Crop Science, 2023,49(06):1551-1561.
[22] 龚政.不同玉米苗期抗涝性的综合评价[D].安徽农业大学,2022.
GONG zheng. Comprehensive evaluation of waterlogging resistance of different maize seedlings[D]. Anhui Agricultural University, 2022.
[23] 宋旭东,朱广龙,张舒钰,等.长江中下游地区糯玉米花期耐热性鉴定及评价指标筛选[J].作物学报:1-15.
SONG xudong, ZU guanglong, ZHANG shuyu, et al. Identification and evaluation index screening of heat resistance of waxy corn at flowering stage in the middle and lower reaches of the Yangtze River[J/OL]. Journal of Crop Science: 1-15[2023-07-28]
[24] 李其勇,朱从桦,李星月,等.水稻芽期抗旱性综合评价及鉴定指标鉴选[J].西北农业学报,2023,32(01):18-32.
LI qiyong, ZU congye, LI xingyue, et al. Comprehensive evaluation and identification index selection of drought resistance in rice bud stage[J]. Journal of Northwest Agriculture, 2023,32(01):18-32.
[25] 季新,肖迪,张佳会,等.特种稻种质资源耐盐性综合评价及耐盐种质筛选[J].种子,2023,42(05):110-117..DOI:10.16590/j.cnki.1001-4705.2023.05.110.
JI xin, XIAO di, ZHANG jiahui, et al.Comprehensive evaluation of salt tolerance of special rice germplasm resources and screening of salt-tolerant germplasm[J]. Seed, 2023,42(05):110-117.
[26] 王伟伟,王伟,邹景伟,等.小麦耐盐性综合评价方法的研究进展[J].现代农业研究,2022,28(07):111-113..DOI:10.19704/j.cnki.xdnyyj.2022.07.046.
WANG weiwei, WANG wei, ZOU jingwei, et al. Research progress on comprehensive evaluation methods of salt tolerance of wheat[J]. Modern Agricultural Research, 2022,28(07):111-113.
[27] 王兴州,时晓磊,张恒,等.引进春小麦品种萌发期耐盐性鉴定及评价[J].新疆农业科学,2023,60(06):1353-1362.
WANG xingzhou, SHI xiaolei, ZHANG heng, et al.Identification and evaluation of salt tolerance of introduced spring wheat varieties at germination stage[J]. Xinjiang Agricultural Science, 2023,60(06):1353-1362.
[28] 徐晓,杨梦颖,满全财,等.195 份马铃薯种质资源表型性状综合评价[J].核农学报,2023,37(09):1710-1722.
XU xiao, YANG mengying, MAN quancai, et al.Comprehensive evaluation of phenotypic traits of 195 potato germplasm resources[J]. Journal of nuclear agronomy, 2023,37(09):1710-1722.
[29] 王鹏,李芳弟,郭天顺,等.基于主成分分析、相关性分析和隶属函数法对 22 个马铃薯品种的综合评价[J].中国瓜菜,2023,36(07):78-87.
WANG peng, LI fangdi, GUO tianshun, et al. Comprehensive evaluation of 22 potato varieties based on principal component analysis,correlation analysis and membership function method[J]. China Cucurbits and Vegetables, 2023,36(07):78-87.
[30] 南铭,赵桂琴,柴继宽.黄土高原半干旱区饲用燕麦种质表型性状遗传多样性分析及综合评价[J].草地学报,2017,25(06):1197-1205.
NAN ming, ZHAO guiqin, CAI jikuan. Genetic diversity analysis and comprehensive evaluation of phenotypic

traits of forage oat germplasm in semi-arid region of Loess Plateau[J]. Acta Agrestia Sinica, 2017,25(06):1197-1205.
[31] 史京京,薛盈文,郭伟,等.黑龙江西部地区引进的饲用燕麦种质资源遗传多样性分析及综合评价[J].南方农业学报,2019,50(03):515-523.
SHI jingjing, XUE yingwen, GUO wei, et al. Genetic diversity analysis and comprehensive evaluation of forage oat germplasm resources introduced from western Heilongjiang Province[J]. Journal of South China Agriculture, 2019,50(03):515-523.
[32] 藺豆豆,赵桂琴,琚泽亮,等.15 份燕麦材料苗期抗旱性综合评价[J].草业学报,2021,30(11):108-121.
LIN doudou, ZHAO guiqin, JU zeliang, et al. Comprehensive evaluation of drought resistance of 15 oat materials at seedling stage[J]. Journal of Prataculture, 2021,30(11):108-121.

# 利用新麦草回交群体定位分蘖相关性状 QTL

常宇冬[1]，云岚[1*]，高志琦[1]，李珍[1]，马迎梅[1]，韩峰[43]

（1 内蒙古农业大学 草原与资源环境学院，呼和浩特 010011）

**摘要：**新麦草是一种具有饲用价值的牧草，分蘖数是影响新麦草（*Psathyrostachys juncea*）饲草产量的重要性状之一。为了找到控制新麦草分蘖相关性状的基因，基于前期构建的遗传连锁图谱。对 $BC_1F_1$ 群体的分蘖相关性状进行表型数据测定，进行 QTL 分析。169 株回交群体单株分蘖相关性状的表型数据的分布频率大致接近正态分布，符合 QTL 定位要求。对株高、分蘖数、基丛径和生殖枝数 4 个表型 QTL 定位，共检测到 1 个株高 QTL，8 个分蘖数 QTL，6 个基丛径 QTL，1 个生殖枝数 QTL。

**关键词：**新麦草；分蘖相关性状；QTL 定位

新麦草（*Psathyrostachys juncea*），又名俄罗斯野黑麦（Russian Wildrye），是禾本科（Gramineae）小麦族（*Triticeae*）新麦草属（*Psathyrostachys*）牧草，是新麦草属唯一具有饲用价值的物种，野生种质具有稳定二倍性（2n=14，NsNS）[1-2]。我国野生种主要分布在新疆天山以北、西藏以及内蒙古中西部，具有分蘖多，叶量大，抗寒，耐旱，耐牧、耐盐碱，粗蛋白含量较高等优良特性，是我国北方地区人工种草、退耕还草和生态建设的优选草种[3]。从遗传改良的角度来看，新麦草具有丰富的表型和遗传多样性，具有通过杂交改良的潜力[4-5]。由于新麦草染色体倍性水平较低，所以适合开展基因挖掘研究，为近缘的麦类作物提供优异基因资源。

数量性状座位( Quantitative trait locus，QTL)定位能有效结合基因型与表型来鉴定植株性状，显著提高选择的准确性和育种的高效性，已在植物育种方面得到广泛应用[6]。Jiang 等[7]分析紫花苜蓿（*Medicago sativa*）春季再生长数量，并对相关性状进行 QTL 定位分析。为解析紫花苜蓿遗传规律，培育新品种提供理论依据。利用 SNP 分子标记和微卫星构建连锁图谱已经有很多报道[8]， Liu 等[9]结合转录组 QTL 分析对沙柳 （*Salix cheilophila*）的株高、胸径等性状进行了初步定位，在 6 条染色体上鉴定出 6 个与株型相关的 QTL 位点。本研究利用基于新麦草 F1 代群体绘制的遗传图谱，通过对回交群体进行性状测定并进行 QTL 定位。

## 1 材料与方法

### 1.1 供试材料

本研究选用内蒙古农业大学育成品种蒙农 4 号（MN-27-3）单株为父本，以新疆野生型（Xj-htb-3）材料单株为母本。杂交获得 F1 代群体，共 147 株可育单株。以蒙农 4 号单株编号为 27-3 为轮回亲本，选用开花时间与亲本接近的 F1 代单株编号为 14-4 的单株分别与亲本进行回交，采用套袋隔离和控制授粉方法，开花期人工授粉 5 次，成熟期回收母本上所有种子，记为 BC1FH14-4 群体。统计最终 BC1F1 代种子收获情况。收获种子于同年

基金项目：国家自然科学基金面上项目 32371762；内蒙古自治区自然科学基金重点项目 2023ZD07；内蒙古自治区种业创新重大示范工程揭榜挂帅项目（2022JBGS00400303）。

作者简介：常宇冬（1998—），男，在读研究生，主要从事草种质资源与育种研究。Email：359734476@qq.com

*通讯作者：云岚，教授，博士生导师，主要从事牧草种质资源与育种研究。Email：yunlan@imau.edu.cn

10 月份进行温室育苗，次年 5 月份移栽到田间。

### 1.2 测定指标和方法

试验地位于内蒙古自治区呼和浩特市赛罕区内蒙古农业大学新校区牧草实验站，属温带大陆性气候，年平均气温为 6.7℃ 平均年较差为 34.4 ℃～35.7 ℃ ，年平均降水 400 mm 左右。土壤为砂质栗钙土，pH 值 7.0 左右，肥力适中。小区面积 30 $m^2$，行距 50 cm，株距 50 cm，采用常规水肥管理措施。

于田间对 169 株回交群体的株高（Plant height, PH）、分蘖数（Tiller number，TN）、基丛径（Basal diameter，BD）、生殖枝数（Reproductive tiller number,RTN）等 4 个性状进行连续观测，每个农艺性状测定各 5 次生物学重复，取平均值。采用 MapQTL6.0 软件进行 QTL 定位。

### 1.3 数据统计与分析

对株高等 4 个性状进行分析，利用 Origin2021 软件进行频度分析。应用 Map QTL 6.0 软件，采用区间作图法对表型性状进行 QTL 分析和作图。

QTL 命名：q+T(目标性状)+ “-” +所在连锁群。如果同一连锁群包含同一目标性状的多个 QTL 位点，在染色体编号后用“-” + “数字”表示 QTL 数量，QTL 全名通常以斜体表示[10]，表型变异解释率大于 10%的 QTL 为主效 QTL。

## 2 结果与分析

### 2.1 回交群体分蘖相关性状的频度分析统计

通过对株高等 4 个分蘖相关性状的连续测定，对株高等性状进行频度分析性状的测量值均呈“钟状”连续分布，符合正态分布规律（图 1），表明株高（PH）、分蘖数（RBN）、基丛径（BD）、生殖枝数（RBN）符合 QTL 检测及作图要求。

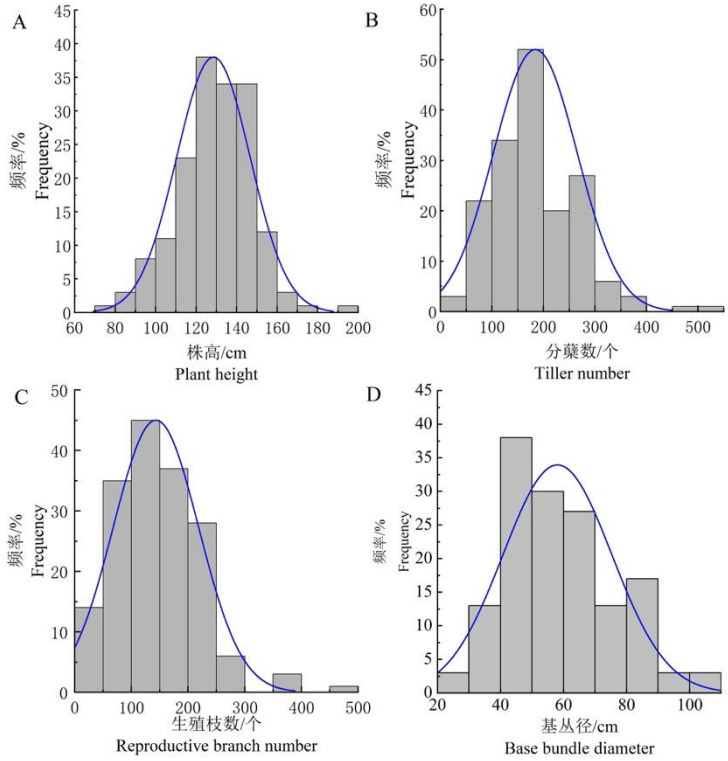



图 1 BC1FH14-4 群体分蘖相关性状的频度分布图

Fig1 Frequency distribution of yield-related traits in BC1FH14-4 population

### 2.2 相关性状 QTL 定位

用 Map QTL 6.0 软件的区间作图模块对新麦草 BC1FH14-4 群体的株高、分蘖数、基丛径、生殖枝数等性状进行 QTL 分析，筛选 LOD 值为 3.5、表型变异解释率大于 10%的 QTL 为 QTL 位点。

结果共检测到 16 个控制新麦草产量相关性状的 QTL 位点，这些位点位于 LG2、LG5、LG6 号连锁群上，在考察范围内共检测到 1 个与株高相关的 QTL 位点，与新麦草分蘖数相关的 QTL 位点共检测到 8 个，与基丛径相关的 QTL 位点检测到 6 个，与生殖枝数相关的 QTL 位点检测到 1 个。

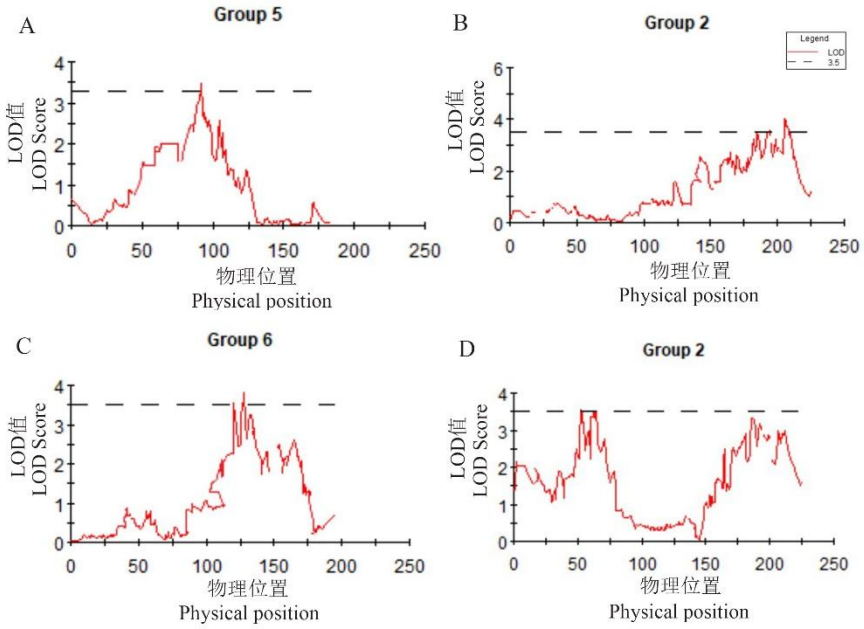



图 2 LOD 值为 3.5 的 QTL 位点分布图（A: 株高；B: 分蘖数；C: 基丛径；D: 生殖枝数）

Fig.2 Distribution of QTL loci with LOD value of 3.5.（A: plant height ; B: tiller number ; C: basal plexus diameter ; D: Number of reproductive branches）

## 3 讨论

目前已知到麦类植物的遗传图谱构建已经有很多报道，赵方媛等[11]以小黑麦 F2 代群体为作图群体，构建了包含 7 个连锁群的小黑麦遗传连锁图谱，图谱总长度为 542.9cM。标记间平均距离为 5.90cM，共定位到 92 个 QTL 位点。吕百川等[12] 通过小麦回交导入系 ILs（Introgression lines，RILs） 群体 160 个株系，对 2306 对均匀分布在 21 条染色体上的 SSR 标记进行多态性筛选，利用筛选出的多态性 SSR 标记对该群体进行遗传多样性分析和遗传连锁图谱构建。图谱总长度为 5857.39 cM，每条染色体的平均长度为 277.27 cM，标记间的平均距离为 13.25 cM。本研究构建的图谱在上图标记密度和平均标记距离上符合 QTL 定位的要求，$BC_1F_1$ 群体在目标性状的 QTL 定位方面更加适于多年生异花授粉植物，这主要是由于植物繁殖特性和亲本遗传背景特点所致。

本研究表明在连锁群 LG2 上，控制分蘖数的 QTL 位点 *qNT2-3* 与 *qNT2-4* 共用标记 Maker26028，表明这两个 QTL 可能影响分蘖数这个性状; 在连锁群 LG6 上，控制基丛径的 QTL 位点 qBD6-4 与 qBD6-6 共用标记 Maker1373，表明这两个 QTL 可能影响基丛径这个性状，初步验证了该连锁图谱的可靠性与有效性。

## 4 结论

本研究基于前期绘制的遗传图谱，对新麦草 $BC_1F_1$ 群体的分蘖数等相关性状进行测定

及统计分析，并初步进行 QTL 定位。利用 MapQTL6.0，共检测到与以上 4 个性状相关的 16 个 QTL，分布在 3 个连锁群上。3 个连锁群上的 QTL 分布不均匀，以连锁群 LG2 和 LG6 分布最多，LG5 上分布最少。

## 参考文献


[1] 张秀丽, 张利军. 秋水仙素处理山丹新麦草幼苗的染色体加倍研究[J]. 草原与草业, 2013, 25(3): 49-52

[2] 张晨,云岚,李珍,等. 新麦草种质的SSR遗传多样性及群体结构分析[J]. 植物遗传资源学报, 2019, 20(1): 48-59

[3] 于晓丹, 张蕴薇. 39 份新麦草种质耐旱性综合评价[J]. 干旱地区农业研究, 2011, 29(5): 7-12

[4] GAO Z Q, YUN L, LI Z, et al. Hybrid purity identification using EST-SSR markers and heterosis analysis of quantitative traits of Russian wildrye[J]. PeerJ, 2022, 10

[5] 王勇, 徐春波, 松梅. 我国新麦草属牧草研究进展[J]. 中国草地, 2005(2): 66-71

[6] 张微微, 潘俊松, 蒋苏, 等. 黄瓜 RIL 群体侧枝相关性状 QTL 定位[J]. 江苏农业学报, 2017, 33(1): 174-180

[7] JIANG X Q, ZHANG F, WANG Z, et al.Detection of quantitative trait loci (QTL) associated with spring regrowth in alfalfa (*Medicago sativa L.*)[J].Journal of Integrative Agriculture, 2022, 21(3):812-818

[8] LEE M, HONG X J, ZOU Z W, et al. A consensus linkage map of oil palm and a major QTL for stem height[J]. Scientific reports, 2015, 5(1):8232

[9] LIU G Y, YANG Q S, GAO J F, et al. Identify of fast-growing related genes especially in height growth by combining QTL analysis and transcriptome in Salix matsudana (Koidz). Frontiers in Genetics 12.(2021):596749-596749

[10] 左力辉, 韩志校, 梁海永, 等. 不同产地中国李资源遗传多样性 SSR 分析[J]. 园艺学报, 2015, 42(1): 111-118

[11] 赵方媛, 李冬梅, 田新会, 等. 饲草型小黑麦遗传图谱的构建及抗条锈 QTL 定位[J]. 农业生物技术学报,2018,26(04):576-584

[12] 吕百川, 苏其红, 辛筱筱, 等. 小麦 ILs 群体 SSR 分子标记遗传连锁图谱构建[J]. 甘肃农业大学学报, 2019, 54(5): 35-42

# 青藏高原地区不同老芒麦资源饲草生产性能综合评价

王文虎[1,2,3]，梁国玲[1,2,3*]，刘文辉[1,2,3]，王凤宇[1,2,3]，李文[1,2,3]

(1. 青海大学，青海 西宁 810003；2. 青海省畜牧兽医科学院，青海 西宁 810016;3. 青海省青藏高原优质牧草种质资源利用重点实验室，青海 西宁 810016)

**摘要**：为筛选出适宜青藏高原种植的高产稳产老芒麦资源，本研究以 8 份老芒麦资源为对象，在海晏县开展资源评比试验，分析不同老芒麦资源的农艺性状和产量性状特征，揭示老芒麦饲草产量的影响因素，采用 TOPSIS-多准则决策模型对供试老芒麦资源的各项指标进行综合评价，以筛选出优异的老芒麦资源，从而为该区的饲草生产与品种选育提供理论支撑。结果表明：2 龄时，16-364、17-195 株高最高，达 108.1~109.0 cm；16-093 草层高度最高、单株饲草产量最高，分别为 36.8 cm，170.3 g；15-025、17-195 分蘖数最大，达 123 枝/株~124 枝/株。3 龄时，17-195 株高最高、冠幅最大，分别为 122.7 cm、140.8 cm；16-093 草层高度最高、单株饲草产量最高，分别为 51.8 cm，234.7 g；15-025 分蘖数最大，为 456 枝/株。结构方程表明，株高和分蘖数是影响老芒麦饲草产量的关键因子，多准则决策模型-TOPSIS 结果表明，16-093 具有更高、更稳定的饲草生产性能，是适宜海北州种植的理想老芒麦资源，可作为下一步品种选育的亲本材料。

**关键词**：老芒麦；生产性能；资源；饲草；综合评价

# Comprehensive evaluation of forage production performance of different *Elymus sibiricus* varieties in the Qinghai-Tibet Plateau

Wang Wen-hu[1,2,3], LIANG Guo-ling[1,2,3*], LIU Wen-hui[1,2,3], WANG Feng-yu[1,2,3], LI Wen[1,2,3]

(1. Qinghai University, Xining, Qinghai Province, 810003, China; 2. Qinghai Academy of Animal Science and Veterinary Medicine, Xining, Qinghai Province, 810016, China; 3. Key Laboratory of Superior Forage Germplasm in the Qinghai-Tibetan Plateau, Xining, Qinghai Province, 810016, China)

**Abstract**: To screen high-yielding and stable-producing *Elymus sibiricus* variety suitable for planting in the Qinghai-Tibet Plateau, the study focused on eight *Elymus sibiricus* varieties. A comparative trial was conducted in Hai Yan county to analyze the agronomic and yield traits of

**收稿日期：　　；修回日期：**

**基金项目**：披碱草属重要牧草适应高寒环境的分子生态学机制/U20A2050；青藏高原种质资源研究与利用实验室（2024）；

**作者简介**：王文虎（1994-），男，甘肃白银人，博士，研究方向：牧草育种与栽培

E-mail：wwh01112021@163.com；

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

different *Elymus sibiricus* varieties, reveal the influencing factors of *Elymus sibiricus* forage yield, and utilize the TOPSIS model to comprehensively evaluate various indicators of the tested *Elymus sibiricus* varieties, aiming to select the ideal *Elymus sibiricus* variety and provide theoretical support for forage production and variety breeding in the Qinghai-Tibet Plateau. The results showed that at the age of 2, 16-364 and 17-195 had the highest plant height, for 108.1~109.0 cm; 16-093 had the highest grass height and forage yield of per plant, at 36.8 cm, 170.3 g, respectively; 15-025 and 17-195 had the highest tiller numbers, for 123~124 tillers of per plant. At the age of 3, 17-195 had the highest plant height and crown breadth, at 122.7 cm, 140.8 cm, respectively; 16-093 had the highest grass height and forage yield of per plant, at 51.8 cm, 234.7 g, respectively; 15-025 had the highest tiller numbers, for 456 tillers of per plant. The structural equation model showed that plant height and tiller numbers were key factors affecting *Elymus sibiricus* forage yield. The results of the model TOPSIS comprehensive evaluation showed that the variety 16-093 exhibits higher and more stable forage productivity, making it an ideal genetic variety for cultivation in the Hai Bei region, and it could be used as parent material for new variety breeding in the next step.

**Key words**: *Elymus sibiricus*; production performance; varieties; forage; comprehensive evaluation

青藏高原是我国重要的生态安全屏障和草牧业生产基地，占我国天然草地面积的三分之一[1]，近年来，在气候变化与超载过牧等因素的综合作用下，造成青藏高原地天然草地退化、草蓄季节性供需矛盾加剧，严重影响该地区经济发展[2]。因此，迫切需要进行退化草地生态恢复重建，但由于该地区自然生境条件的特殊性[3]，在生态恢复治理过程中主要以本地当家草种垂穗披碱草(*Elymus nutans*)、青海草地早熟禾(*Poa pratensis* ‘Qinghai’)、青海冷地早熟禾(*Poa crymophila* ‘Qinghai’)等为主，但品种较单一、易退化[4]，仍难以满足当地生态治理和草牧业发展的需求[5]。此外，随着三江源“黑土滩”生态恢复治理工程的开展，对适宜高寒地区优良牧草品种的需求更加迫切。而老芒麦作为饲用和生态兼用型乡土草种，既能满足生态治理的需求，又满足饲草生产的需求，广泛分布于我国西藏、四川、新疆、内蒙古等地，是高寒草甸群落中的优势种[6]。因此，对收集到的老芒麦资源进行生产性能评价，筛选出适宜高寒地区种植的优异种质资源，对于高寒区生态恢复重建和维持草蓄平衡具有重要意义。

老芒麦又名西伯利亚披碱草，是多年生禾本科披碱草属（*Elymus spp.*）疏丛型自花授粉草本植物，具有草质柔软、叶量丰富、粗蛋白含量较高、适口性好、耐牧性强、适应性强、根系发达、耐寒抗旱能力强等特点[7]，因其优良的特性和丰富的资源，在青藏高原地区人工草地建植和天然草地恢复改良过程中发挥着重要作用[8,9]。虽然目前我国已经审定登记了多个老芒麦品种，但依旧无法满足畜牧业发展生产的需求[10]。因此，对野生老芒麦资源开展适应性评价，筛选出适宜在青藏高原高海拔区进行推广应用的高产、稳产老芒麦资源，符合当前生态治理和饲草生产的需求。前人已从老芒麦生产性能[11]、遗传多样性[12]、抗逆性[8]、落粒性[13,14]等角度开展了研究，以上研究极大地推动了高海拔地区生态和草牧业发展，但这些成果远不能满足高海拔区生态和草牧业发展的需求，尤其是高产稳产，综合性好的老芒麦资源依旧短缺，供需矛盾依旧存在。虽然我国具有丰富的老芒麦资源，但以往对老芒麦饲草生产性能评价方面缺少综合性评价，此外，关于老芒麦饲草产量构成因子的研究尚不详细，不利于对优质老芒麦资源的挖掘。

因此，本研究以 8 份生产性能较好的老芒麦资源为研究对象，通过 TOPSIS-多准则决策模型综合评价及构建分段式结构方程模型，对各老芒麦资源饲草生产性能与农艺性状进行综合评价，并揭示老芒麦饲草产量的影响因子，以期筛选出高产稳产，适应性更好的老

芒麦资源，为推动青藏高原地区退化草地的生态恢复治理与饲草生产提供优良的草种资源。

# 1.材料与方法

## 1.1 试验地概况

试验地位于青海省海北藏族自治州海晏县西海镇国家饲草种质资源圃（青藏高原）（36°59.36′ N,100°52.848′ E），海拔 3156 m，属于典型的大陆性季风气候，空气较稀薄，光照充足，太阳辐射较强，气候变化无常，仅有冷、热两个季节，昼夜温差较大，全年无霜期 30 d，年均温 8.9 ℃，年均降水量约为 375 mm，且集中在 7-9 月，雨热同期，无绝对无霜期，植物生长期约 120 d。年日照时数约为 2980 h，年均蒸发量约为 1400 mm。土壤类型为栗钙土，pH 值为 8.4，土壤有机质、全氮、全磷、速效磷含量分别为 32.5 g/kg、1.6 g/kg、1.4 g/kg、2.2 mg/kg[7]。

## 1.2 试验设计

供试材料是来自于青藏高原不同生态区的野生老芒麦种子（表 1），经课题组评比筛选，挑选出较优异的资源进行试验。于 2021 年 6 月初播种，播种前对试验地进行深翻平整，清除石块、草根等杂物。试验采用随机区组设计，重复 6 次，进行穴播，每穴播种 4~5 粒种子，播深为 3~4 cm，株距、行距均为 50 cm，试验小区面积为 3 m×5 m，试验小区外围建植 1.5 m 宽的保护行，小区间设置 1 m 的过道，以磷酸二铵作基肥，施肥量为 75 kg/hm$^2$，成苗后进行间苗使每穴仅保留 1 株健康苗，试验期间不进行灌溉、施肥、放牧等，对试验地进行常规的田间管理，第一年除杂 3 次，第二年、第三年均进行中耕除杂 2 次，同时进行鼠害防除。

## 1.3 试验取样及指标测定

分别于 2022 年（2 龄）、2023 年（3 龄）8 月中旬在老芒麦开花期进行取样及指标测量，取样标准参考吴瑞等[13]的取样方法。在各小区随机选取 5 株长势良好，无明显病虫害的单株，按照不同资源用卷尺测定其植株的绝对高度（株高）、旗叶长（叶长）、旗叶宽（叶宽）、冠幅及草层高度，数单株分蘖数，然后齐地面刈割，去除杂草，立即称重，计为鲜重，将以上老芒麦样品用大信封袋装好后带回实验室后先在 105℃杀青 30 min，然后转至 75℃烘干至恒重，称干重。

## 1.4 数据分析

用 Excel 2019 进行数据初步整理。采用 SPSS 19.0（SPSS 19.0，Chicago, IL, USA）先对不同老芒麦资源的株高、叶长、叶宽、冠幅、草层高度、分蘖数和干重的正态性（Kolmogorov-Smirnov）和方差齐性（Homogeneity）进行检验，然后用单因素方差分析中的多重比较（LSD）对上述指标进行显著性分析（0.05 水平）。并对不同老芒麦资源的各项指标进行双因素方差（Two-way ANOVA）分析。采用 factoextra 和 ggplot2 数据包对老芒麦资源关键性状做 K 均值聚类分析。采用 plyr 数据包多准则决策模型-TOPSIS(Technique for order preference by similarity to an ideal solution)对老芒麦资源进行综合评价。采用 Mantel test 相关性分析对老芒麦资源单株饲草产量与农艺性状进行相关性分析。为进一步明确老芒麦资源饲草生产性能的影响过程及路径，采用 R 4.0.2 piecewise SEM 包构建分段式结构方程模型，探讨不同老芒麦资源对单株饲草产量的影响过程及其路径系数。采用 Origin 2021 软件绘图。

表 1 试验材料及来源

Table 1 The test materials and sources.

| 采集编号<br>Gemplasm number | 采集地点<br>Collection places | 海拔<br>Altitude(m) | 小生境<br>Microhabitat |
|---|---|---|---|
| 15-025 | 青海省大通县斜沟乡斜沟村 | 2760 | 河边 |

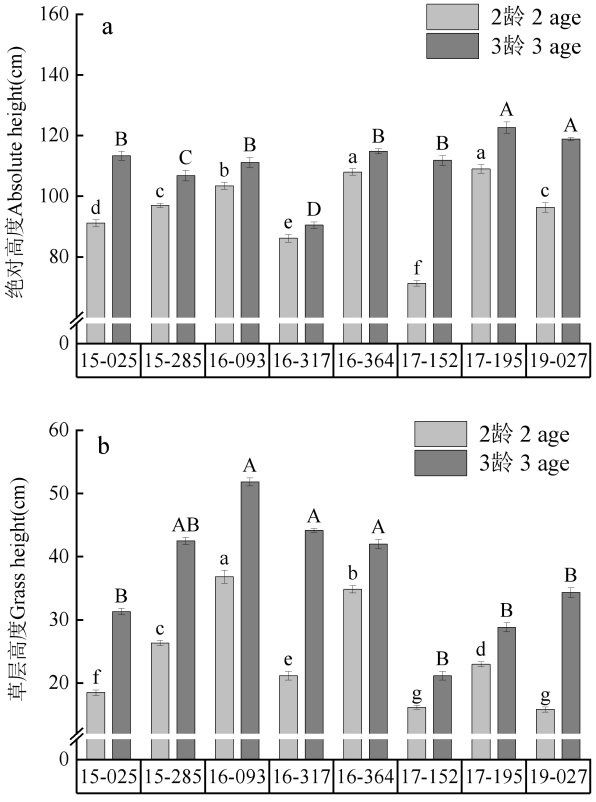
| | | | |
|---|---|---|---|
| 15-285 | 青海省大通县向化藏族乡黄茨坡 | 3100 | 路边山坡 |
| 16-093 | 青海省门源县皇城蒙古族乡扎沙村 | 3140 | 围栏封育草场 |
| 16-317 | 青海省互助县边滩乡大河欠村 | 3050 | 山坡围栏封育草场 |
| 16-364 | 青海省大通县青林乡白土牙合村 | 2870 | 河边 |
| 17-152 | 青海省贵德县新街回族乡鱼山村 | 3030 | 路边林下 |
| 17-195 | 青海省贵德县豆后浪村（拉唐） | 2975 | 路边围栏内 |
| 19-027 | 青海省同仁县双朋西村 | 2570 | 路边 |

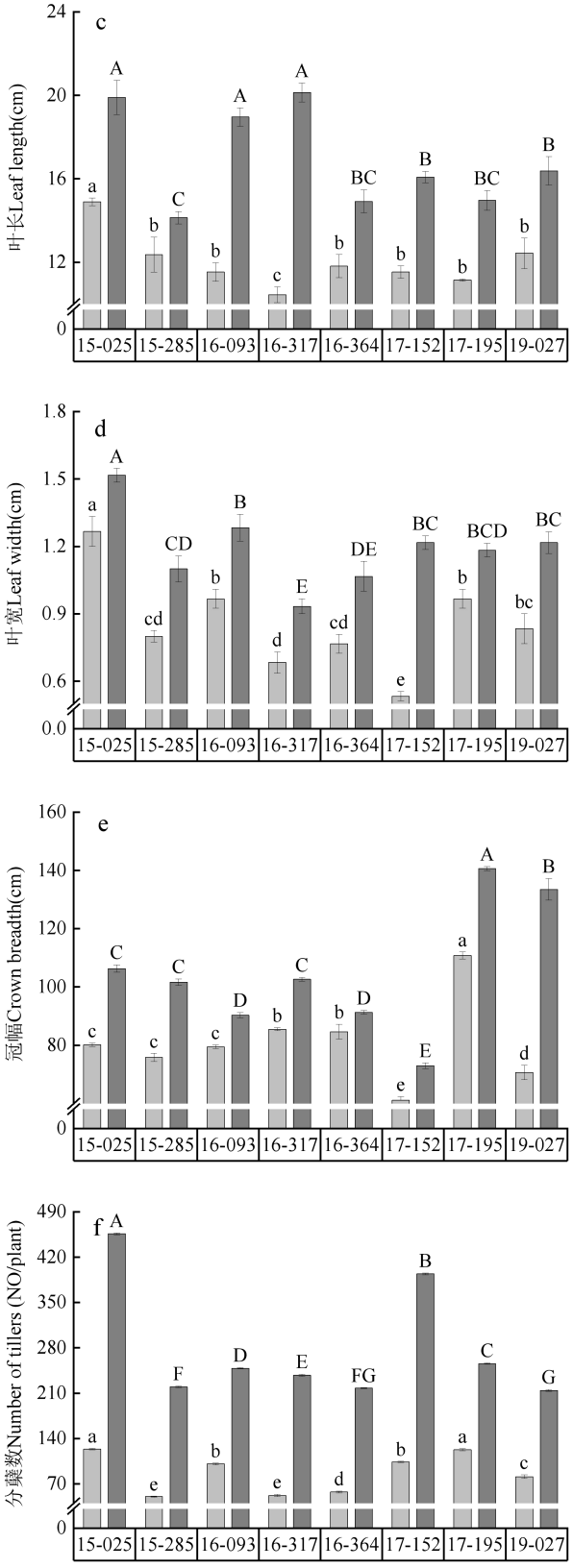
# 2.结果分析

## 2.1 不同老芒麦资源农艺性状与饲草产量特征

2 龄时，16-364、17-195 株高最高，达 108.1~109.0 cm，显著高于 17-152（$P$<0.05）（图 1 a）；16-093 草层高度显著最高，单株饲草产量显著最高，分别为 36.8 cm，170.3 g（图 1 b, g）；15-025 叶宽为 1.3 cm，显著大于 17-152（图 1 d）；17-195 冠幅最大，为 110.8 cm，显著大于 17-152（$P$<0.05）（图 1 e）；15-025、17-195 分蘖数最大，达 123 枝/株~124 枝/株，显著高于 15-285、16-317（图 1 f）。3 龄时，17-195 株高显著最高，冠幅显著最大，分别为 122.7 cm、140.8 cm（图 1 a, e）；16-093 草层高度最高，单株干草产量显著最高，分别为 51.8 cm，234.7 g（图 1 b, g）；16-093、15-025、16-317 叶长最长，达 18.9~20.1 cm，显著大于 15-285（$P$<0.05）（图 1 c）；15-025 叶宽最大，为 1.5 cm，显著大于 16-317（图 1 d）；15-025 分蘖数最大，为 456 枝/株，显著高于 19-027（图 1 f）。

双因素方差分析表明，年份和资源对植株绝对高度、叶宽、冠幅、草层高度、分蘖数和单株草产量均有极显著影响（$P$<0.01），对叶长无显著影响（$P$>0.05）；年份和资源交互效应对植株绝对高度、冠幅、草层高度、分蘖数和单株草产量有极显著影响，对叶长和叶宽无显著影响（表 2）。




c
叶长Leaf length(cm)
24
20
16
12
0
a
A
b
C
b
A
c
A
b
BC
b
B
b
BC
b
B
d
叶宽Leaf width(cm)
1.8
1.5
1.2
0.9
0.6
0.0
a
A
cd
CD
b
B
d
E
cd
DE
e
BC
b
BCD
bc
BC
e
冠幅Crown breadth(cm)
160
140
120
100
80
0
c
C
c
C
c
D
b
C
b
D
e
E
a
A
d
B
f
分蘖数(Number of tillers (NO/plant)
490
420
350
280
210
140
70
0
a
A
e
F
b
D
e
E
d
FG
b
B
a
C
c
G
15-025
15-285
16-093
16-317
16-364
17-152
17-195
19-027

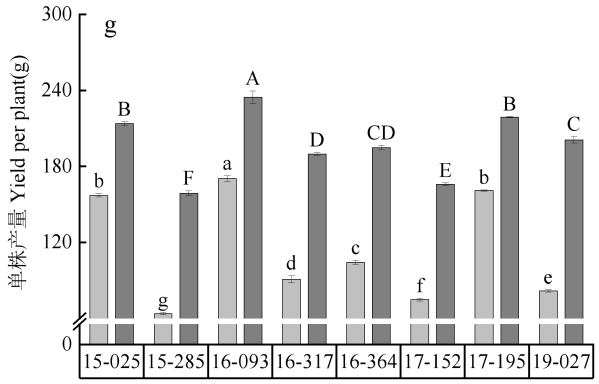



**图 1 不同老芒麦资源农艺性状与饲草产量特征**

**Fig 1 Agronomic traits and forage yield characteristics of different E. sibiricus L. varieties**

注：图中小写字母表示 2 龄老芒麦资源间差异显著，大写字母表示 3 龄老芒麦资源间差异显著（$P$<0.05）。

Note: Lower case letters indicate the significance of different *E. sibiricus* varieties at age 2, capital letters indicate the significance of different *E. sibiricus* varieties at age 3 ($P$<0.05).

表 2 不同老芒麦资源农艺性状与饲草产量双因素方差分析

Table 2 Two-factor analysis of variance of agronomic traits and forage yield of different *E. sibiricus L.* varieties

| | 处理 Treatments | 平方和 SS | 自由度 df | 均方 MS | F | *P* |
|---|---|---|---|---|---|---|
| 绝对高度 Absolute height | 年份 Y | 6096.441 | 2 | 3048.220 | 367.025 | 0.000 |
| | 资源 V | 7153.887 | 7 | 1021.984 | 123.053 | 0.000 |
| | 年份×资源 Y×V | 7090.420 | 14 | 506.459 | 60.981 | 0.000 |
| 叶长 Leaf length | 年份 Y | 239.878 | 2 | 119.939 | 1.669 | 0.193 |
| | 资源 V | 729.866 | 7 | 104.267 | 1.451 | 0.191 |
| | 年份×资源 Y×V | 912.317 | 14 | 65.166 | 0.907 | 0.553 |
| 叶宽 Leaf width | 年份 Y | 2.743 | 2 | 1.371 | 65.911 | 0.000 |
| | 资源 V | 3.785 | 7 | 0.541 | 25.991 | 0.000 |
| | 年份×资源 Y×V | 0.542 | 14 | 0.039 | 1.860 | 0.037 |
| 冠幅 Crown breadth | 年份 Y | 13704.681 | 2 | 6852.340 | 535.397 | 0.000 |
| | 资源 V | 34802.944 | 7 | 4971.849 | 388.468 | 0.000 |
| | 年份×资源 Y×V | 6656.431 | 14 | 475.459 | 37.149 | 0.000 |
| 草层高度 Grass height | 年份 Y | 3763.191 | 2 | 1881.595 | 856.487 | 0.000 |
| | 资源 V | 7603.707 | 7 | 1086.244 | 494.450 | 0.000 |
| | 年份×资源 Y×V | 1254.059 | 14 | 89.576 | 40.774 | 0.000 |
| 分蘖数 Number of tillers | 年份 Y | 902876.462 | 2 | 451438.231 | 40691.750 | 0.000 |
| | 资源 V | 413301.818 | 7 | 59043.117 | 5322.030 | 0.000 |
| | 年份×资源 Y×V | 119406.677 | 14 | 8529.048 | 768.792 | 0.000 |
| 单株草产量 Yield per plant | 年份 Y | 170269.347 | 2 | 85134.674 | 4335.925 | 0.000 |
| | 资源 V | 136282.549 | 7 | 19468.936 | 991.556 | 0.000 |
| | 年份×资源 Y×V | 15022.431 | 14 | 1073.031 | 54.650 | 0.000 |

注：表中 Y 代表年份，V 代表资源；$P$>0.05 表示不显著，$P$<0.05 表示显著，$P$<0.01 表示极显著。

Note: Y stands years and V stands varieties; $P$>0.05 means not significant, $P$<0.05 means significant, $P$<0.01 means extremely significant.

## 2.2 不同老芒麦资源单株饲草产量与农艺性状相关性分析

对不同老芒麦资源单株干草产量与农艺性状进行 Mantel test 相关性分析（图 2），结果表明，2 龄时，草产量与株高、叶宽、冠幅、草层高度、分蘖数显著正相关，冠幅与株高显著正相关，分蘖数与叶宽、株高、草层高度正相关；3 龄时，草产量与株高、叶宽、冠幅、草层高度、分蘖数显著正相关，冠幅与株高显著正相关，分蘖数与叶宽、株高显著正相关。

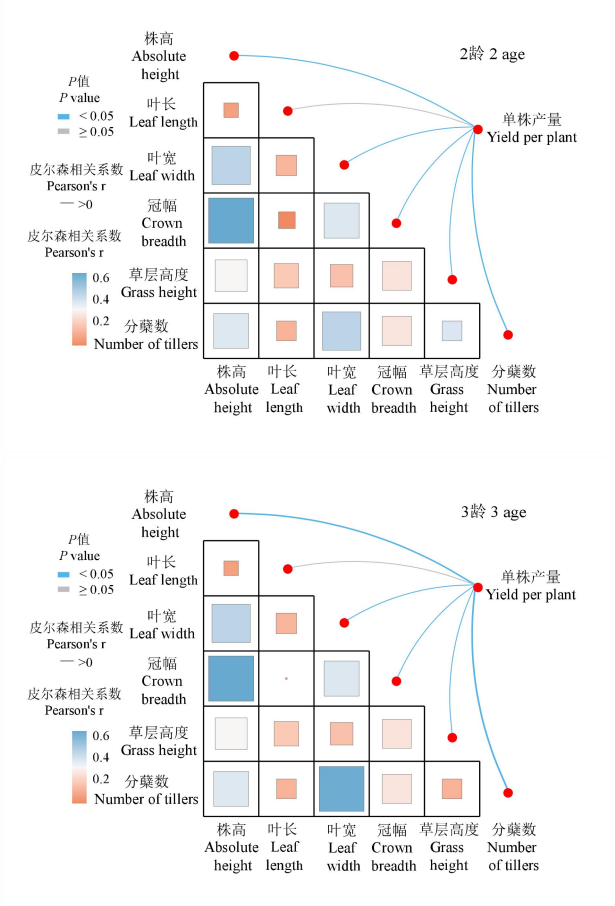



**图 2 不同老芒麦资源草产量与农艺性状 Mantel test 相关性分析**

**Fig 2 Mantel test correlation analysis between yield and agronomic traits of *E. sibiricus* varieties**

## 2.3 不同老芒麦资源综合评价

为有效评价 8 种老芒麦资源的综合性，基于关键性状进行 K 均值聚类分析（图 3），2 龄时，老芒麦资源聚为 2 类，其中，第 1 类占比最高，为 0.73，表现最好，主要有 15-025，16-093，17-195，16-364；3 龄时，老芒麦资源聚为 2 类，其中，第 2 类占比最高，为 0.55，表现最好，主要有 15-025，16-093，17-195。为进一步筛选出综合性更好的老芒麦资源，采用 TOPSIS-多准则决策模型对不同老芒麦资源的单株干草产量、株高、叶长、叶宽、冠幅、草层高度和分蘖数进行综合评价（图 4），结果表明，2 龄时，贴合度由高到低分别为 16-093、17-195、15-025、16-364、15-285、19-027、16-317、17-152。其中，16-093 的贴合度最大，为 0.68；17-152 的贴合度最小，为 0.22。3 龄时，贴合度由高到低分别为 16-093、15-025、17-195、19-027、15-285、16-364、17-152、16-317。其中，16-093 的贴合度最大，为 0.71；16-317 的贴合度最小，为 0.16。综合两年试验结果，资源 16-093 综合性最好，适宜在栽培地种植。

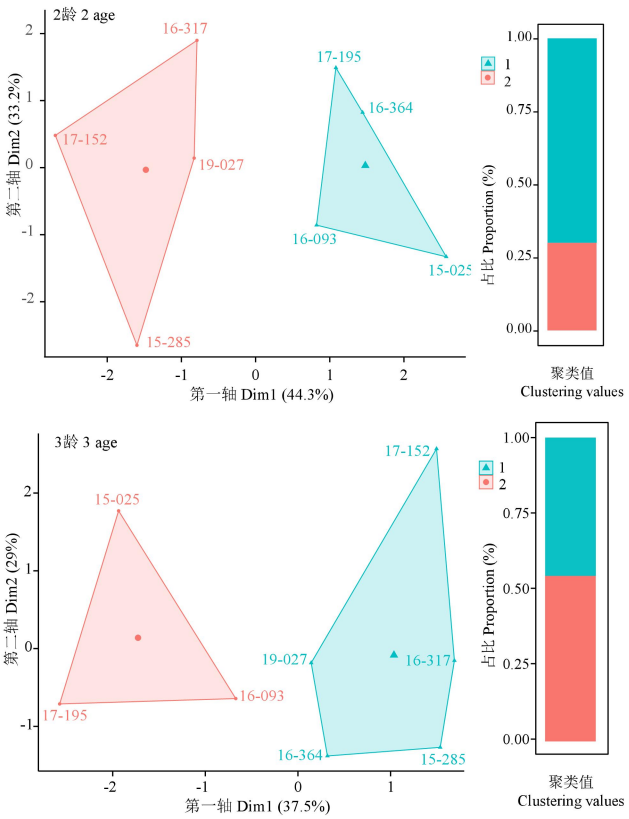
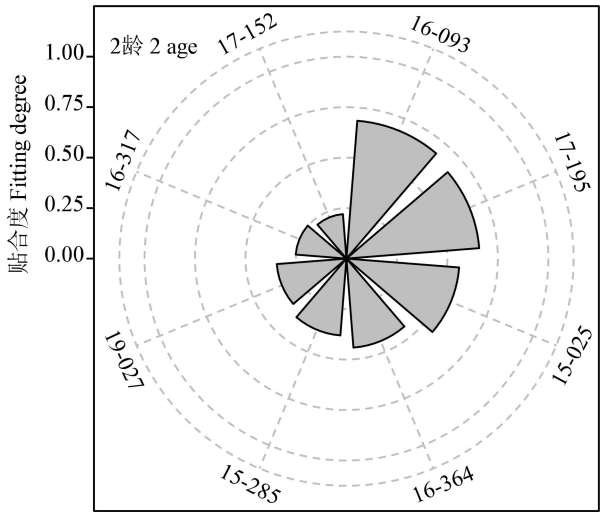



**图 3 不同老芒麦资源关键性状 K 均值聚类分析**

**Fig 3 K-mean clustering analysis of key traits of different *E. sibiricus* varieties**



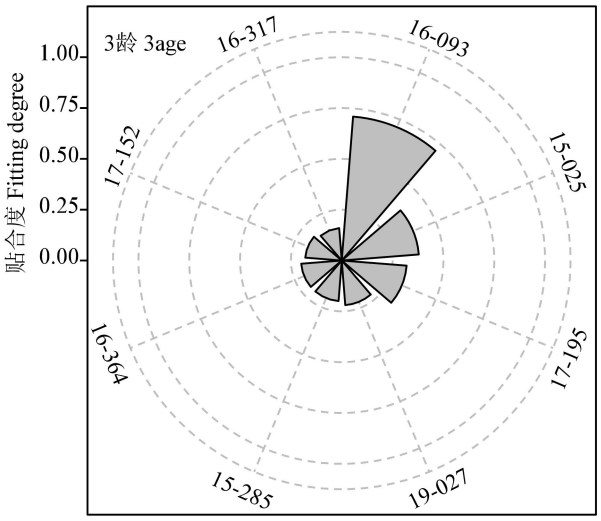



**图 4 不同老芒麦资源 TOPSIS 综合评价**

**Fig 4 TOPSIS comprehensive evaluation of different *E. sibiricus* varieties**

## 2.4 不同老芒麦资源单株饲草产量的影响过程及路径分析

为明确老芒麦资源单株饲草生产性能的影响因素，进一步构建分段式结构方程模型，探讨老芒麦资源单株饲草产量的影响过程及其路径系数（图 4 a）。结果表明，模型拟合效果良好（$P = 0.559$、Fisher's C = 1.162），年份通过影响草层高度和分蘖数间接影响单株饲草产量，资源通过影响株高、叶宽、冠幅、草层高度和分蘖数间接影响单株饲草产量。株高、叶宽、冠幅、草层高度和分蘖数对单株饲草产量均有显著正向作用，路径系数分别为 0.135、0.153、0.411、0.207 和 0.421。

基于分段式结构方程中的标准路径系数，计算了各因子的直接效应、间接效应和总效应（图 4 b），结果表明，对于老芒麦单株饲草产量，年份、株高和分蘖数的总效应最高，分别为 0.645、0.435 和 0.559。因此，年份和资源主要通过影响分蘖数和株高进而影响饲草产量。

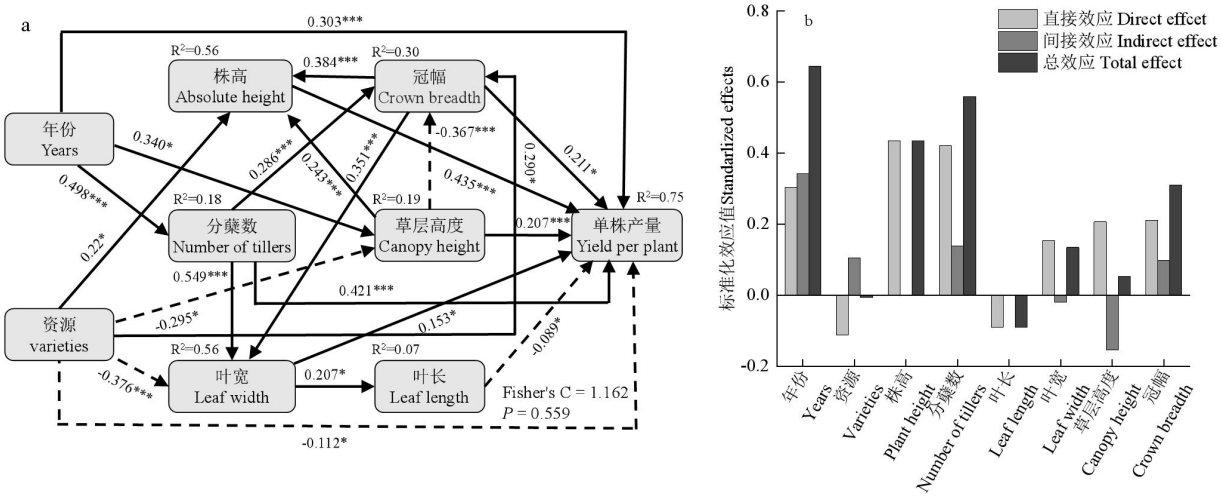



**图 5 结构方程模型分析年份和资源对单株饲草产量的影响路径（a）及各因子的标准化效应值（b）**

**Fig 5 Structural equation model analyzed the influence paths of years and varieties on forage yield per plant(a) and the standardized effect values of each factor(b)**

注：图中实线和虚线箭头分别表示显著正和负的路径关系。数值为标准化路径系数。*表示在 0.05 水平上差异显著，**表示在 0.01 水平上差异显著，***表示在 0.001 水平上差异显著。

Note: Solid and dashed arrows represent significantly positive or negative effects at the 0.05 level, respectively. The significant standard

path coefficients were shown on arrows. *$P < 0.05$, **$P < 0.01$, ***$P < 0.001$.

## 3.讨论

农艺性状作为评价牧草生产性能的重要指标，受植物自身遗传特性和环境因子共同作用[15,16]。本研究中资源 17-195 株高最高、冠层最大，16-093 草层高度最大，15-025 叶长、叶宽最大，即叶面积最大，17-152 草层高度、株高、冠幅最小。这可能是因为资源 17-152 采自路边树下，原生境环境较阴凉，光照不足，不能适应栽培地较干旱、光照充足的环境，故长势较弱，说明生长环境对 17-152 影响较大。资源 15-025 采自河边，叶片较大。此外原生境水分充足、较潮湿，而栽培地环境较干旱，但能够保持较好的长势，说明 15-025 生态幅较宽，对环境适应能力强，也可能具有较好的抗旱特性，因此，可做作为优良材料进行新品种选育。资源 16-093 与 17-195 采自围栏封育草场，原生境条件与栽培地极度相似，可能保持了原生境环境下优良的生长特性，因此，表现出较好的长势，说明在适宜的环境条件下，资源 16-093 与 17-195 具有保持其优良遗传特性稳定的能力。对来自不同小生境老芒麦资源的研究表明，同一区域不同小生境的老芒麦种质资源对栽培地环境适应存在较大差异，不同老芒麦资源的表型性状对不同环境因子的敏感程度不同[17,18]。此外，本研究中不同老芒麦资源株高、草层高度、叶长、叶宽、冠幅、分蘖数等农艺性状均存在较大差异，这是因为牧草生长发育不仅取决于自身的遗传特性，还受栽培地气温、降雨、光照和土壤因子等外界条件的影响[19-21]。

草产量是评价植物饲草生产力的重要指标[22]，是植物种质资源在某一地区生态适应性的直观表现，也是一个植物种质资源能否在某地区推广种植考虑的关键因素[23]。本研究中参试老芒麦资源间单株饲草产量差异较大，其中老芒麦资源 16-093 单株饲草产量最高，17-195 次之，15-285 最低，这可能是由不同老芒麦资源自身的遗传特性引起，因为植物种质资源遗传特性是饲草潜在生产力的决定因素[24]。也可能是由于参试老芒麦资源来源地小生境条件与栽培地环境条件差异较大引起，说明生长地环境条件也是影响老芒麦植株生长发育的重要因素。此外，本研究中老芒麦饲草产量和农艺性状在不同生长年限也存在较大差异，这与张永超等[25]、周禾等[26]对老芒麦的研究结果一致，可能与老芒麦自身的生长习性、遗传特性等有关，也是老芒麦群体遗传变异能力和对环境适应能力的反映。本研究相关性分析与分段式结构方程均表明，分蘖数和株高是影响饲草产量的关键因子，与袁艺等[27]、富新年等[28]的研究结果一致，这是因为株高、分蘖数和草层高度等是影响植株饲草产量的重要组成部分[29]，而植株越高大、分蘖能力越强，对水分、土壤养分、光照等生态因子的利用效率越高，从而促进植株体内有机物的有效积累，进而提高饲草单株产量[30,31]。K 均值聚类分析将不同老芒麦资源分属于 2 组，说明来自同一区域的老芒麦材料，由于采集地小生境条件异质性或遗传特性异质性，导致其形态学存在较大差异。

本研究对各老芒麦资源单株饲草产量和农艺性状进行 TOPSIS 综合评价，表明 16-093 既能保持较高的饲草生产性能，又具有良好的稳定性，是适宜海北州种植的理想材料。可能是因为 16-093 来源地小生境条件与栽培地生态环境差异较小，因此，在栽培地能够保持优良的遗传特性和生态记忆[32,33]，表现出更高、更稳定的饲草生产性能优势。建议后期进行野生种质资源选育时，优先进行综合性评比筛选，有助于提高对种质资源评价的准确性，使试验结果更可靠。

## 4.结论

本研究 8 份来源不同的老芒麦资源在栽培地均能正常生长发育，但不同资源间农艺性状与单株饲草产量存在较大差异。2 龄时，16-364、17-195 株高最高，达 108.1~109.0 cm；16-093 草层高度最高、单株饲草产量最高，分别为 36.8 cm，170.3 g；15-025、17-195 分蘖

数最大，达 123 枝/株~124 枝/株。3 龄时，17-195 株高最高、冠幅最大，分别为 122.7 cm、140.8 cm；16-093 草层高度最高、单株饲草产量最高，分别为 51.8 cm，234.7 g；15-025 分蘖数最大，为 456 枝/株。结构方程表明，株高和分蘖数是影响老芒麦饲草产量的关键因子，多准则决策模型-TOPSIS 结果表明，16-093 具有更高、更稳定的饲草生产性能，是适宜海北州种植的理想老芒麦资源。

**参考文献 References：**


【1】 Li M, Liu S, Sun Y, *et al*. Agriculture and animal husbandry increased carbon footprint on the Qinghai-Tibet Plateau during past three decades. Journal of Cleaner Production[J], 2021, 278: 123963.

【2】 李军豪, 杨国靖, 王少平. 青藏高原区退化高寒草甸植被和土壤特征. 应用生态学报[J], 2020, 31(06): 2109-2118.

【3】 Zhang Q, Yuan R, Singh V P, *et al*. Dynamic vulnerability of ecological systems to climate changes across the Qinghai-Tibet Plateau, China. Ecological Indicators[J], 2022, 134: 108483.

【4】 尚占环, 董全民, 施建军, 等. 青藏高原“黑土滩”退化草地及其生态恢复近 10 年研究进展-兼论三江源生态恢复问题. 草地学报[J], 2018, 26(01): 1-21.

【5】 张慧敏, 李希来, 李兰平, 等. 草种配置对高寒人工草地群落多样性和生产力的影响. 草地学报[J], 2020, 28(05): 1436-1443.

【6】 李明峰, 李欣瑞, 李英主, 等. 野生老芒麦种质资源鉴定与基部叶鞘绒毛变异分析. 草地学报[J], 2023, 31(04): 1026-1035.

【7】 起惠芳, 刘文辉, 刘敏洁, 等. 青藏高原老芒麦穗部性状年际差异分析和穗型划分. 核农学报[J], 2023, 37(09): 1751-1763.

【8】 柳文蔚, 刘鑫, 雷映霞, 等. 老芒麦种质资源抗寒性综合评价及冷胁迫下的生理反应. 草业学报[J], 2023, 32(08): 152-163.

【9】 李春艳, 王艳, 李欣瑞, 等. 中国野生老芒麦形态多样性研究与种质利用潜力分析. 草业学报[J], 2023, 32(03): 67-79.

【10】 刘文辉, 贾志锋, 魏小星, 等. 青藏高原牧草种质资源保护利用研究. 青海科技[J], 2017, 24(01): 32-35.

【11】 吴瑞, 刘文辉, 张永超, 等. 青藏高原地区不同老芒麦种质资源生产性能评价. 植物遗传资源学报[J], 2020, 21 (04): 855-865.

【12】 鄢家俊, 白史且, 张新全, 等. 青藏高原东南缘老芒麦自然居群遗传多样性的 SRAP 和 SSR 分析. 草业学报[J], 2010, 19 (04): 122-134.

【13】 吴瑞, 刘文辉, 张永超, 等. 青藏高原老芒麦落粒性及农艺性状相关性研究. 草业学报[J], 2021, 30(04): 130-139.

【14】 任春燕, 刘文辉, 梁国玲, 等. 青藏高原六种披碱草属牧草落粒性差异及农艺性状分析. 草地学报[J], 2023, 31 (04): 1008-1015.

【15】 吴雨涵, 刘文辉, 刘凯强, 等. 13 份无芒雀麦种质资源生产性能的综合评价及筛选. 草地学报[J], 2023, 31 (11): 3472-3483.

【16】 王小萍, 白羿雄, 姚晓华, 等. 刈割留茬高度对青稞饲草与籽粒产量及饲用品质的影响. 麦类作物学报[J], 2023, 43(04): 513-523.

【17】 李明峰, 李欣瑞, 李英主, 等. 野生老芒麦种质资源鉴定与基部叶鞘绒毛变异分析. 草地学报[J], 2023, 31(04): 1026-1035.

【18】 张荟荟, 梁维维, 张学洲, 等. 新疆野生老芒麦种质资源形态及生长特性分析. 草地学报[J], 2021, 29(04): 701-708.

【19】 张伟, 周青平, 陈有军, 等. 呼伦贝尔地区 10 个引进燕麦品种生产性能及饲草品质比较. 草业学报[J], 2021, 30(12): 129-142.

【20】 Vera M L. Effects of altitude and seed size on germination and seedling survival of heathland plants in north Spain. Plant Ecology[J], 1997, 133: 101-106.

【21】 侯媛, 刘旻霞, 孙辉荣. 青藏高原东缘亚高寒草甸植物叶性状对微生境变化的响应. 应用生态学报[J], 2017, 28(01): 71-79.

【22】 范亚坤, 云岚, 李珍, 等. 新麦草饲草产量相关农艺性状的关联性分析.中国草地学报[J], 2020, 42(03): 119-125.

【23】 张德, 龙会英. 8 个紫花苜蓿品种在干热区生产性能和营养价值评价. 中国草地学报[J], 2024, 46 (01): 70-77.

【24】 余静菠, 陈仕勇, 桑杰多吉, 等. 川西北高原短芒型老芒麦种质形态变异及遗传亲缘关系分析. 草地学报[J], 2023, 31(09): 2787-2795.

【25】 张永超, 魏小星, 梁国玲, 等. 老芒麦衰老过程形态特征变化规律及对养分添加的响应. 草业学报[J], 2022, 31(06): 101-111.

【26】 周禾, 杨波, 韩建国. 利用年限对老芒麦生物学特性及群落结构特征的影响. 草地学报[J], 2000, (04): 245-252.

【27】 袁艺, 陈冬明, 刘伟, 等. 川西北高原饲用燕麦产量和生殖性状相关性分析及综合评价. 四川农业大学学报[J], 2023, 41 (06): 1116-1123.

【28】 富新年, 潘正武, 孟祥君, 等. ‘甘引 1 号’黑麦农艺性状与鲜草产量的关系. 草地学报[J], 2017, 25 (02): 433-436.

【29】 尹婷婷, 谷丽丽, 闫锋, 等. 59 份老芒麦种质资源的表型多样性分析. 西南农业学报[J], 2021, 34(11): 2307-2317.

【30】 Lei L, Zheng H L, Wang J G, *et al*. Genetic dissection of rice (Oryza sativa L.) tiller, plant height, and grain yield based on QTL mapping and metaanalysis. Euphytica [J], 2018, 214: 1-17.

【31】 Wang Y, Lu J, Ren T, *et al*. Effects of nitrogen and tiller type on grain yield and physiological responses in rice. AoB Plants [J], 2017, 9(2): plx012.

【32】 王惠知, 毛丽萍, 王雨涵, 等. 基于最适取样策略的老芒麦种质指纹图谱构建及遗传多样性分析. 中国草地学报[J], 2021, 43(01): 1-7.

【33】 刘晓, 宋姗姗, 岳明. 生态学中的植物记忆研究. 生态学报[J], 2019, 39(24): 9387-9395.

# 种植密度对燕麦茎秆理化性质的影响及对倒伏的调控机制

刘玲玲[1,2]，梁国玲[1,2*]，刘文辉[1,2]

（1.青海大学畜牧兽医科学院，青海 西宁 810016；2.青海省青藏高原优质牧草种质资源利用重点实验室，青海 西宁 810016）

**摘要**：种植密度是调控燕麦倒伏的有效策略。为了探究种植密度对倒伏的调控机制，我们以高抗倒伏品种林纳和低抗倒伏品种青引 2 号为材料，设置 4 个种植密度，分别为 2.25×$10^6$ 株·$hm^{-2}$（D1）、4.5×$10^6$ 株·$hm^{-2}$（D2）、6.75×$10^6$ 株·$hm^{-2}$（D3）和 9×$10^6$ 株·$hm^{-2}$（D4），于开花期和乳熟期测定并分析了植株基部节间钾、钙、镁、硅、木质素、粗纤维、淀粉、可溶性糖和可溶性蛋白含量。结果表明，高抗倒伏品种林纳的钙、钾、硅、粗纤维和木质素含量显著高于低抗倒伏品种青引 2 号，而淀粉、可溶性糖和可溶性蛋白含量显著低于青引 2 号（$P$＜0.05）。两个燕麦品种茎杆理化性质含量随种植密度变化的趋势基本相同。具体来说，随种植密度增大，钙、钾、镁、粗纤维、木质素含量下降，可溶性糖含量先升后降，可溶性蛋白含量先下降后上升再下降，倒伏系数上升。粗纤维、可溶性糖、镁、淀粉、钾、木质素是影响倒伏系数的关键因子，品种和种植密度主要通过调控淀粉、可溶性糖和粗纤维的合成影响倒伏发生。本研究详细说明了不同抗倒伏性燕麦品种茎杆理化性质的差异，种植密度对茎杆理化性质的影响及对倒伏的调控机制，结果可为燕麦抗倒伏栽培提供理论依据和实践参考。

**关键词**：种植密度、茎杆理化性质、倒伏，调控机理

# Effect of planting density on the physicochemical properties of oat stems and the regulating mechanism on the lodging

LIU Ling-ling[1,2], LIANG Guo-ling[1,2*], LIU Wen-hui[1,2]

(1. Academy of Animal Science and Veterinary Medicine, Qinghai University, Xining, Qinghai Province, 810016, China; 2. Key Laboratory of Superior Forage Germplasm in the Qinghai-Tibetan Plateau, Xining, Qinghai Province, 810016, China)

**Abstract**: Planting density is an effective strategy for regulating oat lodging. To delve into the regulatory mechanisms of planting density on lodging, we utilized the lodging-resistant variety LENA and the lodging-sensitive variety QY2. Four planting densities were implemented: 2.25×$10^6$ plant·$hm^{-2}$ (D1), 4.5×$10^6$ plants·$hm^{-2}$ (D2), 6.75×$10^6$ plants·$hm^{-2}$ (D3), and 9×$10^6$ plants·$hm^{-2}$ (D4). At the anthesis and milk stages, we measured the contents of potassium,

基金项目：草种创新及其在草地农业系统中的作用（2023-NK-147）资助

作者间接：刘玲玲（1995-），女，甘肃天水人，在读博士，主要从事牧草种质资源创新与利用方面的研究 E-mail：3257018394@qq.com; *通讯作者 Author for correspondence，E-mail：qhliangguoling@163.com

calcium, magnesium, silicon, lignin, crude fiber, starch, soluble sugar, and soluble protein in the basal internodes of the plants. The results revealed the lodging-resistant variety LENA demonstrated significantly higher contents of calcium, potassium, silicon, crude fiber, and lignin, while starch, soluble sugar, and soluble protein contents were significantly lower than those of the lodging-sensitive variety QY2 ($P$<0.01). Similar trends in the physicochemical properties of stem internodes for both oat varieties with increasing planting density. Specifically, the contents of calcium, potassium, magnesium, crude fiber, and lignin decreased, while soluble sugar content initially increased and then decreased, soluble protein content first decreased, then increased, and finally decreased. Simultaneously, the lodging coefficient exhibited an upward trend. Crude fiber, soluble sugar, magnesium, starch, potassium, and lignin were the key factors affecting the lodging coefficient, and variety and planting density affected the lodging coefficient mainly by regulating the synthesis of starch, soluble sugar, and crude fiber. Our study explained in detail the differences in physicochemical properties of stems between oat varieties with different lodging resistance, the effects of planting density on the physicochemical properties of the stems and the regulatory mechanisms on lodging. The results offer a valuable theoretical foundation and practical reference for oat lodging-resistant cultivation.
**Keywords**: planting density, stem physicochemical properties, lodging, regulation mechanism

在世界范围内，燕麦是一种重要的粮饲兼用作物，首先，其植株是良好的牧草来源，对畜牧业发展具有建设性意义[1]。其次，燕麦种子营养丰富，人们将其作为保健食品的兴趣日益浓厚[2]。数据显示，2021 年全球燕麦种植面积达到 949.2 万公顷，其中中国占 5.53%，而且种植面积还在持续扩大。因此发展燕麦产业对满足市场需求和相关产业发展具有重要意义。但在燕麦生产过程中，倒伏频繁发生，据估计，由倒伏导致的燕麦产量损失可达 37～40%[3]，且倒伏发生时期越早，产量损失越高[4]。倒伏会导致群体小环境恶化，叶片光合性能降低，病虫害加剧、早衰等一系列问题，最终对产量和品质造成严重不良影响[5]。因此，提高燕麦的抗倒伏性是急待解决的问题。

目前，一些有利于提高作物抗倒伏能力的生理特征已被确定。首先是碳水化合物成分，如木质素、纤维素、淀粉和可溶性糖等都与茎秆的刚性有关[6]。welton 提出小麦倒伏是由于茎秆缺乏木质素引起的[7]。较高的纤维素积累量和相关酶活性可提高茎杆的抗折断力和抗倒伏能力[8]。此外，淀粉的大量积累也增加了茎秆的弯曲强度和刚度，从而增强了抗倒伏能力[9-10]。可溶性糖含量的缺乏会抑制茎的生长，导致节间断裂强度降低[11]。钙、钾、镁、硅等矿质元素在作物抗倒伏中也发挥重要作用[12]。据报道，钾与细胞壁中的木质素和纤维素等内容物结合在一起，提高了小麦茎杆强度[13]。足量的钙含量有助于增强植物细胞壁的结构[14]。硅能促进植物细胞壁的硅化和木质化，从而提高抗倒伏能力[15]。因此，深入了解这些理化性质的影响因素对提高作物抗倒伏性至关重要。

种植密度可有效调节种群内资源的利用与配置，从而对倒伏产生影响。研究表明，高种植密度会影响作物种群结构和养分吸收，使茎秆细弱，倒伏增加[16]，另外，其也会通过减小根系大小而削弱根系锚固强度[17-18]。低种植密度会造成资源浪费与产量损失[19]。只有合理的种植密度才可有效发挥群体优势，优化植株冠层结构，增强叶片光合性能，提高收获指数，且不会增加倒伏风险[20-21]。

综上所述，种植密度和茎秆理化性质都会影响倒伏，但将三者关联起来的研究非常有限。因此，在本研究中我们选择了两个抗倒伏性不同的燕麦品种，结合不同水平的种植密度，比较了不同抗倒伏性品种茎杆中理化性质的差异，研究了不同种植密度下燕麦茎秆中理化成分的变化以及倒伏对密度和品种变化的响应机制。这一研究有助于揭示种植密度与作物倒伏之间的内在联系，为倒伏防控提供理论依据。

# 1 材料与方法

## 1.1 试验地概况

试验在青海省西宁市湟中县（东经 101°33′20″，北纬 36°30′57″）进行，该地区平均海拔 2592 m，气候寒冷潮湿，无绝对无霜期，为典型高原大陆性气候，年均温 5.1℃，年均降水量 510 mm（多集中在 7-9 月），年蒸发量 1830 mm。

## 1.2 试验设计和田间管理

参试材料（高抗倒伏品种林纳和低抗倒伏品种青引 2 号）均来自青海省畜牧兽医科学

院。试验采用随机区组设计，设四个种植密度，分别为 2.25×10$^6$ 株·hm$^{-2}$（D1）、4.5×10$^6$ 株·hm$^{-2}$（D2）、6.75×10$^6$ 株·hm$^{-2}$（D3）和 9×10$^6$ 株·hm$^{-2}$（D4），播种量根据发芽率和千粒重计算。小区面积 3 m×5 m，行距 20 cm，小区间距 1 m。播前施磷酸二铵 150 kg·hm$^{-2}$ 和尿素 75 kg·hm$^{-2}$ 作基肥，旱作。出苗后，人工除草 1 次。

### 1.3 测定项目与方法

#### 1.3.1 主要农艺性状测定

在开花期和乳熟期，从每个小区随机选取 4 株长势一致的植株测量株高（植株基部到顶部最高点的距离）、根鲜重（植株地下部分的鲜重）和植株地上部鲜重（植株地上部分的鲜重，包括茎、叶、鞘和穗）。再随机选取另外 4 株用 YYD-1 型茎秆强度测定仪测定第二和第三茎节间的折断力，按下述公式计算倒伏系数（LC）[22]：

$$\text{倒伏系数} = \frac{\text{株高}*\text{植株地上部鲜重}}{\text{根鲜重}*\text{折断力}}$$

#### 1.3.2 生理指标

在开花期和乳熟期，取燕麦第二和第三茎节间于 105℃烘箱中烘 30 min，然后在 65℃烘至恒重。研磨过 60 目筛，用于测定下述理化性质含量。

钙（Ca）、钾（K）、镁（Mg）、硅（Si）含量的测定参照 Santos 和 Barros 等[23-24]描述的方法，粗纤维（CF）含量测定参照 Zakirullah 等[25]的方法，木质素（LI）含量测定参照 Brinkmann[26]等的方法，淀粉（ST）和可溶性糖（SS）含量的测定参照 Zhang[27]等的方法，可溶性蛋白（SP）含量的测定参照 Delaplace 和 Bradford[28-29]等的方法。

### 1.4 数据分析

采用Microsoft Excel 2010和SPSS Statistics 22.0整理分析数据。采用邓肯检验（$P$<0.05）比较特征均值的显著性，采用独立样本T检验比较两个品种之间的差异。采用SPSSPRO进行数据均值化和TOPSIS综合分析，使用R4.3.2中的“Random Forest”包构建随机森林模型，并使用“Piecewise SEM”包构建结构方程模型。使用OriginPro 2021作图。

## 2 结果与分析

### 2.1 不同抗倒伏性燕麦品种茎秆理化性质和倒伏系数的差异分析

高抗倒伏品种林纳和低抗倒伏品种青引 2 号的钙、钾、硅、粗纤维、木质素、淀粉、可溶性糖和可溶性蛋白含量之间存在极显著差异（$P$＜0.01）（图 1）。林纳的钙、钾、硅、粗纤维和木质素含量极显著高于青引 2 号，而淀粉、可溶性糖和可溶性蛋白含量极显著低于青引 2 号，两个品种的镁含量无显著差异。

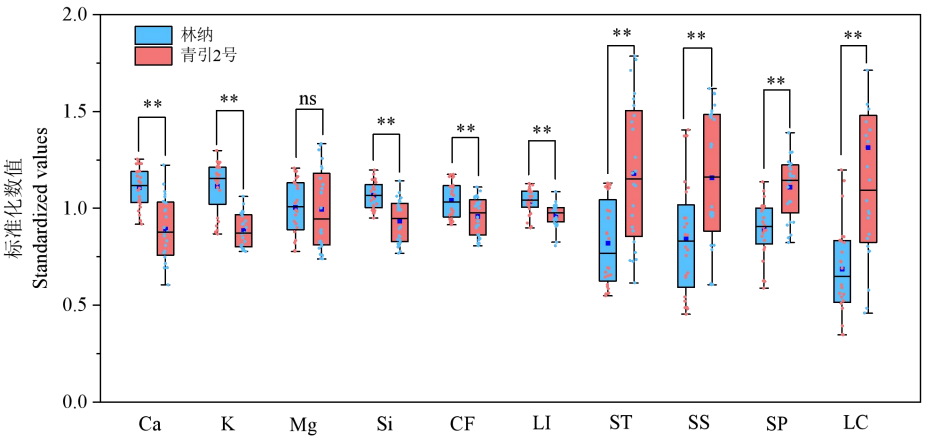


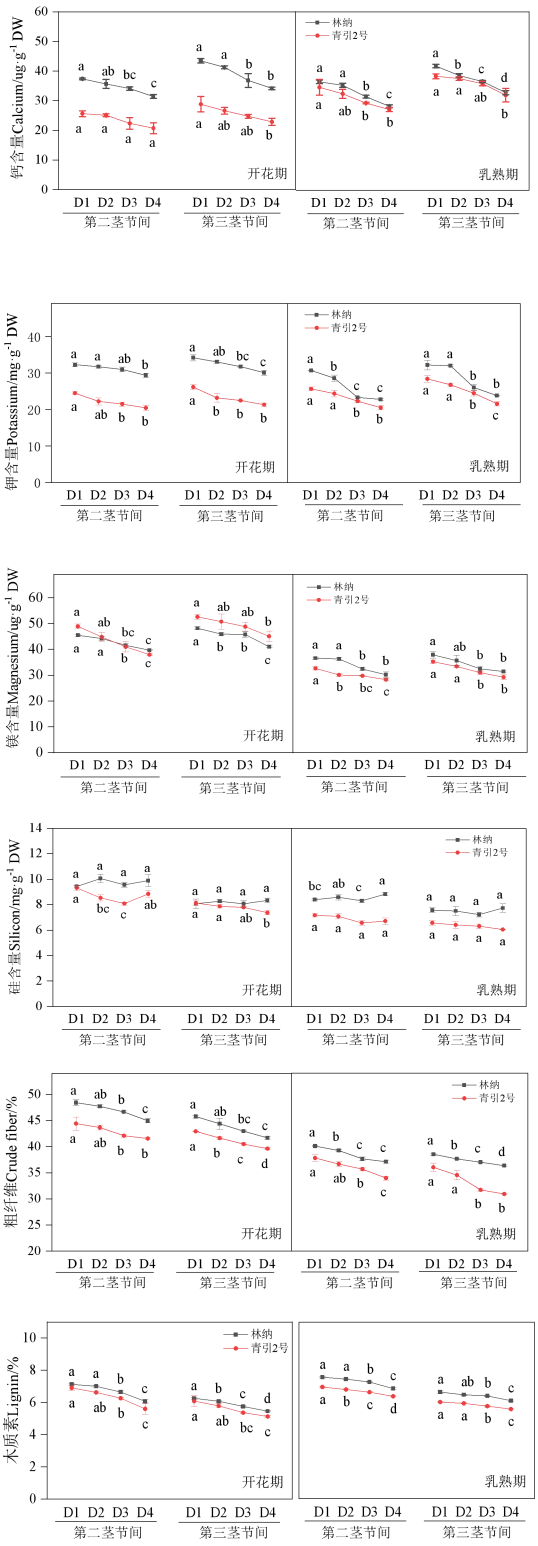

图 1 两个燕麦品种茎秆理化性质和倒伏系数的差异

注：*和**分别表示在 $P$＜0.05 和 $P$＜0.01 水平上差异显著；ns 表示差异不显著。

### 2.2 不同种植密度下燕麦茎杆理化性质和倒伏系数的变化

在开花期和乳熟期，随种植密度上升，两个品种第二茎节间和第三茎节间的钙、钾、镁、粗纤维和木质素含量下降，倒伏系数上升，但两个品种在种植密度为 D2 和 D3 时的倒

伏系数之间没有显著差异（$P<0.05$）。青引 2 号的淀粉含量在开花期和乳熟期都呈先增后降趋势，林纳只在乳熟期表现出相同的趋势。两个品种的可溶性糖含量先升后降，可溶性蛋白含量先下降后上升再下降，均在 D3 时达到最大值。硅含量则无明显变化趋势（图 2）。



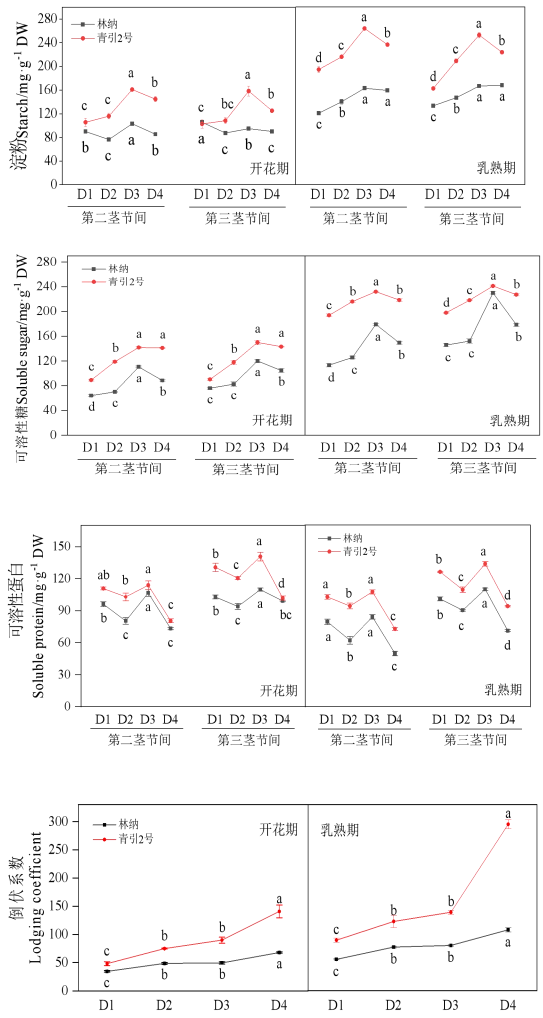



图 2 不同种植密度下燕麦茎秆理化性质和倒伏系数的变化

注：不同字母表示在 $P<0.05$ 水平上差异显著

## 2.3 种植密度和品种对茎杆理化性质和倒伏系数的影响

方差分析表明，燕麦品种对除镁之外的所有因素都有极其显著的影响（$P<0.001$），但对可溶性糖含量的影响最显著（F=3826.877，$P<0.001$，偏$\eta^2$=0.992），其次是淀粉含量（F=1067.41，$P<0.001$，偏$\eta^2$=0.971）。种植密度对除硅之外的所有因素都有显著影响（$P<0.001$），其中对可溶性糖含量的影响程度最高（F=965.997，$P<0.001$，偏$\eta^2$=0.989）。种植密度和品种在对钾、硅、淀粉、可溶性糖、可溶性蛋白和倒伏系数的影响上存在交互作用，且对倒伏系数的作用最强（F=91.805，$P<0.001$，偏$\eta^2$=0.896）（表 1）。

表 1 种植密度和品种对燕麦茎秆理化性质和倒伏系数的影响

| 因素 Factors | 品种主效应 Variety main effect | | | 密度主效应 Density main effect | | | 品种×密度 Variety * Density | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| | F | *P* | 偏$\eta^2$ | F | *P* | 偏$\eta^2$ | F | *P* | 偏$\eta^2$ |
| 钙/Ca | 277.67 | < | 0.897 | 55.920 | < | 0.840 | 0.981 | 0.414 | 0.084 |
| 钾/K | 629.90 | < | 0.952 | 103.73 | < | 0.907 | 3.005 | 0.045 | 0.220 |
| 镁/Mg | 0.589 | 0.449 | 0.018 | 45.487 | < | 0.810 | 0.266 | 0.849 | 0.024 |
| 硅/Si | 176.04 | < | 0.846 | 3.720 | 0.021 | 0.259 | 5.151 | 0.005 | 0.326 |

| | | | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| 粗纤维/CF | 347.59 | < | 0.916 | 75.573 | < | 0.876 | 0.978 | 0.415 | 0.084 |
| 木质素/LI | 132.93 | < | 0.806 | 75.938 | < | 0.877 | 0.288 | 0.834 | 0.026 |
| 淀粉/ST | 1067.4 | < | 0.971 | 137.71 | < | 0.928 | 37.316 | < | 0.778 |
| 可溶性糖/SS | 3826.8 | < | 0.992 | 965.99 | < | 0.989 | 67.080 | < | 0.863 |
| 可溶性蛋白 | 436.85 | < | 0.932 | 206.23 | < | 0.951 | 6.483 | 0.001 | 0.378 |
| 倒伏系数/LC | 571.90 | < | 0.947 | 267.68 | < | 0.962 | 91.805 | < | 0.896 |

## 2.4 茎秆理化性质对倒伏系数的影响

通过随机森林模型筛选燕麦倒伏系数的关键影响因子（图 3）。结果表明，燕麦茎杆中粗纤维、可溶性糖、镁和淀粉含量对倒伏系数具有极显著影响（$P<0.01$），钾和木质素对倒伏系数具有显著影响（$P<0.05$），而硅、钙和可溶性蛋白含量对倒伏系数的影响不显著。相关性分析表明，粗纤维、镁、钾和木质素与倒伏系数呈极显著负相关，而淀粉和可溶性糖含量与倒伏系数呈极显著正相关。另外，粗纤维、可溶性糖、镁、淀粉、钾和木质素之间会互相影响。

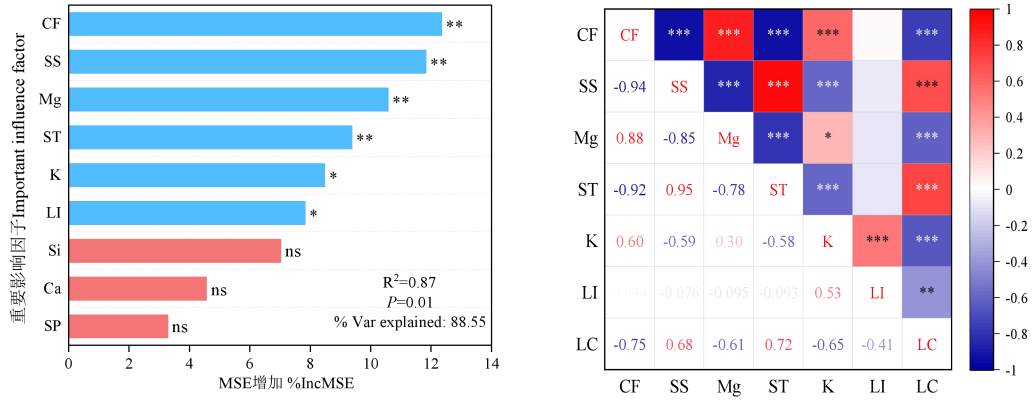



图 3 倒伏系数关键影响因子及其相关性

注：*、** 和 *** 分别表示在 $P<0.05$、$P<0.01$ 和 $P<0.001$ 水平上差异显著；ns 表示差异不显著。

## 2.5 品种、种植密度、理化性质和倒伏系数之间的关系

采用分段式结构方程模型分析品种、种植密度、理化性质和倒伏系数之间的关系，结果表明，方程拟合效果良好（Fisher's C=2.614，$P$=0.856）（图 4）。品种对倒伏系数有直接影响。除此之外，种植密度可通过影响粗纤维和淀粉含量间接影响倒伏，而品种则可通过影响粗纤维和可溶性糖含量间接影响倒伏。钾、粗纤维、淀粉和可溶性糖均对倒伏有直接影响，其中可溶性糖的直接效应最大，为 0.815。通过将直接效应和间接效应求和计算总效应，发现可溶性糖的总效应最大，为 0.989，因此，种植密度和品种主要通过影响可溶性糖含量影响倒伏系数。

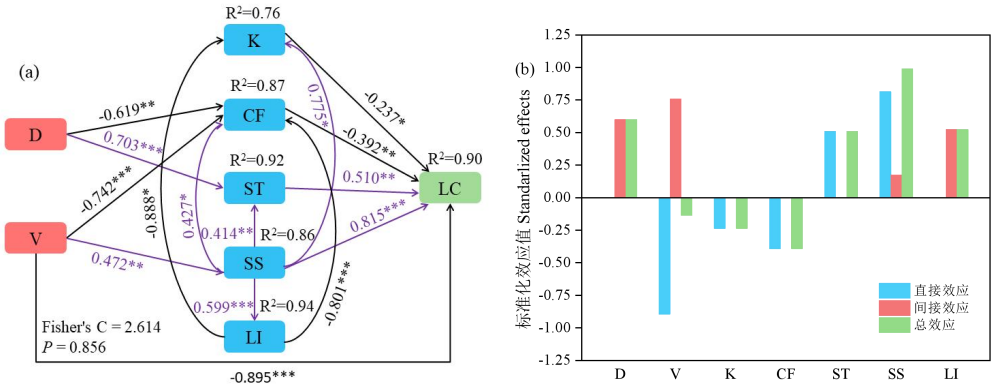



图 4 品种和种植密度对燕麦倒伏系数的影响路径（a）和各变量的标准化效应值（b）

# 3 讨论

## 3.1 燕麦茎秆性状品种差异和密度梯度变化

两个不同抗倒伏性燕麦品种茎秆性状差异很大，表明茎秆性状不仅受自然环境的影响，还取决于自身遗传特性[30]。研究表明，相较于低抗倒伏品种，高抗倒伏品种有更高的钙、钾、镁、硅、木质素和半纤维素含量[12]。我们对钙、钾、硅、粗纤维、木质素的研究也有相同的结论。不同的是，在本研究的两个品种中，镁含量没有显著差异。镁作为叶绿素的组成成分，能促进光合作用及有机物积累，从而使茎杆更加充实坚硬，从这个角度来说，高抗倒伏品种应该有更高的镁含量。但生物体内物质运输转化十分复杂，单一元素含量可作为抗倒伏能力的评价指标，而不能作为唯一的衡量标准。

低抗倒伏品种茎秆中淀粉和可溶性糖含量显著高于高抗倒伏品种，这与 Deng 等人的研究结果相反[31]。我们对这种现象的解释是研究所用品种不同，遗传特性导致的品种差异使研究结果不尽相同。当然，一个更为合理的解释是，淀粉和可溶性糖作为重要的非结构性碳水化合物，主要功能是协调作物不同生长发育阶段和不同环境条件下的源库关系[32-33]。高抗倒伏品种中淀粉和可溶性糖含量的积累超过了自身生长发育的需求，因此向木质素和纤维素等结构性物质转化，从而使其积累量减少[34]。另外，我们还发现可溶性蛋白含量高的品种抗倒伏能力弱，这与 Croy 等人的研究结果一致[35]。可溶性蛋白的含量可在一定程度上反应植株总氮的还原量，是植物体内氮素存在的主要形式，较高的氮浓度会抑制木质素积累，使茎杆细弱，茎杆机械强度降低，从而增加倒伏[36]。

栽培措施是调控植物生长发育的重要方法，种植密度因其简单高效而备受关注。以往的研究表明，随种植密度上升，倒伏率上升[37]，这与我们的研究结果相同。另外，我们还发现随种植密度增加，茎秆木质素、粗纤维、钾、钙、镁含量下降，原因可能是高密度种植造成的遮荫使有效辐射降低，从而影响了植株生长[38]。淀粉和可溶性糖含量呈先增后降的趋势，原因可能是合理密植增加了种群内的有益竞争，从而使淀粉和可溶性糖含量上升，而高密度种植则会降低冠层内部透光率，使净光合速率下降，光合产物积累量减少[39]。值得注意的是，可溶性蛋白含量随种植密度上升呈先下降后上升再下降的趋势，其作为生命活动的承担者，似乎对外界环境的变化格外敏感。

## 3.2 品种、种植密度、茎秆生物化学组分、倒伏之间的关系

茎秆性状是基因型与环境互作的结果。本研究发现，品种和种植密度对茎秆中淀粉和可溶性糖含量的影响极其显著（$P<0.001$，偏$\eta^2>0.90$）。可能是因为淀粉和可溶性糖作为植物能量代谢、维持植物自身发育及响应环境调控的主要因子，对外界环境变化反应更加敏感。另外，淀粉和可溶性糖也是影响倒伏系数的关键因子。研究表明，淀粉和可溶性糖沉积量增加可以提高茎秆密度和充实度，进而提高茎秆抗倒伏能力[40]。但也有研究表明，

倒伏与茎秆中碳水化合物含量的变化无关，但可能与它们在茎秆细胞壁中的排列以及相互作用存在重要关系[41]。在我们的研究中，淀粉、可溶性糖与倒伏系数呈显著正相关，说明高的淀粉和可溶性糖含量会增加倒伏风险，这可能是因为它们没有及时转化为结构性物质，不能有效发挥支撑作用。

粗纤维包括纤维素、半纤维素、木质素及角质等，是植物细胞壁的主要成分，可以稳定细胞壁组分，提高茎秆机械强度和刚度，在作物抗倒伏中起重要作用[8]。木质素作为粗纤维的重要组成部分，能为茎秆提供刚性，被认为与作物抗倒伏性密切相关[42]。种植密度可以调控粗纤维和木质素的合成，进而对倒伏产生影响。有研究表明，较低种植密度可有效提高叶片光合活性，增加木质素合成相关酶活性和茎中碳水化合物积累，从而增强茎杆抗倒伏能力[43]。本研究发现，种植密度显著影响粗纤维和木质素含量（$P<0.001$），进一步分析发现粗纤维和木质素均是倒伏系数的重要影响因子，所以我们推测高种植密度主要通过抑制木质素和粗纤维的积累进而增加倒伏风险。结构方程模型证明了我们对粗纤维的推测，而木质素主要由品种特性决定，且间接影响倒伏系数。

钙、钾、镁、硅是作物茎秆中重要的矿质元素，对作物生长及坚挺茎秆有重要作用。我们发现，只有硅含量对密度的变化无明显响应。先前的研究表明，钙、钾、镁、硅含量对倒伏指数均发挥负向效应[44]，说明茎秆中较高的钙、钾、镁、硅含量能提高作物抗倒伏能力。而在我们的研究中，只有钾和镁含量显著负向影响倒伏系数，尤其是钾的含量，可直接影响倒伏系数，也可间接影响倒伏系数。硅元素的积累会增加茎秆细胞壁的厚度和维管束的大小，降低倒伏指数[45]。钙是植物细胞壁的重要成分，有助于细胞壁的形成和强度的增加[46]。但在我们的研究中，钙和硅含量并不能显著影响倒伏系数。

## 4 结论

不同抗倒伏性燕麦品种茎秆生物化学组分含量差异显著（$P<0.01$）。相较于低抗倒伏品种，高抗倒伏品种有更高的钙、钾、硅、粗纤维和木质素含量以及更低的淀粉、可溶性糖和可溶性蛋白含量。随种植密度上升，两个品种的钙、钾、镁、粗纤维和木质素含量下降，倒伏系数上升。粗纤维、可溶性糖、镁、淀粉、钾、木质素是影响倒伏系数的关键因子，这些因子可作为抗倒伏品种选育中的有效参考指标。品种和种植密度主要通过影响淀粉、可溶性糖和粗纤维的含量进而影响倒伏。

## 参考文献


[1] MUHAMMAD U H, GURMANI Z A, KHAN S, et al. PARC Oat: A new Lodging-resistant, Late-maturing and High-yielding Variety of Oats (*Avena sativa* L.) for Pakistan[J]. Pakistan Journal of Agricultural Research, 2020, 33(3): 601

[2] MOHAMMADI M, FINNAN J, STERLING M, et al. A calibrated oat lodging model compared with agronomic measurements[J]. Field Crops Research, 2020, 255: 107784

[3] SHAH A N, TANVEER M, REHMAN A U, et al. Lodging stress in cereal-effects and management: an overview[J]. Environmental Science and Pollution Research, 2017, 24: 5222-5237

[4] WEIBEL R O, PENDLETON J W. Effect of artificial lodging on winter wheat grain yield and quality[J]. Agronomy Journal, 1964, 56(5): 487-488

[5] 南铭. 燕麦抗倒伏生理机制及茎秆木质素合成基因表达研究[D]. 甘肃农业大学, 2021

[6] NIU Y, CHEN T, ZHAO C, et al. Improving crop lodging resistance by adjusting plant height and stem strength[J]. Agronomy, 2021, 11(12): 2421

[7] WELTON F A. Lodging in oats and wheat[J]. Botanical Gazette, 1928, 85(2): 121-151

[8] LIU W G, YANG W Y, LUO L, et al. Relationship between cellulose accumulation and lodging resistance in the stem of relay intercropped soybean [Glycine max (L.) Men.] [J]. Field Crops Research, 2016, 196:

261-267

[9] ISHIMARU K, TOGAWA E, OOKAWA T, et al. New target for rice lodging resistance and its effect in a typhoon[J]. Planta, 2008, 227: 601-609

[10] KASHIWAGI T, MADOKA Y, HIROTSU N, et al. Locus prl5 improves lodging resistance of rice by delaying senescence and increasing carbohydrate reaccumulation[J]. Plant physiology biochemistry, 2006, 44(2-3): 152-157

[11] LIU W G, WEN B X, TAO Z, et al. iTRAQ protein profile analysis of soybean stems reveals new aspects critical for lodging in intercropping systems[J]. Journal of Integrative Agriculture, 2019, 18(9): 2029-2040

[12] BHAGAT K P, SAIRAM R, DESHMUKH P, et al. Biochemical analysis of stem in lodging tolerant and susceptible wheat (Triticum aestivum L.) genotypes under normal and late sown conditions[J]. Indian Journal of Plant Physiology, 2011, 16(1): 68-74

[13] KONG L, SUN M, WANG F, et al. Effects of high NH+ 4 on K+ uptake, culm mechanical strength and grain filling in wheat[J]. Frontiers in Plant Science, 2014, 5: 703

[14] NA C I, HAMAYUN M, KHAN A L, et al. Influence of prohexadione-calcium, trinexapac-ethyl and hexaconazole on lodging characteristic and gibberellin biosynthesis of rice (Oryza sativa L.)[J]. African Journal of Biotechnology, 2011, 10(61): 13097-13106

[15] DORAIRAJ D, ISMAIL M R, SINNIAH U R, et al. Influence of silicon on growth, yield, and lodging resistance of MR219, a lowland rice of Malaysia[J]. Journal of Plant Nutrition, 2017, 40(8): 1111-1124

[16] AHMAD I, AHMAD S, YANG X N, et al. Effect of uniconazole and nitrogen level on lodging resistance and yield potential of maize under medium and high plant density[J]. Plant Biology (Stuttgart, Germany), 2021, 23(3): 485-496

[17] SPARKES D, BERRY P, KING M J, et al. Effects of shade on root characters associated with lodging in wheat[J]. Triticum aestivum, 2008, 152(3): 389-395

[18] XIANG D B, ZHAO G, WAN Y, et al. Effect of planting density on lodging-related morphology, lodging rate, and yield of tartary buckwheat (Fagopyrum tataricum) [J]. Plant Production Science, 2016, 19(4): 479-488

[19] KHAN S, ANWAR S, KUAI J, et al. Alteration in yield and oil quality traits of winter rapeseed by lodging at different planting density and nitrogen rates[J]. Scientific Reports, 2018, 8: 1-12

[20] FANG X M, LI Y S, NIE J, et al. Effects of nitrogen fertilizer and planting density on the leaf photosynthetic characteristics, agronomic traits and grain yield in common buckwheat (Fagopyrum esculentum M.)[J]. Field Crops Research, 2018, 219: 160-168

[21] WILLIAMS M, HAUSMAN N E, DHALIWAL D S, et al. Economic optimum plant density of sweet corn does not increase root lodging incidence[J]. Crop Science, 2021, 61: 3637-3646

[22] TIAN B, WANG J, ZHANG L, et al. Assessment of resistance to lodging of landrace and improved cultivars in foxtail millet[J]. Euphytica, 2010, 172: 295-302

[23] SANTOS E J D, BAIKA L M, HERRMANN A B, et al. Technology: Fast assessment of mineral constituents in grass by inductively coupled plasma optical emission spectrometry[J]. Brazilian Archives of Biology Technology, 2012, 55: 457-464

[24] BARROS J A, DE SOUZA P F, SCHIAVO D, et al. Microwave-assisted digestion using diluted acid and base solutions for plant analysis by ICP OES[J]. Journal of Analytical Atomic Spectrometry, 2016, 31(1): 337-343

[25] ZAKIRULLAH M, ALI N, JAN T, et al. Effect of different nitrogen levels and cutting stages on crude protein, crude fiber, dry matter and green fodder yield of oat (Avena sativa L.) [J]. Pure Applied Biology, 2017, 6(2): 448-453

[26] BRINKMANN K, BLASCHKE L, POLLE A. Comparison of different methods for lignin determination as a basis for calibration of near-infrared reflectance spectroscopy and implications of lignoproteins[J]. Journal of chemical ecology, 2002, 28: 2483-2501

[27] ZHANG R, JIA Z, MA X, et al. Characterising the morphological characters and carbohydrate metabolism of oat culms and their association with lodging resistance[J]. Plant Biology, 2020, 22(2): 267-276

[28] DELAPLACE P, VAN DER WAL F, DIERICK J F, et al. Potato tuber proteomics: Comparison of two complementary extraction methods designed for 2-DE of acidic proteins[J]. Proteomics, 2006, 6(24): 6494-6497

[29] BRADFORD M M. A rapid and sensitive method for the quantitation of microgram quantities of protein utilizing the principle of protein-dye binding[J]. Analytical biochemistry, 1976, 72(1-2): 248-254

[30] WU L, ZHENG Y, JIAO F, et al. Identification of quantitative trait loci for related traits of stalk lodging resistance using genome-wide association studies in maize (Zea mays L.) [J]. BMC Genomic Data, 2022, 23(1): 76

[31] DENG Y, LIU W, YUAN X, et al. Relationship between cellulose synthesis metabolism and lodging resistance in intercropping soybean at seedling stage[J]. The Journal of Applied Ecology, 2016, 27(2): 469-476

[32] RUUSKA S A, REBETZKE G J, VAN HERWAARDEN A F, et al. Genotypic variation in water-soluble carbohydrate accumulation in wheat[J]. Functional Plant Biology, 2006, 33(9): 799-809

[33] SLEWINSKI T L. Non-structural carbohydrate partitioning in grass stems: a target to increase yield stability, stress tolerance, and biofuel production[J]. Journal of Experimental Botany, 2012, 63(13): 4647-4670

[34] HUSSAIN S, IQBAL N, RAHMAN T, et al. Shade effect on carbohydrates dynamics and stem strength of soybean genotypes[J]. Environmental and Experimental Botany, 2019, 162: 374-382

[35] CROY L I, HAGEMAN R. Relationship of nitrate reductase activity to grain protein production in wheat[J]. Crop science, 1970, 10(3): 280-285

[36] ZHANG W, WU L, DING Y, et al. Nitrogen fertilizer application affects lodging resistance by altering secondary cell wall synthesis in japonica rice (Oryza sativa) [J]. Journal of Plant Research, 2017, 130: 859-871

[37] KHAN A, LIU H, AHMAD A, et al. Impact of nitrogen regimes and planting densities on stem physiology, lignin biosynthesis and grain yield in relation to lodging resistance in winter wheat (Triticum aestivum L.)[J]. Cereal research communications, 2019, 47(3): 566-579

[38] XUE J, GOU L, ZHAO Y, et al. Effects of light intensity within the canopy on maize lodging[J]. Field Crops Research, 2016, 188: 133-141

[39] YANG F, LIU Q, CHENG Y, et al. Low red/far-red ratio as a signal promotes carbon assimilation of soybean seedlings by increasing the photosynthetic capacity[J]. BMC plant biology, 2020, 20(1): 1-12

[40] LI C, CHANG Y, LUO Y, et al. Nitrogen regulates stem lodging resistance by breaking the balance of photosynthetic carbon allocation in wheat[J]. Field Crops Research, 2023, 296: 108908

[41] KNAPP J S, HARMS C L, VOLENEC J J. Growth regulator effects on wheat culm nonstructural and structural carbohydrates and lignin[J]. Crop Science, 1987, 27(6): 1201-1205

[42] LUO Y L, CHANG Y L, LI C H, et al. Shading decreases lodging resistance of wheat under different planting densities by altering lignin monomer composition of stems[J]. Frontiers in Plant Science, 2022, 13: 1056193-1056193

[43] CHENG B, RAZA A, WANG L, et al. Effects of Multiple Planting Densities on Lignin Metabolism and Lodging Resistance of the Strip Intercropped Soybean Stem[J]. Agronomy, 2020, 10(8): 1177

[44] MARAFON A C, ENDRES L. Silicon: fertilization and nutrition in higher plants[J]. Amaz J Agric Environ

Sci, 2013, 56(4): 380-388
[45] KIM S G, KIM K W, PARK E W, et al. Silicon-induced cell wall fortification of rice leaves: a possible cellular mechanism of enhanced host resistance to blast[J]. Phytopathology, 2002, 92(10): 1095-1103
[46] DEMARTY M, MORVAN C, THELLIER M. Calcium and the cell wall[J]. Plant, Cell & Environment, 1984, 7(6):441-448.

# 1981-2015 年内蒙古植被 NDVI 指数动态变化

张全民[1]，陈翔[1]，陈丽荣[1]，张健[1]，超乐萌[2]，邢旗[1*]

（1. 蒙草生态环境（集团）股份有限公司，内蒙古自治区 呼和浩特 010030；
2. 内蒙古自治区林业和草原监测规划院，内蒙古自治区 呼和浩特 010030）

**摘要：**基于 1981-2000 年 Noaa 和 2001-2015 年 Modis 内蒙古自治区植被 NDVI，利用线性倾向法和转移矩阵对 34 年间内蒙古植被覆盖时空特征分三个阶段分析。研究表明：20 世纪 90 年代内蒙古自治区植被处于恢复期，植被生长状况明显优于 20 世纪 80 年代；进入 21 世纪，虽然 NDVI 平均值趋于升高，但 NDVI 高值区域（>0.6）存在轻度退化，中、低植被明显改善。年平均气温与 NDVI 值相关性较年平均降水量强，“水热”同期对植被 NDVI 影响显著

**关键词：**内蒙古植被；NDVI；动态变化

# Dynamic changes of vegetation NDVI index in Inner Mongolia from 1981 to 2015

Zhang Quan-min[1],Chen Xiang[1],Chen Li-rong[1],Zhang Jian[1],Chao Le-meng[2],Xing Qi[1*]

1. Mengcao Ecological Environment（Group）Co.,LTD, Inner Mongolia Autonomous Region, Hohhot 010030,China;2, Forestry and Grassland Monitoring and Planning Institute of Inner Mongolia Autonomous Region, Hohhot 010030, China）

Based on the 1981 to 2000 Noaa and 2001 to 2015 Modis of NDVI in Inner Mongolia Autonomous Region, the linear propensity method and transfer matrix were used to analyze the spatiotemporal characteristics of vegetation cover in Inner Mongolia in three stages in 34 years. Indicate that: in the 90s of the 20th century, the vegetation of Inner Mongolia Autonomous Region was in the restoration period, and the vegetation growth was significantly better than that in the 80s of the 20th century. In the 21st century, although the average value of NDVI tended to increase, there was a slight degradation in the area with high NDVI value (>0.6), and the vegetation in the middle and low vegetation was significantly improved. The correlation between annual average temperature and NDVI value was stronger than annual average precipitation, and "hydrothermal" had a significant impact on vegetation NDVI during the same period.

**Key words:** Vegetation of Inner Mongolia；NDVI；Dynamic change

草原生态系统作为陆地生态系统的五大类型之一，其面积为 45 亿公顷，约占陆地面积的 25%[1]，仅次于森林生态系统，在全球气候变化以及生态系统服务等方面起着及其重要的作用。草原生态系统所处地区的气候大陆性较强，降雨量偏低，一般为 250~450mm 且降雨量变化幅度较大。由于人类活动以及和极端气候等自然条件的影响，导致“三化”现在日益严重。据相关统计，目前内蒙古草地资源“三化”面积约占可利用草地面积的 74%，且以每年 1.45%的速度迅速扩张[2]。因此草原植被动态变化的研究对草原恢复具有重要的意义。

植被指数是反映植被在可见光、近红外波段反射与土壤背景之间的差异的指标，在一定情况下可用来定量说明植被的生长状况。归一化植被指数 (Normalized Difference Vegetation Index, NDVI) 具有衡量区域生态环境与陆地植被的作用，可以有效地反映植被盖度[3]。NDVI 是监测地区或全球植被生长状况及植被覆盖的有效指标[4]，与植被覆盖度呈线性正相关[5]。本文利用 NDVI 植被指数对内蒙古自治区植被变化趋势进行研究，并对该区草地植被覆盖时空动态特征进行评价，从宏观上间接地揭示了草原生长状况，反映出草原的动态变化。

# 1 研究区域概况

内蒙古自治区地处我国北部，地理坐标范围为北纬 37°24′~53°23′、东经 97°12′~126°00′，东西延长达 2400 多 km，总面积为 118 万 $km^2$。天然草地面积 7880.45 万 $hm^2$，草地面积约占全区总面积的 67%，是我国第二大草原省区。内蒙古草原是欧亚大陆斯太普草原的重要组成部分之一，地处温带平原，干旱大陆性气候，年降水量 50~450mm,年平均气温 0~8℃。草原类型呈纬向地带性分布，从东到西依次是温性草甸草原类、温性草原类、温性荒漠草原类、温性草原化荒漠类和温性荒漠类，此外，低地草甸类型广布与各草原类型之中。

# 2 研究方法

## 2.1 NDVI 数据处理与分析

### 2.1.1 数据来源与预处理

本文采用的中国地区长时间序列 AVHRR_PathFinder 植被指数数据集中 1981~2000 年旬数据下载自中国科学院寒区旱区科学数据中心（http://westdc.westgis.ac.cn/）。

2001~2015 年中国月合成 Modis 数据来自于空间地理数据（http://www.gscloud.cn/）。

1981~2015 年逐年年平均气温和年平均降水量栅格数据源于中国科学院资源环境科学数据中心（http://www.resdc.cn/data.）。

### 2.1.2 Noaa-NDVI 和 Modis-NDVI 归一化处理

数据处理采用国际通用的最大值合成 MVC(Maximum value composites) 法[6]，既通过不同月份 NDVI 图层采用 MVC 法提取每个象元所能达到的最大值。用每年生长季（6、7、8、9 月）NDVI 最大值图层减去非生长季（11、12、1、2 月）NDVI 最大值图层代表某一年植被的 NDVI 实际图层。

利用 2000 年和 2001 年的 Noaa 数据和 Modis 数据对 NDVI 值作归一化处理。应用 ArcGis 10.3 在研究区内随机生成 10 万个相距 1km 的自由点，分别在相同年份的 Noaa-NDVI 和 Modis-NDVI 图层提取 NDVI 值。用 SPSS 19 对 Noaa-NDVI、Modis-NDVI 相关性分析，得出相关关系方程，根据相关关系方程用 ArcGis 中的栅格计算器对其作归一化处理。

## 2.2 研究方法

### 2.2.1 一元线性回归趋势分析

回归线趋势法是对一组随时间变化的变量做回归分析的一种方法[7]。本文采用一元线性回归趋势分析方法分析 34 年 NDVI 图层的变化趋势，计算公式如下：

$$Slope = \frac{n \times \sum_{i=1}^{n} i \times X_i - \sum_{i=1}^{n} i \sum_{i=1}^{n} X_i}{n \times \sum_{i=1}^{n} i^2 - (\sum_{i=1}^{n} i)^2} \qquad (1)$$

式中，Slope 为趋势斜率，n 为研究时间段的年数，$X_i$为第$i$年的带分析变量，$i$表示 1981~2015 的年序号。Slope 表示从 1981~2015 年的年 NDVI 增长率，若 Slope>0，表示 NDVI 值在该时间段内呈增长趋势，反之则表示呈下降趋势。Slope 数值的大小反映了变量随时

间变化的速率大小。

### 2.2.2 转移矩阵

按时间段将 1981~2015 年划分为三个时间段，分别为 1981~1989、1990~2000 和 2001~2015。在 ArcGis 10.3 软件支持下，将三个时间段 NDVI 均值分级并用 Tabulate area 工具进行运算，得到内蒙古自治区植被 NDVI 等级的转移矩阵，用来分析不同等级 NDVI 的动态变化。

## 3 结果分析

### 3.1 植被 NDVI 值年际变化

根据 1981~2015 年 NDVI 图层，统计了内蒙古自治区逐年 NDVI 均值、34 年平均 NDVI 值、最佳状态 NDVI 均值，并对 34 年 NDVI 图层进行分类提取出 NDVI 值小于 0.2 的区域面积百分率（见图 1）。

34 年中，内蒙古自治区 NDVI 年最大均值为 0.334，出现在 1992 年。最小值为 0.173，出现在 1983 年。34 年平均 NDVI 值为 0.251；应用 MVC 法得出 34 年最佳状态 NDVI 均值为 0.497，表示内蒙古自治区植被指数在理想条件下所能达到最佳状态下的 NDVI 平均值。20 世纪 80 年代 NDVI 值在 0.173~0.249 范围内波动，其 NDVI 值小于 0.2 的区域面积比例与 NDVI 均值变化趋势呈现负相关关系，其变化范围为 35.282%~43.262%。20 世纪 90 年代 NDVI 值有所好转，其范围为 0.215~0.334。90 年代较 80 年代 NDVI 均值增长 15.09%，NDVI 低值区域面积年波动较大。在 1992 年达历史最低值 26.232%，随后在 2000 年上升至 41.155%。2000 年后 NDVI 呈现明显的上升趋势，其中 2012 年 NDVI 均值几乎接近历史最高年份，其值为 0.327，同时 NDVI 低值区域面积为 30.370%。从图 1 可以看出 20 世纪 80 年代同时出现 NDVI 最低值和最高值，植被 NDVI 波动较大但其处于平稳上升期。20 世纪 90 年代出现先降后增的趋势，在进入 21 世纪初 NDVI 进入较大幅波动阶段，植被生长状况较 90 年代有所改善。

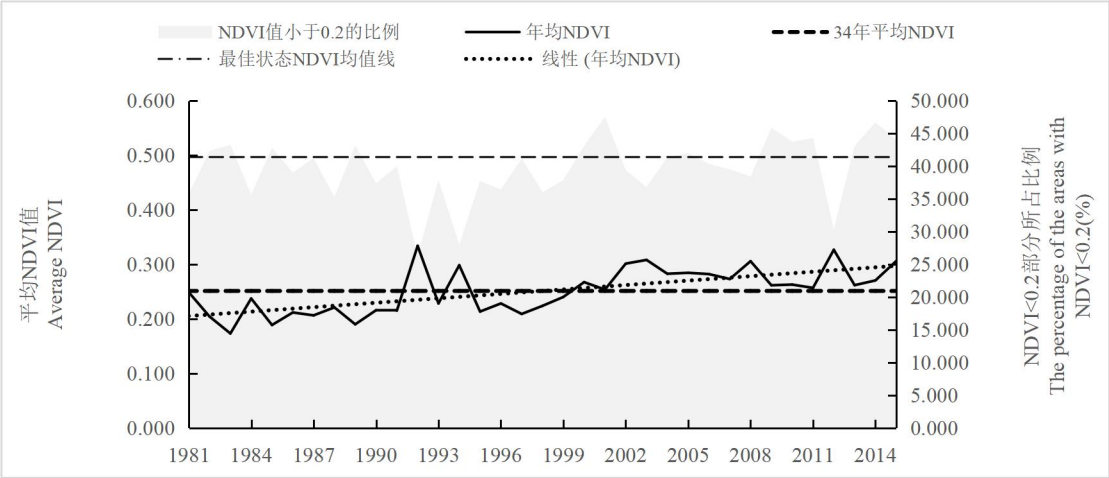



**图 1　内蒙古 NDVI 变化趋势图**

Fig. 1 The change of NDVI in the Inner Mongolia

### 3.2 植被 NDVI 值区域变化

由表 1 得出三个时段 NDVI 极低值区域（NDVI<0.1）的面积先减后增，1981~1989 年极低值区域面积为 27.97%，1990~2000 降为 25.85%（面积减少为 8.01%），2001~2015 年增加到 26.35%（面积增加 1.89%）。将 NDVI 值在 0~0.3 之间的区域统计分析得出相同的结论，其三个时期面积分别为 47.40%、43.59%和 50.56%。由此可以得出 1981~2015 年内蒙

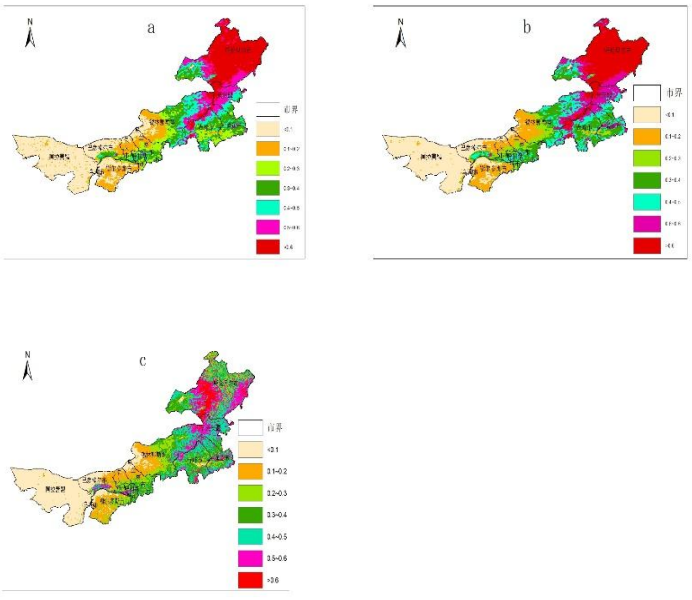
古植被 NDVI 低值面积先减后增，2001~2015 年 NDVI 低值区域面积最大，植被状况差于其他两个时期。统计 NDVI 高值区域面积（>0.6）得出 1981~2015 年内蒙古植被 NDVI 高值面积先增后减。然而通过统计 NDVI 中值（0.3~0.6）区域面积，分别为 32.73%、35.81%和 45.59%。综合以上统计结果得：内蒙古自治区植被 1990~2000 较 1981~1989 有所好转，NDVI 整体水平有所提升。在近十四年时间里，NDVI 值趋于集中化，既 NDVI 中值（0.3~0.6）所占比例逐渐升高。

**表 1 研究时段 NDVI 指数等级分布情况**

Table 1 The distribution of NDVI index classes during three periods

| 时段 Period | 不同 NDVI 指数所占的比率 (%) The distribution of NDVI index (%) | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|
| | <0.1 | 0.1～0.2 | 0.2～0.3 | 0.3～0.4 | 0.4～0.5 | 0.5～0.6 | >0.6 |
| 1981～1989 年 | 27.92 | 11.62 | 7.87 | 12.55 | 10.19 | 9.99 | 19.87 |
| 1990～2000 年 | 25.85 | 12.19 | 5.56 | 11.78 | 12.57 | 11.45 | 20.60 |
| 2001～2015 年 | 26.35 | 13.31 | 10.89 | 15.29 | 17.63 | 12.67 | 3.84 |

图 2 反映了 3 个研究时段内蒙古自治区 NDVI 空间分布变化。从图 2 明显看出，NDVI 低值区域主要分布于内蒙古自治区阿拉善盟、巴彦淖尔市、乌海市、鄂尔多斯北部、包头市北部、乌兰察布市北部和锡林郭勒西部。NDVI 高值区域（NDVI>0.6）主要分布于内蒙古东部的呼伦贝尔市、兴安盟西北部、通辽市北部、赤峰北部和锡林郭勒东部。经对比图 2-a(1981~1989)与图 2-b（1990~2000），在巴彦淖尔市和锡林郭勒盟草原化荒漠区低值区（NDVI<0.1）面积明显减少，面积减少为 8.01%。然而图 2-c（2001~2015）期间 NDVI 低值区域面积逐渐增加，面积增加 1.89%，主要分布于锡林郭勒盟草原化荒漠西部。从图 2- c（2001~2015）看出，NDVI>0.6 的面积明显减少，面积较 1990~2000 减少 81.13%，主要分布于呼伦贝尔市中部地区。




a 为 1981~1989 年；b 为 1990~2000 年；c 为 2001~2015 年；下图同

a：from 1981 to 1989；b：from 1990~2000；c from 2001~2015； the same as Fig.3

**图 2 植被指数等级分布图**

Fig.2 The distribution of NDVI index

### 3.3 植被 NDVI 值时段变化

通过公式（1）对三个时期的 NDVI 图层做一元线性回归趋势分析法分析 NDVI 值随时间的变化趋势，利用栅格计算器计算出 1981~1989、1990~2000 和 2001~2015 三个时段的变化趋势倾向值 Slope，按表 2 中 Slope 值将图层分类制图（图 3）并统计各类所占的面积百分比。

**表 2 不同时期植被指数线性倾向**

Table 2 The linear trend of NDVI in different period

| 变化趋势倾向值 Slope | 指示变化 Change trend | 植被变化倾向值面积百分比（%） The linear trend of NDVI area percentage（%） | | |
|---|---|---|---|---|
| | | 1981～1989 年 | 1990～2000 年 | 2001～2015 年 |
| -0.532 ～-0.006 | 轻度退化 | 38.208 | 5.496 | 15.148 |
| -0.006～0.001 | 基本不变 | 31.662 | 24.088 | 47.120 |
| 0.001～0.008 | 轻度改善 | 21.319 | 39.327 | 28.143 |
| 0.008～0.197 | 中度改善 | 8.451 | 22.469 | 9.117 |
| 0.197～0.674 | 明显改善 | 0.359 | 8.620 | 0.471 |

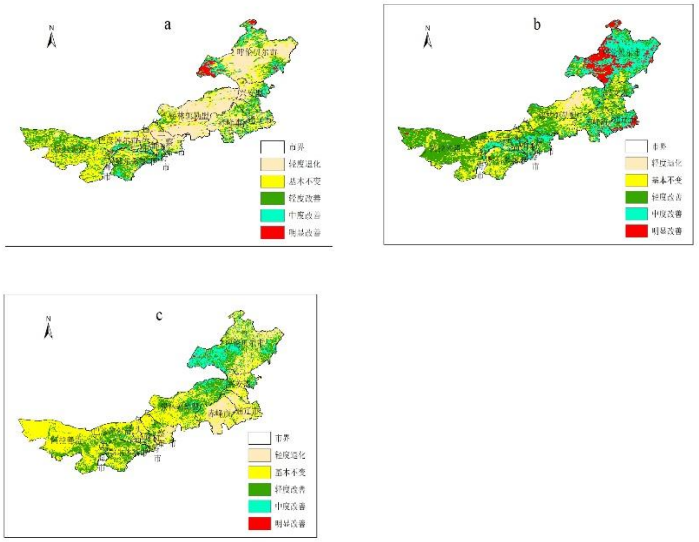



**图 3 植被指数线性倾向分布图**

Fig.3 The distribution of NDVI change

从图 3-a 中可以看出，1981~1989 年植被退化主要分布于巴彦淖尔市、包头市、乌兰察布市、锡林郭勒盟、赤峰市、兴安盟和呼伦贝尔市，退化面积所占全内蒙古面积的 38.208%。90 年代（图 3-b）植被 NDVI 值明显升高，存在退化趋势植被比例为 5.496%，较 80 年代植被明显改善；退化趋势区域仅在锡林郭勒盟中部。进入 21 世纪（图 3-c）退化趋势逐渐东移，主要分布于赤峰市、通辽市和兴安盟，轻度退化面积为 15.148%。自 1981~2015 期间，内蒙古植被退化趋势面积呈现先减后增的状态，同时植被明显改善趋势比例逐步下降。

### 3.4 不同 NDVI 等级的动态变化

用 ArcGis 软件 Tabulate area 工具对三个时期的平均 NDVI 图层按表 3 分 7 等级（用Ⅰ、Ⅱ、Ⅲ…Ⅶ表示）进行运算，得到 1981~1989 年与 1990~2000 年和 1990~2000 年与 2001~2015 年的内蒙古自治区各等级的转移矩阵。通过各等级转移的 NDVI 所占的比例求出其面积，如表 3、4 所示，其中对角线上的值表示为发生转移的比例和面积。

由 1981～1989 年、1990～2000 年的 NDVI 等级转移矩阵得出，内蒙古 NDVI 等级Ⅲ（0.2~0.3）未发生转移的比例最小（41.32%），NDVI 等级Ⅶ（>0.6）比较稳定，未发生转移的比例为 95.77%。其中等级Ⅲ向等级Ⅳ转移率最高（50.76%）；在转移率较高的Ⅱ、Ⅲ、Ⅴ、Ⅵ等级中，植被的等级转移主要以低级向高级转移为主，其中等级Ⅱ向等级Ⅲ的转移率为 18.63%，等级Ⅳ向等级Ⅴ的转移率为 39.16%，等级Ⅴ向等级Ⅵ的转移率为 27.92%，等级Ⅵ向等级Ⅶ的转移率为 19.78%；逆向转移中等级Ⅱ向等级Ⅰ转移率最高（12.28%），其他等级向低等级转移率较小，其范围在 1.89%~6.77%之间。跨等级转移中以正向跨等级转移为主，逆向跨等级转移率极低。与 1981~1989 年时段相比，1990~2000 年时段内蒙古自治区的 NDVI 等级转移主要以正向转移为主且比例较高，跨等级正向转移率明显大于逆向转移率，由此可以看出 1990~2000 年较 1981~1989 年内蒙古自治区的植被明显改善，植被生长状况处于恢复阶段。

**表 3　1981～1989 年、1990～2000 年的 NDVI 等级转移矩阵**

Table 3　The transfer matrix of NDVI grade from 1981～1989 period to 1990～2000 period

| NDVI 等级及对应的值 NDVI grade and score | 转移面积（km²)及比例（%） Transfer area (km²) and percentage (%) | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|
| | Ⅰ | Ⅱ | Ⅲ | Ⅳ | Ⅴ | Ⅵ | Ⅶ |
| | 263429.0 | | | | | | |
| Ⅰ | 8 | 41839.79 | 448.92 | 44.89 | 0 | 0 | 0 |
| <0.1 | （86.15） | （13.68） | （0.15） | （0.01） | 0 | 0 | 0 |
| Ⅱ | 17707.24 | 98661.90 | 26866.16 | 966.77 | 0 | 0 | 0 |
| 0.1～0.2 | （12.28） | （68.42） | （18.63） | （0.67） | 0 | 0 | 0 |
| Ⅲ | 239.84 | 2638.19 | 27169.92 | 33371.38 | 2295.57 | 34.26 | 0 |
| 0.2～0.3 | （0.36） | （4.01） | （41.32） | （50.76） | （3.49） | （0.05） | 0 |
| Ⅳ | 0 | 45.51 | 2639.62 | 80963.27 | 54567.15 | 1137.76 | 0 |
| 0.3～0.4 | 0 | （0.03） | （1.89） | （58.10） | （39.16） | （0.82） | 0 |
| Ⅴ | 0 | 0 | 359.03 | 7360.21 | 99452.52 | 41528.30 | 59.84 |
| 0.4～0.5 | 0 | 0 | （0.24） | （4.95） | （66.85） | （27.92） | （0.04） |
| Ⅵ | 0 | 0 | 0 | 55.59 | 9172.45 | 99451.59 | 26794.67 |
| 0.5～0.6 | 0 | 0 | 0 | （0.04） | （6.77） | （73.14） | （19.78） |
| Ⅶ | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 10302.78 | 233395.80 |
| >0.6 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | （4.23） | （95.77） |

注：括号中的数字为各等级之间转移的比例；表 4 同。

Note：the number in brackets are the percentage of the grasslands that transfer between different grades，the same as table 4.

**表 4　1990～20000 年、2001～2015 年的 NDVI 等级转移矩阵**

The transfer matrix of NDVI grade from 1990～2000 period to 2001～2015 period

| NDVI 等级及对应的值 NDVI grade | 转移面积（km²)及比例（%） Transfer area (km²) and percentage (%) |
|---|---|

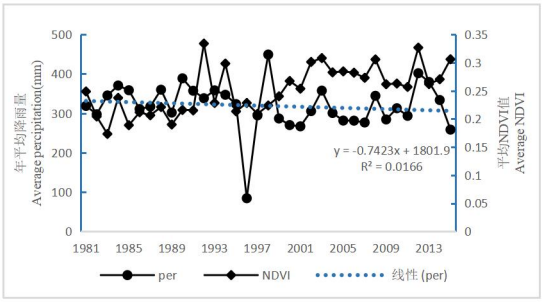
| and score | Ⅰ | Ⅱ | Ⅲ | Ⅳ | Ⅴ | Ⅵ | Ⅶ |
|---|---|---|---|---|---|---|---|
| | 287256.3 | | | | | | |
| Ⅰ | 1 | 22362.78 | 1805.07 | 200.56 | 150.43 | 0 | 0 |
| <0.1 | （92.14） | （7.17） | （0.58） | （0.06） | （0.05） | 0 | 0 |
| Ⅱ | 30748.87 | 97915.07 | 24224.76 | 4064.19 | 374.34 | 160.43 | 0 |
| 0.1～0.2 | （19.52） | （62.17） | （15.38） | （2.58） | （0.24） | （0.10） | 0 |
| Ⅲ | 4627.57 | 45998.03 | 54420.19 | 19528.34 | 3794.61 | 462.76 | 0 |
| 0.2～0.3 | （3.59） | （35.70） | （42.24） | （15.16） | （2.95） | （0.36） | 0 |
| Ⅳ | 2189.58 | 5755.45 | 52236.94 | 81452.09 | 31529.84 | 7131.75 | 563.03 |
| 0.3～0.4 | （1.21） | （3.18） | （28.88） | （45.04） | （17.43） | （3.94） | （0.31） |
| Ⅴ | 337.67 | 3646.84 | 17558.84 | 79149.88 | 80703.17 | 25325.26 | 1823.42 |
| 0.4～0.5 | （0.16） | （1.75） | （8.42） | （37.95） | （38.70） | （12.14） | （0.87） |
| Ⅵ | 332.07 | 2545.88 | 4206.24 | 19370.86 | 76155.16 | 43556.76 | 3708.14 |
| 0.5～0.6 | （0.22） | （1.70） | （2.81） | （12.92） | （50.81） | （29.06） | （2.47） |
| Ⅶ | 115.26 | 2659.76 | 3262.64 | 5097.87 | 10248.94 | 16401.85 | 7598.05 |
| >0.6 | （0.25） | （5.86） | （7.19） | （11.23） | （22.58） | （36.14） | （16.74） |

从 1990~2000 年与 2001~2015 年植被 NDVI 等级转移矩阵（表 4）可以看出，NDVI 等级未发生转移的比例明显下降，其中等级Ⅰ未转移的比例最高（92.14%），其次是等级Ⅱ为 62.17%，剩余类型为转移率均低于 50%。逆向转移率所占比例明显大于正向转移率，其中等级Ⅵ向等级Ⅴ转移率最高为 50.81%，等级Ⅲ向等级Ⅱ转移率为 35.70%，等级Ⅳ向等级Ⅲ转移率为 28.88%，等级Ⅴ向等级Ⅳ转移率为 37.95%，等级Ⅶ向等级Ⅵ转移率为 36.14%。同时，跨等级逆向转移率明显高于跨等级正向转移率。从转移矩阵可以看出，2001~2015 年时段内蒙古自治区的植被 NDVI 值转移率较高且以逆向转移为主，说明 2001~2015 年时段植被生长状况较 1990~2000 年时段不稳定，有变差的趋势。

总之，在 1981~2015 年这 34 年中，内蒙古自治区植被状况由 90 年代好转到 21 世纪稍有变差的趋势，且变差区域集中在 NDVI 值高值区（NDVI>0.5）。

**3.5 NDVI 植被指数对降水量及温度的响应**

气候变化对植被 NDVI 有着重要的影响，尤其是降雨量和温度的变化。相关研究表明，1982-1999 年间中国 NDVI 平均增加了 7.4%，其主要影响因子是温度上升和夏季降水增加[8]；李月臣等[9]认为植被变化与温度有显著相关性而与降水量的相关性不显著，气温的升高导致生长季提前且生长季延长是植被变化的重要驱动因子。本研究中，利用中国科学院资源环境科学数据中心下载的温度和降水量的栅格数据，通过裁剪出内蒙古自治区的栅格图层后，统计出自 1981~2015 年逐年年平均气温和年平均降水量（如图 4）。从图中可以看出 1981~2015 年时段内，年平均降雨量呈降低趋势，而年平均气温呈上升趋势；从 NDVI 变化趋势来分析，年平均气温对植被 NDVI 影响较强。虽然水雨量呈下降趋势，但是从 1981~1990 年时段来看，年平均降雨量对 NDVI 值影响还是比较大的。综合图 4 中年均降雨量和年平均气温来看，年平均降雨量和年平均气温同时增加时 NDVI 值趋于明显上升阶段；如若其变化趋势相反，则 NDVI 值呈下降趋势。由此可以看出，“水热”同期对植被 NDVI 影响显著，既年平均降雨量和年平均气温两者同时呈现增长时，NDVI 值明显上升。



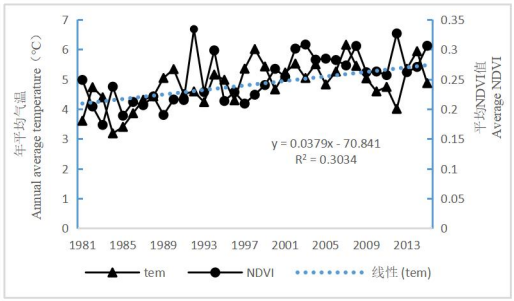




**图 4 1981~2015 年内蒙古降水量和温度的变化**

Fig.4 Changes of precipitation and temperature in Inner Mongolia during 1981~29015 years

# 4 讨论与结论

自 1981~2015 年时段的 34 年中，内蒙古自治区植被从 20 世纪 90 年代恢复期到 21 世纪植被波动较大的不稳定时期，既 NDVI 值年际波动较大且 NDVI 高值区逆向转移率和逆向跨等级转移率较大，但其年平均 NDVI 值趋于升高。其中巴彦淖尔市、包头市、乌兰察布市和锡林郭勒盟植被 NDVI 值明显好转；赤峰市、通辽市、兴安盟和呼伦贝尔市植被明显下降，其中以呼伦贝尔市最为明显，NDVI 高值区域（NDVI>0.6）所占面积比例从 90 年代到 21 世纪初从 20.60%骤降为 3.84，从图 2 可知，这些区域主要分布于呼伦贝尔市。与此同时，NDVI 中、低值区域面积明显增加，说明 2000~2015 年间内蒙古大学植被好转趋势明显，但高植被覆盖区存在轻度退化现象。低植被覆盖区域 NDVI 值增加由以减畜为主要手段的生态治理项目以及“环京津风沙治理”工程等认为因素导致的，而高被覆盖区由于城市化的推进、人口增加等人为因素造成了一定程度的草原区植被退化[10]。

参考文献：

［1］田青.草原生态系统研究的方法与实践[M].北京:中国林业出版社,2014:1-2.

［2］王云霞.内蒙古草地资源退化及其影响因素的实证研究[D].内蒙古农业大学,2010.

［3］Piao S L, Mohammat A, Fang J Y, et al. NDVI-based in-crease in growth of temperate grasslands and its responses to climate changes in China [J]. Global Environmental Change, 2006, 16(14):340-348.

［4］张远东,张笑鹤,刘世荣.西南地区不同植被类型归一化植被指数与气候因子的相关分析[J].应用生态学报,2011,22(2):323-330.

［5］孙红雨,王常耀,牛铮,等.中国植被覆盖变化及其气候因子关系-基于 NO-AA 时间序列数据[J].遥感学报,1998,2(3):204～210.

［6］张连义,宝路如,尔敦扎玛,等.锡林郭勒盟草地植被生物量遥感监测模型的研究[J].中国草地学报,2008,30(1):6-14.

［7］宋怡,马明国.基于 GIMMS AVHRR NDVI 数据的中国寒旱区植被动态及其气候因子的关系[J].遥感学报,2008,12(3):499-505.

［8］方精云,朴世龙,贺金生,马文红.近 20 年来中国植被活动在增强.中国科学 C 辑:生命科

学,2003,33(6):554-565.
［9］李月臣,宫鹏,刘春霞,陈晋,于德永.北方 13 省 1982-1999 年植被变化及其气候因子的关系.资源科学,2006,28(2):109-117.
［10］王颖,张科利,李峰.基于 10 年 MODIS 数据的锡林郭勒盟草原植被覆盖变化监测[J].干旱区资源与环境,2012,26(9):165-169.

# 达乌里胡枝子根瘤菌的促生作用及高效根瘤菌的筛选

杨凯元[#1,2,3]，钟华[#1,2,3]，高鹏[1,2,3]，黄臣[1,2,3]，蒋霖[1,2,3]，赵祥[*1,2,3]

(1 山西农业大学草业学院，山西 太谷 030801；2 农业农村部饲草高效生产模式创新重点实验室，山西 太谷 030801；3 草地生态保护与乡土草种质创新山西省重点实验室，山西 太谷 030801)

**摘要：**本研究选择前期从达乌里胡枝子(*Lespedeza daurica*)根瘤分离且结瘤效果较好的 7 株根瘤菌，通过盆栽试验测定其对植株生长表型的影响，结合光合特性初步分析促生的生理生化机制并筛选高效根瘤菌。结果表明：除 TG64，其余菌株均显著提高达乌里胡枝子的株高、根长、生物量，TG101 促生效果最明显。TG98、TG100、TG101 和 TG115 显著提高了叶绿素含量、光合和氮吸收能力。总之，7 株根瘤菌通过改善氮素营养促进叶绿素合成，提高光合能力，进而促进干物质积累，调控其生长。TG101 促生作用最好，为高效根瘤菌，为后续研发黄土高原地区适用的达乌里胡枝子根瘤菌剂提供了菌种资源和理论依据。

**关键词：**达乌里胡枝子；根瘤菌；筛选；鉴定

# Growth-promoting Effect of Rhizobia from *Lespedeza davurica* and Screening of Efficient Rhizobium

YANG Kaiyuan[#1,2,3], ZHONG Hua[#1,2,3], GAO Peng[1,2,3], HUANG Chen[1,2,3], JIANG Lin[1,2,3], ZHAO Xiang[*1,2,3]

(1 College of Grassland Science, Shanxi Agricultural University, Taigu 030801, Shanxi, China; 2 Key Laboratory of Model Innovation in Forage Production Efficiency, Ministry of Agriculture and Rural Affairs, Taigu 030801, Shanxi, China; 3 Shanxi Key Laboratory of Grassland Ecological Protection and Native Grass Germplasm Innovation, Taigu 030801, Shanxi, China)

**Abstract:** In this study, 7 rhizobium strains isolated from nodules of *Lespedeza daurica* with good nodulation effect were selected. The effect of different strains on plant growth was determined by pot test. The physiological and biochemical mechanisms of growth promotion were preliminarily analyzed by its photosynthetic characteristics. Finally, the efficient rhizobium was selected. The results showed that: except for TG64, the other strains significantly increased the plant height, root length and biomass. Among them, the growth-promoting effect of TG101 was best. TG98, TG100, TG101 and TG115 significantly increased the chlorophyll content, photosynthetic and nitrogen absorption capacity of the plants. In conclusion, the 7 rhizobia promoted the synthesis of chlorophyll and improved the photosynthetic capacity by improving the nitrogen nutrition of plants, thus promoting the accumulation of dry matter and regulating its

**基金项目**：国家自然科学基金（31870438）；山西农业大学科技创新基金项目（2018YJ37）；山西省 2021 年度研究生教育创新项目（2021Y344）

**作者简介**：杨凯元（1998-），男，汉族，河北容城人，博士研究生，研究方向为草地微生物，E-mail：1632021098@qq.com；钟华（1979-），女，汉族，山西岢岚人，博士，研究方向为牧草种质资源开发利用，E-mail：zhonghua109@126.com；*通信作者 Author for correspondence，Email：sxndzhaox@126.com

growth. TG101 with the best growth-promoting effect is an efficient rhizobium, which provides strain resources and theoretical basis for the subsequent development of rhizobium agents suitable for L. *davurica* in the Loess Plateau.

**Keywords:** *Lespedeza daurica*; rhizobia; screening; identification

氮是限制豆科植物生长发育的最主要元素[1]。豆科植物-根瘤菌共生是生物固氮效率最高的体系[2]，在减少氮肥施用，改善生态环境等方面发挥积极作用[3]。达乌里胡枝子能与根瘤菌共生，具有很高的利用价值，黄土高原是其分布中心[4]。但该地区草地土壤氮含量和氮密度低[5]，不利于达乌里胡枝子生长及栽培利用。前人研究表明[6-8]，接种根瘤菌能够显著提高胡枝子的结瘤率、根瘤数、根瘤鲜重和生物量等。山西是达乌里胡枝子的主要分布区之一，但尚未见包括该地区在内的达乌里胡枝子根瘤菌的系统研究。本研究选取前期从山西省达乌里胡枝子根瘤分离且结瘤效果较好的 7 株根瘤菌，通过盆栽试验比较不同菌株对植株的促生效应，进一步对其生理生化机制进行分析，并筛选高效根瘤菌，为研发适用于黄土高原地区的达乌里胡枝子根瘤菌剂提供菌种资源和理论依据。

# 1 材料与方法

## 1.1 供试菌株

2021 年从山西省的达乌里胡枝子根瘤分离纯化了 88 株根瘤菌，通过预实验对其结瘤效果进行测定，最终选取了 7 株结瘤效果较好的根瘤菌作为供试菌株，基本信息如下：

**表 1 7 株供试菌株的基本信息**

Table 1 Essential information of 7 tested strains

| 菌株编号<br>Strain NO. | 菌种<br>Microbe species | 菌落形态<br>Colony morphology | 菌体形状<br>Mycelial morphology | 革兰氏染色<br>Gram stain |
|---|---|---|---|---|
| TG64 | *Neorhizobium huautlense* | 圆形 | 杆状 | G- |
| TG97 | *Bradyrhizobium erythrophlei* | 圆形 | 杆状 | G- |
| TG98 | *Bradyrhizobium erythrophlei* | 圆形 | 杆状 | G- |
| TG100 | *Bradyrhizobium erythrophlei* | 圆形 | 杆状 | G- |
| TG101 | *Bradyrhizobium erythrophlei* | 圆形 | 杆状 | G- |
| TG105 | *Bradyrhizobium erythrophlei* | 圆形 | 杆状 | G- |
| TG115 | *Bradyrhizobium subterraneum* | 圆形 | 杆状 | G- |

## 1.2 根瘤菌对盆栽达乌里胡枝子的促生试验

将籽粒饱满、色泽形态一致的达乌里胡枝子种子消毒、漂洗后，播种到盛有无菌蛭石的花盆中，每盆 10 粒，在 25℃、16 h/8 h(光照/黑暗)、相对湿度 40%-50%的植物培养间培养，定期补充无菌水。10 d 后间苗，每盆留 3 株长势一致的幼苗。间苗结束后接种，供试菌株经热激活化后，调整 $OD_{600}$ 为 0.8，接种在幼苗茎基部，每株 1 mL，以无菌水为对照，每隔 7 d 再次接种，共接种 3 次，每个处理 3 次重复。接种完成后在植物培养间中培养，期间每周将花盆底部浸泡在 Fahräeus 无氮营养液中吸水，保持基质湿润。在第 1 次接种 90 d 后取样，测定植株的垂直株高、根长、生物量、全氮含量、叶绿素相对含量和净光合速率。

## 1.3 数据统计与分析

利用 Microsoft Excel 2019 整理数据，利用 SPSS 26.0 进行数据分析，对达乌里胡枝子的株高、根长、生物量、叶绿素相对含量、净光合速率等指标进行单因素方差分析和 LSD 法多重比较($P$<0.05)。利用 Origin 2021 软件绘制根瘤菌对达乌里胡枝子促生作用的柱状图。

# 2 结果与分析

## 2.1 不同根瘤菌菌株对达乌里胡枝子生长的影响

除 TG64，其余处理使达乌里胡枝子的株高显著提高 204.3%~414.5%(图 1A)，根长显著提高 72.4%~121.4%(图 1B)，地上部干重显著提高 21.0~68.47 倍(图 1C)($P$<0.05)。其中接种 TG101 的植株株高、根长和地上生物量均最高，分别为 52.35 cm、29.67 cm 和 1.26 g。

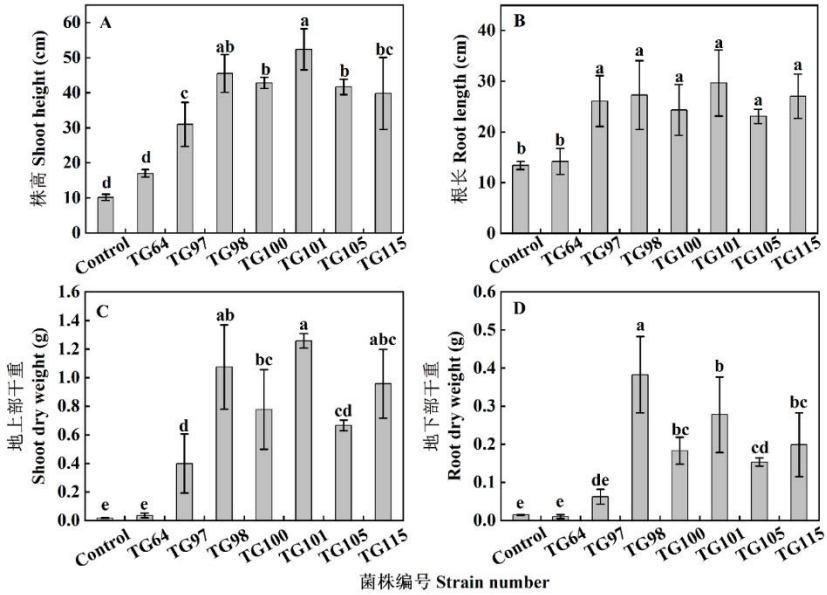



图 1 不同根瘤菌菌株对达乌里胡枝子株高(A)、根长(B)和生物量(C, D)的影响

Fig 1 Effects of different rhizobia on the shoot height (A), root length (B) and biomass (C, D)

不同小写字母表示差异显著（$P$<0.05），下同

Different lowercase letters indicate significant difference at 0.05 level, the same below

## 2.2 不同根瘤菌菌株对达乌里胡枝子全氮含量的影响

7 株根瘤菌使达乌里胡枝子的全氮含量显著提高 170.1%~207.4% (P<0.05)。其中，接种 TG101 的植株全氮含量最高(P<0.05)，为 26.53 g·kg$^{-1}$(图 2)。

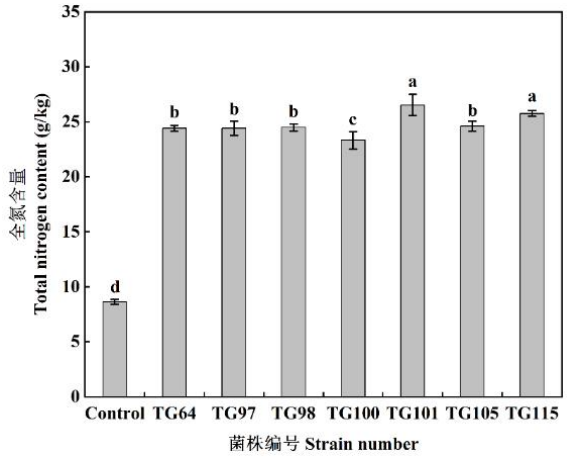



图 2 不同根瘤菌菌株对达乌里胡枝子全氮含量的影响

Fig 2 Effects of different rhizobia on the total nitrogen content

## 2.3 不同根瘤菌菌株对达乌里胡枝子叶绿素相对含量和净光合速率的影响

7 株根瘤菌使植株的 SPAD 值显著提高了 81.7%~150.4%($P$<0.05)。TG98、TG100、TG101 和 TG115 使净光合速率显著提高 60.2%~127.1%($P$<0.05)。其中，接种 TG101 的植株 SPAD 和净光合速率最高，分别为 53.04 和 14.76 μmol·m$^{-2}$·s$^{-1}$(图 3)。

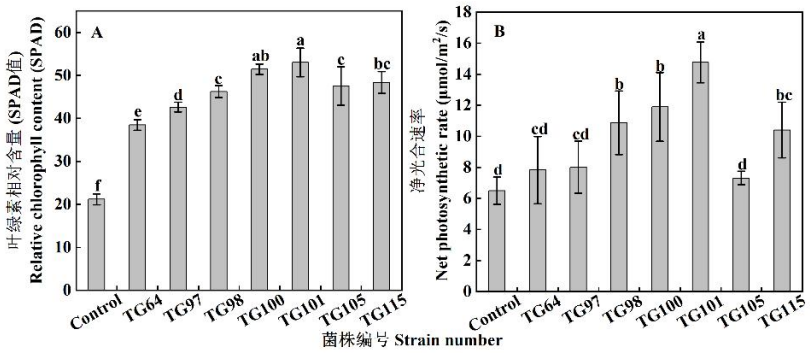



**图 3 不同根瘤菌菌株对达乌里胡枝子叶绿素相对含量(A)和净光合速率(B)的影响**

Fig 3 Effect of different rhizobia on relative chlorophyll content (A) and net photosynthetic rate (B)

## 3 讨论

生物量反映了植物的生长状况[9]，本研究接种根瘤菌后，达乌里胡枝子的株高、根长和生物量最高分别可提升 414.5%、121.4%和 68.47 倍，远高于前人的研究结果[10, 11]，具有良好的应用前景。生物固氮是豆科植物改善氮营养的主要途径，接种根瘤菌后达乌里胡枝子的全氮含量显著提高，与前人[12-14]关于接种根瘤菌对紫花苜蓿氮营养的研究相似。在氮限制条件下，植物叶绿素合成受阻，光系统活性受到抑制，气孔导度明显降低，进而影响自身水分利用与气体交换[15]，抑制光合作用。本研究 TG100、TG101 和 TG115 显著提高了植株的叶绿素相对含量和净光合速率。Tairo 等对菜豆[16]和大豆[17]接种根瘤菌的研究也得到了类似的结果，表明根瘤菌通过固氮提高植株的氮营养，进而促进叶绿素合成，增强光合能力。

## 4 结论

7 株根瘤菌通过与达乌里胡枝子共生，形成根瘤发挥固氮作用改善植株氮营养，进而促进叶绿素合成、改善光系统活性，增强其光合能力，从而促进植株固定光能转化为有机物质，调控其生长。其中 TG101 的促生效果最优，为高效根瘤菌，可作为后续研发适用于黄土高原地区达乌里胡枝子根瘤菌剂的菌种资源。

**参考文献：**

[1] PALMERO F, FERNANDEZ J A, GARCIA F O*, et al.* A quantitative review into the contributions of biological nitrogen fixation to agricultural systems by grain legumes[J]. European Journal of Agronomy, 2022, 136: 126514

[2] SCHULET C C, BORAH K, WHEATLEY R M*, et al.* Metabolic control of nitrogen fixation in rhizobium-legume symbioses[J]. Science advances, 2021, 7(31): 2433

[3] 赵叶舟, 王浩铭, 汪自强. 豆科植物和根瘤菌在生态环境中的地位和作用[J]. 农业环境与发展, 2013, 30(4): 7-12

[4] 赵祥,董宽虎,张垚,等. 达乌里胡枝子根解剖结构与其抗旱性的关系[J]. 草地学报, 2011, 19(01): 13-19

[5] LIU Z P, SHAO M A, WANG Y Q. Spatial patterns of soil total nitrogen and soil total phosphorus across the entire Loess Plateau region of China[J]. Geoderma, 2013, 197: 67-78

[6] 刘振龙,蔡安国. 小冠花、胡枝子及柠条接种根瘤菌的效果[J]. 中国草地, 1997, (2): 81

[7] 宁国赞,刘惠琴,白新学,等. 胡枝子根瘤菌优良菌种筛选及应用[J]. 土壤肥料, 1995, (5): 41-44

[8] 王宏,翟贺民. 胡枝子丸衣化接种根瘤菌的效果[J]. 内蒙古草业, 1995, (1): 63-65

[9] 姚丹,牛舒琪,赵祺,等. 梭梭根际枯草芽孢杆菌 WM13-24 对多年生黑麦草耐盐性的影响[J]. 生态

学报, 2020, 40(20): 7419-7429

[10] SUM Q, LIU Y, LIU H*, et al.* Interaction of biochar type and rhizobia inoculation increases the growth and biological nitrogen fixation of Robinia pseudoacacia seedlings[J]. Forests, 2020, 11(6): 711

[11] QU L, HUANG Y, ZHU C*, et al.* Rhizobia-inoculation enhances the soybean's tolerance to salt stress[J]. Plant and Soil, 2016, 400: 209-222

[12] RAJA B L, AIT-EL-MOKHTAR M, MOHAMED A*, et al.* Green compost combined with mycorrhizae and rhizobia: a strategy for improving alfalfa growth and yield under field conditions[J]. Gesunde Pflanzen, 2021, 73(2): 193-207

[13] 李莎莎,杨曌,李红,等. 接种根瘤菌对紫花苜蓿产量和品质的影响[J]. 黑龙江畜牧兽医, 2021,(20):98-101+107

[14] 刘忆,袁玲. 根瘤菌和 AM 真菌对紫花苜蓿结瘤和产质量的影响[J]. 土壤学报,2020,57(5):1292-1298

[15] BROADELY M R, ESCOBAR A J, BURNS A*, et al.* Nitrogen-limited growth of lettuce is associated with lower stomatal conductance[J]. New Phytologist,2001,152(1):97-106

[16] TAIRO E V, MTEI K M, NDAKIDEMI P A. Influence of water stress and rhizobial inoculation on the accumulation of chlorophyll in *Phaseolus vulgaris* (L.) cultivars[J]. Journal of Plant Nutrition and Soil Science,2017,15:1-13

[17] TAIRO E V, NDAKIDEMI P A. *Bradyrhizobium japonicum* inoculation and phosphorus supplementation on growth and chlorophyll accumulation in soybean (*Glycine max* L.)[J]. American Journal of Plant Sciences, 2013,12:2281-2289

# 不同载畜率对典型草原蝗虫多样性的影响

李颖[1]，沈婷婷[1]，韩国栋[1]*

（内蒙古农业大学草原与资源环境学院，内蒙古呼和浩特 010010）

**摘要：**本实验在克氏针茅(Stipa krylovii)典型草原开展，自 2021 年起，该实验设置有不放牧（CK）、中度放牧（MG）和重度放牧（HG）3 个放牧梯度，折合放牧绵羊（Ovis aries）头数分别为 0 头、6 头、9 头，实验调查了在放牧期不同放牧强度下的蝗虫多度及多样性。结果表明：CK 区优势种为宽须蚁蝗（Myrmeleotettix palpalis）、毛足棒角蝗（Dasynippus barbipes）、亚洲小车蝗（Oedaleus asiaticus）和华北雏蝗（Chorthippus brunneus）。其中，放牧则降低了华北雏蝗的优势程度，而宽须蚁蝗、毛足蝗角蝗、亚洲小车蝗在 MG 的分布均显著低于 CK 和 HG（*P<0.05*）。蝗虫多度与植物多样性指数、总生物量和灌木及半灌木生物量成显著正相关，蝗虫的多样性与多年生根茎禾草生物量和灌木及半灌木生物量成显著负相关。研究表明：随着放牧强度的增大，植物生物量逐渐减小，蝗虫多度先减小后增大，中度放牧有利于降低蝗虫的多度。

**关键词：**蝗虫；放牧；典型草原；植物功能群

# Influence of different stocking rates on the diversity of grasshopper in typical grasslands

LI Ying[1]，SHEN Ting-ting[1]，HAN Guo-dong[1]*

（College of Grassland，Resources and Environment，Inner Mongolia Agricultural University，Hohhot Inner Mongolia China，010010）

**Abstract:** This experiment was carried out in a typical grassland of *Stipa krylovii*, which was set up with three grazing gradients of no grazing (CK), moderate grazing (MG) and heavy grazing (HG) since 2021, with the equivalent number of grazing sheep (*Ovis aries*) head being 0, 6, and 9 heads, respectively, and experimentally investigated grasshopper under different grazing intensities in grazing period The experiments investigated the locusts under different grazing intensities during the grazing period in terms of plurality and diversity. The results showed that the dominant species in CK were *Myrmeleotettix palpalis*, *Dasynippus barbipes*, *Oedaleus asiaticus*, and *Chorthippus brunneus*. Among them, grazing, on the other hand, reduced the degree of dominance of the *Chorthippus brunneus*, while the distributions of the *Myrmeleotettix palpalis*, the *Dasynippus barbipes*, and the *Oedaleus asiaticus* were significantly lower in MG than in CK and HG (*P<0.05*). Grasshopper multiplicity was significantly and positively correlated with plant diversity index, total biomass and shrub and half-shrub biomass, and grasshopper diversity was significantly and negatively correlated with perennial rooted grass biomass and shrub and half-shrub biomass. The study showed that with the increase of grazing intensity, the plant biomass gradually decreased, the grasshopper diversity firstly decreased and then increased, and the moderate grazing was conducive to reduce the locust diversity.

**Keywords:** grasshopper; grazing; typical grassland; plant functional groups

昆虫是草地生态系统重要的组成部分，是生物多样性与生物量的关键成分，当前已知种类占所有已知生物种类的 2/3，在传粉、运输种子加快营养循环等方面发挥着重要作用[1]。直翅目昆虫是草原生态环境变化的重要指示生物，具有广泛的生物地理学和生态学探针的

功能[2]。蝗虫（grasshopper）又名蚂蚱，是直翅目（Orthoptera）类昆虫的重要组成部分，种类繁多，活动面积超过 1000km2，属于不完全变态类型[3]。我国蝗虫记录有 283 属 1200 余种，其中对农牧业造成危害的约有 60 余种[4]，蝗虫在草原生态系统的物质循环和能量流动方面具有重要作用，也是食物链与食物网中最不可或缺的重要组成部分[5]，蝗虫能消耗 15%左右的植物地上部分生物量，有些蝗虫转换的能量大约是同一地区鸟或哺乳动物的 5 到 10 倍[6]。

本研究基于放牧草地蝗虫多样性方面影响的深入认识开展草地蝗虫多度对放牧强度响应的研究，结合对放牧对草地植被多样性的影响分析，试图揭示典型草原不同强度放牧条件下草地蝗虫数量变化的规律，本研究有助于我们进一步理解草地生态系统中大型草食动物-植物-蝗虫之间复杂的相互关系，并为制定合理的草地管理措施，控制蝗虫灾害的发生提供一定的理论依据。

# 1 材料与方法

## 1.1 研究区概况

研究区位于内蒙古自治区锡林郭勒盟白旗额里图牧场，该地区属中温带干旱大陆性气候，冬长春短，夏热秋凉、无霜期短，降水量少而集中，昼夜温美大、光照充足，雨热同季。地理坐标为 115°14′E,42°15′N，海拔高度在 1200-1400m 之间。该区年均气温 1.9°C，年降水量为 314mm，土壤为典型栗钙土，牧汤草地建群种为克氏针茅（*Stipa krylovii*），优势种为羊草（*Leymus chinensis*）、冷蒿（*Artemisia frigida*）、木地肤（*Kochia prostrata*）。

## 1.2 植物取样

于 2023 年 7-8 月的每月末在每个小区的样地内纵向设置长 100m 的样线，每条样线上隔 20m 设置一个 1m×1m 的样方，共 5 个，记录每个样方内植物种类组成，植物的高度、盖度、密度。

## 1.3 蝗虫取样方法

于 2023 年 7-8 月采用扫网法对蝗虫进行动态及多度调查，每月月中和月末进行 2 次取样。取样在天气晴朗无风 8:00-16:00 进行，在样地各小区典型地段选取 3 条直线，间隔 10m，沿直线平行扫网数为 50 复网（100 网，网径为 40 cm）。将捕获的蝗虫装入塑封袋中，存放至负 20 度冰箱保存成虫标本，带回实验室依据《内蒙古昆虫志》和《内蒙古自治区草地蝗虫图鉴》进行科、属、种鉴定，成虫头数记为该种蝗虫的多度。本研究中优势种判定依据为单种蝗虫多度占捕获蝗虫总多度的百分比，百分比≥10%时，可判定该种蝗虫为研究区域的优势类群，当 1%<百分比≤10%，判定该种蝗虫为常见种，而稀有种的百分比≤1%[7]。

## 1.4 数据处理

不同放牧强度下各月蝗虫多度的差异用单因素方差分析法分析，Duncan 法（α=0.05）进行差异性检验。SAS 9.0 软件（Statistical Analysis System，USA）用于本研究的数据分析，使用 Origin 2021 软件（OriginLab Corporation，USA）软件绘图。

# 2 结果与分析

## 2.1 不同放牧强度典型草原植物多样性的影响

随着放牧强度增大，在不同放牧强度下的植物多样性暂无明显差异，但多样性变化表现出中等放牧强度高于对照和重度放牧强度的趋势（图 1）。

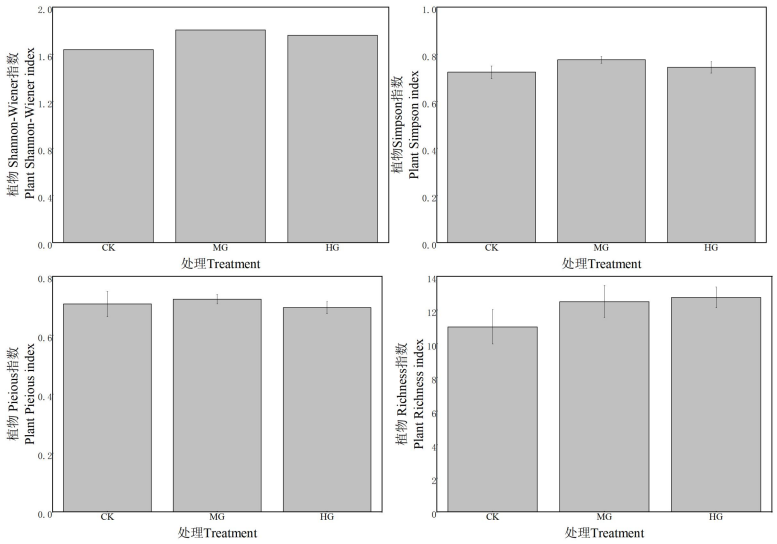



图 1 不同放牧强度下植物多样性指数

Fig. 1 Plant diversity index under different grazing intensities

## 2.2 不同放牧强度下蝗虫多样性的变化

随着放牧强度的增大，蝗虫的均匀性指数随放牧强度的增大而先增大后减小，CK,MG,HG 有明显差异，MG 显著高于 CK 和 HG（$P<0.05$），丰富度指数随放牧强度的增大而先减小后增大，CK 与 HG 无差异，显著高于 MG（$P<0.05$），蝗虫的香农维纳指数跟辛普森指数暂无差异（图 2）。

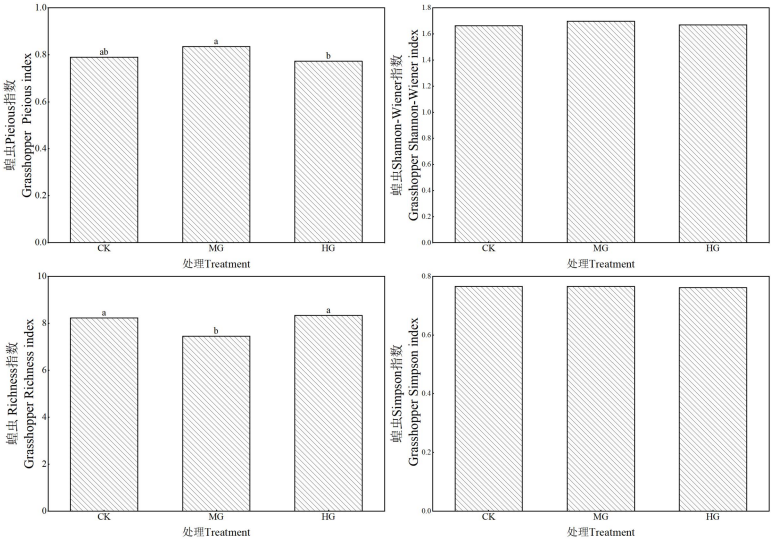



图 2 不同放牧强度下蝗虫多样性指数

Fig. 2 Lucust diversity index under different grazing intensities

## 2.3 植物多样性和蝗虫多样性的关系

将蝗虫优势种多度，蝗虫总多度和蝗虫多样性与植物多样性和植物功能群生物量做相关性分析发现，蝗虫总多度与植物生物量、植物丰富度和植物香农维纳指数成显著正相关；蝗虫的多样性指数与植物的生物量呈显著负相关（图 3）。

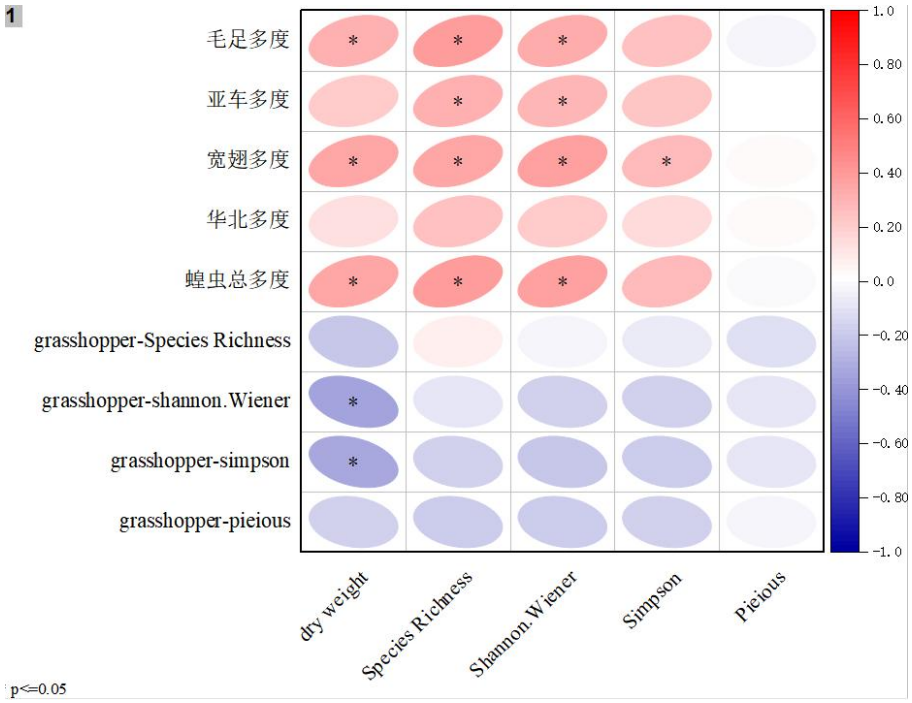



图 3 不同放牧强度下植物多样性与蝗虫多样性的关系

Fig. 3 The relationship between plant diversity index and locust dibersity index under different grazing intensities

## 3 讨论

研究表明，不同的放牧方式、放牧强度及不同的放牧动物可能会通过影响草地植被多样性和生物量改变昆虫生境进而影响其多样性[8]。一般而言，王曦鸿等[9]认为，植物多样性与蝗虫多样性是相关联的，在物种丰富度较高的植物群落中，某些特定植物不仅可以为食性专一的蝗虫提供食物资源，还可以为食性较广的蝗虫提供食物资源。然而本研究结果表明，不同放牧模式并没有影响植物群落生物多样性。这与胡靖[10]的结果相同。也就是说，放牧通过改变植物功能群生物量间接影响蝗虫群落，而不是植物多样性直接影响蝗虫群落。这可能是由于放牧年限短，植物间尚未有明显差异。

## 4 结论

随着放牧强度的增大，优势种蝗虫种类发生改变且多度增加，蝗虫多度受到植物功能群的影响，蝗虫总多度与植物丰富度、植物香农维纳指数、总生物量和灌木及半灌木生物量成显著正相关。但本研究仅进行植物生长高峰期数据的采集，后续需进行长期监测，后续加入土壤和气候环境条件的多种因素，为草原生态系统的保护和可持续发展提供理论依据。

**参考文献**

[1]MASTERS, BROWN, CLARKE, et al. Direct and indirect effects of climate change on insect herbivores: Auchenorrhyncha (Homoptera) [J]. Ecological Entomology, 1998, 23(1): 45-52.

[2]李勇辉, 朱启迪, 和珊. 高黎贡山不同海拔蝗虫和螽斯类多样性及其与环境因子的关系 [J]. 生态学杂志, 2024: 1-14.

[3]朱慧, 任炳忠. 蝗虫成灾规律、影响因素及防控技术研究进展 [J]. 环境昆虫学报, 2020, 42(03): 520-8.

[4]BIDAU C J. Patterns in Orthoptera biodiversity. I. Adaptations in ecological and evolutionary contexts [J]. Journal of Insect Biodiversity, 2014, 2(20): 1-39.

[5]李金星, 靳茜, 管廷贤, et al. 新疆博尔塔拉蒙古自治州草原蝗虫多样性及群落结构特征 [J]. 中国生物

防治学报, 2022, 38(05): 1213-22.
[6]康乐. 放牧干扰下的蝗虫－植物相互作用关系 [J]. 生态学报, 1995, (01): 1-11.
[7]胡靖, 钱秀娟, 刘长仲. 放牧模式对高山草地蝗虫群落生物多样性的影响及其作用机制 [J]. 植物保护学报, 2021, 48(01): 212-20.
[8]杨兴卓, 袁明龙. 放牧对天然草地昆虫群落的研究现状及进展 [J]. 草业科学, 2019, 36(11): 2937-51.
[9]王曦鸿. 不同管理模式下天然牧草地昆虫群落结构与多样性研究 [D], 2019.
[10]胡靖, 钱秀娟, 刘长仲. 放牧模式对高山草地蝗虫群落生物多样性的影响及其作用机制 [J]. 植物保护学报, 2021, 48(01): 212-20.

# 不同品种苜蓿人工草地地下碳储量比较研究——以阿鲁科尔沁旗为例

苏力德[1]，张慧[2]，乌日力格[2]，赵蓉翠[2]

本文以位于内蒙古自治区赤峰市阿鲁科尔沁旗绍根镇的伊禾绿锦农业发展公司种植的四个品种苜蓿人工草地作为研究对象，连续四个月观测不同生长年限各个品种不同深度的紫花苜蓿土壤碳含量和根系碳含量来研究人工草地地下固碳功能。结果表明：种植不同品种紫花苜蓿的种植地块单位面积土壤碳含量顺序分别为康赛（0.605kg·$m^{-2}$）＞WL-298（0.563kg·$m^{-2}$）＞WL-168（0.555kg·$m^{-2}$）＞WL319（0.539kg·$m^{-2}$）。不同品种苜蓿根系碳含量顺序分别为：WL-298（1.8799g·$kg^{-2}$）＞WL-168（1.8709g·$kg^{-2}$）＞WL319（1.8694g·$kg^{-2}$）＞康赛（1.7331g·$kg^{-2}$）。综上所述，人工草地具有固碳功能，且 WL-298 品种苜蓿固碳能力最好，其次分别为 WL-168、WL-319 和康赛。

关键词：固碳；人工草地；碳储量；苜蓿

# Comparative Study on Undergound Carbon Storage of Different Alfalfa Varieties in Artificial Pastures——A Case of Aruhorqin Banner, Inner Mongolia

SU Li-de[1]，ZHANG Hui[2]，WU Ri-li-ge[2]，ZHAO Rong-cui[2]

**Abstract:**In this study, four varieties of alfalfa artificial grassland planted by Yihe Lvjin Agricultural Development Company in Shaogen Town, Alu Korqin Banner, Chifeng City, Inner Mongolia Autonomous Region were taken as the research object, and the soil carbon content and root carbon content of alfalfa at different growth years and depths were observed for four consecutive months to study the underground carbon sequestration function of artificial grassland. The results showed that the soil carbon content per unit area of different varieties of alfalfa was in the order of Kangsai (0.605 kg·m-2), WL-298 (0.563 kg·m-2), >> WL-168 (0.555 kg·m-2) > WL319 (0.539 kg·m-2). The order of carbon content in the roots of different alfalfa cultivars was WL-298 (1.8799 g·kg-2), WL-168 (1.8709 g·kg-2), >> WL319 (1.8694 g·kg-2) > Kangsai (1.7331 g·kg-2). In conclusion, artificial grassland had the function of carbon sequestration, and WL-298 alfalfa had the best carbon sequestration ability, followed by WL-168, WL-319 and Kangsai, respectively.

**Keywords:** carbon sequestration, artificial grassland, carbon storage, alfalfa

全球变暖已经成为当今世界备受关注的话题，其核心问题在于温室气体排放的持续增加[1]。尽管国际社会多次提出减排目标，但在短期内，温室气体的排放并未得到有效的控制。这不仅威胁着地球的生态平衡，也对人类的生存环境造成了巨大的压力[2]。在地球的

生命系统中，碳的循环流动是一个至[44]关重要的过程。大气圈、生物圈和土壤圈之间的碳交换形成了全球碳循环，这是地球上规模最大的生物地球化学过程之一。然而，随着工业革命的到来和现代化工业的发展，这一平衡被打破。

在工业革命开始之前，全球碳平衡基本上处于相对平衡的状态[3]。那时，大气中的二氧化碳（$CO_2$）含量相对稳定，与土壤圈和生物圈的碳交换保持平衡。然而，随着石油的大规模开采和利用，大量的碳被释放到大气中，使得全球碳平衡被打破[4]。在此背景下，大气、海洋和陆地生物圈成为了人工源 $CO_2$ 的三个主要容纳汇。其中，大气和海洋的 $CO_2$ 量可以较为准确地估算，而陆地生物圈由于其复杂的植被类型和庞大的土壤圈碳储量，使得 $CO_2$ 量的估算变得困难。因此，科学家们开始关注所谓的“失汇”现象，即部分 $CO_2$ 似乎并未被上述三个容纳汇所吸收，其去向成了一个谜[5]。

陆地植被作为全球碳循环的重要组成部分[6]，成为了科学界研究的焦点。植被通过光合作用吸收大气中的 $CO_2$，并将其转化为有机物[7]，从而实现碳的固定。然而，随着人类活动的干扰，如森林砍伐、土地利用变化等，陆地植被的碳储存能力受到了严重的影响[8]。这不仅加剧了全球碳平衡的失衡，也加剧了全球变暖的趋势。为了应对全球变暖的挑战，国际社会需要采取更加积极的措施来减少温室气体排放，并加强碳储存的能力[9]。这包括推广清洁能源、提高能源利用效率、开展植树造林等。同时，科学家们也需要继续深入研究全球碳循环和“失汇”现象，以更好地理解和应对全球变暖的问题[10]。

总之，全球变暖是一个复杂的全球性问题，需要全球范围内的合作和努力来解决。只有通过共同努力，才能实现碳的平衡和地球的可持续发展。

# 1. 材料与方法

## 1.1. 研究区概况

中国草都—内蒙古赤峰市阿鲁科尔沁旗南部平原地区有大量人工种植的苜蓿和燕麦草，这片位于内蒙古自治区的土地，其地形特征独特，南北狭长，宛如一条巨龙蜿蜒而过[11]。这里的气候属于中温带半干旱大陆性季风气候区，四季更迭分明，为当地的农业生产提供了得天独厚的条件。年均气温 5.5℃，恰到好处的温度使得这里的农作物得以茁壮成长。无霜期介于 90～140 天之间[12]。

## 1.2. 取样点设置

在选定的 3.78 万亩人工种植草地片区上选取不同种植年限、不同苜蓿品种的具有代表性的地段布设 1m×1m 的样方采取植物及土壤样品。

## 1.3. 采样及检测指标

### 1.3.1. 采样时间

2023 年 4 月（植物返青前）至 8 月（最后一茬）进行，每月植物、土壤样品取样一次。

### 1.3.2. 样品采集

#### 1.3.2.1. 植物样品采集

（一）地上（植被）生物量

齐地面刈割样方内所有的苜蓿，测其鲜重后，装入大号信封袋中，带回实验室烘干至恒重，得其生物量即产量。

（二）地下（根系）生物量

在取过地上生物量的样方内，用 7cm 根钻取 3 钻，3 钻合并在一起，分成（0-10，10-20，20-30，30-50，50-70，70-100cm 共 6 层）[13]，取样前将样方土壤表面的残留物和杂质清理干净；取好的样品，按分层写好标签装在尼龙纱袋中。带回室内或在附近不受外界影响（风

**作者简介：苏力德，（1999—），男，蒙古族，内蒙古赤峰市人，硕士研究生，主要从事草地资源管理研究，**
Email：sulide_2023@foxmail.com;

沙、雨水等）的环境下晒干，晒干的样品装进信封并标记好样方号，放进 65℃烘箱烘干至恒重[14]。

#### 1.3.2.2. 土壤样品采集

按深度分层取样，植物样方中进行，标记清楚土壤样品的样方号，以便与该样方的植物和根系样品相对应。各样地中每个样方 3 钻，分层混合；在取过地上生物量的样方内将样方土壤表层的残留物和杂质清理干净，然后用 5cm 直径土钻分 0-10，10-20，20-30，30-50，50-70，70-100cm 共 6 层依次取样；.取好的样品，按层分装在自封袋中并写好样方号；带回实验室内剔除植物残体并过 100 目筛[15]。

#### 1.3.2.3. 容重样品采集

取土壤容重样品首先在样地选区里挖好 1.5m×0.5m×1m（长×宽×深）的容重取样坑，把面对阳光照射的容重样坑剖面用铁锹整理平整光滑，用 100cm$^3$ 环刀分六层（0-10cm、10-20cm、20-30cm、30-50cm、50-70cm、70-100cm）取好样品之后将其装到铝盒中保存带到实验室烘干至恒重。

### 1.3.3. 土壤容重测定方法

土壤容重：指单位容积原状土壤（包括土粒及粒间的孔隙）干土的质量，通常以 g •cm$^{-3}$ 表示[16]。

### 1.3.4. 检测指标

植物根系及土壤样品均测定碳含量，土壤需另测土壤容重。

## 2. 结果与分析

### 2.1. 各品种苜蓿根系碳含量多因素影响

#### 2.1.1. 品种对根系碳含量的影响

通过对 WL-168、WL-298、WL-319 和康赛这四个品种苜蓿的根系碳含量进行比较得出 WL-168、WL-298 和 WL-319 这三个品种在根系碳含量方面没有表现出显著差异（P＞0.05）。WL-168、WL-298 和 WL-319 与康赛品种苜蓿进行比较时，根系碳含量有差异（P＜0.05）（见图 1）。

#### 2.1.2. 根层对根系碳含量的影响

康赛品种苜蓿的根系碳含量随着土壤深度的增加而降低。WL-168 品种苜蓿的根系碳含量在不同土壤深度下没有显著差异（P＞0.05）。WL298 和 WL-319 品种苜蓿的根系碳含量则随着土壤深度的增加而增加。不同品种的苜蓿在根系碳含量方面存在显著差异，并且这种差异受到土壤深度等多种因素的影响（见图 2）。

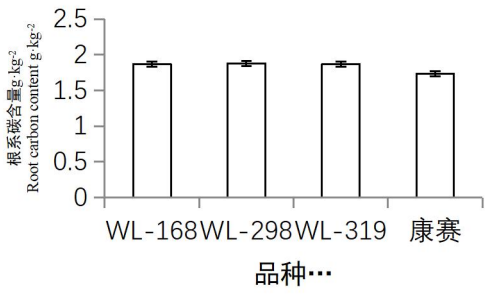



图 1 品种对根系碳含量的影响

Fig.1 Root carbon content of four varieties

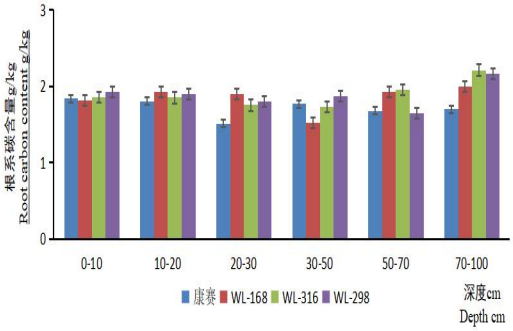



图 2 根层对根系碳含量的影响

Fig.2 Effect of root layer on root carbon content

#### 2.1.3. 品种对根系碳含量的影响

品种 WL-298 两年生苜蓿碳含量表现得相对较低。与此同时，WL-168 和 WL-319 品种

两年生根系碳含量则相对较高（见图 3），且两者之间并没有显著差异(P＞0.05）。品种 WL-168 三年生的根系碳含量跃升至最高水平，而康赛品种的苜蓿根系碳含量则降至最低。康赛、WL-298 和 WL-319 这三个品种的苜蓿根系碳含量之间并没有显著差异(P＞0.05）。同样，WL-168 与 WL-298、WL-319 之间也没有显著差异(P＞0.05），但与康赛品种之间存在显著差异(P＜0.05）。

### 2.1.4. 茬次对根系含量的影响

不同品种的作物在返青前根系碳含量都处于低水平，而在第一茬时根系碳储量最高，随着生长进程的推进，第二、第三茬的根系碳储量逐次降低。WL-168、WL-298、WL-319、康赛四个品种苜蓿根系碳含量在返青前有和第一茬之间有显著差异（P＜0.05），第二茬和第三茬之间没有显著差异（P＞0.05），其中第一茬苜蓿碳含量最高（见图 4）

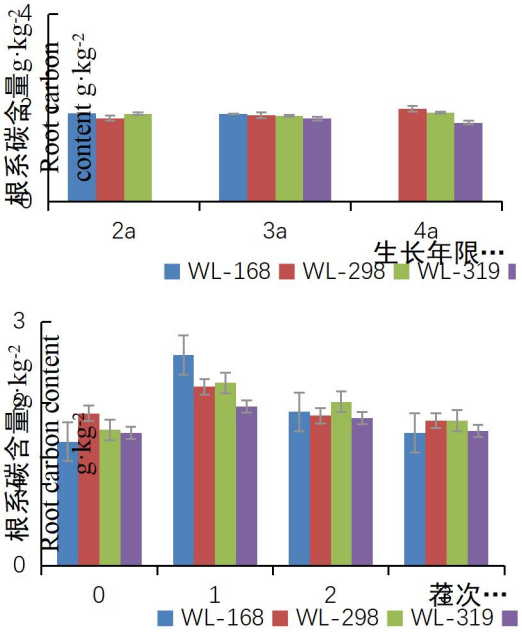



图 3 生长年限对根系碳含量的影响

图 4　茬次对根系碳含量的影响

Fig.3　Effect of growth age on carbon content in roots

Fig.4　Effect of stubble on root carbon content

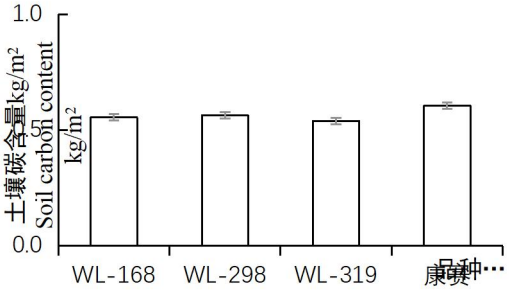
### 2.2. 土壤碳含量的变化

### 2.2.1. 不同品种对土壤碳含量的影响

通过分析从取样地取回来的 1001 个土壤样品后数据显示，种植以上四个品种苜蓿的人工草地土壤碳含量量均无显著差异（P＞0.05)(见图 5）。

### 2.2.2. 不同深度对土壤碳含量的影响

四个不同品种的苜蓿：WL-168、WL-298、WL-319 和康赛。这些苜蓿品种在人工草地种植时，其土壤碳储量随着土壤深度的增加而降低（见图 6）。



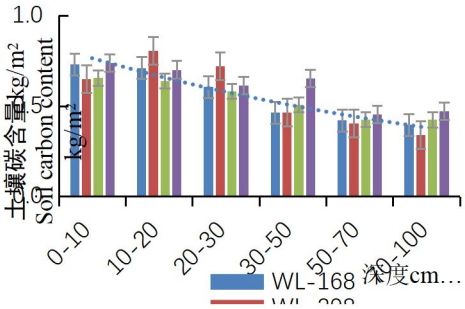



图 5　同品种对土壤碳储量的影响

Fig.5　Effects of different varieties on soil carbon storag

图 6　不同深度对土壤碳含量的影响

Fig.6　Effect of different depths on soil carbon storage

## 3. 讨论

在探讨不同品种对苜蓿根系碳含量的影响时，从数据分析发现以下情况。通过对 WL-168、WL-298、WL-319 和康赛这四个品种苜蓿的根系碳含量进行比较得出 WL-168、WL-298 和 WL-319 这三个品种在根系碳含量方面并没有表现出显著的差异。这一结果提示我们，这三个品种在碳分配和利用方面可能具有相似的生物学特性。这种相似性可能源于它们共同的遗传背景或相似的生长环境。康赛品种苜蓿的根系碳含量随着土壤深度的增加而降低。这可能表明康赛品种苜蓿在较深的土层中，其根系对碳的吸收和存储能力可能受到一定的限制。这可能与康赛品种苜蓿的根系结构和生理功能有关。

不同品种的苜蓿在根系碳含量上表现出明显的年度变化和品种间差异。这些变化可能与土壤条件、气候条件、品种特性以及苜蓿的生理生态特征等多种因素密切相关。

返青前苜蓿根系碳含量较低，第一茬根系碳储量最高，随着生长进程的推进，第二、第三茬的根系碳储量逐次降低。这一现象可能与其的生长习性、根系结构以及对环境的适应性有关。各个不同品种苜蓿在人工草地种植时表现出土壤碳储量随深度增加而降低的趋势。这可能与土壤中有机质的分布、根系分布的影响以及土壤通气和水分状况有关。

## 4. 结论

人工种植的四个品种 WL-298 根系碳含量最高，WL-168 和 WL-319 无显著差异（$P>0.05$），康赛与其他三种苜蓿相比较固碳能力较低，总体上随深度的增加而根系碳含量增高，草地返青前碳含量最低。第一茬苜蓿碳含量最高。土壤碳含量方面种植康赛品种苜蓿的区块碳含量最高，随深度的增加土壤碳含量呈现降低趋势。

**参考文献**

[1] 马新月,数字经济对碳排放效率的影响研究[D].河北地质大学,2023,l.12:5-12.

[2] 崔瑜，中国农业碳足迹与经济发展协调性研究——纳入碳汇效应的分析[D].西北农林科技大学，2023,08:3-9.

[3] 李曼，张艳芳，刘焕才，等.基于碳源和碳汇情景预测的山西省碳中和实现路径 研究[J].生态经济，2023，Vol.39（10）：24-32.

[4] 王乐，朱求安，杜灵通，等.草地碳循环主要影响因素及研究方法进展[J].草原与草坪，2023，Vol.43（4）：144-156.

[5] 季波，何建龙，吴旭东，等. 人工干预对宁夏荒漠草原土壤有机碳固存的影响［J］. 干旱区资源与环境，2020，Vol.34 （9）：157-163

[6] 王星，于双，许冬梅，等.不同恢复措施对退化荒漠草原土壤碳氮及其组分特征的影响［J］.草业学报，2022，Vol.31（1）：26-35.

[7] 张涵，气候变化对生态系统与农业生产的影响研究[J].农业灾害研究 2023,Vol.13(11)：201-203.
[8] 陈奕兆,利用自主改进的草地生态系统模型 BEPS-GESS 对欧亚大陆草原带固碳能力的综合研究[D].南京大学，2022，Vol.6：4-13.
[9] 周萌，梁志鹏，邹天祥，涂俊喜，等.红层区耕地土壤有机碳储量估算与固碳潜力分析[J].中山大学学报，2023,Vol.11：2-9.
[10] 张睿博，汪金松，王全成，胡健,等.土壤颗粒态有机碳与矿物结合态有机碳对气候变暖响应的研究进展[J].地理科学进展，2023,Vol.42(12):2471-2484.
[11] 娜日苏,梁庆伟,杨秀芳,等.内蒙古阿鲁科尔沁旗草牧业发展现状、存在问题及对策[J].畜牧与饲料科学,2020,41(02):52-55.
[12] 吴建华.阿鲁科尔沁旗紫花苜蓿生长期气候条件分析[J].现代农业科技,2018,(05):188-189+193.
[13] 李振松,高茜,徐洪雨,等.灌溉制度对科尔沁沙地紫花苜蓿生产性能的影响[J].草地学报,2019,27(02):389-396.
[14] 陈香碧,何寻阳,胡亚军,等.喀斯特典型生态系统土壤有机碳积累特征与稳定机制[J].农业现代化研究,2018,39(06):907-915.
[15] 高奇奇,张玮,马立晓,等.采样深度和计算方法影响保护性耕作土壤碳氮储量的评估结果[J].中国农业气象,2021,42(01):1-12.
[16] 王志刚.灌漠土上连续间作对作物生产力和土壤肥力的影响[D].中国农业大学,2014.7.

# 羊板粪与枯草芽孢杆菌配施对退化高寒草甸土壤养分及酶活性的影响

高 佩，李希来*，柴瑜，王朝慧，李成一，杨鹏年

（青海大学 农牧学院，西宁 810016）

**摘 要：**本试验以高寒草甸退化斑块为研究对象，选用菌肥与羊板粪作为试验材料，探讨人工修复过程中土壤养分和酶活性的变化，旨在为退化高寒草甸土壤的修复提供理论依据。结果表明：不同施肥处理均可改变土壤容重、土壤含水量和 pH；羊板粪、菌肥单施各处理均可提高土壤有机碳、全氮、全磷、硝态氮、氨态氮和速效磷含量，但差异不显著。羊板粪与菌肥配施可显著提高上述土壤养分含量，且对土壤酶活性的改良效果明显优于单施羊板粪或单施菌肥，各处理均与不施肥处理差异显著。相关性分析表明，土壤酶活性与土壤因子之间存在显著正相关性，其中土壤酶活性受硝态氮影响显著。由 RDA 分析可知，在不同施肥处理下，氨态氮、pH 是影响土壤酶活性的主要环境因子。pH 和土壤容重呈正相关关系，和土壤含水量呈负相关关系。总体来看，在高寒草甸退化斑块土壤修复中，其中每公顷 1 500 kg 羊板粪和 250 kg 菌肥配施处理效果最佳。

**关键词：**微生物菌肥；有机肥；土壤理化性质；退化草地

黄河源区是青藏高原的重要组成部分，是中国重要的生态腹地，具有重要的生态功能和经济价值[1]。近年来，但由于气候暖干化和过度放牧等不利条件的干扰，黄河源区高寒草甸出现了不同程度的退化。高寒草甸斑块化退化过程中植被的盖度、高度以及物种丰富度显著降低，土壤速效养分含量、酶活性及含水率也显著降低[10-11]，使得能够适应干旱、贫瘠、盐碱环境的杂类草功能群植物取代了湿生、根系较浅的禾草功能群与豆科功能群植物[12]。因此，为保护生态安全，实现草地的可持续发展，退化草地的恢复刻不容缓。

当地政府和牧民采取了围栏封育、灭杀虫鼠、施肥播种等一系列修复措施来缓解草地退化。施羊板粪等有机肥是维持生态系统养分平衡，恢复高寒矿区植被的有效手段之一，具有操作简单、成本低和可推广性强等优势[13]。本研究以黄河源区退化高寒草甸为研究对象，设置不同梯度羊板粪与不同梯度菌肥配施，对不同施肥处理下土壤的理化性质和酶活性进行研究，旨在以最小投入实现最大生态效益，明确菌肥与羊板粪对退化高寒草甸土壤的恢复作用，筛选出适宜退化高寒草甸恢复的施肥方案，为黄河源区退化高寒草甸合理施肥修复措施提供科学依据。

## 1 材料与方法

### 1.1 研究区概况

研究区地处青海省黄南藏族自治州河南蒙古族自治县（34°41′07″N、101°46′02″E，海拔 3 750 m）。草地类型为高寒草甸，年均温为 0.5 ℃，年降水量 597.1～615.5 mm，年日

**收稿日期：**2024-02-05

**基金项目：**基金项目：国家自然科学联合基金项目(U23A20159，U21A20191)；青海省科学技术厅项目(2023-QY-210);高等学校学科创新引智计划项目(D18013)。

***通讯作者**：李希来(1964-)，男，教授，博士生导师，研究方向为草地生态与环境保护 E-mail:xilai-li@163.com。

**作者简介：**高佩(1996-)，女，博士研究生，研究方向为植物资源开发与利用。Email:1639245486@qq.com。

照时数 2 551~2 577 h。研究区高寒草甸已发生退化，植被盖度低，秃斑裸露，属于中度退化草地。主要物种组成以禾草和杂草为主，优势种主要为矮生嵩草（*Carex alatauensis* S. R. Zhang）、高山嵩草（*Carex parvula* O. Yano）、垂穗披碱草(*Elymus nutans* Griseb)等。

### 1.2 试验设计

本试验采用羊板粪与菌肥双因素随机区组设计，菌肥与羊板粪混施共 12 个处理，小区面积为 40 $m^2$（10 m×4 m），重复 3 次，共计 36 个小区。不同处理如表 1 所示。有机肥有机质含量≥45%，$N+P_2O_5+K_2O$≥5.0%，枯草芽胞杆菌生物菌肥活菌数≥2 亿/g。采用人工方式对样地进行镇压后铺设无纺布。种子、有机肥、生物菌肥购于河南县草原站。

表 1 不同施肥处理情况

| 处理 | 草种 | 小区播量/(g) | 小区菌肥施用量（kg） | 小区羊板粪施用量（kg） | 农艺设施 |
|---|---|---|---|---|---|
| CK | 披碱草+中华羊茅+早熟禾 | 125.0+41.5+41.5 | 0 | 0 | 无纺布 |
| Y0K1 | 披碱草+中华羊茅+早熟禾 | 125.0+41.5+41.5 | 1 | 0 | 无纺布 |
| Y0K2 | 披碱草+中华羊茅+早熟禾 | 125.0+41.5+41.5 | 2 | 0 | 无纺布 |
| Y1K0 | 披碱草+中华羊茅+早熟禾 | 125.0+41.5+41.5 | 0 | 6 | 无纺布 |
| Y1K1 | 披碱草+中华羊茅+早熟禾 | 125.0+41.5+41.5 | 1 | 6 | 无纺布 |
| Y1K2 | 披碱草+中华羊茅+早熟禾 | 125.0+41.5+41.5 | 2 | 6 | 无纺布 |
| Y2K0 | 披碱草+中华羊茅+早熟禾 | 125.0+41.5+41.5 | 0 | 12 | 无纺布 |
| Y2K1 | 披碱草+中华羊茅+早熟禾 | 125.0+41.5+41.5 | 1 | 12 | 无纺布 |
| Y2K2 | 披碱草+中华羊茅+早熟禾 | 125.0+41.5+41.5 | 2 | 2 | 无纺布 |
| Y3K0 | 披碱草+中华羊茅+早熟禾 | 125.0+41.5+41.5 | 0 | 24 | 无纺布 |
| Y3K1 | 披碱草+中华羊茅+早熟禾 | 125.0+41.5+41.5 | 1 | 24 | 无纺布 |
| Y3K2 | 披碱草+中华羊茅+早熟禾 | 125.0+41.5+41.5 | 2 | 24 | 无纺布 |

### 1.3 指标测定及方法

1.3.1 **土壤理化性质** 于 2023 年 9 月 12 日按照 5 点混合取样法采集各个小区 0~30 cm 土层处土壤，混匀成 1 份样品。参照《土壤农化分析（第三版）》[24]，测定土壤有机碳、全氮、全磷、硝态氮、氨态氮、速效磷、pH 等指标；土壤容重采用环刀法[25]；土壤含水量采用烘干法。

1.3.2 **土壤酶活性** **土壤酶活性**测定采用土壤水解酶类活性的测定方法，使用对硝基酚底物比色法[26-27]。

### 1.4 数据分析

采用 Microsoft Excel 2010 进行数据整理，运用 SPSS 19. 0 单因素方差分析和相关性分析；采用 graphpad prism 绘制柱形图，采用 Canoco5 统计软件对土壤性质进行 RDA 分析。

## 2 结果分析

### 2.1 菌肥与羊板粪配施对土壤容重、含水量和 pH 的影响

如表 3 所示，各施肥处理土壤容重均低于 Y0K0，土壤含水量整体高于 Y0K0，土壤 pH 各处理差异不显著。Y0K0 处理土壤容重最大，高达 1.13 $g·cm^{-3}$，Y0K2 容重最小，差异显著（$P$<0.05）。各处理土壤含水量在 2.03~3.08%。各处理相比，菌肥与羊板粪配施可以改善土壤结构，增加土壤保水能力和通气性，其中 Y1K1 能显著增加土壤含水量，较 Y0K0 增加了 69%。各处理土壤 pH 为 7.58~7.82，各处理相比，Y0K2 能够好的降低土壤 pH，较 CK 降低了 0.17，差异显著。由此可以看出，菌肥与羊板粪配施提高了土壤的保水能力，合适的配比可以平衡土壤的通气性和保水性，从而降低土壤容重和 pH 值并提高土壤含水

量，进而改善土壤性质，综合效果以 Y1K1、Y1K2 和 Y1K2 较好。

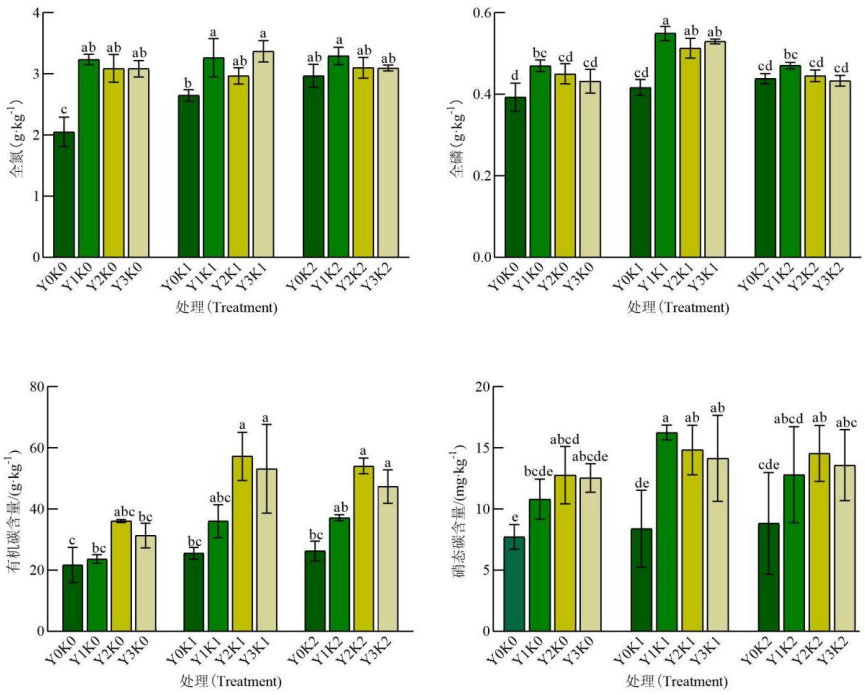
表 3 不同菌肥与羊板粪组合下壤物理性质

| 处理 | 土壤容重（g·cm$^{-3}$) | 土壤含水量(%) | pH |
|---|---|---|---|
| Y0K0 | 1.13±0.04a | 2.07±0.05de | 7.75±0.18abc |
| Y1K0 | 1.07±0.06abc | 2.03±0.40e | 7.82±0.02a |
| Y2K0 | 1.04±0.04abc | 3.06±0.58abc | 7.80±0.03ab |
| Y3K0 | 1.04±0.05abc | 2.71±0.30bcd | 7.78±0.08abc |
| Y0K1 | 1.0±0.02bc | 2.6±0.44bcde | 7.7±0.02cd |
| Y1K1 | 0.99±0.02bc | 3.5±0.08a | 7.7±0.025bcd |
| Y2K1 | 1.10±0.09ab | 3.2±0.40ab | 7.7±0.04cd |
| Y3K1 | 1.04±0.08abc | 2.53±0.08bcde | 7.65±0.10cd |
| Y0K2 | 0.98±0.06c | 2.64±0.61bcde | 7.58±0.07d |
| Y1K2 | 1.03±0.08abc | 3.08±0.14abc | 7.59±0.06d |
| Y2K2 | 1.04±0.06abc | 2.80±0.11bc | 7.78±0.01abc |
| Y3K2 | 1.09±0.05abc | 2.51±0.13cde | 7.80±0.09c |

注:同列不同小写字母表示差异差异（$P$<0.05）,下同。

## 2.2 菌肥与羊板粪配施对土壤养分的的影响

如图 1 所示，各施肥处理土壤全氮、全磷、有机碳、硝态氮、氨态氮、速效磷含量均较 Y0K0 明显提高。不同处理土壤养分含量不同，菌肥与羊板粪配施对土壤的改良效果明显超过单施羊板粪或单施菌肥处理。各处理土壤全氮含量为 2.05~3.37 g·kg$^{-1}$，Y3K1 处理的全氮含量最高，达到了 3.37 g·kg$^{-1}$，较 Y0K0 增加了 64.38%，差异显著。各处理的土壤有机碳含量为 21.73~57.27 g·kg$^{-1}$，Y2K1 处理的土壤有机碳含量最高，达到 57.27 g·kg$^{-1}$。全磷、硝态氮、铵态氮含量均在 Y1K1 处理最高，其含量分别达到 16.26 mg·kg$^{-1}$、3.02 mg·kg$^{-1}$、0.55 mg·kg$^{-1}$，较 Y0K0 差异显著。各处理速效磷含量为 3.93~6.41 mg·kg$^{-1}$，Y0K1 处理的速效磷含量最大，高达 6.54 mg·kg$^{-1}$，较 Y0K0 差异显著。由此可以看出，菌肥与羊板粪配施能提高土壤养分含量，促进植物生长发育，效果以 Y1K1 最好，Y2K1、Y3K1 次之。



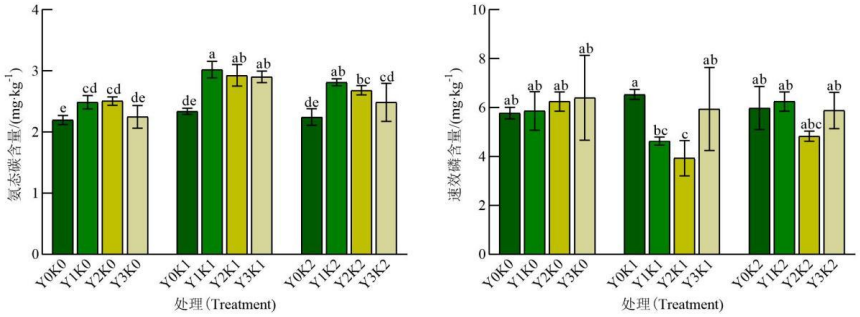



图 1 不同菌肥与羊板粪组合下土壤化学性质的变化

注：同列内不同小写字母表示 0.01 水平差异显著，下同。

Note: Different lowercase letters in the same column indicate significant difference at 0.01 level, same below.

## 2.3 菌肥与羊板粪配施对土壤酶活性的影响

由图 2 可知，各施肥处理对土壤 BG、NAG、LAP 和 AP 活性均有一定影响。不同处理下，土壤 BG 活性为 0.10~0.17 μmol·g$^{-1}$· h$^{-1}$，在 Y2K2 处理酶活性最高，差异显著。Y2K1 处理 NAG 和 AP 活性均最高，其含量分别为 0.76 和 0.37 μmol·g$^{-1}$· h$^{-1}$，差异显著。各处理 LAP 活性为 0.27~0.54 μmol·g$^{-1}$· h$^{-1}$，Y1K1 处理效果最好，与 Y0K0 差异显著。综上，在退化高寒草甸斑块修复中，菌肥与羊板粪配施效果显著好于单施菌肥或单施羊板粪处理。

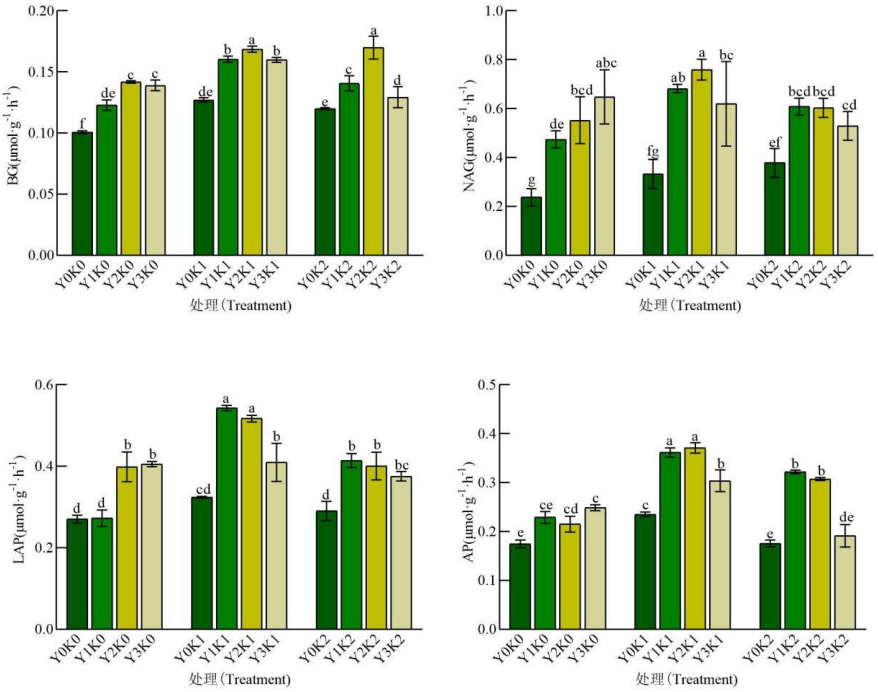



图 2 菌肥与羊板粪配施对土壤酶活性的影响

## 2.4 土壤养分和酶活性的相关性分析

RDA 结果如图 3、表 5 所示，土壤理化性质与土壤酶活性在第I和II轴的解释率分别为 82.82% 和 4.58%，土壤硝态氮、pH 与土壤酶活性密切相关，二者的贡献率分别为 80.8% 和 7.5%。硝态氮含量箭头连线最长，表明其是对土壤酶活性影响最大的环境因子。pH、土壤容重与土壤酶活性呈显著的负相关关系；全氮、全磷、有机碳、硝态氮、氨态氮、速效磷、土壤含水量与土壤酶活性呈显著的正相关关系。

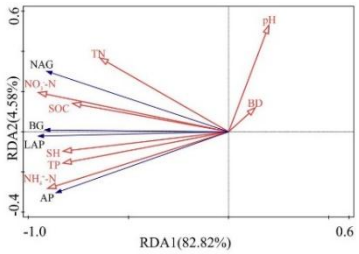



图 3 不同施肥处理土壤酶活性与理化性质的冗余度分析

注：箭头长度和角度余弦反映了酶和土壤理化性质之间的关系。带有实箭头的蓝色线表示酶活性指标，带有空箭头的红色线表示土壤理化性质指标。BG 代表β-葡萄糖苷酶、NAG 代表 N-乙酰-β-D-氨基葡萄糖苷酶、LAP 代表亮氨酸氨基肽酶、AP 代表碱性磷酸酶、BD 代表容重、$NO_3^-$-N 代表硝态氮、$NH_4^+$-N 代表铵态氮、TN 代表全氮、TP 代表全磷、P 代表速效磷、SOC 代表有机碳、SH 代表土壤含水量。

## 3 讨论与结论

在土壤改良与修复过程中，施菌肥与有机肥能够有效改善土壤理化性质，提高土壤孔隙度和含水量，降低土壤 pH[30-31]。本研究发现，在退化高寒草甸地区，羊板粪与菌肥配施可以降低土壤容重和 pH 并提高土壤含水量，其中 Y1K1 与 Y0K0 相比，土壤容重显著降低了 13.5%，土壤含水量显著增加了 70.49% ，这表明羊板粪与菌肥配施可以明显改善高寒草甸土壤物理性质，与上述学者研究结果一致。这一现象可能是由于羊板粪与菌肥施入退化草甸斑块后，改变了土壤团聚化程度，减少水分的散失，提高了地表入渗能力和土壤持水能力，其特殊的表面结构和较大的表面积能吸收较多的水分，从而保持土壤较高的含水率[35-36]。

在土壤改良过程中，施用菌肥和羊板粪还可以增加土壤养分含量[37]。本研究中菌肥与羊板粪配施后，土壤全氮、全磷、有机碳、硝态氮、氨态氮含量均显著提高，其中 Y1K1 较 Y0K0 相比，均有所提高，土壤养分增量显著高于董万鹏和金珊的研究结果，可能的原因是羊板粪有机肥的腐熟程度高，同时枯草芽孢杆菌适应性强，能加速羊板粪分解[41]。土壤酶是生态系统中最为活跃的生物活性物质，是衡量土壤肥力的重要指标之一[42-44]。本研究中，不同施肥处理均在一定程度上影响了土壤酶活性，与上述研究结果一致，各处理中 Y2K1 能够更好增加土壤酶活性，效果较好。

综上所述，在退化高寒草甸斑块土壤恢复过程中，施用菌肥和羊板粪处理均对土壤养分和酶活性有显著调节作用，但菌肥与羊板粪配施的效果明显大于单施菌肥及单施羊板粪处理，且以每公顷 1 500 kg 羊板粪和 250 kg 菌肥配施（Y1K1）处理改良效果最佳。

## 参考文献

[1]杨冲,王春燕,王文颖,等.青藏高原黄河源区高寒草地土壤营养特征变化及质量评价[J].生态环境学报,2022,31(5):896-908.

[10]霍佳娟,朱珏妃,宋明华,等.青藏高原高寒草甸退化演替进程中植被斑块特征[J].草地学报,2022,30(11):3113-3118.

[11]李以康,韩发,冉飞,等.三江源区高寒草甸退化对土壤养分和土壤酶活性影响的研究[J].中国草地学报,2008,(4):51-58.

[12]刘旻霞,刘成,杨春亮.甘南高寒草甸退化对植物功能群物种多样性与物种多度分布的影响[J].西北植物学报,2024,44(1):142-153.

[13]张玉芳,李希来,金立群,等.基于高寒矿区颗粒有机肥和羊板粪配施的无客土重构土壤理化性质分析[J].中国土壤与肥料,2023,(7):129-137.

[30]邹文秀,邱琛,韩晓增,等.长期施用有机肥对黑土土壤肥力和玉米产量的影响[J].土壤与作物,2020,9( 4) :407-418.
[31]于占东,宋述尧.稻草配施生物菌剂对大棚连作土壤的改良作用[J].农业工学报,2003,19( 1):177-179.
[35]王程成.菌肥与化肥，有机肥配施对库尔勒香梨园土壤性质、生长及果实品质的影响[D].塔里木大学,2022.
[36]商丽荣,仝宗永,李振松,等.蚯蚓粪和菌渣对羊草草原土壤养分及酶活性的影响[J].中国农业大学学报,2019,24(10):81-91.
[37]任卓然,邵新庆,李金升,等.微生物菌肥对退化高寒草甸地上生物量和土壤理化性质的影响[J].草地学报,2021,29(10):2265-2273.
[41]殷全玉,刘健豪,方明,等.高碳基肥配施菌剂对植烟土壤化学性质及微生物的影响[J].湖南农业大学学报(自然科学版),2019,45(5):501-506.
[42]陈文博,王旭东,石思博,等.长期菌渣化肥配施对稻田土壤酶活性的影响及交互效应[J].浙江农林大学学报,2021,38(1):21-30.
[43]ERHAN E ,UGUR Ş ,GENÇ T K .Effects of Fungi on Soil Organic Carbon and Soil Enzyme Activity under Agricultural and Pasture Land of Eastern Türkiye[J].Sustainability,2023,15(3):1765-1765.
[44]魏晗梅,郑粉莉,赵苗苗，等.CO2 浓度升高、增温和冬小麦种植对土壤酶活性的影响[J].应用生态学报,2022,33(11):2971-2978.

# 葫芦巴种子萌发期对不同盐分类型胁迫的响应

杜明川，鲍海娟，纪金兰，莫自舒，杨鑫光，刘晶*

（1 青海民族大学生态环境与资源学院,青海省特色经济植物高值化利用重点实验室,青海民族大学药用植物资源学凯瑞研究生工作站，青海 西宁 810000）

**摘要：**为了探究不同地区葫芦巴种子萌发期对不同盐碱胁迫的耐受能力。本研究以青海、甘肃、云南和加拿大 4 个地区葫芦巴为材料，配置 3 种不同盐碱溶液：中性单盐（NaCl）、中性混合盐（NaCl:$Na_2SO_4$＝1:2）、碱性混合盐（NaCl:$Na_2CO_3$:$NaHCO_3$:$Na_2SO_4$＝5:3:9:23）；其中中性单盐和碱性混合盐浓度为 0、50、100、150、200 mmol/L，中性混合盐浓度为 0、25、50、75、100、125、150、175 mmol/L 个。以 3 种溶液处理 4 个材料，探究盐碱胁迫对葫芦巴种子萌发指标（相对发芽率、相对发芽指数、相对活力指数、相对胚根长、相对胚芽长、相对鲜重）的影响。不同地区葫芦巴种子在不同类型及不同浓度盐碱胁迫下，其种子萌发指标均受到盐碱胁迫的影响。氯化钠和低浓度（25-75 mmol/L）中性混合盐胁迫下，云南葫芦巴与甘肃葫芦巴萌发效果较好；较高浓度（100-150 mmol/L）中性混合盐胁迫下，甘肃葫芦巴萌发效果最好。碱性混合盐胁迫浓度为 25 mmol/L 及 75 mmol/L 时，甘肃葫芦巴萌发效果最好，50 mmol/L 则青海葫芦巴萌发效果最好。中性单盐浓度为 200 mmol/L、中性混合盐及碱性混合盐为 100 mmol/L 时，相对发芽率显著降低（$P < 0.05$）。

**关键词：**盐碱胁迫；葫芦巴；种子萌发；隶属函数法

土壤盐碱化是限制农业生产的主要因素之一，据统计，我国盐碱地面积大约有 $9.9\times10^7 hm^2$，约占全世界盐碱地面积的 10.38%[1][2]。土壤盐碱化程度逐年加剧，为保证足够的耕地面积，盐碱地的开发利用刻不容缓。目前多种技术手段被用于盐碱地的改良，包括化学措施、物理措施、生物措施和综合措施等，其中以生物学方法最为环保和经济[2]。Wang[4]等研究发现，在盐碱地种植羊草，显著提高了盐碱土壤中有效氮、磷、钾和有机质含量，起到改善盐碱地土壤性状的作用。李海英等[5]研究发现柴达木盆地弃耕盐碱地的全盐量随着苜蓿种植年限的增加而降低，种植试验区植物群落的物种数、多样性指数、均匀度与对照相比均有明显的增高。开发耐盐碱的高产优质作物是盐碱地改良常用的生物学手段，而种子萌发阶段是作物生长发育的关键节点，种子萌发期对盐碱的耐受能力影响植株的生长发育[5]。探究盐碱胁迫对种子萌发的影响，是开发耐盐碱作物的必要工作。

葫芦巴（*Trigonellafoenum-graecum* L.）起源于地中海及印度次大陆，又名香豆子、芸香草、香苜蓿等，为豆科蝶形花亚科一年生草本植物，在我国南北各地均有种植[9]。葫芦巴含有薯蓣皂苷、黄酮、萜类、生物碱[17]等多种活性成分，其全株可入药，具有降血糖、降血脂、保护肾脏、抗氧化、抗肿瘤等功能[错误!未找到引用源。][23]。葫芦巴适应性强，对土壤和气候要求不高，具有耐寒、耐干旱、耐贫瘠等特性，具有开发为耐盐碱作物的潜力[24]。本研究以青海葫芦巴、甘肃葫芦巴、云南葫芦巴和加拿大葫芦巴为研究对象，探究盐碱胁迫对不同地区葫芦巴种子萌发特性的影响，旨在为葫芦巴在盐碱地的种植、推广提供理论依据。

## 1 材料和方法

收稿日期：
基金项目：青海省重大科技专项（2023-NK-A3），青海民族大学大学生创新创业训练计划项目（项目编号：DCXM-2023-75）
作者简介：杜明川(1996-)，女，贵州六盘水人，在读硕士研究生，主要从事药用植物种质资源开发与利用研究，E-mail:1321575830@qq.com；刘晶为通信作者，E-mail:654138133@qq.com。

### 1.1 试验材料

供试种子为 4 个地区的葫芦巴种子，分别为青海葫芦巴（青海湟源农家品种）、云南葫芦巴（来自云南杏林千草堂，当地种植）、甘肃葫芦巴（甘肃平凉农家品种）、加拿大葫芦巴（来自安徽亳州药王堂，当地种植），分别用 $G_1$ - $G_4$ 表示。

### 1.2 试验方法

将供试种子消毒后用无菌水清洗干净，晾干后备用。

盐碱胁迫处理分为 3 组[26]：①中性单盐，以分析纯 NaCl 配置 0、50、100、150 和 200 mmol/L 不同处理浓度，以 $A_1$-$A_5$ 表示。②中性混合盐，以分析纯 NaCl 和 $Na_2SO_4$（物质的量浓度比为 1:2）配置 0、25、50、75、100、125、150、175 mmol/L 不同处理浓度，以 $B_1$-$B_8$ 表示。③碱性混合盐，以分析纯 NaCl、$Na_2SO_4$、$NaHCO_3$ 和 $Na_2CO_3$（物质的量浓度比为 5:23:9:3）配置 0、50、100、150 和 200 mmol/L 不同处理浓度，以 $C_1$- $C_5$ 表示。

发芽试验采用滤纸床法进行：将种子放在铺有 2 层滤纸的直径为 90 mm 的培养皿内，加入相应的盐溶液。将培养皿置于 25℃光照培养箱内培养，光照/黑暗时间为 12h/12h，湿度 60%。每个处理重复 3 次，试验过程中通过称量法补充蒸发的水分。

### 1.3 测定指标与方法

试验期间，记录每天种子发芽数，连续 2 d 种子发芽数不变即试验结束，共计 8 d[28]。测定指标包括胚根长、胚芽长、鲜重、发芽率，计算发芽指数、活力指数及各指标数值的相对值，具体方法见文献[30]。

### 1.4 数据分析

试验数据均用 WPS 软件及 SPSS26.0 软件进行处理分析，以隶属函数法进行综合评价。

## 2 结果与分析

### 2.1 不同种质葫芦巴清水对照组萌发指标

方差分析表明（表 1），无环境压力下，不同生态型葫芦巴种质间活力指数、胚根长及胚芽长存在显著差异（$P < 0.05$），需要进行多重比较。

表 8 参试葫芦巴种质对照萌发指标的方差分析

Table 1 Variance analysis of germination index of tested fenugreek germplasm control

| 变异来源 | | F 值 | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|
| | | 发芽率（%） | 发芽指数 | 活力指数 | 胚根长(cm) | 胚芽长(cm) | 鲜重(mg) |
| 清水对照 | 种质间 | 3.47 | 1.99 | 8.28* | 9.46* | 7.28* | 2.43 |

注:*、**分别为 0.05 及 0.01 水平上的显著性差异，下同。

种质间多重比较结果（表 2）可知，$G_1$ 的活力指数（68.24）与胚根长（4.25 cm）最高，显著高于其他种质（$P < 0.05$）。$G_1$ 的胚芽长（4.95 cm）最长，与 $G_2$ 和 $G_4$ 无显著差异，显著高于 $G_3$（$P < 0.05$）。

由 D 值大小可知，无环境胁迫下，4 种葫芦巴的萌发效果为 $G_1 > G_4 > G_3 > G_2$。

表 9 葫芦巴种质间相关萌发指标的差异及 D 值

Table 2 Multiple comparison and D value of germination indexes of fenugreek seeds with different germplasm

| | 活力指数 | 胚根长（cm） | 胚芽长(cm) | D 值 |
|---|---|---|---|---|
| $G_1$ | 68.24±5.14$^a$ | 4.25±0.16$^a$ | 4.95±0.21$^a$ | 0.91 |
| $G_2$ | 47.95±2.13$^b$ | 3.28±0.26$^b$ | 4.93±0.44$^a$ | 0.23 |
| $G_3$ | 51.35±2.18$^b$ | 3.13±0.09$^b$ | 3.40±0.16$^b$ | 0.39 |
| $G_4$ | 56.25±1.55$^b$ | 3.45±0.09$^b$ | 4.54±0.16$^a$ | 0.74 |

注：同因素同列不同字母表示差异显著（$P$<0.05）。下同。

Note: different letters in the same column of the same factor indicate significant differences ($P < 0.05$). The same below.

## 2.2 中性单盐胁迫对葫芦巴种子萌发的影响

由表 3 可知，中性单盐胁迫对葫芦巴种子萌发特性均存在极显著差异（$P < 0.01$）。种质间在相对胚根长和相对胚芽长存在极显著差异（$P < 0.01$），相对发芽率、相对发芽指数及相对活力指数存在显著差异（$P < 0.05$）。盐胁迫与种质互作对葫芦巴种子萌发特性均存在极显著差异（$P < 0.01$）。以上存在显著差异或极显著差异的指标需要进行多重比较。

表 10 参试葫芦巴种质萌发指标的方差分析

Table 1 Analysis of variance for germination indexes of fenugreek germplasm

| 变异来源 | | F 值 | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|
| | | 相对发芽率% | 相对发芽指数% | 相对活力指数% | 相对胚根长% | 相对胚芽长% | 相对鲜重% |
| 单盐 | 盐胁迫（A） | 255.32** | 881.42** | 1315.45** | 432.34** | 133.89** | 117.48** |
| | 种质 | 3.38* | 2.88* | 5.43* | 17.7** | 12.15** | 1.73 |
| | 盐胁迫×种质 | 55.28** | 187.57** | 280.50** | 98.11** | 33.02** | 25.98** |
| 中性混合盐 | 盐胁迫（B） | 98.76** | 240.89** | 49.53** | 43.79** | 148.94** | 102.61** |
| | 种质 | 7.65** | 3.26* | 3.36* | 4.62** | 11.18** | 0.18 |
| | 盐碱胁迫×种质 | 24.02** | 55.47** | 12.25** | 11.17** | 37.02** | 24.06** |
| 碱性混合盐 | 盐胁迫（C） | 412.58** | 331.32** | 206.33** | 83.84** | 148.90** | 33.27** |
| | 种质 | 11.21** | 5.00* | 8.21** | 6.11** | 2.14 | 1.14 |
| | 盐碱胁迫×种质 | 90.52** | 71.83** | 47.68** | 21.17** | 33.03** | 7.88** |

中性单盐胁迫对葫芦巴种子萌发特性在种质间的多重比较结果（图 1）表明，$G_2$ 的相对发芽率最高，与 $G_1$ 和 $G_3$ 无显著差异，显著高于 $G_4$（$P < 0.05$）。$G_2$ 相对发芽指数最高，与 $G_1$ 无显著差异，显著高于其他种质（$P < 0.05$）。$G_3$ 活力指数、胚根长及胚芽长最高，显著高于其他种质（$P < 0.05$）。

氯化钠胁迫下（图 2），葫芦巴种子相对发芽率在胁迫浓度为 0 mmol/L 到 150 mmol/L 之间无显著差异，胁迫浓度为 200 mmol/L 时，相对发芽率显著降低（$P < 0.05$），表明低浓度氯化钠胁迫对葫芦巴种子萌发影响较小。除相对发芽率外，其他指标均随着胁迫浓度的增加而显著下降（$P < 0.05$）。

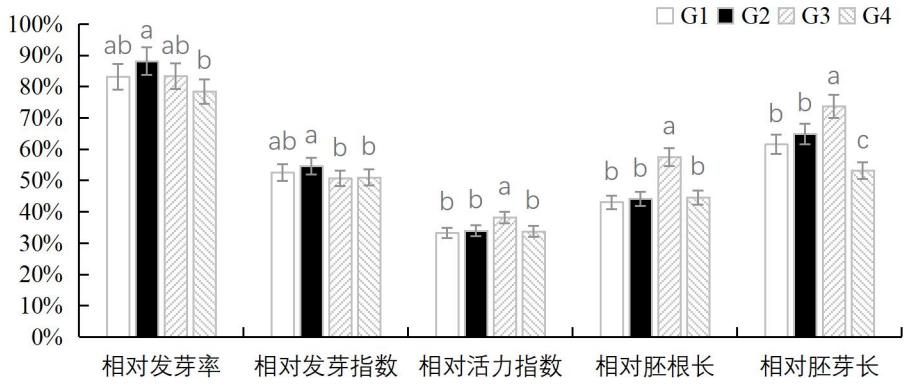



图 2 中性单盐胁迫对葫芦巴种子萌发指标在种质间的影响

Fig.1 Effects of neutral single salt stress on seed germination indexes of *Trigonella foenum-graecum* among germplasms

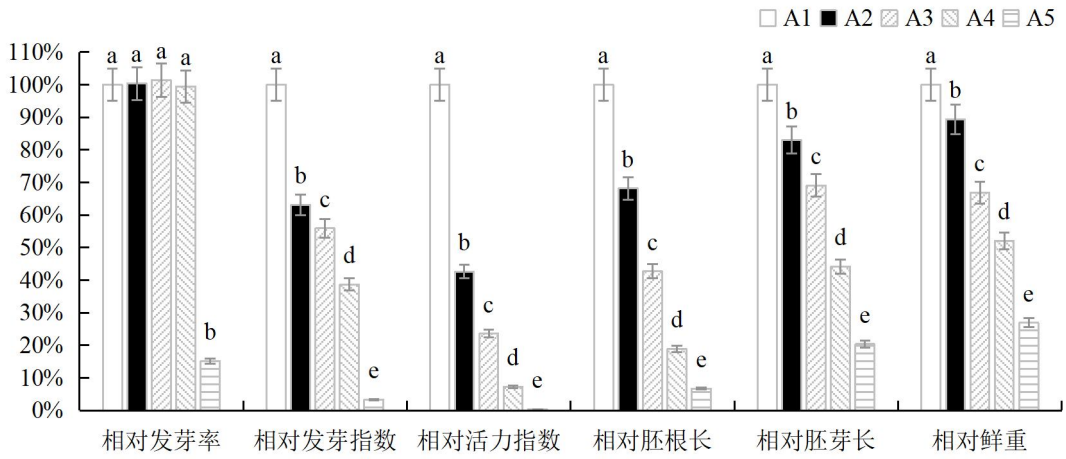



图 3 中性单盐胁迫对葫芦巴种子萌发指标的影响

Fig.2 Effects of neutral single salt stress on fenugreek seed germination indexes

盐胁迫与种质的互作效应(表4)表明，$G_1$在50 mmol/L和100 mmol/L、$G_2$在50 mmol/L、100 mmol/L及150 mmol/L的低浓度盐胁迫下，相对发芽率有较小幅度的升高。处理组$G_2A_4$的相对发芽率最高为（112.78），显著高于$G_1A_5$、$G_2A_5$、、$G_3A_4$、$G_3A_5$、$G_4A_3$、$G_4A_4$、$G_4A_5$（$P<0.05$）。处理组$G_2A_3$的相对发芽指数最高（66.88），除与$G_1A_2$、$G_2A_2$及$G_4A_2$无显著差异外，显著高于其他处理组（$P<0.05$）。处理组为$G_3A_2$相对活力指数最高（55.34），显著高于其他处理组（$P<0.05$）。处理组$G_3A_2$相对胚根长最高（95.25），显著高于其他处理组（$P<0.05$）。处理组$G_3A_2$相对胚芽长最高（96.78），除与$G_2A_2$和$G_3A_3$无显著差异外，显著高于其他处理组（$P<0.05$）。处理组$G_2A_2$相对鲜重最高（95.25），除与$G_1A_2$、$G_3A_2$及$G_4A_2$无显著差异外，显著高于其他处理组（$P<0.05$）。

表 11 氯化钠胁迫与种质交互作用对葫芦巴种子萌发指标的影响

Table 4 Effects of sodium chloride stress and germplasm interaction on fenugreek seed germination indexes

| 盐胁迫×种质 | 相对发芽率% | 相对发芽指数% | 相对活力指数% | 相对胚根长% | 相对胚芽长% | 相对鲜重% |
|---|---|---|---|---|---|---|
| $G_1A_1$ | 100.00±0.00$^{ab}$ | 100.00±0.00$^{a}$ | 100.00±0.00$^{a}$ | 100.00±0.00$^{a}$ | 100.00±0.00$^{a}$ | 100.00±0.00$^{a}$ |
| $G_1A_2$ | 102.78±2.78$^{ab}$ | 65.03±2.78$^{bc}$ | 34.84±4.48$^{d}$ | 53.07±4.56$^{c}$ | 69.52±3.04$^{de}$ | 81.54±5.08$^{bc}$ |
| $G_1A_3$ | 102.78±2.78$^{ab}$ | 54.72±2.93$^{de}$ | 26.66±3.24$^{e}$ | 48.52±4.90$^{c}$ | 53.84±2.86$^{ef}$ | 69.87±6.60$^{cd}$ |
| $G_1A_4$ | 97.50±2.50$^{ab}$ | 39.91±3.54$^{f}$ | 4.72±0.60$^{ghi}$ | 11.82±1.15$^{fg}$ | 57.77±7.70$^{ef}$ | 46.01±6.42$^{fg}$ |
| $G_1A_5$ | 12.78±4.75$^{cd}$ | 3.17±1.14$^{g}$ | 0.06±0.06$^{i}$ | 1.88±1.88$^{gh}$ | 26.48±9.12$^{gh}$ | 18.59±7.81$^{h}$ |
| $G_2A_1$ | 100.00±0.00$^{ab}$ | 100.00±0.00$^{a}$ | 100.00±0.00$^{a}$ | 100.00±0.00$^{a}$ | 100.00±0.00$^{a}$ | 100.00±0.00$^{a}$ |
| $G_2A_2$ | 103.40±5.27$^{ab}$ | 65.65±3.66$^{b}$ | 36.77±4.13$^{d}$ | 56.28±6.05$^{c}$ | 90.18±7.06$^{abc}$ | 95.25±9.49$^{ab}$ |
| $G_2A_3$ | 112.50±7.22$^{a}$ | 66.88±3.79$^{b}$ | 22.60±1.13$^{ef}$ | 34.03±2.08$^{d}$ | 77.43±5.97$^{bcd}$ | 67.73±3.22$^{cde}$ |
| $G_2A_4$ | 112.78±8.27$^{a}$ | 37.33±3.16$^{f}$ | 10.15±1.40$^{g}$ | 27.28±3.45$^{de}$ | 41.65±4.36$^{fg}$ | 49.73±1.50$^{fg}$ |
| $G_2A_5$ | 11.81±6.84$^{d}$ | 3.29±2.26$^{g}$ | 0.27±0.27h$^{i}$ | 2.86±2.86g$^{h}$ | 15.21±9.61$^{h}$ | 16.00±9.72$^{h}$ |
| $G_3A_1$ | 100.00±0.00$^{ab}$ | 100.00±0.00a | 100.00±0.00$^{a}$ | 100.00±0.00$^{a}$ | 100.00±0.00$^{a}$ | 100.00±0.00$^{a}$ |
| $G_3A_2$ | 97.78±5.03$^{ab}$ | 58.02±2.69$^{cd}$ | 55.34±3.22$^{b}$ | 95.25±1.96$^{a}$ | 96.78±3.71$^{a}$ | 91.47±3.70$^{ab}$ |
| $G_3A_3$ | 97.78±5.03$^{ab}$ | 52.05±2.61$^{de}$ | 27.13±3.84$^{e}$ | 51.54±4.79$^{c}$ | 92.64±5.37$^{ab}$ | 58.06±1.00$^{def}$ |
| $G_3A_4$ | 95.00±2.89$^{b}$ | 38.69±1.00$^{f}$ | 7.18±0.79$^{gh}$ | 18.46±1.66$^{ef}$ | 58.39±5.72$^{ef}$ | 59.77±1.46$^{def}$ |
| $G_3A_5$ | 26.11±10.20$^{c}$ | 4.66±1.70$^{g}$ | 1.38±0.51$^{hi}$ | 22.28±7.47$^{ef}$ | 20.51±6.94$^{h}$ | 36.04±12.05$^{g}$ |
| $G_4A_1$ | 100.00±0.00$^{ab}$ | 100.00±0.00$^{a}$ | 100.00±0.00$^{a}$ | 100.00±0.00$^{a}$ | 100.00±0.00$^{a}$ | 100.00±0.00$^{a}$ |
| $G_4A_2$ | 97.50±2.50$^{ab}$ | 63.92±1.83$^{bc}$ | 43.66±3.31$^{c}$ | 68.10±3.83$^{b}$ | 75.29±3.98$^{cd}$ | 89.11±2.24$^{ab}$ |

| | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|
| $G_4A_3$ | 92.50±4.79 $^{b}$ | 49.94±3.38$^{e}$ | 17.95±2.38$^{f}$ | 36.80±6.21$^{d}$ | 52.19±9.44$^{f}$ | 71.82±4.92 $^{cd}$ |
| $G_4A_4$ | 92.50±4.79 $^{b}$ | 38.94±2.72$^{f}$ | 7.19±1.72$^{gh}$ | 17.90±3.71$^{ef}$ | 18.82±2.32$^{h}$ | 52.60±4.60 $^{efg}$ |
| $G_4A_5$ | 10.00±0.00 $^{d}$ | 2.16±0.30$^{g}$ | 0.00±0.00$^{i}$ | 0.00±0.00$^{h}$ | 19.43±1.60$^{h}$ | 37.13±0.91 $^{g}$ |

### 2.3 中性混合盐胁迫对葫芦巴种子萌发影响

由表 3 可得，单因素（中性混合盐胁迫）及盐胁迫×种质互作对种子萌发特性均存在极显著差异（$P<0.01$）。单因素（种质）对相对发芽率、相对胚根长和相对胚芽长存在极显著差异（$P<0.01$），相对活力指数及相对发芽指数存在显著差异（$P<0.05$）。以上存在显著或极显著差异的指标需要进一步分析。

中性混合盐胁迫下（图 3），$G_2$ 相对发芽率最高，显著高于其他种质（$P<0.05$）。$G_2$ 相对发芽指数最高，与 $G_1$、$G_3$ 无显著差异，显著高于 $G_4$（$P<0.05$）。$G_3$ 相对活力指数最高，与 $G_1$、$G_2$ 无显著差异，显著高于 $G_4$（$P<0.05$）。相对胚根长为 $G_2$ 最高，与 $G_1$、$G_3$ 无显著差异，显著高于 $G_4$（$P<0.05$）。相对胚芽长为 $G_3$ 最高，与 $G_1$、$G_3$ 无显著差异，显著高于其他种质（$P<0.05$）。

中性混合盐胁迫下（图 4），除相对发芽指数外，低浓度盐胁迫（25 mmol/L）对葫芦巴种质其他萌发指标无显著影响。当浓度达 50 mmol/L 后，除相对发芽率外，葫芦巴种子的其他萌发指标均随着胁迫浓度的增大呈现降低趋势。处理组相对发芽率在 $B_2$ 最高，与 $B_3$、$B_4$ 无显著差异，显著高于其他处理组（$P<0.05$）。处理组相对发芽指数在 $B_2$ 最高，与 $B_3$ 无显著差异，显著高于其他处理组（$P<0.05$）。处理组相对活力指数、相对胚芽长及相对鲜重在 $B_2$ 最高，与对照无显著差异，显著高于其他处理组（$P<0.05$）。处理组相对胚根长在 $B_2$ 最高，显著高于对照及其他处理组（$P<0.05$）。

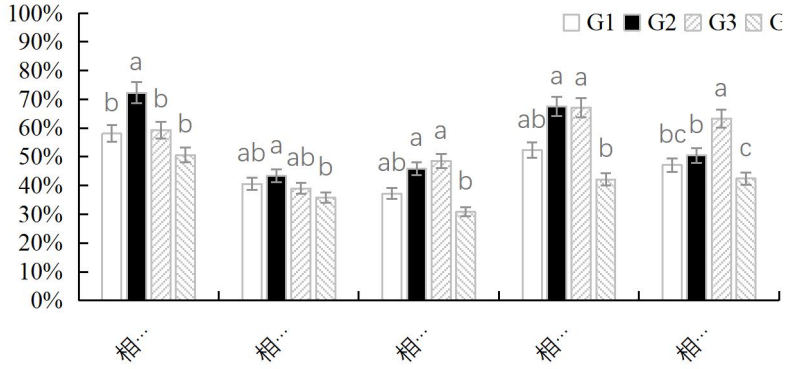



图 4 中性混合盐胁迫对葫芦巴种子萌发指标在种质间的影响

Fig.3 Effects of neutral mixed salt stress on seed germination indexes of fenugreek in germplasm

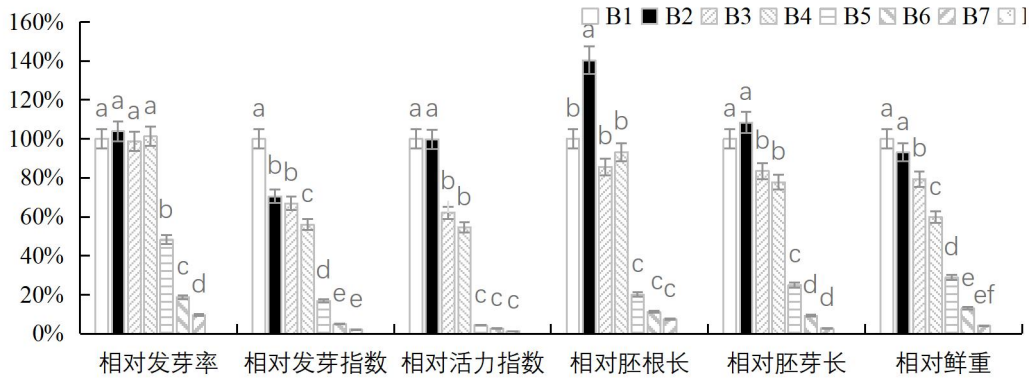



图 5 中性混合盐胁迫对葫芦巴种子萌发特性的影响

Fig.4 Effects of neutral mixed salt stress on the germination characteristics of fenugreek seeds

盐碱胁迫与种质的互作效应（表 5）表明，处理组相对发芽率为 $G_2B_2$ 和 $G_2B_4$ 最高，与低浓度（25、50、75 mmol/L）盐碱胁迫×种质无显著差异，显著高于其他处理组（$P < 0.05$）。处理组相对发芽指数为 $G_2B_2$ 最高，与 $G_1B_2$、$G_2B_3$、$G_4B_2$ 及 $G_4B_3$ 无显著差异，显著高于其他处理组（$P < 0.05$）。处理组相对活力指数为 $G_2B_2$ 最高，与 $G_1B_2$、$G_3B_2$ 及 $G_3B_3$ 无显著差异，显著高于其他处理组（$P < 0.05$）。处理组相对胚根长为 $G_3B_2$ 最高，与 $G_2B_2$ 无显著差异，显著高于其他处理组（$P < 0.05$）。处理组相对胚根长为 $G_3B_2$ 最高，显著高于其他处理组（$P < 0.05$）。处理组相对胚根长为 $G_4B_3$ 最高，与低浓度（25 mmol/L）盐碱胁迫×种质无显著差异，显著高于其他处理组（$P < 0.05$）。

表 12 中性混合盐胁迫与种质交互作用对葫芦巴种子萌发指标的影响

Table 5 Effects of neutral mixed salt stress and germplasm interaction on fenugreek seed germination indexes

| 盐碱胁迫×种质 | 相对发芽率% | 相对发芽指数% | 相对活力指数% | 相对胚根长% | 相对胚芽长% | 相对鲜重% |
|---|---|---|---|---|---|---|
| $G_1B_1$ | 100.00±0.00$^{a}$ | 100.00±0.00$^{a}$ | 100.00±0.00$^{ab}$ | 100.00±0.00$^{cd}$ | 100.00±0.00$^{bcd}$ | 100.00±0.00$^{ab}$ |
| $G_1B_2$ | 102.78±2.78$^{a}$ | 71.03±3.92$^{bcd}$ | 90.92±10.71$^{abc}$ | 128.86±16.74$^{bc}$ | 102.77±12.19$^{bc}$ | 103.40±9.96$^{a}$ |
| $G_1B_3$ | 82.50±10.31$^{ab}$ | 60.25±7.92$^{cde}$ | 43.51±19.83$^{ef}$ | 62.92±24.06$^{defg}$ | 72.57±5.99$^{ef}$ | 74.66±4.13$^{bcd}$ |
| $G_1B_4$ | 95.00±2.89$^{a}$ | 56.12±5.73$^{de}$ | 54.70±16.88$^{cde}$ | 93.12±20.37$^{cd}$ | 64.85±3.06$^{f}$ | 62.39±7.36$^{d}$ |
| $G_1B_5$ | 54.17±9.17$^{cd}$ | 28.90±5.20$^{f}$ | 7.20±1.56$^{fg}$ | 25.87±6.64$^{gh}$ | 28.72±4.54$^{gh}$ | 34.53±3.71$^{ef}$ |
| $G_1B_6$ | 30.00±19.15$^{def}$ | 8.50±5.53$^{gh}$ | 1.29±0.80$^{g}$ | 7.84±4.56$^{h}$ | 8.16±5.29$^{hi}$ | 15.33±9.10$^{fg}$ |
| $G_1B_7$ | 0.00±0.00$^{f}$ | 0.00±0.00$^{h}$ | 0.00±0.00$^{g}$ | 0.00±0.00$^{h}$ | 0.00±0.00$^{i}$ | 0.00±0.00$^{g}$ |
| $G_1B_8$ | 0.00±0.00$^{f}$ | 0.00±0.00$^{h}$ | 0.00±0.00$^{g}$ | 0.00±0.00$^{h}$ | 0.00±0.00$^{i}$ | 0.00±0.00$^{g}$ |
| $G_2B_1$ | 100.00±0.00$^{a}$ | 100.00±0.00$^{a}$ | 100.00±0.00$^{ab}$ | 100.00±0.00$^{cd}$ | 100.00±0.00$^{bcd}$ | 100.00±0.00$^{ab}$ |
| $G_2B_2$ | 112.50±7.22$^{a}$ | 80.88±4.47$^{b}$ | 126.46±8.23$^{a}$ | 158.94±17.04$^{ab}$ | 82.65±10.02$^{cdef}$ | 89.17±8.76$^{abc}$ |
| $G_2B_3$ | 112.15±5.11$^{a}$ | 74.54±6.25$^{bc}$ | 68.57±21.32$^{bcde}$ | 87.00±20.61$^{cde}$ | 76.67±8.58$^{def}$ | 66.23±15.93$^{cd}$ |
| $G_2B_4$ | 112.50±7.22$^{a}$ | 55.73±15.39$^{de}$ | 50.97±15.64$^{cde}$ | 92.48±14.47$^{cd}$ | 77.14±8.71$^{def}$ | 51.72±3.37$^{de}$ |
| $G_2B_5$ | 62.92±18.90$^{bc}$ | 16.28±5.09$^{fgh}$ | 6.53±3.61$^{fg}$ | 34.23±7.88$^{fgh}$ | 38.81±7.29$^{g}$ | 32.27±1.68$^{ef}$ |
| $G_2B_6$ | 40.28±26.39$^{cde}$ | 10.82±6.94$^{gh}$ | 9.53±7.93$^{fg}$ | 37.38±26.83$^{efgh}$ | 17.56±10.48$^{ghi}$ | 26.09±16.73$^{fg}$ |
| $G_2B_7$ | 38.19±22.06$^{cde}$ | 8.66±5.01$^{gh}$ | 5.24±3.13$^{fg}$ | 30.06±17.73$^{fgh}$ | 11.04±7.39$^{hi}$ | 16.39±10.86$^{fg}$ |
| $G_2B_8$ | 0.00±0.00$^{f}$ | 0.00±0.00$^{h}$ | 0.00±0.00$^{g}$ | 0.00±0.00$^{h}$ | 0.00±0.00$^{i}$ | 0.00±0.00$^{g}$ |
| $G_3B_1$ | 100.00±0.00$^{a}$ | 100.00±0.00$^{a}$ | 100.00±0.00$^{ab}$ | 100.00±0.00$^{cd}$ | 100.00±0.00$^{bcd}$ | 100.00±0.00$^{ab}$ |
| $G_3B_2$ | 102.78±2.78$^{a}$ | 64.63±4.92$^{cd}$ | 125.46±34.68$^{a}$ | 186.60±35.30$^{a}$ | 158.03±17.80$^{a}$ | 90.43±10.46$^{abc}$ |
| $G_3B_3$ | 102.78±2.78$^{a}$ | 65.73±5.69$^{bcd}$ | 88.24±37.52$^{abcd}$ | 124.44±50.05$^{bc}$ | 109.13±15.91$^{b}$ | 72.74±5.77$^{cd}$ |
| $G_3B_4$ | 102.78±2.78$^{a}$ | 63.90±3.35$^{cd}$ | 71.30±18.60$^{bcde}$ | 108.31±23.45$^{cd}$ | 99.69±10.99$^{bcd}$ | 64.87±6.62$^{cd}$ |
| $G_3B_5$ | 61.11±14.25$^{bc}$ | 17.27±3.91$^{fg}$ | 3.31±1.23$^{fg}$ | 17.10±7.08$^{gh}$ | 27.84±9.44$^{gh}$ | 30.29±11.31$^{ef}$ |
| $G_3B_6$ | 5.00±2.89$^{f}$ | 0.81±0.47$^{h}$ | 0.00±0.00$^{g}$ | 0.00±0.00$^{h}$ | 11.53±6.82$^{hi}$ | 10.70±6.37$^{fg}$ |
| $G_3B_7$ | 0.00±0.00$^{f}$ | 0.00±0.00$^{h}$ | 0.00±0.00$^{g}$ | 0.00±0.00$^{h}$ | 0.00±0.00$^{i}$ | 0.00±0.00$^{g}$ |
| $G_3B_8$ | 0.00±0.00$^{f}$ | 0.00±0.00$^{h}$ | 0.00±0.00$^{g}$ | 0.00±0.00$^{h}$ | 0.00±0.00$^{i}$ | 0.00±0.00$^{g}$ |
| $G_4B_1$ | 100.00±0.00$^{a}$ | 100.00±0.00$^{a}$ | 100.00±0.00$^{ab}$ | 100.00±0.00$^{cd}$ | 100.00±0.00$^{bcd}$ | 100.00±0.00$^{ab}$ |
| $G_4B_2$ | 97.50±2.50$^{a}$ | 65.76±4.70$^{bcd}$ | 56.26±3.25$^{cde}$ | 86.78±7.54$^{cde}$ | 90.17±10.61$^{bcde}$ | 89.09±10.41$^{abc}$ |
| $G_4B_3$ | 97.50±2.50$^{a}$ | 67.14±4.72$^{bcd}$ | 48.27±15.94$^{de}$ | 68.25±19.10$^{defg}$ | 75.66±9.85$^{def}$ | 104.12±10.70$^{a}$ |
| $G_4B_4$ | 95.00±2.89$^{a}$ | 48.36±8.04$^{e}$ | 41.48±12.63$^{efg}$ | 78.70±15.15$^{cdef}$ | 69.47±7.12$^{ef}$ | 60.48±12.29$^{d}$ |
| $G_4B_5$ | 15.00±15.00$^{ef}$ | 5.12±5.11$^{gh}$ | 0.73±0.73$^{g}$ | 3.57±3.57$^{h}$ | 4.65±4.65$^{hi}$ | 18.51±18.51$^{fg}$ |
| $G_4B_6$ | 0.00±0.00$^{f}$ | 0.00±0.00$^{h}$ | 0.00±0.00$^{g}$ | 0.00±0.00$^{h}$ | 0.00±0.00$^{i}$ | 0.00±0.00$^{g}$ |
| $G_4B_7$ | 0.00±0.00$^{f}$ | 0.00±0.00$^{h}$ | 0.00±0.00$^{g}$ | 0.00±0.00$^{h}$ | 0.00±0.00$^{i}$ | 0.00±0.00$^{g}$ |
| $G_4B_8$ | 0.00±0.00$^{f}$ | 0.00±0.00$^{h}$ | 0.00±0.00$^{g}$ | 0.00±0.00$^{h}$ | 0.00±0.00$^{i}$ | 0.00±0.00$^{g}$ |

### 2.4 碱性混合盐胁迫葫芦巴种子萌发影响

由表 3 可知，碱性混合盐胁迫下，单因素（盐碱胁迫）及盐碱胁迫与种质互作效应对葫芦巴种子萌发指标均有极显著影响（$P < 0.01$）。种质对相对发芽率、相对活力指数及相对胚根长存在极显著影响（$P < 0.01$），对相对发芽指数存在显著影响（$P < 0.05$）。需要进一步分析。

混合盐碱胁迫下（图 5），$G_2$ 各指标均为最大值。其中 $G_2$ 的相对发芽率与 $G_3$ 无显著差异，显著高于其他种质（$P < 0.05$）。$G_2$ 的相对发芽指数和相对胚根长显著高于 $G_4$，$G_2$ 的相对活力指数显著高于其他三个种质（$P < 0.05$）。

如图 6 所示，混合盐碱胁迫下，葫芦巴种子萌发指标均随着胁迫浓度的增大而呈现下降趋势。各指标的最大值均出现在 $C_2$（50 mmol/L）浓度处理下，除 $C_2$ 相对鲜重与 $C_3$ 无显著差异外，其它各指标均显著高于其他浓度处理（$P < 0.05$）。在 $C_5$（200 mmol/L）浓度处理下，葫芦巴受碱性混合盐胁迫严重，没有发芽。

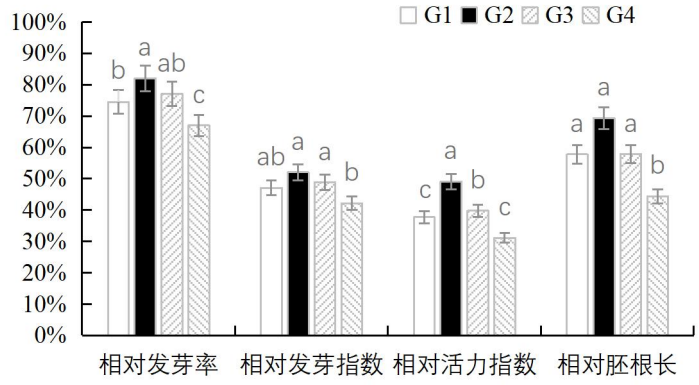



图 6 碱性混合盐胁迫对葫芦巴种子萌发指标在种质间的影响

Fig.5 Effects of alkaline mixed salt stress on seed germination indexes of fenugreek in germplasm

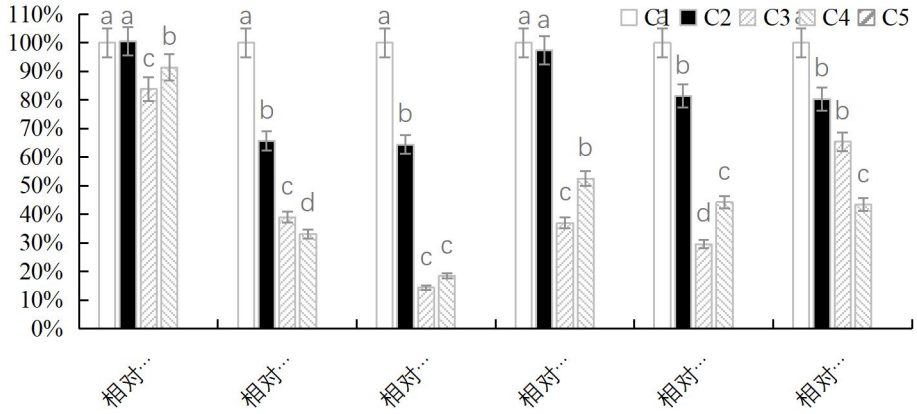



图 7 碱性混合盐胁迫对葫芦巴种子萌发指标影响

Fig.6 Effects of alkaline mixed salt stress on fenugreek seed germination indexes

盐碱胁迫与种质的互作效应（表 6）表明：处理组中相对发芽率最高为 $G_2C_2$，与 $G_1C_2$、$G_2C_3$、$G_2C_4$、$G_3C_2$、$G_3C_3$、$G_3C_4$ 及 $G_4C_2$ 无显著差异，显著高于其他处理组（$P < 0.05$）。处理组中相对发芽指数最高为 $G_2C_2$，与低浓度（50 mmol/L）盐碱胁迫×种质无显著差异，显著高于其他处理组（$P < 0.05$）。处理组中相对活力指数及相对胚根长最高为 $G_2C_2$，与对照组无显著差异，显著高于处理组（$P < 0.05$）。处理组中胚芽长最高为 $G_3C_2$，与 $G_2C_2$ 及 $G_4C_2$ 无显著差异，显著高于其他处理组（$P < 0.05$）。处理组中鲜重最高为 $G_3C_2$，与 $G_1C_2$、$G_1C_3$、$G_2C_2$、$G_3C_3$、$G_4C_2$ 及 $G_4C_3$ 无显著差异，显著高于其他处理组（$P < 0.05$）。

表 13 碱性混合盐胁迫与种质交互作用对葫芦巴种子萌发指标的影响

| 盐碱胁迫×种质 | 相对发芽率% | 相对发芽指数% | 相对活力指数% | 相对胚根长% | 相对胚芽长% | 相对鲜重% |
|---|---|---|---|---|---|---|
| $G_1C_1$ | 100.00±0.00$^{ab}$ | 100.00±0.00$^{a}$ | 100.00±0.00$^{a}$ | 100.00±0.00$^{bc}$ | 100.00±0.00$^{a}$ | 100.00±0.00$^{a}$ |
| $G_1C_2$ | 100.28±4.31$^{ab}$ | 62.46±1.63$^{bc}$ | 47.51±8.25$^{c}$ | 76.71±14.40$^{bcd}$ | 69.21±8.36$^{bc}$ | 76.35±8.86$^{abc}$ |
| $G_1C_3$ | 80.00±9.12$^{cd}$ | 42.04±4.76$^{de}$ | 24.62±1.66$^{de}$ | 59.42±2.95$^{de}$ | 48.50±9.88$^{d}$ | 69.67±4.85$^{abcd}$ |
| $G_1C_4$ | 92.22±2.61$^{bc}$ | 31.11±7.14$^{efg}$ | 16.45±3.94$^{ef}$ | 52.71±3.75$^{def}$ | 53.56±6.10$^{cd}$ | 54.83±5.75$^{bcde}$ |
| $G_1C_5$ | 0.00±0.00$^{f}$ | 0.00±0.00$^{h}$ | 0.00±0.00$^{f}$ | 0.00±0.00$^{g}$ | 0.00±0.00$^{f}$ | 0.00±0.00$^{f}$ |
| $G_2C_1$ | 100.00±0.00$^{ab}$ | 100.00±0.00$^{a}$ | 100.00±0.00$^{a}$ | 100.00±0.00$^{bc}$ | 100.00±0.00$^{a}$ | 100.00±0.00$^{a}$ |
| $G_2C_2$ | 106.53±7.52$^{a}$ | 69.61±7.83$^{b}$ | 102.23±18.12$^{a}$ | 146.97±22.34$^{a}$ | 81.40±8.99$^{ab}$ | 68.92±6.06$^{abcd}$ |
| $G_2C_3$ | 100.28±4.31$^{ab}$ | 51.90±4.66$^{cd}$ | 14.43±3.30$^{ef}$ | 27.04±3.74$^{fg}$ | 19.20±2.72$^{ef}$ | 26.06±1.56$^{ef}$ |
| $G_2C_4$ | 103.47±5.68$^{ab}$ | 38.72±2.37$^{ef}$ | 28.75±4.95$^{de}$ | 72.99±8.93$^{cd}$ | 49.39±7.04$^{cd}$ | 50.15±2.48$^{bcde}$ |
| $G_2C_5$ | 0.00±0.00$^{f}$ | 0.00±0.00$^{h}$ | 0.00±0.00$^{f}$ | 0.00±0.00$^{g}$ | 0.00±0.00$^{f}$ | 0.00±0.00$^{f}$ |
| $G_3C_1$ | 100.00±0.00$^{ab}$ | 100.00±0.00$^{a}$ | 100.00±0.00$^{a}$ | 100.00±0.00$^{bc}$ | 100.00±0.00$^{a}$ | 100.00±0.00$^{a}$ |
| $G_3C_2$ | 100.28±4.31$^{ab}$ | 65.97±4.42$^{b}$ | 68.10±5.92$^{b}$ | 103.79±9.14$^{b}$ | 92.99±7.93$^{a}$ | 91.26±7.06$^{ab}$ |
| $G_3C_3$ | 92.50±2.50$^{abc}$ | 42.13±7.00$^{de}$ | 12.77±1.78$^{ef}$ | 34.04±8.11$^{ef}$ | 29.20±2.95$^{e}$ | 88.73±55.95$^{ab}$ |
| $G_3C_4$ | 92.50±4.78$^{abc}$ | 36.06±6.49$^{ef}$ | 17.98±5.15$^{ef}$ | 51.42±14.07$^{def}$ | 50.03±14.28$^{cd}$ | 40.08±0.73$^{cdef}$ |
| $G_3C_5$ | 0.00±0.00$^{f}$ | 0.00±0.00$^{h}$ | 0.00±0.00$^{f}$ | 0.00±0.00$^{g}$ | 0.00±0.00$^{f}$ | 0.00±0.00$^{f}$ |
| $G_4C_1$ | 100.00±0.00$^{ab}$ | 100.00±0.00$^{a}$ | 100.00±0.00$^{a}$ | 100.00±0.00$^{bc}$ | 100.00±0.00$^{a}$ | 100.00±0.00$^{a}$ |
| $G_4C_2$ | 95.00±2.89$^{ab}$ | 64.61±1.98$^{b}$ | 39.70±11.37$^{cd}$ | 61.99±17.50$^{de}$ | 81.75±12.69$^{ab}$ | 84.91±6.20$^{ab}$ |
| $G_4C_3$ | 62.50±2.50$^{e}$ | 19.80±2.30$^{g}$ | 5.47±2.17$^{f}$ | 27.34±9.97$^{fg}$ | 21.13±3.91$^{e}$ | 77.12±7.23$^{abc}$ |
| $G_4C_4$ | 77.50±8.54$^{d}$ | 26.47±7.38$^{fg}$ | 10.47±4.66$^{ef}$ | 32.82±11.38$^{ef}$ | 23.89±8.34$^{e}$ | 28.49±9.61$^{def}$ |
| $G_4C_5$ | 0.00±0.00$^{f}$ | 0.00±0.00$^{h}$ | 0.00±0.00$^{f}$ | 0.00±0.00$^{g}$ | 0.00±0.00$^{f}$ | 0.00±0.00$^{f}$ |

### 2.5 不同种质葫芦巴耐盐碱性综合评价

本研究中，用种子萌发的相关指标对 4 个地区葫芦巴种质的耐盐碱性进行分析，各指标结果不一样，无法得出最终的结论。因此，需要利用公式（1）-（3）隶属函数法对种子萌发的各指标进行综合评价，最后结果以综合评价值（D）表示，D 值越高，则耐盐碱能力越强。

通过对 4 种种质葫芦巴的 6 项萌发指标进行隶属函数值计算，得出耐盐性的综合评价值（D 值，表 6）。根据 D 值大小，得出如下结论：

盐碱胁迫下，四个地区葫芦巴的耐盐碱能力均随着胁迫浓度的增大而减小，且四种葫芦巴对中性单盐胁迫的耐受能力强于中性混合盐及碱性混合盐。

氯化钠胁迫下，各种质对其耐受性为：$A_2$（50 mmol/L）云南>甘肃>加拿大>青海；$A_3$（100 mmol/L）甘肃>云南>青海>加拿大；$A_4$（150 mmol/L）云南>甘肃>青海>加拿大；$A_5$（200 mmol/L）云南>加拿大>青海>甘肃。

（2）中性混合盐胁迫下，各种质对其耐受性为：$B_2$（25 mmol/L）云南>甘肃>青海>加拿大；$B_3$（50mmol/L）云南>甘肃>加拿大>青海；$B_4$（75 mmol/L）云南>甘肃>青海>加拿大；$B_5$（100mmol/L）甘肃>青海>云南>加拿大；$B_6$（125 mmol/L）甘肃>青海>云南，加拿大葫芦巴不发芽；$B_7$（150 mmol/L）仅甘肃葫芦巴发芽，其余三个地区种子均不发芽；$B_8$（175 mmol/L）均不发芽。

（3）碱性混合盐胁迫下，各种质对其耐受性为：$C_2$（25 mmol/L）甘肃>云南>加拿大>青；$C_3$（50 mmol/L）青海>云南>甘肃>加拿大；$C_4$（75 mmol/L）甘肃>青海>云南>加拿大；$C_5$（100 mmol/L）均为不发芽。

表 14 参试葫芦巴种子萌发期耐盐碱性综合评价 D 值

| 盐种类 | 浓度 | $G_1$ | $G_2$ | $G_3$ | $G_4$ |
|---|---|---|---|---|---|
| 氯化钠 | $A_1$ | 0.97 | 0.97 | 0.97 | 0.97 |

| | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|
| | $A_2$ | 0.68 | 0.76 | 0.82 | 0.72 |
| | $A_3$ | 0.59 | 0.65 | 0.63 | 0.53 |
| | $A_4$ | 0.43 | 0.46 | 0.47 | 0.36 |
| | $A_5$ | 0.04 | 0.01 | 0.13 | 0.06 |
| | $B_1$ | 0.83 | 0.83 | 0.83 | 0.83 |
| | $B_2$ | 0.80 | 0.85 | 0.89 | 0.68 |
| | $B_3$ | 0.56 | 0.68 | 0.74 | 0.67 |
| 中性混合盐 | $B_4$ | 0.59 | 0.61 | 0.68 | 0.55 |
| | $B_5$ | 0.27 | 0.28 | 0.25 | 0.08 |
| | $B_6$ | 0.12 | 0.20 | 0.04 | 0.00 |
| | $B_7$ | 0.00 | 0.16 | 0.00 | 0.00 |
| | $B_8$ | 0.00 | 0.00 | 0.00 | 0.00 |
| | $C_1$ | 0.94 | 0.94 | 0.94 | 0.94 |
| | $C_2$ | 0.70 | 0.86 | 0.82 | 0.71 |
| 碱性混合盐 | $C_3$ | 0.54 | 0.42 | 0.53 | 0.38 |
| | $C_4$ | 0.51 | 0.56 | 0.48 | 0.35 |
| | $C_5$ | 0.00 | 0.00 | 0.00 | 0.00 |

综上可知：氯化钠胁迫下，云南及甘肃地区葫芦巴萌发效果较好；中性混合盐胁迫下，低浓度（25-75 mmol/L）胁迫下云南及甘肃地区葫芦巴萌发效果较好；较高浓度（100-150 mmol/L）胁迫下，甘肃葫芦巴萌发效果最好。碱性混合盐胁迫浓度为 25 mmol/L 及 75 mmol/L 时，甘肃葫芦巴萌发效果最好，50 mmol/L 则青海葫芦巴萌发效果最好。

# 3 讨论与结论

## 3.1 葫芦巴萌发期耐盐碱能力的鉴定

盐碱胁迫是最常见的非生物胁迫，也是植物生长发育的重要环境因子，盐碱胁迫对植物的影响主要为渗透胁迫和离子效应[32]。前人许多研究表明，植物在萌发期对盐碱胁迫等非生物胁迫较为敏感，而进入生长期后，其耐盐碱能力提高，探究植物萌发期耐盐碱性是植物育种工作的基础。盐碱胁迫抑制种子的发芽率、胚根长、胚芽长和幼苗鲜质量等指标，最终导致种子萌发率降低或不萌发。种子能否正常萌发决定了植物的生长发育和最终产量，种子萌发是植物生长周期的起始，也是植物对盐碱胁迫最敏感的阶段，萌发期种子的耐盐碱受能力在一定程度上可以反映植物自身的耐盐碱性[34]。盐分是土壤的营养元素，但是过高的含盐量会对植物造成伤害，阻碍植物的正常生长。朱晓旭等[36]对板蓝根种子的研究发现，低浓度盐胁迫对板蓝根种子萌发起到一定的促进作用，而高浓度盐碱胁迫则有明显的抑制作用，郭睿等[38]对油莎豆的研究也得出相同的结论。本研究中，三种混合盐碱胁迫下，低浓度胁迫对葫芦巴相对发芽率影响较小；中性单盐浓度为 200 mmol/L、中性混合盐及碱性混合盐为 100 mmol/L 时，种子的相对萌发率与对照组差异较大，表明高浓度的盐碱胁迫对葫芦巴种子萌发有明显抑制作用。同时，研究发现，葫芦巴种子在萌发期对碱胁迫较盐胁迫敏感。这与前人在苜蓿[40]、稗草[42]、赛菊芋[44]等植物的研究结果一致。主要因为 NaCl 胁迫对植物的为胁迫造成的渗透胁迫和离子毒害作用；而当环境中存在 $CO_3^{2-}$ 及 $HCO_3^-$ 时，除了渗透胁迫和离子毒害作用，因环境 pH 升高所造成的高 pH 胁迫会降低种子体内淀粉酶活性及脱落酸的积累，导致种子内营养物质严重流失、种子细胞分裂等活动被抑制，从而造成了比 NaCl 胁迫还严重的结果[46][48]。

## 3.2 葫芦巴萌发期耐盐碱性的综合评价

盐碱胁迫对植物的影响是多因素共同协作的结果，评价葫芦巴萌发期对盐碱胁迫的耐

受能力时，单一指标评价的结果差异较大。隶属函数分析法是一种基于多个指标基础上的综合评价方法，可以克服单一或少数几个指标对植物耐盐碱性评价的局限性[49]。因此本研究采用隶属函数分析法综合评定葫芦巴萌发期耐盐碱性。结果表明，氯化钠和低浓度（25-75 mmol/L）中性混合盐胁迫下，云南葫芦巴与甘肃葫芦巴萌发效果较好；较高浓度（100-150 mmol/L）中性混合盐胁迫下，甘肃葫芦巴萌发效果较好。碱性混合盐胁迫浓度为 25 mmol/L 及 75 mmol/L 时，甘肃葫芦巴萌发效果较好，50 mmol/L 则青海葫芦巴萌发效果较好。中性混合盐胁迫和碱性混合盐胁迫下，加拿大葫芦巴种子萌发效果最差。本研究选用的 4 个地区的葫芦巴种质在不同类型、不同盐碱浓度下耐盐碱程度不同，可以根据盐碱地类型选育对应的种质种植。

总之，低浓度盐碱胁迫可适当促进葫芦巴种子萌发，高浓度盐碱胁迫对葫芦巴种子的萌发有抑制作用，且抑制作用随着盐碱溶液浓度的增加而增强。无环境压力下，青海葫芦巴萌发效果最好。葫芦巴种子在萌发期对碱胁迫较盐胁迫敏感。

参考文献


【1】 PICHU R. World salinization with emphasis on Australia.[J]. Journal of experimental botany,2006,57(5)

【2】 陆宝金,田生昌,左忠,等.盐渍化土地可持续利用研究综述及展望[J].宁夏大学学报(自然科学版),2023,44(01):79-88

【3】 LU J B,TIAN S C,ZUO Z,et al.Review and Prospect on Sustainable Utilization of Salinized Land[J].Journal of Ningxia University(Natural Science Edition),2023,44(01):79-88

【4】 WANG Y J,WANG Y,ZHANG Q,et al.Saline-Alkali Soil Property Improved by the Synergistic Effects of *Priestia aryabhattai* JL-5, *Staphylococcus pseudoxylosus* XW-4, Leymus chinensis and Soil Microbiota[J]. International journal of molecular sciences,2023,24(9)

【5】 李海英,彭红春,牛东玲,等.生物措施对柴达木盆地弃耕盐碱地效应分析[J].草地学报,2002,(01):63-68

【6】 LI H Y,PENG H C,NIU D L,et al.Analysis of the Effect of Biomeasures on Discarded Salkaline Land in Chidamu Basin.[J].Acta Agrestia Sinica,2002,(01):63-68

【7】 陈新,张宗文,吴斌.裸燕麦萌发期耐盐性综合评价与耐盐种质筛选[J].中国农业科学,2014,47(10):2038-2046

【8】 CHEN X,ZHANG Z W,WU B.Comprehensive Evaluation of Salt Tolerance and Screening for Salt Tolerant Accessions of Naked Oat (*Avena nuda* L.) at Germination Stage[J].Scientia Agricultura Sinica,2014,47(10):2038-2046

【9】 中国科学院中国植物志编辑委员会.中国植物志[M].北京：科学出版社，1998,42（2）：311

【10】 Editorial Committee of Flora of China, Chinese Academy of Sciences.Flora Reipublicae Popularis Sinicae[M].Beijing:Science Press,1998,42(2):311

【11】 丁建海,马晓芳,俞剑,等.HPLC 法测定葫芦巴中薯蓣皂苷元的含量[J].广州化工,2015,43(14):118-119+145.

【12】 DING J H,MA X F,YU J,et al.Determination of the Contents of Diosigenin of the *Trigonella foenum-graecum* by HPLC[J].Guangzhou Chemical Industry,2015,43(14):118-119+145

【13】 丁建海,牛浩军,刘世巍,等.分光光度法测定葫芦巴中总黄酮含量[J].广州化工,2017,45(09):125-127

【14】 DING J H,NIU H J,LIU S W,et al.Total Flavonoids Determination of *Trigonella Foenum-graecum* by Ultraviolet Spectrophotometry[J].Guangzhou Chemical Industry,2017,45(09):125-127

【15】 尚明英,蔡少青,林文翰,等.胡芦巴的化学成分研究[J].中国中药杂志,2002(04):40-42

【16】 SHANG M Y,CAI S Q,LIN W H,et al.Studies on Chemical Constituents from the Seed of *Trigonella*

*foenum-graecum*[J].China Journal of Chinese Materia Medica,2002(04):40-42

【17】 安福丽,张仲,陈贵银,等.不同产地葫芦巴醇溶性化学成分的高效液相色谱-电喷雾质谱分析[J].临床合理用药杂志,2010,3(10):42-45

【18】 AN F L,ZHANG Z,CHEN G Y,et al.Analysis of chemical components of *Trigonella foenum-graecum* L in different areas by high performance liquid chromatography-electrospray ionization-mass spectrometry[J].Chinese Journal of Clinical Rational Drug Use,2010,3(10):42-45

【19】 MALEPPILLIL V. VIJAYAKUMAR, VIMAL P,et al.Hypolipidemic effect of fenugreek seeds is mediated through inhibition of fat accumulation and upregulation of LDL receptor.[J]. Obesity,2010,18(4):667-674

【20】 卢芙蓉,秦铀,沈霖,等.葫芦巴提取物对肾病综合征大鼠肾损伤的保护作用[J].中西医结合研究,2009,1(06):281-284

【21】 LU F R,QIN Y,SHEN L,et al.Protective Effect of *Trigonella Foenum-graecum* L Total Saponins on Kidney Injury in Adriamycin-induced Nephropathy Rats[J].Research of Integrated Traditional Chinese and Western Medicine,2009,1(06):281-284

【22】 M M A,A M E A,A G A H.*Trigonella foenum-graecum* ameliorates acrylamide-induced toxicity in rats: Roles of oxidative stress, proinflammatory cytokines, and DNA damage.[J]. Biochemistry and cell biology = Biochimie et biologie cellulaire,2015,93(3):153-155

【23】 GOWHAR S,ANJANA M,TARIQUE H,et al. Induction of apoptosis in HeLa cells by chloroform fraction of seed extracts of *Nigella sativa*[J].Cancer Cell International,2009,9(1):29

【24】 杨发,王永成,陈世平,等.旱地胡芦巴播种期试验[J].宁夏农林科技,2001(02):29-30

【25】 YANG F,WANG Y C,CHEN S P,et al.Experiment on sowing date of fenugreek on dry land[J].Ningxia Journal of Agriculture and Forestry Science and technology,2001(02):29-30

【26】 苏银玲,李易蓉,木万福,等.盐碱胁迫和干旱胁迫对紫苏种子萌发及幼苗生长的影响[J].蔬菜,2022(03):21-27

【27】 SU Y L,LI Y R,MU W F,et al.Effects of Saline-alkali Stress and Drought Stress on Seed Germination and Seedling Growth of *Perilla frutescens*(L.)Britt[J].Vegetables,2022(03):21-27

【28】 范惠玲,杨亚莉,任晓燕,等.四种盐碱胁迫对不同品系白芥种子萌发的影响[J].山东农业科学,2022,54(11):39-47

【29】 FAN X L,YANG Y L,REN X Y,et al.Effects of Four Kinds of Salt-Alkali Stress on Seed Germination of Different Sinapis alba Lines[J].Shandong Agricultural Sciences,2022,54(11):39-47

【30】 张文博,刘芸希,李国铭,等.9 份番茄材料种子萌发期耐盐碱性评价[J].种子,2023,42(05):26-32

【31】 ZHANG W F,LIU Y X,LI G M,et al.Evaluation of Saline-alkaline Tolerance of 9 Tomato Materials During Seed Germination[J].Seed,2023,42(05):26-32

【32】 刘莹,尹泽群,吴柏辰,等.复合盐碱胁迫对不同谷子品种萌发期的影响及耐盐碱筛选[J/OL].作物杂志:1-10[2023-08-15].http://kns.cnki.net/kcms/detail/11.1808.s.20230711.1316.002.html

【33】 LIU Y,YIN Z Q,WU B C,et al.Effects of compound saline-alkali stress on germination period of different millet varieties and screening of saline-alkali tolerance[J/OL].Crops:1-10[2023-08-15].http://kns.cnki.net/kcms/detail/11.1808.s.20230711.1316.002.html

【34】 杨敏,田丽萍,薛琳.不同油莎豆品种在新疆干旱气候区的产量表现与品质差异[J].中国油料作物学报,2013,35(04):451-454

【35】 YANG M,TIAN L P,XIE L.Quality and production potential of different chufa varieties in arid climate region of Xinjiang[J].Chinese Journal of Oil Crop Sciences,2013,35(04):451-454

【36】 朱晓旭,高玉刚.混合盐碱胁迫对板蓝根种子萌发的影响[J].江苏农业科学,2020,48(06):147-150

【37】 ZHU X X,GAO Y G.Effect of mixed saline-alkali stress on seed germination of *Isatidis Radix*[J].Jiangsu Agricultural Sciences,2020,48(06):147-150

【38】 郭睿,郭晨荔,唐榕,等.盐碱胁迫对油莎豆种子萌发的影响[J].新疆农垦科技,2021,44(06):54-57

【39】 GUO R,GUO C L,TANG R,et al.Effect of saline-alkali stress on seed germination of *Cyperus esculentus*[J].Xinjiang Farm Research of Science and Technology,2021,44(06):54-57

【40】 王晓春,杨天辉,王川,等.复合盐碱胁迫对苜蓿种子萌发的影响及耐盐碱性评价[J].扬州大学学报(农业与生命科学版),2023,44(03):112-119

【41】 WANG X C,YANG T H,WANG C,et al.Effect of complex salt-alkali stress on the seed germination and evaluation of saline-alkaline tolerance of alfalfa[J].Journal of Yangzhou University(Agricultural and Life Science Edition),2023,44(03):112-119

【42】 李红,李波,杨婴.$^{60}$Co-γ辐射对三种盐碱胁迫下稗草种子萌发的影响[J].草地学报,2018,26(06):1409-1415

【43】 LI H,LI B,YANG Z.Effect of 60 Co- γ Radiation on Seeds Germination of Echinochloa crusgalli under Saline-alkali Stress[J].Acta Agrestia Sinica,2018,26(06):1409-1415

【44】 李芊夏,岳莉然,张彦妮.干旱和混合盐碱胁迫对赛菊芋种子萌发的影响[J].种子,2018,37(08):75-78

【45】 LI Q X,YUE L R,ZHANG Y N.Effect of Drought and Mixed Salt-alkali Stress on Seeds Germination of Heliopsis helianthoides[J].Seed,2018,37(08):75-78

【46】 章文华,刘友良,夏长沛.盐胁迫对大、小麦种子萌发时两种酶活性的影响[J].南京农业大学学报,1991,(04):18-22

【47】 ZHANG W H, LIU Y L, XIAO C P. Effects of salinity on activity of two enzymes in barley and wheat during emergence[J]. Journal of Nanjing Agricultural University (China), 1991,(04):18-22

【48】 Hu X, Zhang Y, Shi Y, et al. Effect of exogenous spermidine on polyamine content and metabolism in tomato exposed to salinity–alkalinity mixed stress[J]. Plant Physiology and Biochemistry, 2012, 57: 200-209

【49】 王鹏,李芳弟,郭天顺,等.基于主成分分析、相关性分析和隶属函数法对 22 个马铃薯品种的综合评价[J].中国瓜菜,2023,36(07):78-87

【50】 WANG P,LI F D,GUO T S,et al. Comprehensive evaluation of 22 potato varieties based on principal com-ponent analysis,correlation analysis and membership function method[J].China Cucurbits and Vegetables,2023,36(07):78-87

# 高寒区不同施肥处理对燕麦生物量及土壤养分的影响

牛浴林[1]，苏乐乐[1]，秦燕[1*]

（1 青海大学畜牧兽医科学院（青海省畜牧兽医科学院），青海省青藏高原优良牧草种质资源利用重点实验室，西宁，810016）

**摘要：**为探究氮磷配施对高寒区燕麦生物量的影响，本研究以青燕 1 号燕麦（*Avena sativa L.*Qingyan No.1）为材料，设置了 3 个氮肥（尿素，0,200，67.67kg $hm^{-2}$）和 2 个磷肥（过磷酸钙，0,600kg $hm^{-2}$）水平，分析不同施肥处理下燕麦的生物量，生长性状及土壤理化性质的变化，并采用 TOPSIS-多准则决策模型探讨施肥处理对燕麦生物量的影响过程，为高寒区收获最大生物量的燕麦提供数据支撑。结果表明，（1）在单施尿素 200kg $hm^{-2}$ 时，燕麦的生物量达到最大，为 820.29g $m^{-2}$；（2）单施氮肥提高了燕麦的茎叶比，旗叶高度，叶面积，提高了土壤的 pH 值，土壤含水率，土壤全磷和土壤铵态氮；（3）相关性热图表明，地下生物量与地上生物量，茎叶比呈现显著正相关；（4）TOPSIS-多准则决策模型分析表明，单施 200kg $hm^{-2}$ 的尿素不但可保持较高的生物量，还可以提高土壤的理化性质，是适宜于高寒地区燕麦生产的最佳施肥量。

**关键词：**燕麦；氮磷配施；生物量；土壤养分

# Effects of different fertilization treatments on Avena sativa L. biomass and soil nutrients in alpine zone

**Abstract:** I n order to investigate the effect of nitrogen and phosphorus rationing on the biomass of *Avena sativa L.* in the alpine zone, the present study took Avena sativa L. Qingyan No.1 as the material and set three levels of nitrogen fertilizer (urea, 0,200, 67.67 kg $hm^{-2}$) and two levels of phosphorus fertilizer (calcium superphosphate, 0,600 kg $hm^{-2}$) to analyze biomass, growth traits and soil physicochemical properties of *Avena sativa L.* under different fertilizer treatment, and used TOPSIS-multi-criteria decision model to explore the effect process of fertilizer treatment on Avena sativa L. biomass and provide data support for harvesting the maximum biomass in the alpine zone. , the changes of growth traits and soil physicochemical properties, and the TOPSIS-multi-criteria decision model was used to explore the process of fertilization treatments on *Avena sativa L.* biomass and provide data support for harvesting *Avena sativa L.* with maximum biomass in alpine areas. The results showed that (1) the biomass of *Avena sativa L.* reached the maximum of 820.29 g $m^{-2}$ at 200 kg $hm^{-2}$ of urea applied alone; (2) nitrogen fertilizer applied alone increased the stem-leaf ratio, flag leaf height, leaf area, and soil pH, soil water content, soil total phosphorus, and soil ammonium nitrogen of *Avena sativa L.*; (3) correlation heatmap showed that the below-ground biomass and aboveground biomass, and the stem-leaf ratio showed a significant positive correlation; (4) TOPSIS-multi-criteria decision model analysis showed that a single application of 200 kg $hm^{-2}$ of urea not only maintains high biomass, but also

improves the physicochemical properties of the soil, which is the optimal fertilizer application rate suitable for *Avena sativa L.* production in alpine regions.

**Keywords:** *Avena sativa L.*; Nitrogen and phosphorus combined application; biomass; soil nutrients

在高寒区，农业发展面临着诸多挑战。青藏高原地区中的低温、短暂的生长季节和贫瘠的土壤让农作物的生长变得更加艰难[1-2]。燕麦(*Avena sativa L.)*作为一种优质的饲草，含有丰富的营养成分。它具有适中的蛋白质含量，富含碳水化合物，是动物维持生命活动所需能量的重要来源。燕麦中还含有一定比例的健康脂肪，提供动物所需的脂肪营养。由于其富含纤维素，燕麦饲草也有助于动物消化道的健康，并可提供良好的饱腹感，是理想的饲料之一[3-4]。作为一种适应能力较强的作物，被广泛种植于高寒地区，不仅具有较强的抗寒性能[5]，而且还作为家畜的食物被广泛种植于高寒地区。

高寒地区的特殊气候和土壤条件限制了燕麦的生长和发育，导致产量和品质都受到严重影响。为了克服这些困难，刘文辉[6-7-8]等进行了大量的研究和试验，并发现施肥处理对高寒区燕麦的生长和产量有着显著的影响。施肥作为提高农田产量和改良土壤的重要手段，在高寒区种植燕麦时显得尤为重要。通过科学合理的施肥措施，可以提高燕麦的生长速度和产量，同时改善土壤养分含量，促进土壤健康[9]和生态平衡的维持。

首先，合理的氮肥施用可以显著促进燕麦的生长。氮是植物生长所需的主要营养元素之一，对于提高植物的光合作用、增加叶绿素含量[10-11]以及促进蛋白质合成具有至关重要的作用。通过正确投入适量的氮肥，可以有效地提升燕麦的株高、茎粗和叶面积，从而增加光合能力，提高光合产物的积累[12]。此外，氮肥的施用还可促使燕麦快速吸收和利用养分，增加耐寒能力，提高抗逆性[13]。除了氮肥，磷肥也是燕麦生长过程中必需的营养元素之一。磷在植物体内参与能量转移、光合作用、细胞分裂和分化等关键生理过程，对提高植物的生物量和产量起着重要的作用[14]。研究表明，适量施用磷肥可以显著增加燕麦的根系发育和吸收面积，提高植株对土壤中养分的利用效率[15]。此外，磷肥还可以促进燕麦的花芽分化和开花，提高籽实数量和品质[16]。德科加[17]等研究发现，施氮水平与株高、茎粗、种子蛋白含量之间呈显著的线性回归关系，产草量达到最大值时的施氮量为 75kg/hm$^{-2}$ 因此，在高寒区的燕麦种植中，适度施肥是确保作物生长健壮和增加农产品产量的重要手段。

有关饲用燕麦施肥的研究较多，但施肥对高寒区饲用燕麦产量，土壤理化性质的研究较少。因此，本研究以燕麦（青燕 1 号）为材料，不同施肥处理下燕麦的生长指标，土壤理化性质的研究及产量变化研究，筛选适宜高寒区燕麦最大生物量的最佳施肥处理，并揭示施肥对燕麦产量的影响机制，以期为该地区的农业生产提供科学依据和实践指导。

# 1 材料与方法

## 1.1 试验地概况

本试验设在青藏高原东部（青海省海北州西海镇），地理坐标为 36°59.36′N，100°52.848′E，这里是典型的高原大陆性气候，海拔 3156 m，气候寒冷潮湿，无绝对无霜期，年均气温为 0.5 ℃，年降水量集中在 7–9 月，年降水量为 369.1 mm，年蒸发量为 1538.50 mm，全年日照时数达到 2980 h，无霜期为 93 d 左右。土壤类型为栗钙土，其 pH 值为 8.30、有机碳含量为 21.19 g·kg$^{-1}$、全氮含量为 3.08 g·kg$^{-1}$、全磷含量为 0.28 g·kg$^{-1}$。

## 1.2 实验设计

试验选用的燕麦（青燕 1 号）种子材料均由青海大学畜牧兽医科学院提供，燕麦千

粒重 33.0 g、发芽率为 98.5%。燕麦草地播量为 225 kg·hm$^{-2}$。氮磷添加处理见表 1，氮肥为尿素，N 含量 46%；磷肥为过磷酸钙（Ca（$H_2PO_4$）$_2$），五氧化二磷（$P_2O_5$）含量 12%；共设 5 个处理，每个处理 3 次重复，共计 15 个小区，小区面积 15m²，行距 0.3m。

表 1 试验处理

Table1 experimental treatments

| 处理 Treatments | 尿素 Urea(kg·hm$^{-2}$) | 过磷酸钙 Superphosphate(kg·hm$^{-2}$) |
|---|---|---|
| N1P0 | 200 | 0 |
| N0P1 | 0 | 600 |
| N1P1 | 200 | 600 |
| N2P1 | 66.67 | 600 |
| N0P0 | 0 | 0 |

1.3 样品采集

生物量采集于燕麦开花期，各小区随机选取 50cm 的样段。各小区采集土壤样品，于燕麦开花期采集，各小区随机选取 50cm 的样段，采集根际土壤。混合后并用 25 目的标准筛筛得两份，一份在阴凉处风干，用于土壤理化性质的测定。

叶面积（Leaf Area，LA）：LA=0.8317×L×B，式中 LA 为叶面积，L 为叶长，B 为叶宽，0.8317 为校正系数[18]。

土壤养分含量测定：土壤可溶性碳采用 $K_2SO_4$ 浸提-碳分析仪器法测定；$NO_3^-$-N 和 $NH_4^+$-N 含量用 $K_2SO_4$ 浸提，用连续流动分析仪测定；有效磷用双酸浸提-紫外可见分光光度计法测定；pH 用土水质量比 1∶2.5 混合搅拌后用 pH 计测定；土壤有机碳采用重铬酸钾容量法-外加热法测定；土壤全氮采用浓 $H_2SO_4$ 和混合催化剂（$K_2SO_4$-$CuSO_4$-Se）消煮，土壤全磷采用 $HClO_4$-$H_2SO_4$ 消煮，消煮后利用连续流动分析仪（AA3，德国）测定。

1.4 数据处理与分析

用 Microsoft Excel 2016 进行数据录入、数据处理；运用 SPSS27.0 软件对燕麦的生物量和农艺性状进行正态性（Kolmogorov–Smirnov）和方差齐性（Homogeneity）进行检验。采用 SPSS 软件单因素方差分析中的多重比较（LSD）对同一指标在不同施肥处理间进行显著性分析（$P$<0.05）。采用 Origin 2022 软件绘制柱形图和相关性热图。采用 plyr 数据包多准则决策模型－TOPSIS(Technique for order preference by similarity to an ideal solution)对不同施肥处理进行综合评价。

# 2 结果与分析

2.1 燕麦生物量

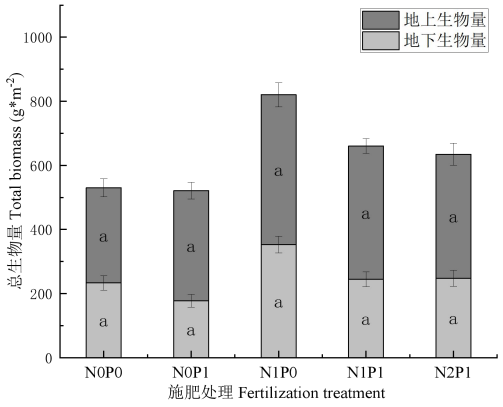
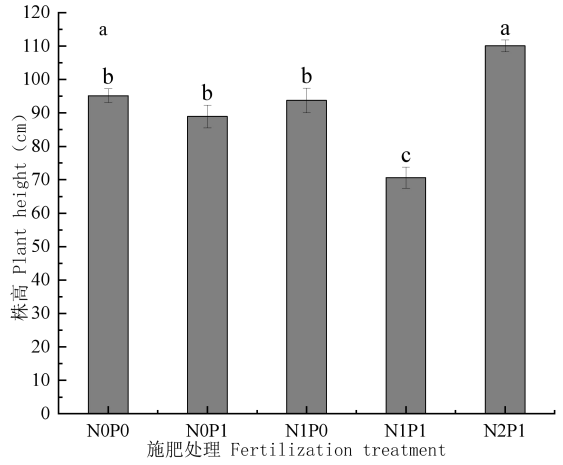


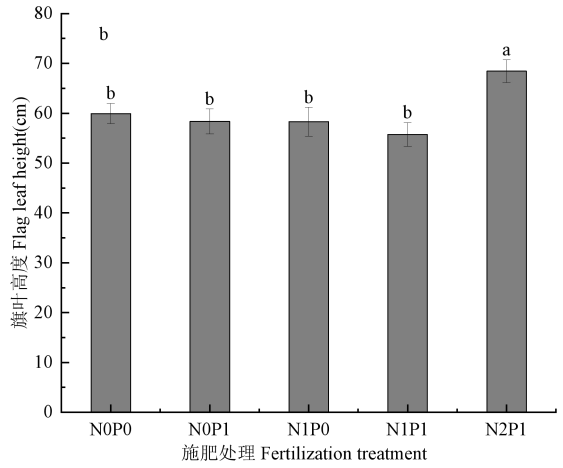

**图 1　不同施肥处理对生物量的影响**

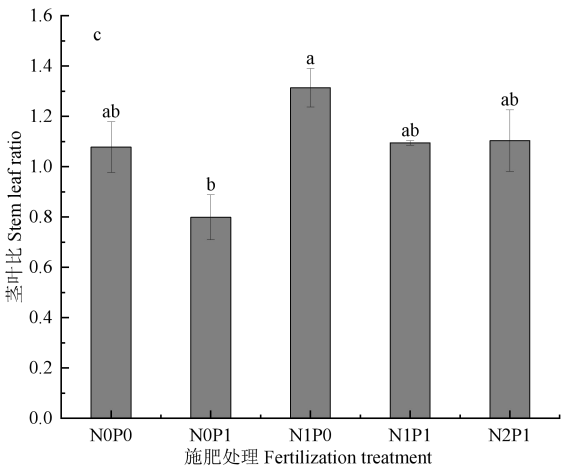
**Fig.1　Effects of different fertilization treatments on biomass**

2.2 不同施肥处理对燕麦农艺性状的影响

同一施氮水平下，燕麦的株高、旗叶高度、茎叶比和总分蘖数随施磷的增加均呈降低的变化趋势（图 2）。燕麦的株高、旗叶高度在 $N_2P_1$ 的处理下最大（图 2a，b），分别为 110.04 cm、68.45 cm，较 $N_0P_0$ 处理分别提高了 15.6%，14.2%。燕麦的茎叶比，叶面积在 $N_1P_0$ 的处理下最大（图 2c，e），分别为 1.31，27.75 $cm^2$，较 $N_0P_0$ 分别提高了 21.9%，22.70%。燕麦的总分蘖数在 $N_1P_1$ 的处理下最大（图 2d），为 4.07。双因素方差分析表明，磷肥对株高有极显著影响（$P$<0.01）；氮磷配施对株高有显著影响（p>0.05）；氮肥和磷肥对旗叶高度，茎叶比，总分蘖数和叶面积无显著影响（$P$>0.05）。（表 1）



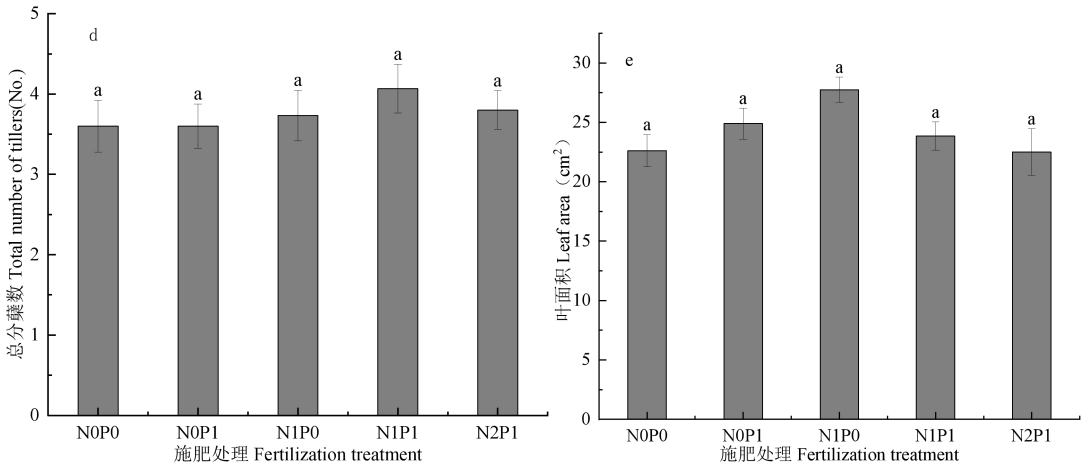



**图 2 施肥处理对燕麦农艺性状的影响**

**Fig. 2 Effects of fertilization on agronomic traits of oats**

注：图中不同小写字母表示不同施肥处理间的差异显著（*P*<0.05），下同。

**Note:Different lowercase letters indicate significant differences among fertilization treatments(P<0.05)，the same below.**

**表 1 施肥处理对燕麦农艺性状的双因素方差分析**

**Table 1 Two-factor analysis of variance for oat agronomic traits with fertilization treatment**

| | 处理 Treatment | 平方和 SS | 自由度 df | 均方 MS | F | P |
|---|---|---|---|---|---|---|
| 株高 Plant height | 氮 N | 27.234 | 1 | 27.234 | 0.080 | 0.777 |
| | 磷 P | 4478.969 | 1 | 4478.969 | 13.218 | 0.000 |
| | 氮×磷 N×P | 1496.354 | 1 | 1496.354 | 4.416 | 0.038 |
| 旗叶高度 Flag leaf height | 氮 N | 20.172 | 1 | 20.172 | 0.211 | 0.648 |
| | 磷 P | 140.384 | 1 | 140.384 | 1.467 | 0.230 |
| | 氮×磷 N×P | 268.269 | 1 | 268.269 | 2.803 | 0.100 |
| 茎叶比 Stem-leaf ratio | 氮 N | 0.083 | 1 | 0.083 | 2.079 | 0.177 |
| | 磷 P | 0.087 | 1 | 0.087 | 2.183 | 0.168 |
| | 氮×磷 N×P | 0.008 | 1 | 0.008 | 0.209 | 0.656 |
| 总分蘖数 Total number of tillers | 氮 N | 0.133 | 1 | 0.133 | 0.059 | 0.809 |
| | 磷 P | 0.122 | 1 | 0.122 | 0.053 | 0.817 |
| | 氮×磷 N×P | 0.006 | 1 | 0.006 | 0.003 | 0.957 |
| 叶面积 Leaf area | 氮 N | 118.542 | 1 | 118.542 | 3.215 | 0.081 |
| | 磷 P | 23.629 | 1 | 23.629 | 0.641 | 0.429 |
| | 氮×磷 N×P | 138.774 | 1 | 138.774 | 3.764 | 0.060 |

2.3 生物量和农艺性状关系

由图 3 可知，茎叶比与旗叶高度、地下生物量和地上生物量成正相关，其中茎叶比与地下生物量表现为显著正相关（P<0.05）。故地下生物量与茎叶比关系密切。

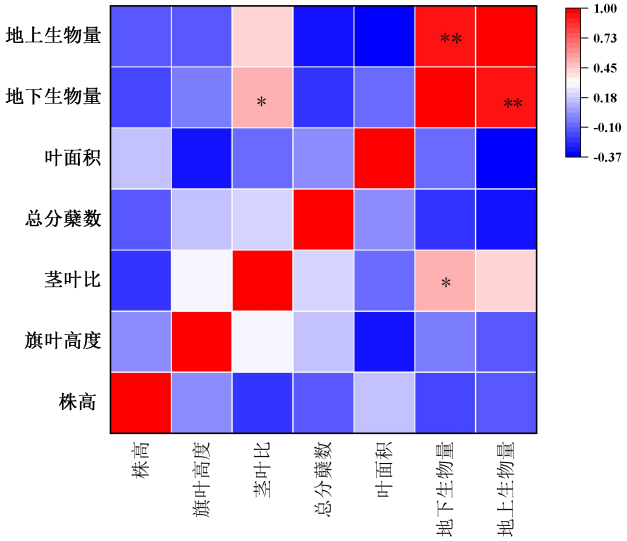



**图 3 生物量与农艺性状相关性分析**

**Fig3 Correlation analysis between biomass and agronomic traits**

注：**表示在 P<0.01 水平上显著相关；*表示在 P<0.05 水平上显著相关。

2.4 不同施肥处理对土壤理化性质的影响

2.4.1 土壤 pH

由图 4 可见，不同施肥处理下燕麦初花期土壤 pH 值变化不大，各处理土壤 pH 整体呈现上升趋势，土壤 pH 为 8.27—8.31，属于中性偏碱性土壤。在燕麦的初花期，N1P0 处理下土壤 pH 值较其它处理，增加幅度最大，比 CK 增加了 0.5%。

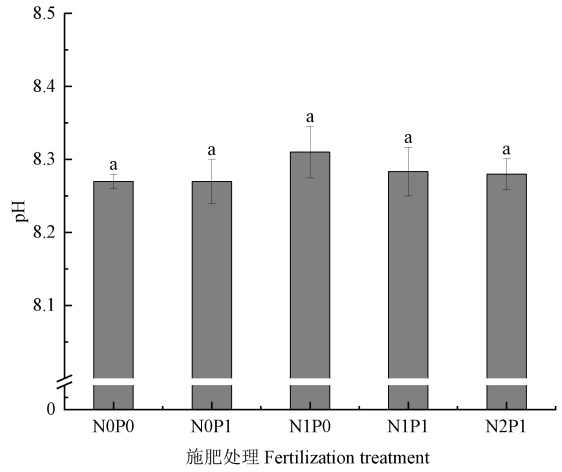



**图 4 施肥处理对 PH 的影响**

**Fig 4 Effect of fertilization treatments on pH**

2.4.2 土壤含水率

有图 5 可知，随着磷元素处理，试验点土壤的含水率均呈现下降趋势。在 N1P1 处理下土壤的含水率较 CK 显著减低，降低了 8.1%。在 N1P0 处理下土壤的含水率较 CK 增加了 5.8%。所有含有磷肥的处理（NOP1、N1P1 和 N2P1）的土壤水分含量均低于 CK，不含磷肥的 N1P0 处理，其土壤水分含量明显高于其他处理，表明仅施用氮肥而不施用磷肥，可能会增强土壤的保水能力。

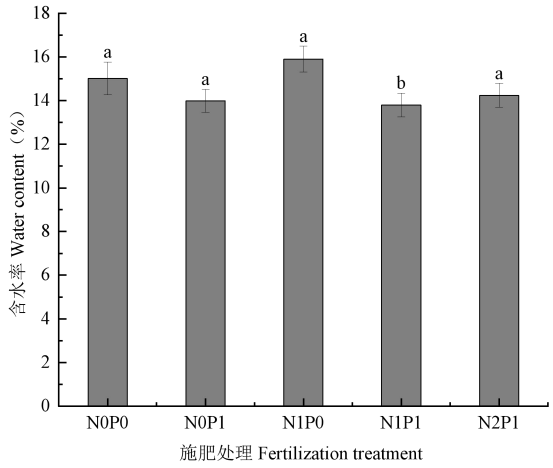



**图 5 施肥处理对土壤含水率的影响**

**Fig5 Effect of fertilizer treatments on soil water content**

2.4.3 土壤全氮

由图 6 可知，施肥处理之后的土壤全氮与 CK 相比，差别不显著，所有施肥处理随着施氮和施磷添加，呈现下降趋势。而氮磷配施随着氮含量的减少，而呈现上升趋势。

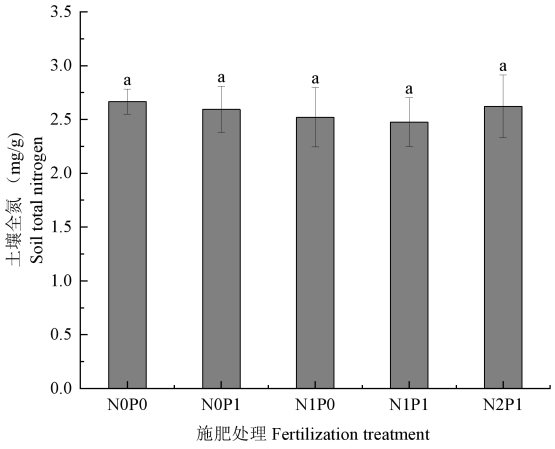



**图 6 施肥处理对土壤全氮的影响**

**Fig6 Effect of fertilization treatments on soil total nitrogen**

2.4.4 土壤全磷

由图 7 可见，施肥处理之后的土壤全磷与 CK 相比，均呈现上升趋势，N1P0 处理下的土壤全磷最高，较 CK 增加了 22%。不同的施肥处理方式对土壤磷含量的影响并不明显，大多数处理方式的土壤磷含量都保持在较高水平。只有未施加磷肥的 N0P0 处理方式土壤磷含量较低。

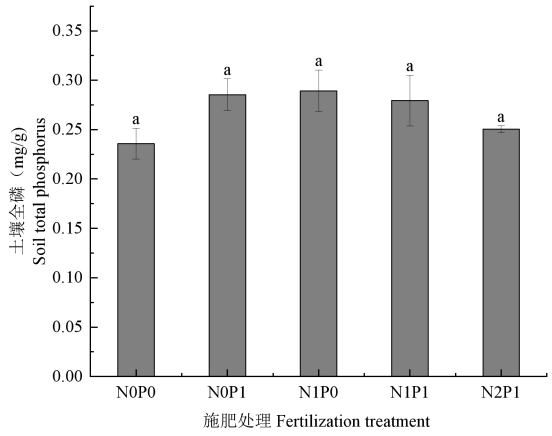



**图 7 施肥处理对土壤全磷的影响**

**Fig7 Effect of fertilization treatments on soil total phosphorus**

2.4.5 土壤有机碳

由图 8 可知，施肥处理之后的土壤有机碳含量均呈现上升趋势，在 N0P1 处理下的土壤有机碳含量最高，与 CK 相比，增加了 14%。各个处理之间的土壤有机碳含量没有显著性差异，意味着在该研究条件下，不同的施肥处理对于土壤的有机碳含量并没有产生统计学意义上的差别，或者这些差别在统计学上不显著。

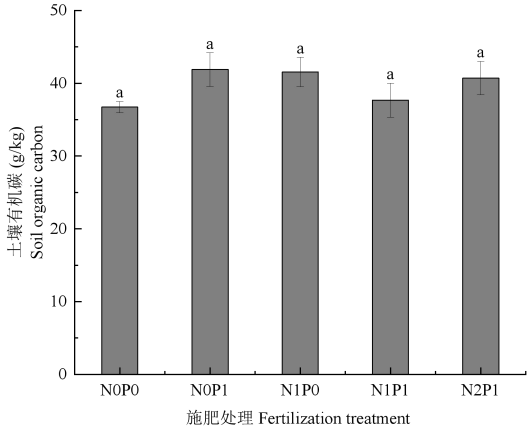



**图 8 施肥处理对土壤有机碳的影响**

**Fig8 Effect of fertilization treatments on soil organic carbon**

2.4.6 土壤硝态氮

土壤中的硝态氮是植物生长过程中的重要营养元素之一。植物通过根系吸收土壤中的硝态氮，并将其转化为氨基酸等有机形式来供给自身生长与发育所需的氮元素。土壤中的硝态氮对植物的生长有直接影响，而且硝态氮也参与了植物体内的一系列代谢反应和生理过程[19]。由图 9 可知，N1P0,N1P1 处理土壤硝态氮含量较 CK 分别显著增加了 320%和 336%，而 N0P0 和 N2P1 处理较 CK 有所增加，但差异不显著。施用氮肥似乎能明显提高土壤的硝态氮含量，而施用磷肥似乎也有一定的影响，但不如氮肥明显。同时施用氮肥和磷肥可以达到土壤硝态氮含量的峰值。

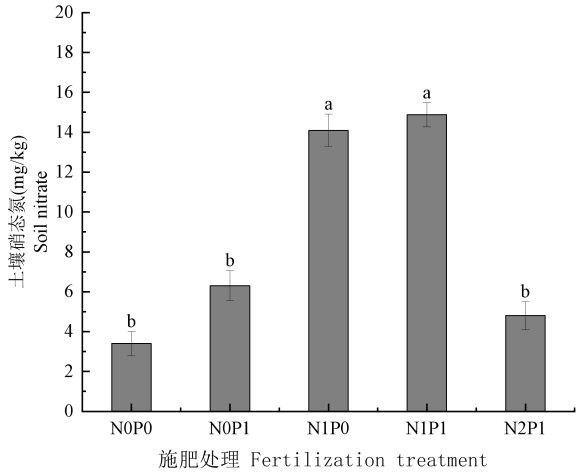



**图 9 施肥处理对土壤硝态氮的影响**

**Fig9 Effect of fertilization treatments on soil nitrate nitrogen**

2.4.7 土壤铵态氮

土壤中的铵态氮是一种植物可直接利用的氮源，对植物生长起着至关重要的作用。其主要来源包括有机物的分解过程、氨气的硝化、氮肥的施用等渠道。在土壤中，铵态氮通过与植物根系之间的相互作用，被吸收并转化为植物所需的氮元素，促进植物的生长和发育[19]。由图 10 可见，所有处理土壤氨态氮含量均较 CK 增加，具体表现为 N1P0>N0P1>N1P1>N2P1>CK,N1P0 处理下达到最大值，较 CK 增加了 22%。

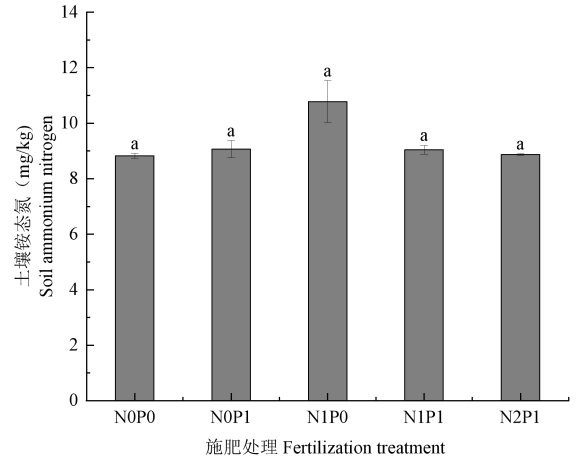



**图 10 施肥处理对土壤铵态氮的影响**

**Fig 10 Effect of fertilization treatments on soil ammonium nitrogen**

**表 2 施肥处理对土壤理化性质的双因素方差分析**

**Table 2Two-factor analysis of variance of soil physicochemical properties by fertilization treatments**

| | 处理 Treatment | 平方和 SS | 自由度 df | 均方 MS | F | P |
|---|---|---|---|---|---|---|
| pH | 氮 N | 0.000 | 1 | 0.000 | 0.027 | 0.872 |
| | 磷 P | 0.002 | 1 | 0.002 | 0.168 | 0.690 |
| | 氮×磷 N×P | 0.001 | 1 | 0.001 | 0.099 | 0.759 |
| 含水率 | 氮 N | 1.170 | 1 | 1.170 | 1.163 | 0.304 |
| | 磷 P | 2.100 | 1 | 2.100 | 2.087 | 0.176 |
| | 氮×磷 N×P | 0.690 | 1 | 0.690 | 0.686 | 0.425 |
| 土壤全氮 | 氮 N | 0.032 | 1 | 0.032 | 0.071 | 0.795 |

| | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|
| | 磷 P | 0.022 | 1 | 0.022 | 0.050 | 0.828 |
| | 氮×磷 N×P | 0.031 | 1 | 0.031 | 0.068 | 0.799 |
| | 氮 N | 0.004 | 1 | 0.004 | 2.054 | 0.180 |
| 土壤全磷 | 磷 P | 0.005 | 1 | 0.005 | 2.238 | 0.163 |
| | 氮×磷 N×P | 0.006 | 1 | 0.006 | 2.893 | 0.117 |
| | 氮 N | 34.760 | 1 | 34.760 | 1.137 | 0.309 |
| 土壤有机碳 | 磷 P | 25.582 | 1 | 25.582 | 0.837 | 0.380 |
| | 氮×磷 N×P | 34.987 | 1 | 34.987 | 1.144 | 0.308 |
| | 氮 N | 170.876 | 1 | 170.876 | 5.573 | 0.038 |
| 土壤硝态氮 | 磷 P | 58.936 | 1 | 58.936 | 1.922 | 0.193 |
| | 氮×磷 N×P | 156.662 | 1 | 156.662 | 5.110 | 0.045 |
| | 氮 N | 5.763 | 1 | 5.763 | 4.717 | 0.052 |
| 土壤铵态氮 | 磷 P | 0.121 | 1 | 0.121 | 0.099 | 0.759 |
| | 氮×磷 N×P | 5.080 | 1 | 5.080 | 4.158 | 0.066 |

双因素方差分析表明，氮肥，氮磷配施对土壤硝态氮有显著影响（$P$<0.05）；氮肥和磷肥对土壤 PH、含水率、全氮、全磷、有机碳和铵态氮无显著影响（$P$>0.05）。（表 2）

2.5 不同氮磷配施处理综合评价

采用 TOPSIS-多准则决策模型对不同氮磷配施处理下燕麦的总生物量，株高，旗叶高度，茎叶比，总分蘖数，叶面积，土壤 PH，土壤含水率，土壤全氮，土壤全磷，土壤有机碳，土壤硝态氮，土壤铵态氮进行综合评价。结果表明，贴合度由低到高分别为 N0P0、N1P0、N0P1、N1P2、N1P0。其中，N1P0 处理下贴合度最高，为 0.605，N0P0 处理下贴合度最低，为 0.294。因此，NIP0 处理下生物量最高，是高寒区燕麦生物量生产的理想施肥处理。

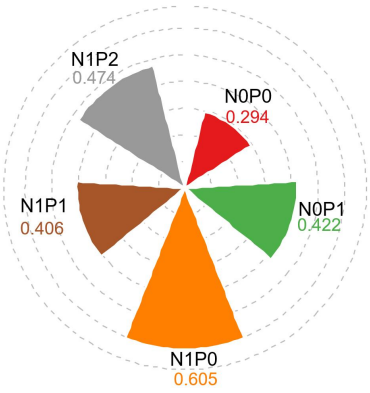



**图 10 麦氮磷配施处理综合评价**

**Fig.10 mprehensive evaluation of nitrogen and phosphorus combined treatment of *Avena sativa L.***

## 3.讨论

氮，磷元素是植物生长发育过程中必须的营养元素，不同施肥配比及施肥量将直接影响植物的生长发育和产量[20]。氮元素促进牧草茎叶生长茂盛，提高牧草对营养的吸收效率[21]；磷元素促进牧草的分蘖和根系生长[22]；本研究表明，单施氮肥和氮磷配施都能提高燕麦的生物量，产量随着施磷肥的增加而减少，其中，单施氮肥时燕麦生物量增幅为 54.8%；单施磷肥时燕麦生物量减低了 1.6%；低氮磷配施时燕麦的生物量增幅为 24.6%；高氮磷配施时燕麦的生物量增幅为 19.8%。这表明单施氮肥对燕麦的增产效果优于其它处理。

氮比氮磷配施更好的原因可能是氮是植物生长所需的主要营养元素之一，直接影响植

物的生长速度和整生长情况。当植物吸收到足够的氮时，它能迅速转化为叶片和茎干等生物质，而增加植物的生物量。氮是构成植物蛋白质、核酸和叶绿体色素等关键成分的基本元素。当植物吸收到足够的氮时，蛋白质合成能力得到增强，这使得植物有更多的能量来进行生长和代谢活动。另外，氮还参与到植物的酶和激素合成过程中，进一步促进了植物的生长和发育。除了直接影响植物生长的速度，氮还能提高植物的光合作用效率。光合作用是植物通过吸收太阳能和二氧化碳合成有机物的重要过程。而氮元素是叶绿素的组成部分，它能够促进叶绿素的合成，增加植物叶片的绿色面积，进而增强植物对光能的吸收和利用。这使得植物在相同光线条件下能够进行更有效的光合作用，进一步提高了其生物量产量[23]。

氮磷配施可能导致土壤中微生物的种群结构发生改变。这是因为土壤中的微生物在植物生长过程中扮演着重要角色，它们参与了养分循环和有机物降解的过程[24]。氮比氮磷配施更好的原因可能是施用磷肥过多，磷的含量增加可能导致某些微生物种群过度繁殖，而其他种群数量减少，使得土壤微生物群落结构失衡[25]。这种失衡可能会影响微生物对土壤养分的利用效率，从而减少植物根系吸收的有效氮量，最终影响植物的生长情况[26]。

土壤理化性质是土壤质量的评价指标，施肥处理改善了土壤微生物群落结构，提高土壤的养分，进而促进植物生长，并提高产量和生产效益[27]。本研究结果表明，施肥对西海镇试验点土壤的 pH 影响较小，尿素分解后会产生氨，导致土壤的 pH 值升高，对碱性土壤影响较小。王爱萍[28]等研究发现，氮肥的施用可以提高土壤全磷的含量，本研究中，单施氮肥比氮磷配施更好的提高土壤全磷的含量。孟庆英[29]等研究发现，施磷可以增加土壤的有机碳，和本研究结果相似。李萍[30]等研究发现，土壤硝态氮的含量随着施氮量的增加而增加，刘顺国[31]和谢永春[32]结果表明，施用氮肥可提高土壤铵态氮含量，施氮多铵态氮含量就高，铵态氮主要分布在表层土壤中，随土壤深度的增加铵态氮含量逐渐下降。

本研究通过 TOPSIS-多准则决策模型综合分析表明，单施 200kg $hm^{-2}$ 的尿素既能取得较高的生物量，又能提高土壤的理化性质，是高寒区燕麦理想的施肥选择。然而，施肥对生物量的影响是一个复杂的过程，年际降水量和气温变化都可能都会影响结果，本研究是对一年生燕麦施肥管理的观测数据与分析结果，后续研究应进行连续多年的施肥管理研究，以综合评价施肥对燕麦生物量的影响。

# 4 结论

在西海镇进行的施肥试验，结果表明，单施氮肥能提高燕麦的茎叶比，叶面积，增加了土壤的 pH，含水率，全氮，铵态氮， TOPSIS-多准则决策模型分析表明，尿素的施肥量为 200kg $hm^{-2}$ 时，燕麦的生物量最高，还可以提高土壤的理化性质，是适宜于西海镇地区燕麦最大生物量生产的最佳施肥量。

参考文献：

【1】 滕吉文,董庆,孟德利等.青藏高原隆升对中国疆域自然环境的影响：破解“胡焕庸线”的思考[J].科学技术与工程,2024,24(01):1-33.

【2】 Chen S T, Guo B, Yang F, *et al*. Spatial and temporal patterns of NPP and its response to climate change in the Qinghai-Tibet Plateau from 2000 to 2015. Journal of Natural Resources, 2020, 35(10): 2511-2527.

【3】 陈舒婷, 郭兵, 杨飞, 等. 2000—2015 年青藏高原植被 NPP 时空变化格局及其对气候变化的响应. 自然资源学报, 2020, 35(10): 2511-2527.

【4】 贺忠勇.燕麦干草在奶牛生产中的优势及应用[J].中国奶牛,2015(17):12-15.

【5】 李志强.燕麦干草质量评价[J].中国奶牛,2013(19):1-3.

【6】 柏晓玲,周青平,陈有军等.燕麦幼苗对低温胁迫的响应[J].草业科学,2016,33(07):1375-1382.

【7】 刘文辉,张英俊,师尚礼等.高寒地区燕麦(Avena sativa L.)人工草地生物量分配对施肥和混播措施的响应[J].植物营养与肥料学报,2017,23(02):398-407.

【8】 刘文辉,魏小星,刘芳,等.高寒区施肥和混播对燕麦人工草地植物器官碳氮储量分配的影响[J].干旱地区农业研究,2019,37(04):100-106.

【9】 刘文辉,贾志锋,周青平,等.施磷对青引 1 号燕麦种子产量和产量性状的影响[J].土壤通报,2010,41(03):651-655.DOI:10.19336/j.cnki.trtb.2010.03.028.

【10】 虞轶俊,徐青山,张均华等.土壤培肥技术对土壤健康的影响途径与作用机制[J/OL].中国土壤与肥料:1-13[2024-03-26].http://kns.cnki.net/kcms/detail/11.5498.S.20231008.1955.002.html.

【11】 王晓燕,陈俊刚,张云海等.不同频率氮添加对内蒙古典型草原植物叶绿素的影响[J/OL].生态学报,2024(11):1-11[2024-03-26].https://doi.org/10.20103/j.stxb.202307021412.

【12】 向芬,李维,刘红艳等.氮素水平对不同品种茶树光合及叶绿素荧光特性的影响[J].西北植物学报,2018,38(06):1138-1145.

【13】 陆啸飞,郭洁芸,王斌等.氮添加对中国陆地植被地上-地下生物量分配的影响[J].生态学报,2024,44(04):1313-1323.DOI:10.20103/j.stxb.202208222404.

【14】 葛阳,王升,万修福等.施氮对中药材抗逆性影响及机制[J].中国中药杂志,2021,46(08):1901-1909.DOI:10.19540/j.cnki.cjcmm.20210123.105.

【15】 黄伟,王西和,贾宏涛等.不同磷水平对土壤化学性质和棉花产量及其构成的影响[J].农业环境科学学报,2024,43(02):378-388.

【16】 丛龙丽. 磷添加对科尔沁沙地饲用燕麦生产性能、根系特征及光合特性的影响[D].内蒙古民族大学,2024.DOI:10.27228/d.cnki.gnmmu.2023.000541.

【17】 刘慢,刘文辉,刘凯强等.高寒区‘青引 1 号’燕麦种子产量对氮、磷、钾肥的响应[J].草业科学,2024,41(02):345-355.

【18】 德科加,周青平,刘文辉,等.施氮量对青藏高原燕麦产量和品质的影响[J].中国草地学报,2007(05):43-48.

【19】 孙建平,薛竹慧,杨国义,等.施氮对晋北燕麦饲草主要农艺性状及干物质产量的影响[J].草地学报,2018,26(04):964-970.

【20】 农业大词典编辑委员会编.农业大词典.北京:中国农业出版社.1998

【21】 Battisti M, Moretti B, Blandino M, et al. Maize response to nitrogen and phosphorus starter fertilisation in mineral-fertilised or manured systems. Crop Journal, 2023, 11(3): 922-932.

【22】 Long H Y, Zhang D, Zeng L P, et al. Herbage accumulation, and nitrogen and phosphorus absorption responses of three forage species following addition of nitrogen and phosphorus fertilizer. Acta Prataculturae Sinica, 2019, 28(5): 171-177.

【23】 龙会英, 张德, 曾丽萍, 等. 氮磷肥对 3 种牧草的生长效应和氮磷吸收的影响. 草业学报, 2019, 28(5): 171-177.

【24】 Luo K, Zhang J Y, Wang Y R. Effect of planting density and phosphorus fertiliser on seed yield of Melilotus officinalis. Acta Prataculturae Sinica, 2018, 27(7): 112-119.

【25】 骆凯, 张吉宇, 王彦荣. 种植密度和施磷肥对黄花草木樨种子产量的影响. 草业学报, 2018, 27(7): 112-119.

【26】 郑天翔,程红玉,郭增鹏等.减量施氮对河西灌区春小麦光合特性及产量的影响[J].甘肃农业大学学报,2024,59(01):94-101+112.DOI:10.13432/j.cnki.jgsau.2024.01.011.

【27】 文翕. 中亚热带四种森林类型土壤养分和微生物群落研究[D].中南林业科技大学,2023.DOI:10.27662/d.cnki.gznlc.2023.000665.

【28】 陈露,王秀斌,朱瑞利等.长江中下游小麦产量、土壤酶活性及微生物群落结构对磷肥减施的响应

[J].植物营养与肥料学报,2021,27(03):392-402.
【29】 王硕,邢亚娟,闫国永等.施氮对阔叶红松林土壤微生物多样性和群落结构的影响[J].东北林业大学学报,2023,51(10):106-112+120.DOI:10.13759/j.cnki.dlxb.2023.10.006.
【30】 撒晓梅,李明.不同施肥处理对‘赤霞珠’葡萄根际土壤养分和真菌群落的影响[J].微生物学通报,2023,50(11):4876-4893.DOI:10.13344/j.microbiol.china.230261.
【31】 王爱萍,姜彧宸,冯月,等.施氮与种植方式对北方旱作农田土壤酶活力及养分含量的影响[J].华北农学报,2023,38(03):130-138.
【32】 孟庆英,张春峰,朱宝国,等.不同施磷量与 AM 真菌对白浆土土壤团聚体及土壤养分的影响[J].黑龙江农业科学,2021(02):33-37.
【33】 李萍,王艳平,田有国,等.不同氮肥用量对甘蓝品质及土壤硝态氮含量的影响[J].中国农技推广,2022,38(06):87-89.
【34】 刘顺国,汪景宽.长期地膜覆盖对棕壤剖面中 NH4+-N 和 NO3--N 动态变化的影响[J].土壤通报,2006(03):443-446.DOI:10.19336/j.cnki.trtb.2006.03.007.
【35】 谢永春,张平良,郭天文,等.覆膜穴播方式对旱地小麦田土壤硝态氮和铵态氮积累的影响[J].麦类作物学报,2015,35(06):836-843.

# 耐盐植物促生菌 W-1 鉴定及其对红豆草耐盐性的影响

高志伟，魏明，于祖隆，伍国强*，魏俊龙

（兰州理工大学生命科学与工程学院，甘肃 兰州 730050）

**摘要：**为获得耐盐植物促生菌，本课题组从甘肃景泰一处盐碱地中的植物根系中分离出多株耐盐菌，其中部分耐盐菌具有明显的植物促生特性。本研究在前期研究基础上，选取 1 株耐盐菌 W-1 和盐敏感植物红豆草（*Onobrychis viciaefolia*）为试验材料，对菌株 W-1 的物种分类、耐盐、耐酸碱能力和植物促生特性进行检测，并探究其对不同浓度 NaCl 处理下红豆草生长和生理特性的影响。耐盐菌 W-1 为革兰氏阳性菌、产芽孢、无荚膜、有鞭毛，16S rDNA 测序及比对结果显示，菌株 W-1 为暹罗芽孢杆菌（*Bacillus siamensis*）。菌株 W-1 对 NaCl 最高耐受度为 13%，pH 耐受范围为 4.5–8.5。菌株 W-1 具有溶磷、解钾、固氮、产铁载体、产吲哚–3–乙酸（Indole-3-acetic acid, IAA）和 1–氨基环丙烷–1–羧酸（1–Aminocyclopropane–1–carboxylic acid, ACC）脱氨酶活性等多种植物促生功能。接种菌株 W-1 可显著提高红豆草的干重、鲜重，促进其根系生长。在 100 和 150 mmol/L NaCl 胁迫下，接种 W-1 可显著增加红豆草可溶性糖、可溶性蛋白、脯氨酸和叶绿素含量以及过氧化氢酶活力，降低过氧化氢含量以及叶片黄化率和死亡率，减缓盐胁迫对红豆草生长的不利影响。W-1 是一株具有耐盐、耐酸碱的优良植物促生菌，可增强豆科牧草的耐盐性。研究结果可为研制盐碱地专用微生物肥料提供理论支撑和菌种资源。

**关键词：**植物促生菌；吲哚–3–乙酸；固氮；溶磷；ACC 脱氨酶；盐胁迫

# Identification of Salt-tolerant Plant Growth-promoting Bacterium W-1 and Its Effect on Salt-tolerance of Sainfoin (*Onobrychis viciaefolia*)

GAO Zhi-wei，WEI Ming，YU Zu-long，WU Guo-qiang*，WEI Jun-long

(School of Life Science and Engineering, Lanzhou University of Technology, Lanzhou 730050, China)

**Abstract:** To obtain salt-tolerant plant growth-promoting bacteria, several strains of salt-tolerant bacteria were isolated from plant roots in a saline-alkali soil in Jingtai, Gansu province, and some of them had obvious plant growth-promoting characteristics. Based on the previous work, a strain of salt-tolerant bacterium W-1 and a salt-sensitive plant sainfoin (*Onobrychis viciaefolia*) were selected as experimental materials, and the species classification, salt tolerance, acid and alkali tolerance and plant growth-promoting characteristics of strain W-1 were tested. The effects

**基金项目：**国家自然科学基金项目（32360483，32160466），甘肃省自然科学基金重点项目（23JRRA764）

**作者简介：**高志伟（1997-），男，山西岢岚人，硕士研究生，主要从事植物与微生物互作研究，E-mail: 1218684014@qq.com

*通讯作者 Author for correspondence，E-mail: gqwu@lut.edu.cn

of strain W-1 on the physiological status of sainfoin treated with different concentrations of NaCl were investigated. The salt-tolerant bacterium W-1 was Gram-positive, spore-producing, without capsule and flagellated. The 16S rDNA sequencing and comparison results showed that the bacterium W-1 was *Bacillus siamensis*. The maximum NaCl tolerance of strain W-1 was 13%, and the pH tolerance range was 4.5–8.5. W-1 has various plant growth-promoting functions, such as phosphate and potassium solubilization, nitrogen fixation, siderophores production, indole–3–acetic acid (IAA) production and 1–aminocyclopropane–1–carboxylic acid (ACC) deaminase activity. Strain W-1 significantly increased dry weight and fresh weight and promoted root growth of sainfoin seedlings. Under 100 and 150 mmol/L NaCl stresses, strain W-1 significantly increased the contents of soluble sugar, soluble protein, proline, chlorophyll, and catalase activity, decreased the content of hydrogen peroxide, leaf yellowing rate and mortality, and alleviated the adverse effects of salt stress on the growth of sainfoin seedlings. These results indicated that the W-1 strain was an excellent plant growth- promoting bacterium with salt tolerance, acid and alkali tolerance, and enhanced the salt tolerance of legume forage. The results from this study may provide theoretical support and strain resources for the development of special microbial fertilizer in saline-alkali land.

**Key words:** plant growth-promoting bacteria; indole-3-acetic acid; nitrogen fixation; phosphate solubilization; ACC-deaminase; salt stres　盐胁迫是影响植物生长发育和作物产量的主要非生物因素之一，全球盐渍化土地面积约为 $8.31\times10^9$ $hm^2$ [1]。我国盐碱地面积多达 $3.5\times10^7$ $hm^2$，约占世界的 1/10，主要分布在北方干旱半干旱地区和东部滨海地区，严重制约着我国农牧业生产和生态环境可持续发展[2]。植物根际促生菌（plant growth-promoting rhizobacteria，PGPR）是生活在植物根系周围并与植物建立共生关系的一类微生物，可以影响寄主植物生存、根系发育和生长，抑制和减少病原菌，促进植物生长，增加作物产量[3]。研究表明，PGPR 可溶解土壤中磷酸盐和钾、固氮、分泌铁载体来促进植物吸收更多的营养；产生有机挥发物、植物激素、1–氨基环丙烷–1–羧酸（1–aminocyclopropane–1–carboxylic acid, ACC）脱氨酶和胞外多糖影响植物根系的发育增加水分和营养的吸收能力；诱导植物积累更多的渗透调节物质、增强植物抗氧化酶活性等方式来提高植物的抗逆性[4]。

红豆草（*Onobrychis viciaefolia*）是一种优良豆科牧草，蛋白质含量高、耐旱、动物喜食不胀气，被誉为“牧草皇后”，在我国干旱半干旱地区广泛种植[5]。红豆草对盐分十分敏感，高盐会影响种子发芽和形态建成[6]。本研究在前期研究基础上首先对耐盐植物促生菌 W-1 菌株进行鉴定，并探究该菌株对不同浓度 NaCl 处理下红豆草生长和生理特性的影响，以期揭示 W-1 提高红豆草耐盐性的作用机理，为研制盐碱地改良专用微生物肥料提供理论支撑和菌种资源。

# 1 材料与方法

## 1.1 材料

试验所用耐盐菌 W-1 分离自甘肃景泰一处盐碱地中的植物根系土壤，保藏于中国微生物菌种保藏管理委员会普通微生物中心，保藏编号：CGMCC NO.29280。试验所用红豆草（*O. viciaefolia*）品种为“甘肃”，种子购自兰州隆科民欣种业有限公司，置于 4 ℃保存备用。

## 1.2 方法

### 1.2.1 菌种鉴定及耐盐碱特性测试

用蒸馏水制备菌悬液并将菌悬液作为菌体的 DNA 模板进行 PCR。PCR 引物为 16S rDNA 基因扩增通用引物 27F 和 1492R。PCR 扩增体系和反应程序设置参照刘晓婷等[7]方

法进行。反应产物送北京六合华大基因科技有限公司测序，测序结果置于 NCBI（www.ncbi.nlm.nih.gov）网站进行 BLAST，将比对结果，利用 MEGA 11.0 软件构建系统发育树，根据相关文献并结合菌株特性对 W-1 进行分类鉴定[8]。

**1.2.2 菌株耐盐碱性测试**

配置 NaCl 浓度为 0.1%、0.5%、1%、3%、6%、9%、12%、13%和 14%（W/V）和 pH 为 4、4.5、5、6、7、8、8.5 和 9 的的 LB 液体培养基各 100 mL，以 1%的比例接种 W-1 菌液（$OD_{600}$=1.0），每个浓度 3 次重复。在 180 r/min、28 ℃恒温条件下振荡培养，在 24 h 观察菌体生长状况并测定菌液 $OD_{600}$。

**1.2.3 菌株促生特性检测**

菌株 W-1 固氮、溶磷、解钾和铁载体能力分别通过无氮培养基、无机磷培养基[9]、钾长石固体培养基[10]和铁载体检测采用双层平板[11]进行检测。溶磷能力定量测定采用钼锑抗比色法[12]。产 IAA 能力测定采用 Salkowski 比色法[13]。ACC 脱氨酶活性测定参考 Penrose 等[14]方法。

**1.2.4 植株生理指标特性检测**

叶绿素、脯氨酸、可溶性蛋白、可溶性糖、过氧化氢酶活力和过氧化氢含量测定方法参照试剂盒（科铭生物，苏州，中国）说明书。参考伍国强等[6]方法测定植株鲜重、单株叶片数、单株叶片黄化率。

**1.2.5 数据处理**

采用 Excel 2019 制图，采用 SPSS 22.0（SPSS Inc，USA）软件对实验数据进行单因素方差分析，显著性差异分析采用 Duncan 检验进行（$P$<0.05）。

## 2 结果与分析

### 2.1 菌种 W-1 鉴定

菌株 W-1 16s rDNA 测序及 NCBI 比对结果显示，菌株 W-1 为芽孢杆菌属（*Bacillus*），系统发育进化树显示菌株 W-1 与暹罗芽孢杆菌亲缘关系最近。菌株 W-1 为革兰氏阳性杆状细菌、可产生芽孢、无荚膜、有鞭毛。菌株 W-1 NaCl 耐受最高浓度为 13%，pH 适应范围为 4.5–8.5。根据菌株 W-1 的系统发育树、染色结果和生理特性，鉴定菌株 W-1 为暹罗芽孢杆菌。

### 2.2 菌株 W-1 促生特性

结果显示，W-1 可在溶磷培养基中生长并且产生透明圈；在解钾培养基中生长出现解钾菌独特的水滴状菌落；在无氮培养基中生长，出现明显菌落；在铁载体检测双层平板中出现黄色透明圈。经检测，W-1 的溶磷能力为 0.73 g/L；产 IAA 能力为 27.70 mg/L；ACC 脱氨酶活性为 0.28 U/mg。综上所述，菌株 W-1 具有溶磷、解钾、固氮、产铁载体、产 IAA 和 ACC 脱氨酶活性等促生特性。

### 2.3 接种 W-1 对不同浓度 NaCl 处理下红豆草幼苗生长和生理特性的影响

随着 NaCl 浓度的增加，红豆草的生长受到明显抑制甚至死亡，但接菌处理的红豆草长势均好于不接菌。0 mmol/L NaCl 处理下，与不接菌相比，接菌后红豆草地上部和根鲜重提高 60%和 70%（$P$<0.05），单株叶片数量增加 20%（$P$<0.05），而叶片枯黄率无显著差异（$P$>0.05）。在 100 mmol/L NaCl 处理下，红豆草的叶片枯黄率为 23%，与不接菌相比，接菌后的红豆草地上部和根的鲜重增加 86%和 113%（$P$<0.05）、单株平均叶片数量增加 67%（$P$<0.05）、叶片枯黄率降低 68%（$P$<0.05）。在 150 mmol/L NaCl 处理下，红豆草叶片枯黄率高达到 61%，与不接菌相比，接菌后红豆草地上部和根的鲜重增加 154%和 97%（$P$<0.05）、单株叶片数量增加 160%（$P$<0.05）、叶片枯黄率降低 83%（$P$<0.05）（图 1）。这些结果表明，盐胁迫下接菌可增加红豆草叶片数量、降低单株叶片枯黄率，对盐胁迫起

到一定缓解作用。

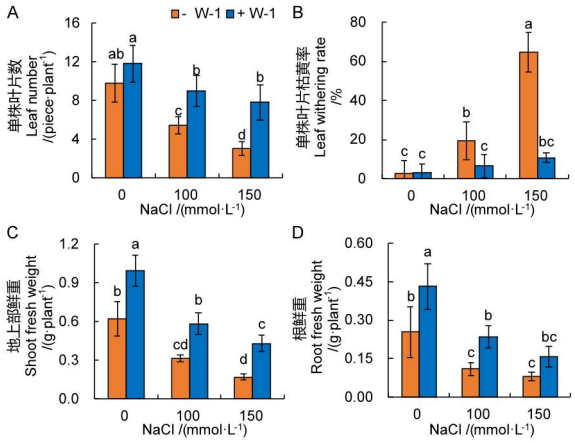
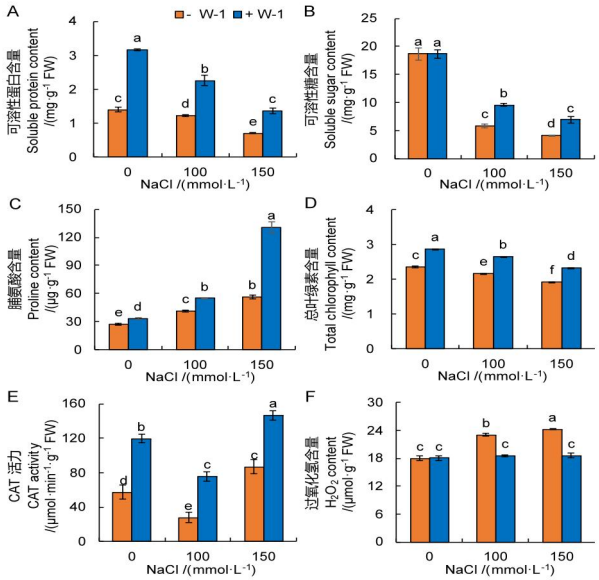



**图 1　接菌 W-1 对不同浓度 NaCl 处理下红豆草单株叶片数（A）、叶片枯黄率（B）和鲜重（C、D）的影响**

Fig. 1 Effects of inoculation with W-1 on the leaf number（A）, leaf withering rate（B）and fresh weights（C, D）of sainfoin under different concentrations of NaCl

在 0 mmol/L NaCl 下，与未接菌相比，接菌后红豆草叶片中可溶性蛋白、脯氨酸和总叶绿素含量分别增加 125%、20%和 22%（$P$<0.05），可溶性糖含量无显著性差异（$P$>0.05）。100 mmol/L NaCl 处理下，与不接菌相比，接菌后红豆草叶片中可溶性蛋白、可溶性糖、脯氨酸和总叶绿素含量和 CAT 活力分别增加 83%、63%、34%、23%和 172%，$H_2O_2$ 降低 20%（$P$<0.05）。150 mmol/L NaCl 处理下，与不接菌相比，接菌后红豆草叶片中可溶性蛋白、可溶性糖、脯氨酸、总叶绿素的含量和 CAT 活力分别增加 92%、65%、132%、21%




和 68%，$H_2O_2$ 降低 23%（$P$<0.05）（图 2）。由此可见，接种耐盐菌 W-1 可通过积累可溶性物质和影响抗氧化酶系统来增强红豆草的耐盐性。

**图 3　W-1 对不同浓度 NaCl 处理下红豆草幼苗可溶性蛋白、可溶性糖、脯氨酸、总叶绿素、CAT 和过氧化氢含量的影响**

Fig. 3　Effects of inoculation with W-1 on the contents of soluble protein, soluble sugar, proline, total chlorophyll, CAT and $H_2O_2$ in sainfoin seedlings under different concentrations of NaCl

## 3 讨论

红豆草是一种盐敏感植物，NaCl 浓度达到 100 mmol/L 时其生长便会受到严重抑制[6]。而 PGPR 在提高作物产量、增强植物抗逆性的研究被广泛报道[15]。因此，探究 PGPR 提高红豆草耐盐性的作用机制具有重要的现实意义。

PGPR 产生的激素在不利条件下保护植物免受伤害方面发挥着重要作用，特别是在减轻盐胁迫不利影响中起重要作用[15]。当 IAA 由细菌菌株产生时，通过诱导细胞伸长和细胞分裂促进根系生长[16]。一些 PGPR 含有 ACC 脱氨酶，可通过水解乙烯合成前体 ACC 来降低逆境胁迫下植物中的乙烯水平，减轻逆境胁迫对植物根系发育的影响[17]。本研究表明，菌株 W-1 产 IAA 且具有 ACC 脱氨酶活性，接种 W-1 后红豆草根系发育均要明显好于对照，干重、鲜重显著提高。

盐胁迫下，植物细胞内 $Na^+$过量积累会干扰各种生理过程，产生过量的氧化物，致使细胞膜完整性遭到破坏、光合作用速率降低、代谢活动紊乱，最终导致植物死亡[18]。Islam 等[19]研究表明，耐盐植物根系分离的蜡样芽孢杆菌（*Bacillus cereus*）Pb25 在盐胁迫下可改善绿豆（*Vigna radiata*）抗氧化防御系统，提高多种抗氧化酶的活性，以保护植物免受氧化损伤。本研究结果表明，盐胁迫下菌株 W-1 可提高红豆草叶片过氧化氢酶活力，降低过氧化氢含量，对减缓盐胁迫对红豆草生长的不利影响具有重要作用。

盐胁迫下植物会积累更多的甜菜碱、脯氨酸和类黄酮等渗透调节物质来减缓外界高渗环境的不利影响[20-21]。Upadhyay 等研究表明，在盐胁迫下接种耐盐促生根瘤菌后小麦（*Triticum aestivum*）耐盐性显著提高，可溶性糖和脯氨酸含量显著增加[22]。本研究显示，接种 W-1 后，红豆草叶片可溶性糖和可溶性蛋白含量增加，脯氨酸进一步增加。这些结果表明，菌株 W-1 通过促进有机渗透调节物质积累来增强红豆草的耐盐性。

## 4 结论

经鉴定菌株 W-1 为暹罗芽孢杆菌，NaCl 耐受最高浓度为 13%，pH 耐受范围为 4.5-8.5，具有溶磷、解钾、固氮、产 IAA、产铁载体和 ACC 脱氨酶活性等多种促生特性。菌株 W-1 不仅能够促进红豆草幼苗的生长，还能通过增加有机渗透调节物质和提高过氧化氢酶活性来提高红豆草的耐盐性。可为盐碱地专用微生物肥料的研制提供理论支撑和菌种资源。

**参考文献**


[1] Kumar V, Raghuvanshi N, Pandey AK, et al. Role of halotolerant plant growth-promoting rhizobacteria in mitigating salinity stress: recent advances and possibilities[J]. Agriculture, 2023, 13(1): 168

[2] 杨真, 王宝山. 中国盐渍土资源现状及改良利用对策[J]. 山东农业科学, 2015, 47(4): 125-130

[3] Liu HW, Brettell LE, Qiu ZG, et al. Microbiome-mediated stress resistance in plants[J]. Trends Plant Sci, 2020, 25(8): 733-743

[4] Ali B, Wang XK, Saleem MH, et al. PGPR-mediated salt tolerance in maize by modulating plant physiology, antioxidant defense, compatible solutes accumulation and bio-surfactant producing genes[J]. Plants, 2022, 11(3): 345

[5] 陈洁, 温素军, 梁鹏飞, 等. 干旱胁迫对红豆草根系生长及生理特性的影响[J]. 草原与草坪, 2022, 42(6): 101-109

[6] 伍国强, 贾姝, 刘海龙, 等. 盐胁迫对红豆草幼苗生长和离子积累及分配的影响[J]. 草业科学, 2017, 34(8): 1661-1668

[7] 刘晓婷, 姚拓. 高寒草地耐低温植物根际促生菌的筛选鉴定及特性研究[J]. 草业学报, 2022, 31(8): 178-187

[8] 林志楷, 林文珍. 暹罗芽孢杆菌研究进展[J]. 亚热带植物科学, 2019, 48(4): 391-396

[9] 漫静, 唐波, 邓波, 等. 羊草根际促生菌的分离筛选及促生作用研究[J]. 草业学报, 2021, 30(1): 59-71

[10] 汤鹏, 胡佳频, 易浪波, 等. 钾长石矿区土壤解钾菌的分离与多样性[J]. 中国微生态学杂志, 2015, 27(2): 125-129

[11] Ali B, Hafeez A, Ahmad S, et al. *Bacillus thuringiensis* PM25 ameliorates oxidative damage of salinity stress in maize *via* regulating growth, leaf pigments, antioxidant defense system, and stress responsive gene expression[J]. Front Plant Sci, 2022, 13: 921668

[12] 张昊鑫, 王中华, 牛兵, 等. 产 IAA 兼具溶磷解钾高效促生菌的筛选、鉴定及其广谱性应用[J]. 生物技

术通报, 2022, 38(5): 100-111
[13] Senthilkumar M, Madhaiyan M, Sundaram S, et al. Intercellular colonization and growth promoting effects of *Methylobacterium* sp. with plant-growth regulators on rice (*Oryza sativa* L. Cv CO-43)[J]. Microbiol Res, 2009, 164(1): 92-104
[14] Penrose DM, Glick BR. Methods for isolating and characterizing ACC deaminase-containing plant growth-promoting rhizobacteria[J]. Physiol Plant, 2003, 118(1): 10-15
[15] Jain R, Bhardwaj P, Pandey SS, et al. *Arnebia euchroma*, a plant species of cold desert in the Himalayas, harbors beneficial cultivable endophytes in roots and leaves[J]. Front Microbiol, 2021, 12: 696667
[16] Vimal SR, Patel VK, Singh JS. Plant growth promoting *Curtobacterium albidum* strain SRV4: an agriculturally important microbe to alleviate salinity stress in paddy plants[J]. Ecol Indic, 2019, 105: 553-562
[17] Sarkar A, Ghosh PK, Pramanik K, et al. A halotolerant *Enterobacter* sp. displaying ACC deaminase activity promotes rice seedling growth under salt stress[J]. Res Microbiol, 2018, 169(1): 20-32
[18] Taj Z, Challabathula D. Protection of photosynthesis by halotolerant *Staphylococcus sciuri* ET101 in tomato (*Lycopericon esculentum*) and rice (*Oryza sativa*) plants during salinity stress: possible interplay between carboxylation and oxygenation in stress mitigation[J]. Front Microbiol, 2021, 11: 547750
[19] Islam F, Yasmeen T, Arif MS, et al. Plant growth promoting bacteria confer salt tolerance in *Vigna radiata* by up-regulating antioxidant defense and biological soil fertility[J]. Plant Growth Regul, 2016, 80(1): 23-36
[20] 韩悦欣, 伍国强, 魏明, 等. BADH 在植物响应非生物胁迫中的作用[J]. 植物生理学报, 2022, 58(2): 254-264
[21] Chen L, Liu YP, Wu GW, et al. Induced maize salt tolerance by rhizosphere inoculation of *Bacillus amyloliquefaciens* SQR9[J]. Physiol Plant, 2016, 158(1): 34-44
[22] Upadhyay SK, Singh DP. Effect of salt-tolerant plant growth-promoting rhizobacteria on wheat plants and soil health in a saline environment[J]. Plant Biol, 2015, 17(1): 288-293

# 内蒙古温带草甸草原牧草营养品质与土壤氮含量对不同氮肥添加方式的响应

陈翔，张晓严，胡努斯图，包海龙，金净，张健，宋晓辉*

（蒙草生态环境（集团）股份有限公司　内蒙古 呼和浩特 010030）

**摘要：**为研究不同氮肥添加方式对牧草营养品质和土壤氮含量的影响，探讨土壤氮含量与牧草营养各指标之间的关系。在内蒙古草甸草原设计了撒播和条播两种氮素添加方式，2019年～2021年每年8月中旬于每个试验小区采集地上生物量测定中性洗涤纤维、酸性洗涤纤维和粗蛋白含量，并计算其相对饲用价值；同时在2019年和2021年于每个试验小区采集土壤样品测定土壤硝态氮和铵态氮。结果表明：不同施肥方式对中性洗涤纤维、酸性洗涤纤维、粗蛋白和相对饲用价值等指标均没产生显著影响($P>0.05$)，而条播处理显著降低了硝态氮的含量($P<0.05$)；氮肥添加显著降低了中性洗涤纤维和酸性洗涤纤维，却显著提高了粗蛋白含量和相对饲用价值($P<0.05$)；随着施肥时间的积累，中性洗涤纤维、酸性洗涤纤维和粗蛋白等指标呈现显著下降的趋势，但相对饲用价值、硝态氮和铵态氮等指标呈现显著上升的趋势($P<0.05$)。这一研究揭示了在内蒙古温带草甸草原撒播氮肥可提高牧草饲用品质。

**关键词：**撒播；相对饲用价值；硝态氮；铵态氮；施肥量

# Responses of forage nutritional quality and soil nitrogen content to different nitrogen fertilizer addition methods in Inner Mongolia temperature meadow steppe

Chen Xiang, Zhang Xiaoyan, Hunusitu, Bao Hailong, Jin Jing, Zhang Jian, Song Xiaohui*

(M-grass Ecological Environment (Group) Co., LTD,　Inner Mongolia Hohhot 010030)

(National Center of Pratacultural Technology Innovation (under preparation), Inner Mongolia Hohhot 010030)

**Abstract:** In order to study the effects of different nitrogen fertilizer addition methods on forage nutritional quality and soil nitrogen content, and explore the relationship between soil nitrogen content and indexes of forage nutrition, we designed two nitrogen application methods which were broadcast sowing and drill sowing in the meadow grassland of Inner Mongolia. We collected the above-ground biomass of each experimental plot to determine the content of neutral detergent fiber, acidic detergent fiber and crude protein in mid-August from 2019 to 2021, and calculated relative feeding value. And meanwhile, We collected soil samples within each experimental plot to determine soil nitrate nitrogen and ammonium nitrogen in 2019 and 2021. The results showed that: different fertilization methods had no significant effects on neutral

**基金项目：**国家草业技术创新中心（筹）重大创新平台建设专项（CCPTZX2023B02）资助。

**作者简介：**陈翔（1988-），男，包头市人，副高级园林工程师，研究方向为草原生态修复

*通讯作者：宋晓辉 E-mail:935227789@qq.com，联系电话:15848108936

detergent fiber, acid detergent fiber, crude protein and relative feeding value ($P$ ＞0.05), but the content of nitrate nitrogen was significantly reduced by drill sowing ($P$ ＜0.05); nitrogen fertilizer addition significantly decreased neutral and acidic detergent fiber, but significantly increased crude protein content and relative feeding value ($P$ ＜0.05); With the accumulation of fertilization time, the indexes of neutral detergent fiber, acid detergent fiber and crude protein showed a significant decrease trend, but the indexes of relative feeding value, nitrate nitrogen and ammonium nitrogen showed a significant increase trend ($P$ ＜0.05). This study revealed that broadcast nitrogen fertilizer can improve forage quality in Inner Mongolia temperature meadow steppe.

**Key words:** broadcast sowing; relative feeding value; soil nitrate nitrogen; soil ammonium nitrogen; fertilization amounts

我国国土面积辽阔，拥有丰富的植被类型和资源。草地作为陆地生态系统的重要组成部分，植被类型分布广泛，接近国土面积的 40%左右被其覆盖[1]，同时在涵养水源、防风固沙、固碳释氧、维持生态平衡等方面发挥着举足轻重的作用[2]。内蒙古草原不仅在我国北方分布范围广、代表性强[3]，也是我国北方生态安全屏障的重要组成部分；其面积占全国草原总面积的 22%，自东向西依次分布着温性草甸草原、温性典型草原、温性荒漠草原、温性草原化荒漠和温性荒漠类等 5 大草原类型。然而随着社会的发展，全球气候变化、人类不合理利用草地等因素使得草原发生严重退化[4]，导致草原土壤贫瘠、病害鼠害频繁出现、原有群落优势物种生物量下降、牧草综合营养价值降低等[5]。施肥作为草原生态恢复重要手段之一，在促进牧草生长、增加土壤养分的同时，还可以改变种群结构，提高牧草产量和饲用价值[6,7]。有研究表明，施加氮肥和磷肥可以在土壤磷酸酶的作用下，快速将土壤有机态氮和磷转化为可被植物直接吸收利用的无机态氮和磷，促进植物的生长发育[8]。

全球变暖、降水格局变化、氮沉降等因素对草原植被生产力和物种物候期也产生了重大影响，而草原生态系统对氮沉降的响应极其迅速[9]。氮沉降是植物叶片氮含量的增加影响光合作用，促进植物生长[10]。同时，氮素也是决定植物生长的关键因子[11]，氮肥可以促进禾本科牧草生长，降低杂类草在种群中占比，进而影响草原区牧草的数量和质量[12]。撒播和条播作为常见的播种方式，在农业种植、退化草地补播修复方面起关键作用，而撒播和条播在施肥方面还缺乏系统性研究。因此，本研究在内蒙古退化的草甸草原设计了两种不同氮肥添加方式，对施肥后土壤养分及牧草营养品质进行统计分析，拟解决的科学问题是：哪种施肥方式对退化草原修复效果更好？施肥后是如何影响草原区牧草饲用品质？通过本试验，可为今后退化草原施肥修复提供可行性路径。

# 1 材料与方法

## 1.1 研究区概况

试验地在内蒙古锡林郭勒盟乌拉盖管理区（北纬 45.9906°～45.9916°，东经 119.1962°～119.1976°，海拔 920m），属于温带大陆性气候，土壤类型为栗钙土。主要建群种为羊草(*Leymus chinensis*)，其他的伴生种有短花针茅(*Stipa breviflora* )、羽茅（*Aehnatherum extremiorientale*）、菊叶委陵菜（*Potentilla tanacetifolia*）等。年平均降水量在 350mm 左右，主要集中在 5～8 月。2019 年～2021 年试验地年平均气温 1.87℃，年均降水量 355mm。2019 年月降水量最多在 8 月（97.6mm），最低在 1 月（0.2mm）；2020 年月降水量最多在 6 月（117.6mm），最低在 12 月（0.7mm）；2021 年月降水量最多在 7 月（95.5mm），最低在 10 月（0.1mm）。2019 年～2021 年生长季（5～10 月）分别占 2019 年，2020 年和 2021 年全年降水量的 94.08%、88.72%和 88.01%（图 1）。

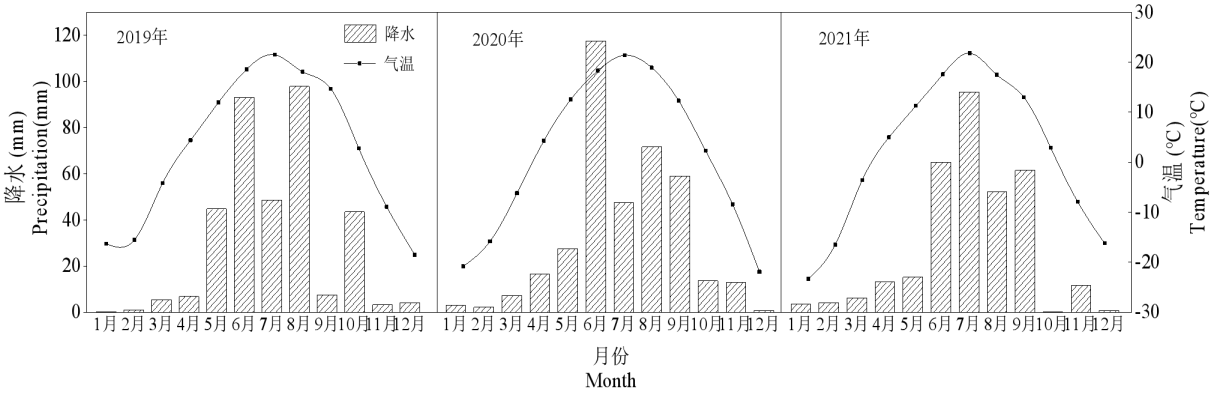



**图 1 2019～2021 年降水与气温**

Fig. 1 Precipitation and temperature in 2019-2021

### 1.2 试验设计

试验采用双因素随机区组设计，设置条播和撒播两种施肥方式，每种施肥方式下分为 5 个不同施肥量，分别是对照（0 g N $m^{-2}$ $yr^{-1}$），N1（6 g N $m^{-2}$ $yr^{-1}$）、N2（12 g N $m^{-2}$ $yr^{-1}$）、N3（20 g N $m^{-2}$ $yr^{-1}$）、N4（32 g N $m^{-2}$ $yr^{-1}$），每个处理 5 次重复，共计 50 个试验小区（图 2）。氮素添加为纯度>99%的硝酸铵钙，2019 年 6 月一次性氮添加处理，以后每年在 6 月初下雨之前一次性氮添加处理。

| 撒播处理 | | | | | 条播处理 | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| N3 | CK | N4 | N1 | N3 | CK | N4 | CK | N1 | N2 |
| CK | N4 | N1 | N4 | CK | N4 | N3 | N2 | CK | CK |
| N1 | N2 | N3 | N2 | CK | N1 | N1 | N4 | N2 | N3 |
| N2 | N3 | N2 | N1 | N3 | N3 | N2 | N3 | N4 | N1 |
| N4 | N1 | N2 | CK | N4 | N2 | N4 | N1 | N3 | CK |

**图 2 试验设计图**

Fig. 2 Experimental design

### 1.3 数据采集与分析

#### 1.3.1 数据采集

在 2019 年～2021 年每年生长季旺季 8 月中旬，用 1m×1m 样方监测每个试验小区高度、盖度、密度，并齐地刈割地上植物部分，带回实验室 65℃烘干称重，将地上生物量用球磨仪粉碎后过 1mm 筛，获取少量样品分别测定中性洗涤纤维、酸性洗涤纤维和粗蛋白等指标并计算其相对饲用价值。分别在 2019 年和 2022 采集试验样地 0cm～10cm 和 10cm～20cm 两层土壤样品测定其铵态氮和硝态氮含量[13]。粗蛋白用凯氏定氮法测定，中性洗涤纤维和酸性洗涤纤维分别按照按照国家标准 GB/T 20806-2022[[14]]和行业标准 NY/T 1459-2007[15]测定，相对饲用价值用以下公式计算：

相对饲用价值（%）= (DDM×DMI) /1.29

DDM(%）=88.9-0.779ADF;

DMI(%) =120/NDF

式中：DDM 表示可消化干物质，单位（%）；ADF 表示牧草酸性洗涤纤维；DMI 表示干物质采食量，单位（%）；NDF 表示牧草中性洗涤纤维。

### 1.3.2 数据分析

用 Excel 2010 对数据进行整理，用 SAS 9.0 对数据进行方差分析，用 amos 21.0 对数据进行路径分析，采用 Origin2021 绘图。

## 结果与分析

### 2.1 不同年份、施肥方式及施肥量对植物群落营养的影响

对牧草营养品质中性洗涤纤维、酸性洗涤纤维、粗蛋白和相对饲用价值进行不同年份、施肥方式和施肥量的三因素方差分析发现，随着年际间变化，中性洗涤纤维、酸性洗涤纤维、粗蛋白和相对饲用价值均发生了极显著变化（$P<0.01$）；不同施肥量对粗蛋白含量产生了极显著的影响（$P<0.01$）；不同年份和施肥方式的交互作用对酸性洗涤纤维含量产生了显著的影响（$P<0.05$）；不同年份和施肥量的交互作用对粗蛋白含量产生了极显著的影响（$P<0.01$）（表 1）。

**表 1 不同年份、施肥方式和施肥量对牧草中性洗涤纤维、酸性洗涤纤维、粗蛋白和相对饲用价值的三因素方差分析(*P* 值)**

Table 1 Three way analysis of different year, fertilization methods, and fertilization amounts on neutral detergent fiber, acidic detergent fiber, crude protein, and relative feed value of forage（*P* Value）

| 变异来源 Source of variation | 中性洗涤纤维 Neutral detergent fiber | 酸性洗涤纤维 Acidic detergent fiber | 粗蛋白 Crude protein | 相对饲用价值 Relative feeding value |
|---|---|---|---|---|
| | *P* 值 *P* Value | *P* 值 *P* Value | *P* 值 *P* Value | *P* 值 *P* Value |
| 年份 Year | <.0001** | <.0001** | <.0001** | <.0001** |
| 施肥方式 Fertilization method | 0.9482 | 0.1370 | 0.5840 | 0.3856 |
| 施肥量 Fertilization amount | 0.1869 | 0.2059 | <.0001** | 0.0705 |
| 年份*施肥方式 Year*Fertilization method | 0.6004 | 0.0421* | 0.6994 | 0.8138 |
| 年份*施肥量 Year*Fertilization amount | 0.2839 | 0.7825 | 0.0073** | 0.3856 |
| 施肥方式*施肥量 Fertilization-method*Fertilization amount | 0.8055 | 0.5897 | 0.5739 | 0.8189 |
| 年份*施肥方式*施肥量 Year*Fertilization-method*Fertilization amount | 0.8198 | 0.2988 | 0.3441 | 0.9067 |

注：*表示在 0.05 水平下达到显著水平，**表示在 0.01 水平下达到显著水平。

Note: * represents a significant level at the 0.05 level, ** represents a significant level at the 0.01 level.

### 2.2 氮肥添加后不同年际间牧草营养动态变化

添加氮肥后，对 2019 年到 2021 年牧草的中性洗涤纤维、酸性洗涤纤维、粗脂肪和相对饲用价值进行单因素方差分析发现，中性洗涤纤维和酸性洗涤纤维随着施肥年份增加呈

现显著降低的趋势（*P*＜*0.05*）；粗蛋白含量随着施肥年份的增长呈现先下降后上升的趋势，2020 年粗蛋白含量显著低于 2019 年和 2021 年（*P*＜*0.05*），但在 2019 年和 2021 年之间差异不显著（*P*＞*0.05*）；相对饲用价值随着施肥年份的增加呈现出显著上升的趋势，2021 年牧草营养的相对饲用价值分别较 2020 年和 2019 年显著增加了 27.46%和 14.06%（*P*＜*0.05*）（图 3）。

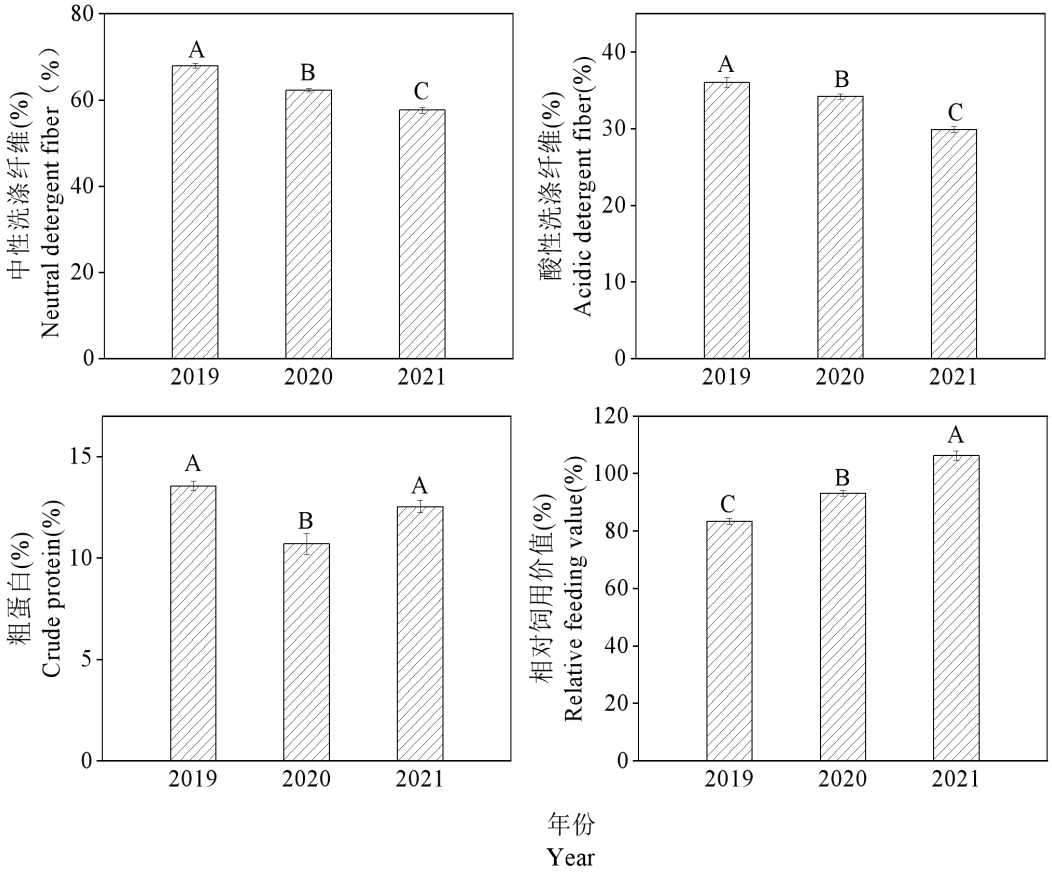



**图 3 不同年份对牧草营养成分的单因素方差分析**

Fig. 3 Univariate analysis of forage nutrients in different years

注：不同大写字母表示不同年份之间的差异，下同。

Note: Different capital letters indicate the difference between different years, the same below.

## 2.3 不同施肥量对牧草营养成分的影响

施加氮肥后，牧草营养成分与对照相比发生了显著的变化（*P*＜*0.05*），整体上表现为氮肥添加显著降低了中性洗涤纤维和酸性洗涤纤维，却显著的提高了粗蛋白含量和相对饲用价值（*P*＜*0.05*）。与对照相比，中性洗涤纤维在施肥 N3 处理下显著降低（*P*＜*0.05*），与其他施肥处理不存在显著差异；酸性洗涤纤维在 N4 处理下显著降低（*P*＜*0.05*），与其他施肥处理也不存在显著差异；粗蛋白含量在 N4 处理下显著升高（*P*＜*0.05*），但与 N2 和 N3 不存在显著性差异；相对饲用价值 N3 处理下显著升高（*P*＜*0.05*），但与其他施肥处理也不存在显著性差异（图 4）。

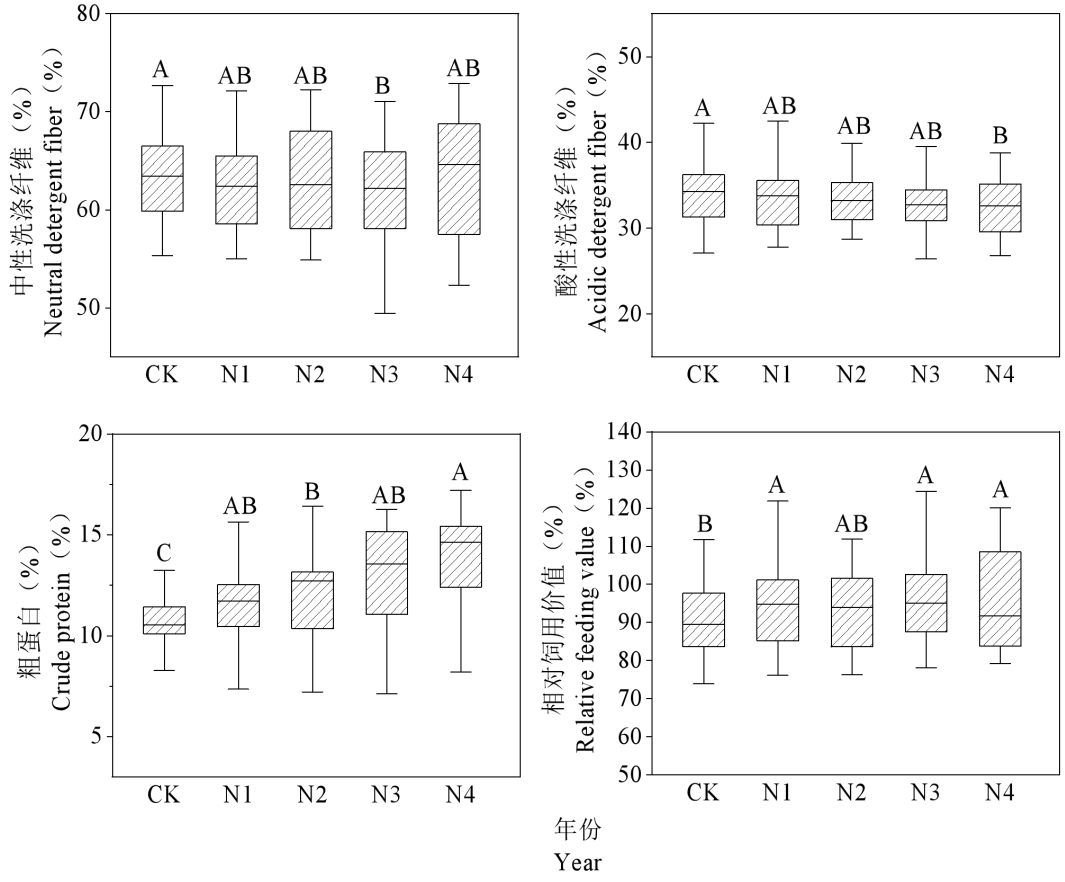



图 4 不同施肥量对牧草营养成分的单因素方差分析

Fig. 4 Univariate variance analysis of plant forage nutrients with different fertilization amounts

注：N1、N2、N3、N4 分别表示施肥 6 g/m$^2$/yr、12 g/m$^2$/yr、20 g/m$^2$/yr、32 g/m$^2$/yr，下同；不同大写字母表示不同施肥量之间存在显著性差异。

Note: N1, N2, N3 and N4 indicated fertilize 6 g/m$^2$/yr, 12 g/m$^2$/yr, 20 g/m$^2$/yr and 32 g/m$^2$/yr, respectively, the same below. Different capital letters indicate significant differences between different amounts of fertilizer applied.

## 2.4 不同年份、施肥方式和施肥量对土壤铵态氮和硝态氮含量的影响

对土壤铵态氮和硝态氮含量进行不同年份、施肥方式和施肥量的三因素方差分析发现，不同年际间对土壤铵态氮和硝态氮含量产生了极显著差异（$P<0.01$）；施肥方式和不同施肥量对土壤硝态氮均产生了显著差异（$P<0.05$），对土壤铵态氮差异不显著（$P>0.05$）（表 2）。

表 2 不同年份、施肥方式和施肥量对土壤铵态氮和硝态氮含量的三因素方差分析($P$ 值）

Table 2 Three-factor variance analysis of soil ammonium nitrogen and nitrate nitrogen contents with different

years, fertilization methods and fertilizer amounts（*P* Value）

| 变异来源<br>Source of variation | 铵态氮<br>Ammonium nitrogen | 硝态氮<br>Nitrate nitrogen |
|---|---|---|
| | *P* 值<br>*P* Value | *P* 值<br>*P* Value |
| 年份<br>Year | <.0001** | <.0001** |
| 施肥方式<br>Fertilization method | 0.2497 | 0.0110* |
| 施肥量<br>Fertilization amount | 0.6430 | 0.0191* |
| 年份*施肥方式<br>Year*Fertilization method | 0.8464 | 0.6391 |
| 年份*施肥量<br>Year*Fertilization amount | 0.9294 | 0.7637 |
| 施肥方式*施肥量<br>Fertilization-method*Fertilization amount | 0.5309 | 0.4492 |
| 年份*施肥方式*施肥量<br>Year*Fertilization-method*Fertilization amount | 0.0799 | 0.2314 |

注：*表示在 0.05 水平下达到显著水平，**表示在 0.01 水平下达到显著水平。

Note: * represents a significant level at the 0.05 level, ** represents a significant level at the 0.01 level.

### 2.5 不同年际间土壤铵态氮和硝态氮的变化

从图 5 可以看出，随着年际的增长，土壤铵态氮和硝态氮含量均呈现显著上升的趋势（P＜0.05）。2021 年土壤铵态氮含量较 2019 年显著提高了 181.75%；2021 年土壤硝态氮含量较 2019 年显著提高了 145.89%（图 5）。

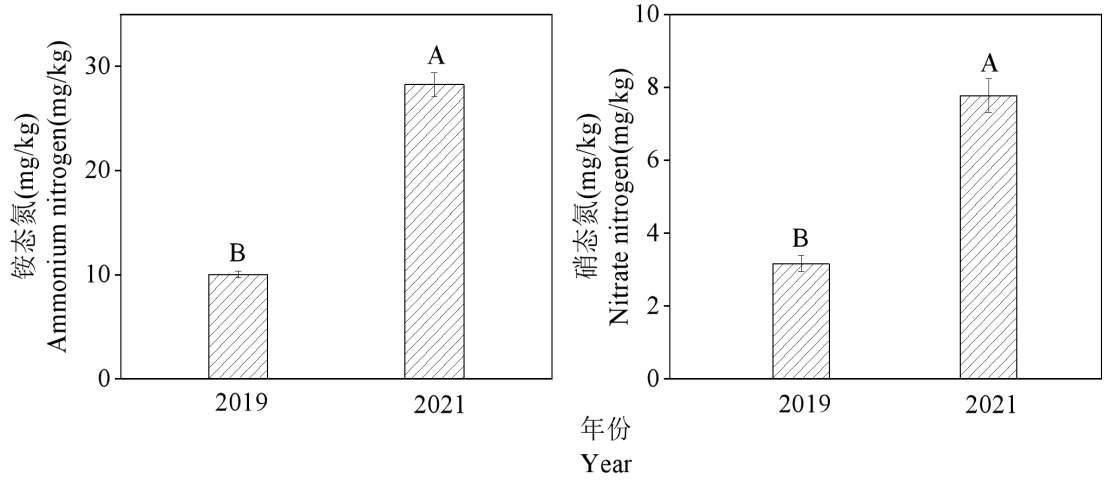



图 5 不同年份对土壤铵态氮和硝态氮单因素方差分析

Fig. 5 Univariate variance analysis of soil ammonium nitrogen and nitrate nitrogen with different years

### 2.6 不同施肥方式对土壤铵态氮和硝态氮的影响

在撒播和条播两种处理下分别对土壤铵态氮和硝态氮进行了单因素方差分析。由图 6 可以看出，铵态氮含量在不同施肥方式下差异不显著（*P＞0.05*）；硝态氮含量在撒播处理

下较条播显著提高了 43.46%（*P*＜*0.05*）（图 6）。

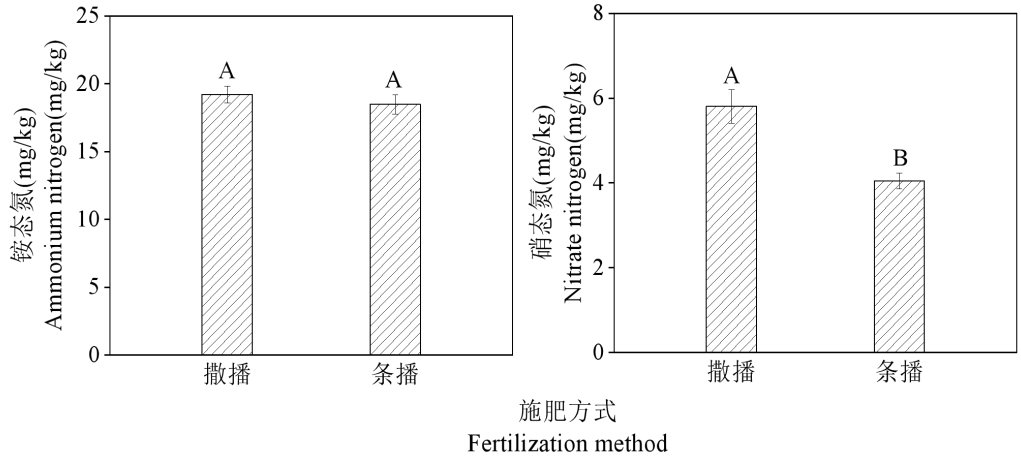



**图 6 不同施肥方式对土壤铵态氮和硝态氮的单因素方差分析**

Fig. 6 Univariate variance analysis of soil ammonium nitrogen and nitrate nitrogen with different fertilization methods

## 2.7 不同施肥量对土壤铵态氮和硝态氮的影响

与对照相比，土壤铵态氮含量在不同施肥量处理下不存在显著性差异（*P*＞*0.05*）；而土壤硝态氮含量随着施肥量的增加呈现出显著上升的趋势，N4 处理下的铵态氮含量较 N1 和对照显著提高了 62.26%（*P*＜*0.05*），但是在 N2、N3、N4 处理之间差异不显著（*P*＞*0.05*）（图 7）。

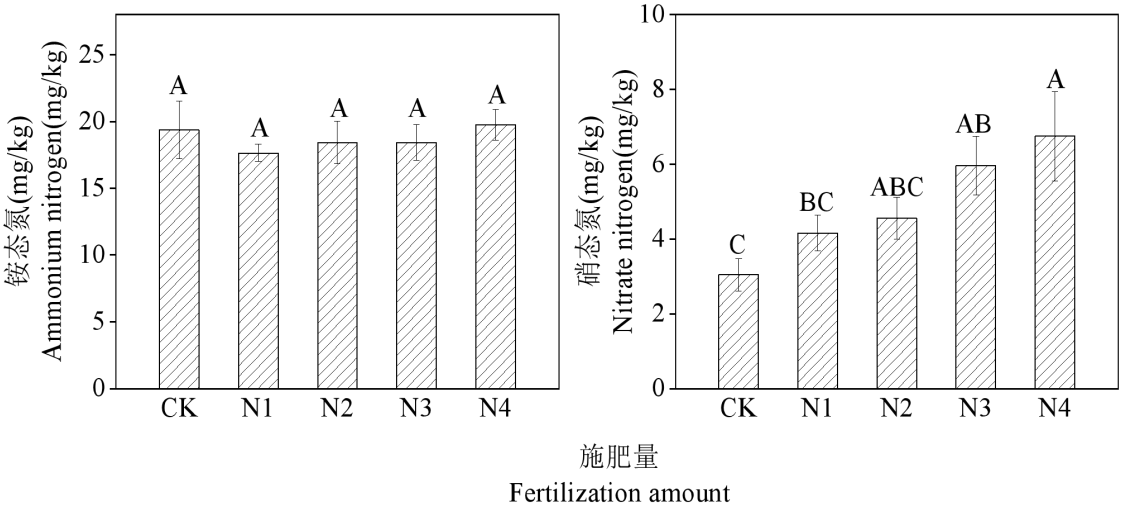



**图 7 不同施肥量对土壤铵态氮和硝态氮的单因素方差分析**

Fig. 7 Univariate variance analysis of ammonium nitrogen and nitrate nitrogen in soil with different fertilizer application rates

## 2.8 相关性分析

对所测试验指标进行了相关性分析。如表 3 所示，中性洗涤纤维与相对饲用价值存在极显著负相关（*P*＜0.01）,酸性洗涤纤维含量与粗蛋白含量、相对饲用价值和硝态氮含量均存在极显著负相关（*P*＜0.01），粗蛋白含量与硝态氮含量存在极显著的正相关关系（*P*＜0.01），硝态氮含量和铵态氮含量之间存在显著的正相关关系（*P*＜0.05）。

**表 3 中性洗涤纤维、酸性洗涤纤维、粗蛋白、相对饲用价值、铵态氮和硝态氮之间相关性分析**

Table 3 Correlation analysis of neutral detergent fiber, acid detergent fiber, crude protein, relative feeding value,

ammonium nitrogen and nitrate nitrogen

| | 中性洗涤纤维 | 酸性洗涤纤维 | 粗蛋白 | 相对饲用价值 | 铵态氮 | 硝态氮 |
|---|---|---|---|---|---|---|
| 中性洗涤纤维 | 1.0000 | | | | | |
| 酸性洗涤纤维 | 0.1498 | 1.0000 | | | | |
| 粗蛋白 | -0.1987 | -0.4026** | 1.0000 | | | |
| 相对饲用价值 | -0.8952** | -0.5506** | 0.3940** | 1.0000 | | |
| 铵态氮 | 0.1890 | -0.0085 | 0.0099 | -0.1348 | 1.0000 | |
| 硝态氮 | -0.0758 | -0.3621** | 0.4633** | 0.2469* | 0.2946* | 1.0000 |

### 2.9 相关性分析

从相关性分析发现，牧草相对饲用价值与土壤硝态氮、中洗洗涤纤维、酸性洗涤纤维和粗蛋白含量存在显著的相关性。根据条播和撒播两种不同施肥方式对土壤硝态氮、铵态氮、中性洗涤纤维、酸性洗涤纤维、粗蛋白和相对饲用价值的方差分析结果以及各个指标之间和牧草相对饲用价值的相关分析结果，在此构建路径分析模型来量化各个因子之间的相互关系，进一步探索试验中各因素对牧草相对饲用价值的影响。由路径分析结果（图 8）可以看出，硝态氮对粗蛋白有显著的正效应，路径系数是 0.504（$P$＜0.01）；粗蛋白含量和相对饲用价值有显著的正效应，路径系数是 0.071（$P$＜0.01）；酸性洗涤纤维和中性洗涤纤维对相对饲用价值有显著的负效应，路径系数分析分别是-0.408 和-0.838（$P$＜0.01）。综合来看，土壤硝态氮含量增加提高了牧草中粗蛋白含量，进而提升了牧草相对饲用价值。

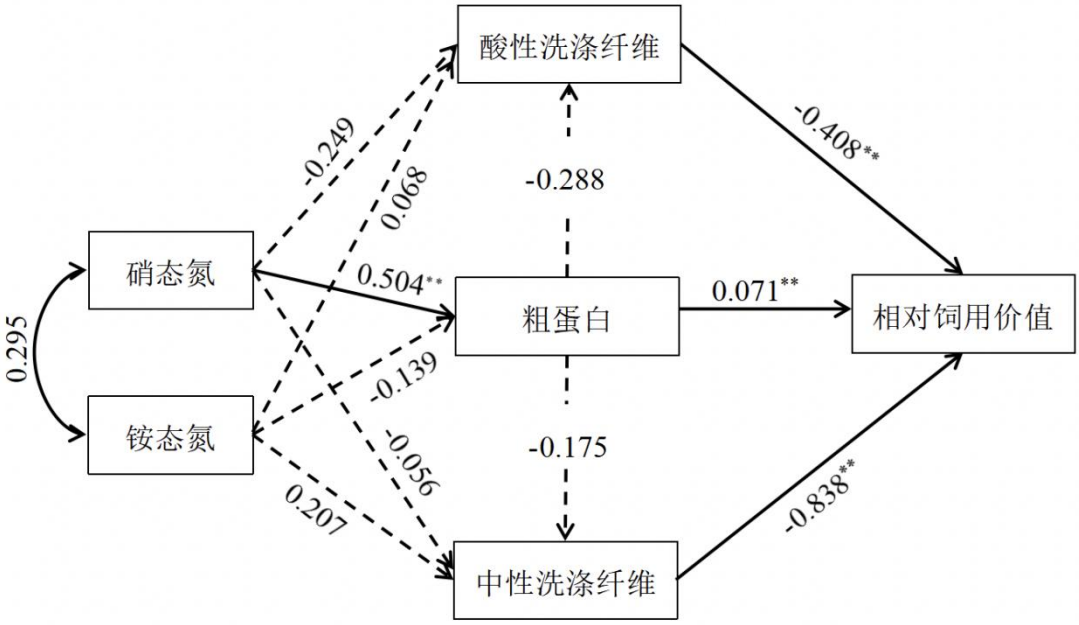



图 8 硝态氮和铵态氮通过改变酸性洗涤纤维、中性洗涤纤维和粗蛋白等指标对相对饲用价值的影响

Fig. 8 The effects of nitrate nitrogen and ammonium nitrogen on the relative feeding value by changing the indexes of acid detergent fiber, neutral detergent fiber and crude protein 注：箭头上的数值为路径系数，实线表示有显著效应，**表示在 0.01 水平下达到显著水平。

Note: The values on the arrows are path coefficients, the solid lines indicate a significant effect, and ** indicates a significant level at 0.01.

## 3 讨论

### 3.1 不同年际间牧草营养动态和土壤氮含量的变化

中性洗涤纤维和酸性洗涤纤维直接决定放牧家畜的采食量和消化率，中性洗涤纤维含量越高，则牧草适口性越差；酸性洗涤纤维含量越高，放牧家畜采食后不易消化[16,17]。在本研究中发现，与对照相比，氮素添加后牧草中性洗涤纤维和酸性洗涤纤维显著下降，这一研究结果与徐鑫磊等人[18]在呼伦贝尔草甸草原的研究结果一致，说明氮素添加后提高牧草质量，牧草更易被家畜采食和消化。牧草中粗蛋白含量是放牧家畜所需的必要营养物质，氮素供应较多可有效地增加粗蛋白含量[19]。在本研究中经过三年氮素添加后牧草中粗蛋白含量整体上呈现上升的趋势，但在 2020 年显著低于 2019 年和 2021 年，原因可能是该研究只整合了年际间数据对粗蛋白含量进行了单方面的分析，没有考虑不同氮素添加方式、不同施氮量等因素及其交互作用。相对饲用价值用于表示牧草可消化干物质的采食量，是在牧草中性洗涤纤维和酸性洗涤纤维的基础上，通过计算对牧草营养品质进行分析评价的一项指标[20]，相对饲用价值越高，则表示牧草的营养品质就越好[21]，三年氮素添加后牧草相对饲用价值显著提高，这很好地印证了氮素添加后提高牧草的营养品质。氮素添加可以促进土壤氮素的矿化作用[22]，本试验对 2019 年和 2020 年硝态氮和铵态氮进行测定，发现氮素添加后显著提高了硝态氮和铵态氮含量，这一结果和 Haynes[23]、向雪梅[24]等学者的研究结果相一致，这是因为添加的氮素在土壤微生物的作用下发生水解，最终在土壤中以无机氮的形式增加了速效氮的含量[25]。

### 3.2 不同施肥方式对土壤硝态氮和铵态氮对影响

不同施肥方式条播和撒播下土壤铵态氮未发生显著对变化，这是因为土壤中的铵态氮是由氨化细菌将土壤中的氮素转化而成，而试验所添加硝酸铵钙含量 90%属于硝态氮，硝态氮含量高拟制了土壤氮素向铵态氮的转化，从而导致试验中不同施肥方式下土壤铵态氮没有明显的改变。添加硝态氮肥对硝态氮产生了显著差异，这一结果与杜盼[26]等人研究相一致，这是因为硝态氮肥增加了土壤中 $NO^{3-}$离子浓度，发生氧化还原反应时点位梯度变高，有利于其他形态的氮素转变为硝态氮[27]，但本试验中撒播处理下硝态氮显著高于条播处理，这可能是因为条播添加氮肥有一定但局限性，氮肥只是限制在了条播周围，没有被整个试验小区完全利用；撒播氮肥可均匀覆盖各个试验小区，即硝态氮含量显著提高。

### 3.3 不同施肥量对牧草营养和土壤氮含量的影响

牧草中酸性洗涤纤维和中性洗涤纤是家畜不易消化的部分。Lutti[28]等研究发现随着施氮量的增加，中性洗涤纤维和酸性洗涤纤维呈现极显著降低，且施氮后中性洗涤纤维含量小于 60%，酸性洗涤纤维含量小于 40%。试验中随着施肥量的增加，中性洗涤纤维、酸性洗涤纤维均呈现显著降低的趋势，这一结果与前人[28]研究结果基本一致；而且中性洗涤纤维在 N3（20 $g/m^2/yr$）处理下显著低于对照，酸性洗涤纤维在 N4（32 $g/m^2/y$）处理下显著低于对照，这说明中洗洗涤纤维在 N3（20 $g/m^2/yr$）处理下已经达到最低值，而酸性洗涤纤维会不会随着施肥量的增加继续下降仍需进一步研究，试验中粗蛋白含量随施肥量的增加表现出上升的趋势是因为增加施氮量可提高牧草叶片光合能力，促进营养器官贮存更多的营养物质，提高其粗蛋白含量[29]。中性洗涤纤维和酸性洗涤纤维可直接影响相对饲用价值，中性洗涤纤维、酸性洗涤纤维含量越低，相对饲用价值含量就越高[30]。毋庸置疑，试验中相对饲用价值随施肥量的增加呈显著增加的趋势，何亚灵[31]等研究结果也充分证实了这一结论。在不同施肥量下，土壤铵态氮没发生明显的变化，而硝态氮随着施肥量的增加发现出显著增加的趋势，这一研究结果与[32]等研究结果相一致，这是因为试验中添加的硝态氮肥促进了促进了土壤中硝态氮的转化，也有可能是因为试验地土壤 PH 呈弱酸性抑制了氨化细菌活性，导致土壤中的氮素没有很好地向铵态氮转化。从试验中相关分析和路径分析来看，氮素添加通过改变硝态氮含量提高了牧草粗蛋白含量，进一步改善了牧草饲用价值。

## 4 结论

通过在内蒙古温带草甸草原开展三年氮素添加试验表明，无论是条播还是撒播，持续长期添加氮素可降低牧草酸性洗涤纤维、中性洗涤纤维，提高牧草的营养品质和土壤肥力；氮素添加后通过土壤硝态氮含量变化，提升了牧草粗蛋白含量，进一步改善了牧草的饲用品质；与条播氮肥相比，撒播氮肥更适用于草甸草原。

参考文献 Reference:


[1] 袁沫汐,文佐时,何利杰,李鑫鑫,赵林.中国温带草地物候对气候变化的响应及其对总初级生产力的贡献.生态学报,2024,44(1).

[2] 李娜,唐士明,郭建英,田茹,王姗,胡冰,罗永红,徐柱文.放牧对内蒙古草地植物群落特征影响的 meta 分析.植物生态学报,2023,47(9):1256-1269.

[3] 任海燕,田磊,朱毅,徐柱文,曾德慧,方运霆,韩国栋.氮水添加改变内蒙古典型草原两种优势植物的氮吸收偏好.科学通报,2022,67(13):1459-1468.

[4]李静鹏,郑志荣,赵念席,高玉葆.刈割、围封、放牧三种利用方式下草原生态系统的多功能性与植物物种多样性之间的关系.植物生态学报,2016,40(08):735-747.

[5]Deng L, Zhang Z, Shang G, Zhou P. Long-term fencing effects on plant diversity and soil properties in China. Soil and Tillage Research, 2014, 137: 7-15.

[6]张爽,吕世杰,丁莉君,刘佳,田野,卫智军,贾利娟.羊草草甸草原群落多样性对打孔和施肥的响应.中国草地学报,2019,41(4):80-86.

[7] 郭慧慧.不同施肥对人工羊草地生产力及养分吸收影响的研究.西安:西北农林科技大学硕士学位论文,2016.

[8] 车敦仁.青海高寒牧区禾草施磷施氮的增产效应.草业科学,1990(05):15-20.

Che D R. Effects of phosphorus and nitrogen on grass yield in Qinghai alpine grassland. Pratacultural Science,1990(05):15-20.(in Chinese)

[9] Kang L, Han X G, Zhang Z B, Sun O J, Grassland ecosystems in China: review of current knowledge and research advancement. Philosophical Transactions of the Royal Society of London Series B, Biological Sciences, 2007,362(1482):997-1008.

[10]Evans J R. Photosynthesis and nitrogen relationships in leaves of C3 plants. Oecologia,1989,78(1):9-19.

[11]Du E, Terrer C, Pellegrini A F A. Global patterns of terrestrial nitrogen and phosphorus limitation. Nat Geosci,2020,13:221–226.

[12]高宁. 刈割、施肥对高寒草甸物种多样性、功能多样性与生态系统多功能性关系的影响.西安:陕西师范大学硕士学位论文,2020.

[13] 鲍士旦.土壤农化分析.北京:中国农业出版社.

[14] GB/T 20806-2022,饲料中中性洗涤纤维(NDF)的测定.

[15] NY/T 1459-2007,饲料中酸性洗涤纤维的测定.

[16] 胡华锋,介晓磊,郭孝,胡承孝,严学兵,王成章,赵京.基施硒肥对不同生育期紫花苜蓿营养含量及分配的影响.草地学报,2014,22(04):871-877.

[17] 纪一帆,吴宝镭,丁玉华,钦佩.大丰野放麋鹿生境中芦苇和互花米草的营养对比分析.生态学杂志,2011,30(10):2240-2244.

[18] 徐鑫磊,宋彦涛,赵京东,乌云娜.施肥和刈割对呼伦贝尔草甸草原牧草品质的影响及其与植物多样性的关系.草业学报,2021,30(7):1-10.

[19] 胡敏,魏全全,任涛,周广生,余陵峰,鲁剑巍.刈割后氮肥施用对饲料油菜地上部产量及品质的影响.草业科学,2017,34(10):2124-2129.

[20] 贾婷婷,肖玉,李天银,刘军,张月娥.硫肥对河西走廊紫花苜蓿植株形状、产量及品质的影响.草原与草坪,2015,35(3):20-26.

[21] 霍成君,韩建国,洪绂曾,戎郁萍.刈割期和留茬高度对混播草地产草量及品质的影响.草地学报,2001,(4):257-264.
[22] Strader R H. Nitrogen mineralization in high elevation forests of the Appalachians I. Regional patterns in southern sprucefir forest. Biogeochemistry, 1989,7:131-145.
[23]Haynes R J, Labile organic matter fractions and aggregate stability under short-term, grass-based leys. Soil Biol Biochem, 1993,31:1821-1830.
[24]向雪梅,德科加,林伟山,冯廷旭,魏希杰,王伟,徐成体,钱诗祎.氮素添加对高寒草甸植物群落多样性和土壤生态化学计量特征的影响.草地学报,2021,29(12):2769-2777.
[25]Zhan S, Wang Y, Zhu Z, et al. Nitrogen enrichment alters plant N: P stoichiometry and intensifies phosphorus limitation in a steppe ecosystem. Environmental and Experimental Botany, 2017, 134: 21-32.
[26]杜盼,张娟娟,郭伟,马新明,郭建彪.施氮对不同肥力土壤小麦氮营养和产量的影响.植物营养与肥料学报,2019,25(02):176-186.
[27]Tong X, He X, Duan H, et al. Evaluation of Controlled Release Urea on the Dynamics of Nitrate, Ammonium, and Its Nitrogen Release in Black Soils of Northeast China. International Journal of Environmental Research and Public Health,2018,15(1):119-126.
[28]Delevatti L M, Cardoso A S, Barbero R P, Leite R G, Reis R A. Effect of nitrogen application rate on yield, forage quality, and animal performance in a tropical pasture. Scientific Reports,2019,9(1):7596.
[29]王桂良,叶优良,李欢欢,朱云集.施氮量对不同基因型小麦产量和干物质累积的影响.麦类作物学报,2010,30(01):116-122.
[30]马彦麟,齐广平,汪精海,康燕霞,史晓巍,贾涪钧,栗志.西北荒漠灌区紫花苜蓿产量和营养品质对水肥调控的响应.甘肃农业大学学报,2018,53(06):171-186.
[31]何亚灵,韦潇,曾泰儒,周冀琼,凌瑶,闫艳红.氮肥水平对豆禾混播草地产量和营养品质的影响.四川农业大学学报,2022,40(05):721-745.
[32]郝亚辉.长期氮磷添加对黄土旱塬农田土壤碳氮磷及细菌特征的影响.西安:陕西师范大学硕士学位论文,2017.

# 生态奖补政策对果洛州牧民收入与支出的影响

张海蓉[1] 施建军[1*] 邢云飞[1] 刘青青[1] 赫苗花[1]

（青海大学 畜牧兽医科学院，青海省畜牧兽医科学院，青海 西宁 810016）

**摘要**：2021 年 8 月，财政部、农业农村部和国家林草局联合印发《第三轮草原生态保护补助奖励政策实施指导意见》，增加了资[48]金投入、扩大了实施范围，扎实做好草原禁牧和草原平衡有关工作，2020 年夏，在第二次青藏高原科学考察任务的基础上，基于子课题《畜产品供需格局演变与畜牧业转型发展》，对果洛州牧民开展了调研，调研数据显示：果洛州调研数据显示：果洛州牧民家庭规模为 4.6 人/户，劳动力为 2.11 人/户，抚养比为 1.38，受访户户主年龄多在 40 岁以上，户主文化水平在小学及以下居多； 34.35%的户主不识藏文，只有 5.34%的牧户接受过初高中教育；48.05%的户主在生态公益性的“八大岗位”工作；果洛州牧民人均收入 12116 元，收入主要以养殖业（12.05%）、其他（17.46%）、奖补（24.95%）和务工（38.06%）收入为主，人均支出 4757 元，在牛羊肉消费上支出较多；牧民家庭总收入与其他收入呈显著正相关，养殖业、租金利息和奖补政策三者累计可以解释家庭总收入 97.12%的变异，其中养殖业收入单独解释 46.55%的变异。该结果反映了果洛州牧民受教育程度以及生态奖补政策的实施对牧民家庭收入与支出的影响，通过结果分析，提出合理建议，以期为果洛州畜牧业和教育发展提供科学的理论依据。

**关键词**：果洛州；生态奖补；收入；支出；教育

## 前言

草地是我国最大的陆地生态系统[1]，草地退化是全球面临的挑战，青海省是我国四大牧区之一[2]，果洛藏族自治州地处“中华水塔”的三江源区，是全球气候变暖的敏感地区[3]，，也是我国重要的生态功能区，但是由于超载放牧、鼠类危害、人为等因素的干扰，造成退化草地 $3.58\times10^{6}hm^{2}$，占可利用草地面积的 61.19%[4]，因此，2011 年 6 月国务院提出在重要的畜牧业生产区域逐步实施“生产与生态相结合、生态优先”发展措施，实施草原生态保护补助奖励机制（以下简称“生态奖补”）[1]，为实现草畜平衡，遏制草原生态系统持续恶化，采取“禁牧补偿”和“草畜平衡奖励”为主要措施[5]。在草原生态奖补政策实施过程中，牧民是离草原最近的草原生态保护者，是被补偿方（受损方）的主体，政府是补偿方（受益方）的主体[1]。生态奖补政策的实施在一定程度上影响着果洛州牧民的收入水平，青藏高原海拔高，气候恶劣，常年多风多雪，自 70 年代，第一次青藏科考序幕被拉开起[6]，人们对于社会的发展及人类文明进步的探究一直未有减缓，通过科学考察的方式加强人们对青藏高原的了解，以期为青藏高原生态安全屏障建设提供科学的理论依据。

## 1 研究区域概况

此次科考地区是青海省果洛藏族自治州，涉及玛沁、甘德、班玛、久治、玛多和达日六县。果洛藏族自治州位于青海省东南部地处青藏高原腹地的巴颜喀拉山和阿尼玛卿雪山

**第一作者**：张海蓉（1997-），女，硕士研究生，研究方向为高寒草地生态环境研究。E-mail:1641014067@qq.com。
**责任作者**：施建军（1970-），男，博士，研究员，研究方向为高寒草地生态环境研究。
E-mail:2623863055@qq.com
**项目基金**：青海省高端创新人才计划（2019QHQRJH）；第二次青藏高原综合科学考察研究（2019QZKK1002）项目。

之间。东临甘肃省甘南藏族自治州和青海省海南藏族自治州，西于青海玉树藏族自治州毗连，北和青海海西蒙古藏族自治州、海南藏族自治州相连。全州总人口 21.5 万人，州府距省会 420 公里，全州土地面积 7.42 万平方千米，平均海拔 4330 千米，冬季漫长寒冷，干燥多风和冰雹天气，夏季时短而温凉，天气变化多端，高寒缺氧，气候恶劣，年均降水量 552.6 毫米，年均气温为-0.3℃，全年无绝对无霜期。

# 2 材料与方法

各县随机选择 2 镇、每镇 2 村、每村 6 户，以入户调研为主，村级干部介绍为辅的方式进行，所得数据经 Excel、SPSS 和 Origin 软件处理分析。

## 2.1 家庭收入构成

根据统计情况和从业情况，将牧民家庭收入分为种植业收入、养殖业收入、租金利息收入、奖补收入、养老补贴收入、学生教育补贴、病残补贴、务工收入和其他收入，其中种植业收入只要指通过种植农作物供自家食用后，养殖业收入主要指牛羊肉、奶制品、以及动物皮毛等畜（副）产品收入，其他收入包括牧民商铺营利性收入和买卖虫草收入，租金利息收入是指将自家草场租赁给养殖户或者将田地租赁给种植户，奖补收入是指牧民根据自家草畜平衡面积和禁牧草场面积获得的国家政策性补助，将牧民外出打工获得的收入和家庭成员稳定性收入等计为务工收入。根据上述各类收入占家庭总收入的比重计算了收入多样性：

$$H=-\sum_{i=1}^{n} Pi \ln Pi \quad (1)$$

上式中，Pi 指第 i 种收入在家庭总收入中的占比，n 为家庭收入种类（最大值为 14）。H 值越大则表示家庭收入来源越多样且越均衡，意味着家庭生计持续性越高。

牧民受教育水平按“赋值法”进行计算，“小学及以下”=1，“初中”=2，“高中”=3，“高中及以上”=4。

# 3 结果分析

## 3.1 果洛州牧民家庭规模组成

果洛州 83.33%的家庭平均人口超过 4 人，家庭劳动力为 2 人， 66.67%的家庭劳动力低于平均水平（州），果洛州户均人口 4.6 人，高于统计数据平均数 3.3 人，户均劳动力 1.95 人，基本以男女主人为劳动力，带 1-3 名孩子。

果洛州藏族占到 99.63%，玛多县有汉族居住，占 2.28%，户主多以藏族，占 98.47%，比全州 91.87%高 6.60%，牧区以世居的藏族为主，调查牧户选择与全州平均数据基本一致。果洛州牧民男女比为 1：1，但户主以传统制为主，男性当家，占比 86.26%。户主平均年龄为 49.89 岁，以 70 后为主，愿意接受采访和留守者多为这一代人。

表 1 果洛州家庭及户主基本情况

Table 1 Basic situation of households in Guoluo Prefecture

| 项目名称 | |
|---|---|
| 家庭规模 | 4.6±2.00 |
| 劳动力 | 2.11±1.07 |
| 抚养比 | 1.38±1.24 |
| 年龄 | 49.89±12.01 |
| 受教育程度 | 1.05±0.24 |

**果洛州受访户牧民户主基本情况**

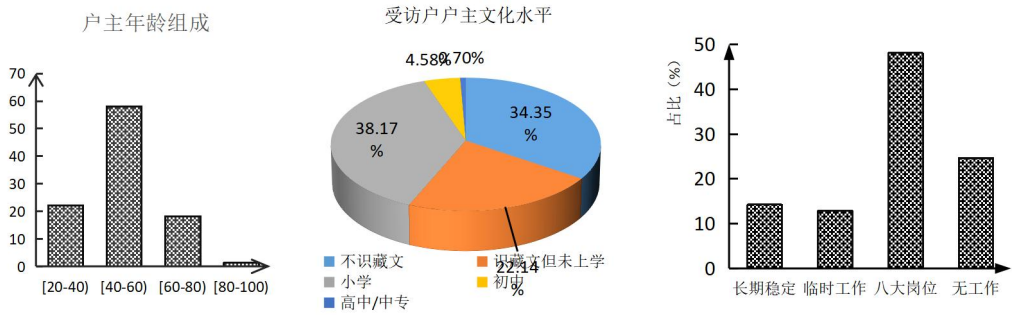



图 1　果洛州牧民户主基本情况

Fig. 1　Age composition and basic situation of household heads of herders in Guoluo Prefecture

果洛藏族自治州受访户户主年龄在 20~40 岁（包括 40 岁）之间的占比最大，达到了 58.02%，20~40 岁（包括 20 岁）之间的占到了 22.14%，年龄在 80 岁以上（包括 80 岁）只有 1.53%。果洛州牧民户主中，38.17%的户主文化水平是小学，34.35%的户主不识藏文，22.14%的户主认识藏文，但未上过学，只有 0.7%的户主受过高中或者中专教育，是当地拥有高学历的人，并且能对我们的调研内容做出回应。48.05%的户主在生态公益性的“八大岗位”工作，是当地生态管护的中坚力量。14.29%的户主有着长期稳定的工作，村干部或上班族；12.98%的人员为临时务工人员；无工作者多为女户主、建档立卡户等。60%以上户主收入稳定，其收入也决定了全家生活水平。

### 3.2 果洛州牧民家庭收入与支出

牧户收入由八个部分组成（图 2），户均收入 55771.52 元，多数家庭收入达到 4.5 万元以上，实现了脱贫。人均收入 12116.20 元，养殖业作为传统产业，其收入在总收入中占 12%，也是牧民的主要生产活动和经济支柱；农牧民奖补收入惠及了调研户的近 80%，结合公益性岗位，已全部覆盖牧户。

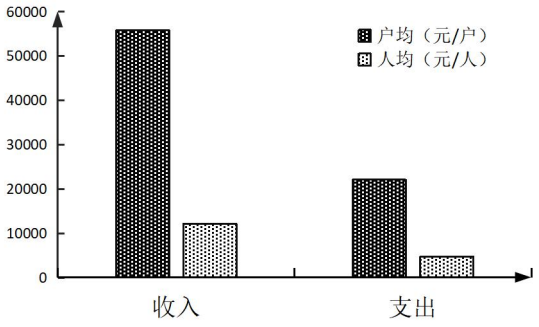



图 2　果洛州牧民收入与支出情况

Fig. 2　Income and expenditure of herders in Guolo Prefecture

果洛州牧户不同收入组成情况如（图 3）所示：整个果洛州有 4 户家庭拥有种植业收入，牧户收入主要以养殖业和务工收入为主，均收入 3 万元以上，收入且占比也最高，并且拥有务工收入的占 70.23%，说明牧民们已经有意识地去做放牧以外的工作，参与公益岗位和务工已成为常态，拥有养殖收入的牧户共占 22.14%，平均年收入 30362.07 元；其它收入（主要包括低保或其它政策补贴、做生意）收入占比也较高。国家政策收入占比超过 50%，表明目前牧户的收入依赖国家，牧户自身造血功能尚不强。

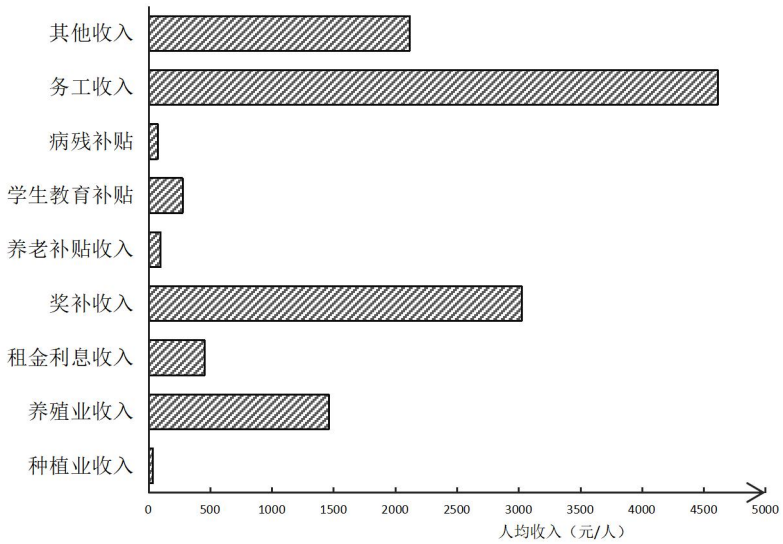



图 3　果洛州牧民收入组成

Fig. 3　Income composition of pastoralists in Guoluo Prefecture

果洛州牧民基本的主食为青稞、大米、面粉，其中大米的人均花费 540 元，面粉的食用量最多，一年需要 633.5 斤；牛肉是牧民最主要的肉类食品，购买牛肉人均消费 1255 元，其次为羊肉，肉食仍然是食谱中的主角，基本不吃猪肉；鸡蛋的食用率接近一半，但调研发现有个别牧户不吃鸡蛋；牛奶作为牧民的传统食物之一，它的购买量依旧最高，并且牛奶的自产率也较高为 21.38%，其余奶类产品酥油、酸奶、曲拉的购买率差不多，且自产率也较高分别为 16.79%、10.68%、16.03%；蔬菜和水果的购买率均较高，且差不多，但是蔬菜的年平均购买金额远高于水果，说明水果对牧民而言是非必须品，绿色生活已进入牧户家中并快速发展。调研发现仅有一户有抽烟习惯，一天一包，购买饮料较多，一年购买酒水人均 470 元；薯类产品主要为马铃薯，年食用 522.37 斤。整体看，牧民的饮食习惯发生了改变，尤其青稞已经不再是牧民的主食了，远低于大米和面粉的食用率，饮食结构复杂化。牧民生活支出占收入的 84.31%，更加追求物质丰富的小康生活。

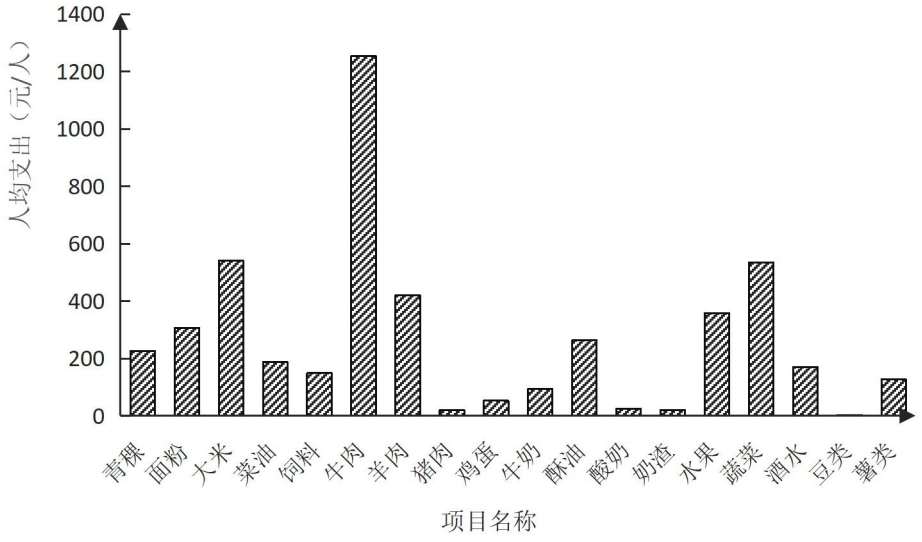



图 4　果洛州牧民生活消费情况

Fig. 4　Per capita expenditure and living consumption of herders

### 3.3 奖补政策实施前后果洛州牧民家庭支出变化

果洛州玛沁县牧民在食品消费支出占比最高，占比 40.12%，住房受到政策补贴，班玛县花费最高，户均超过 6 万，甘德县牧民花费最少，为 3.7 万元；达日县牧民在生活用品消费低于果洛州支出 51.03%，班玛县牧民文化教育户均消费 2.9 万。

牧民实施政策前（约 10 年前）食品人均开销 614 元，最低 500 元，最高 20000 元，政策实施后年食品开销 2881 元，比 10 年前约涨 4 倍；10 年前约 25.19%的牧民居住在帐篷，仅 3.8%的牧民居住政府补贴房，21.37%的牧民有自建房，房子种类有彩钢房、板砖房、土房，平均一套自建房的价格为 5078 元，政策实施后 29.77%的牧民享受政策补贴房，牧民自建房或政府补贴房自己装修平均花费约为 30135 元，实现了定居，同时城镇化率提高。政策实施后牧民的生活用品开销也上升了，平均为 1063 元，主要用于买衣服、饰品和护肤品，追求美好生活。

牧区学生 10 年前上学基本不花钱，人均 248 元，政策实施后牧民在学生教育上年人均花费为 860 元，教育投入增加，大学生率和外出上学大幅增加；牧民在 10 年前身体较健康，医疗方面花费较少，人均花费 178 元，除非大病基本不去医院，10 年后，牧民医疗方面人均花费 1314 元，基本都花在一些重建疾病的手术费上，主要是医保政策的实施和医疗条件的改善，医疗医疗花费的 60%-90%都可以报销。

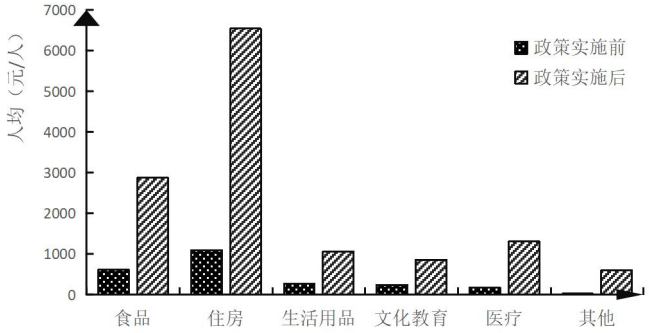



图 5　生态奖补政策实施前后牧民支出变化

Fig. 5　Changes in pastoralist expenditure before and after the implementation of the Ecological incentive policy

### 3.4 果洛州牧民家庭总收入与其家庭因子的关系

在果洛州，牧民家庭总收入与其他收入呈显著相关（$p<0.05$ 图 5 ），主要受养殖业、租金利息和奖补政策的影响，三者累计可以解释家庭总收入 97.12%的变异（$p<0.05$），其中养殖业收入单独解释 46.55%的变异；收入多样性水平受，其他收入、务工收入与总收入之间的相关系数分别达到了 0.883、0.537，家庭规模在一定程度上影响着家庭总收入；家庭规模和养殖业收入呈正相关，家庭规模越大，养殖业收入越高。

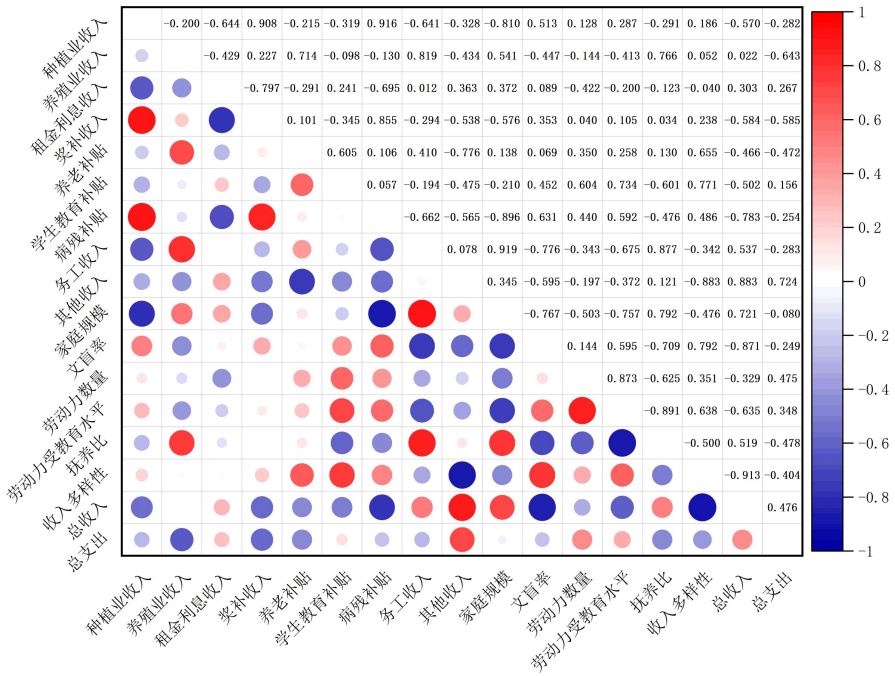



图 6　果洛州牧民家庭总收入与其家庭因子关系

Fig. 6　Relationship between total household income and household factors in Guoluo Prefecture

# 4 讨论

## 4.1 牧民家庭收入、支出与其家庭因子之间的关系

果洛州家庭规模为 4.6 人/户，高于统计数据平均数 3.3 人，家庭规模与家庭总收入之间呈正相关，相关系数达 0.721，家庭规模大小会直接或者间接影响家庭务工和其它收入情况，家庭规模越大，其务工收入和其他收入也越高，从而正向影响家庭总收入；家庭规模与抚养比之间呈正相关，家庭规模越大，其抚养比越大，牧民投资在儿女和老人身上的资产也越多，由于牧民受教育程度不高且养殖业作为该区域的传统产业，进而促使养殖业收入越高，抚养比与总收入之间相关系数为 0.519，与家庭支出呈负相关关系，相关系数为 -0.478，说明家庭抚养比越高，抚养压力越大，会激励家庭成员从业，从而使家庭收入有所提高，但是家庭抚养比越大，意味着家庭非劳动力越多，支出也越高，包括学生上学的费用、高龄老人医药费等。

果洛州牧民家庭因子中，牧民养老补贴收入和牧民文盲率成正相关，即牧民养老补贴越高，其文盲率越高，说明在 60 岁以上的牧民群体中，受教育程度较低，牧民奖补收入与文盲率之间呈正相关，文盲率越高，家庭成员在择业时选择性较小，基本处于无工作状态，家庭收入以草原生态奖补为主，个别家庭会有虫草收入，因此牧民文盲率会间接影响牧民家庭总收入。

果洛州牧民家庭抚养比、务工收入和其他收入对家庭总收入起正向作用， 家庭总收入与总支出呈正相关关系，家庭收入越高，相应支出也有所提高。

## 4.2 果洛州牧民家庭收入组成与支出之间的关系

果洛州牧民家庭收入组成中，拥有种植业牧户占 3.05%，由于果洛州地处高原，气候环境恶劣，日照时数短，不适宜作物的生长，因此该区域种植业以饲草料为主，养殖业收入占 22.14%，说明养殖业仍然是果洛州牧民传统生活方式，租金利息收入占 9.16%，其收入主要来源于出租草场供牲畜养殖，由于部分牧民家庭中无人放牧或未养殖牲畜，因此将自家草场进行出租；奖补收入占 79.39%，奖补收入在果洛州牧民家庭总收入中占 11.03%，

其在拥有较少或者无劳动力的家庭中是最主要的经济来源，调研户中 70.23%的家庭中拥有务工收入，其工作地以西宁或州县为主；34.35%的牧户经营其他工作，包括虫草、畜产品、合作社分红、个体营业户等，说明果洛州牧民的收入形式正在向多元化方向转化。家庭总收入与总支出之间相关系数 0.476，说明牧民生活水平在慢慢提高。

## 5 结论

其他收入、务工收入与总收入之间呈正相关，劳动力受教育水平间接影响家庭总收入。果洛州牧民家庭总收入与其他收入、务工收入呈正相关，牧民除养殖业收入以外，还有合作社、商铺、修理行等第三产业收入，应鼓励当地牧民积极发展第三产业，如自主创业（商铺、修理行等）、参加合作社等，增加牧民家庭收入途径，提高牧民家庭收入多样性指数，增加牧民经济收入，促进牧区发展。

种植业收入和奖补收入呈正相关，家庭总收入与奖补收入呈负相关，应提高奖补金额；生态奖补政策应进行分级划定奖补金额，对于劳动力较少的家庭应该提高奖补金额，避免“一刀切”的形式使富的人更富，穷的人更穷。

总收入与文盲率、抚养比呈负相关，政府应提倡牧民降低抚养比并加强教育，降低牧民文盲率，提高牧民文化水平。

**参考文献**


【1】 杜三强,程云湘,周国利等.生态奖补政策下的牧民收入影响因素分析——以肃南、甘南为例[J].中国草地学报,2019,41(04):118-127.DOI:10.16742/j.zgcdxb.20190003.

【2】 王成燕,赵玲.海南藏族自治州牧民对草原生态奖补政策的满意度及其影响因素分析[J].南方农业,2023,17(03):36-40.DOI:10.19415/j.cnki.1673-890x.2023.03.008.

【3】 赵志平,吴晓莆,李果等.青海三江源区果洛藏族自治州草地退化成因分析[J].生态学报,2013,33(20):6577-6586.

【4】 袁春光,梅贤春.果洛州草地生态失衡成因分析与防治对策[J].草业与畜牧,2007,No.141(08):17-18+25.

【5】 戴微著,谭淑豪.草原生态奖补政策效果评价——基于内蒙古典型牧区调研的制度分析[J].生态经济,2018,34(03):196-201.

【6】 姚檀栋,王伟财,安宝晟等.1949-2017 年青藏高原科学考察研究历程[J].地理学报,2022,77(07):1586-1602.


# The impact of the ecological incentive policy on the income and expenditure of herders in Guoluo Prefecture


ZHANG Hai-rong[1],SHI jian-jun[1*],XING yun-fei[1],LIU qing-qing[1],HE miao-hua[1],

(Academy of Animal Husbandry and Veterinary Medicine, Qinghai University/ Qinghai Academy of Animal Husbandry and Veterinary Sciences,Xining,Qinghai 810016)



**ABSRTACT：** In August 2021, the Ministry of Finance, the Ministry of Agriculture and Rural Affairs, and the State Forestry and Grassland Administration jointly issued the Guidelines for the Implementation of the Third Round of Subsidies and Incentives for Grassland Ecological Protection, which increased funding and expanded the scope of implementation, effectively completed the work related to grassland grazing prohibition and grassland balance. In the summer of 2020, on the basis of the second scientific investigation mission to[ii] the

Qinghai-Tibet Plateau, Based
on the sub-project "Evolution of Supply and Demand Pattern of Livestock Products and Transformation and Development of Animal Husbandry", a survey was carried out on herdsmen in Guoluo Prefecture. The survey data showed that: In Guolao Prefecture, the size of herdsman family was 4.6 persons/family, the labor force was 2.11 persons/family, and the dependency ratio was 1.38. The heads of the surveyed households were mostly over 40 years old, and the education level of the heads was mostly in primary school or below. 34.35% of the household heads cannot read Tibetan, and only 5.34% of the pastoral households have received junior and senior high school education. 48.05% of the household heads work in the "eight posts" of ecological public welfare; The per capita income of herdsmen in Guoluo Prefecture is 12,116 yuan, and the income is mainly from the breeding industry (12.05%), other (17.46%), awards and subsidies (24.95%) and work (38.06%). The per capita expenditure is 4,757 yuan, and most of the expenditure is on beef and mutton consumption. There was a significant positive correlation between the total household income of herdsmen and other incomes. The breeding industry, rent interest and bonus policies could explain 97.12% of the variation of the total household income, among which the breeding industry income alone explained 46.55% of the variation. The results reflect the educational level of herdsmen in Guoluo Prefecture and the impact of the implementation of ecological award and subsidy policy on the income and expenditure of herdsmen's families. Through the analysis of the results, reasonable suggestions are put forward in order to provide scientific theoretical basis for the development of animal husbandry and education in Guoluo Prefecture.
**Keywords:** Guoluo Prefecture; Ecological awards and subsidies; Income; Expenditure; education

# 饲喂箭筈豌豆对黄淮肉羊瘤胃代谢组学及转录组学的影响

张孝安[1,2]，魏慧情[1,2]，陈瑶[1]，孙义铭[1]，赵梦宇[1]，张子军[1,3]，任春环[1,3]，黄桠锋[1,2,3]*

(1.安徽农业大学 动物科技学院，安徽 合肥 230031； 2. 颍县农业绿色发展推进中心,安徽 颍上 236200; 3. 定远县现代农业技术合作推广中心,安徽 定远 233200）

**摘要：**箭筈豌豆（*Vicia sativa*）为豆科野豌豆属一年生草料兼用作物，具有产量高、营养品质优良、适口性好等特点，刈割后可晾晒成高品质干草以饲喂家畜。本研究以“牧草饲喂—瘤胃代谢组学—瘤胃转录组学”为主线，以 4 月龄黄淮肉羊公羊为供试家畜，饲喂苜蓿干草（40%添加，AR）为对照组，箭筈豌豆苜蓿干草混合组（50%替代 AR，CAR）、箭筈豌豆干草（100%替代 AR，CR）为试验组，比较绵羊代谢组学及转录组学的差异。探究了饲喂箭筈豌豆干草对黄淮肉羊瘤胃代谢组学及转录组学的影响机制，以期为日粮结构调整发展绿色健康草地畜牧业，保障国家生态安全提供新的思路和靶点。

**关键词：**箭筈豌豆；绵羊；代谢组学；转录组学

收稿日期：2024 年 4 月 8 日

基金项目：国家自然科学基金青年基金(31772566)农区“草食畜牧业-种植业”养分综合平衡生产技术应用试验(23339045)；财政部和农业农村部国家现代农业产业技术体系(CARS-38)

作者简介：张孝安（2000-），男，安徽宣城人，在读硕士生，主要从事不同饲养模式下肉羊生长性能的营养调控研究。E-mail:1716424299@qq.com

通讯作者：黄桠锋（1989-），男，安徽黄山人，讲师，硕士生导师，主要从事草畜一体化工作。E-mail: huangyafeng316@163.com

# Effect of feeding arrow pea on rumen metabolomics and transcriptomics in Huang-Huai mutton sheep

**Abstract:** Arrow pea (Vicia sativa) is an annual forage crop of legpea, which has the characteristics of high yield, good nutritional quality and good palatability. After cutting, it can be dried into high quality hay to feed livestock. In this study, the "forage feeding-rumen metabolomics-rumen transcriptomics" was used as the main line, the 4-month-old Huanghuai mutton sheep ram as the test livestock, alfalfa hay (40% added, AR) as the control group, mixed alfalfa hay (50% replacing AR, CAR), and arrow pea hay (100% replacing AR, CR) as the test group, to compare the differences between the metabolomics and transcriptomics of sheep. The influence mechanism of feeding arrow pea hay on rumen metabolomics and transcriptomics of Huanghuai mutton sheep was explored, in order to provide new ideas and targets for the development of green and healthy grassland animal husbandry in grain structure adjustment and the guarantee of national ecological security.
**Keywords:** arrow pea; sheep; metabolomics; transcriptomics

箭筈豌豆（*Vicia sativa*）为豆科野豌豆属一年生草料兼用作物，具有产量高、营养品质优良、适口性好等特点。箭筈豌豆不但可作为绿肥作物改良土壤，还可用于生产干草、青贮饲草及放牧草地以饲喂牛羊等反刍动物[1,2]。代谢组学提供了动物最完整的表征，揭示了基因表达，酶活性和外界环境的综合影响[3]，该技术广泛用于家畜的尿液，血液，瘤胃液等检测，可通过筛选差异代谢物来解释改变动物日粮后动物机体的代谢过程和变化规律[4]。目前已有多篇报道揭示了反刍动物消化道微生物与代谢组对宿主的影响，但关于绵羊瘤胃宏转录组，代谢组与 $CH_4$ 产量之间内在联系的研究信息仍然匮乏。宏转录组学可通过测定基因转录来描述基因的活性及分析其功能，随着测序技术性能和效率越来越高，宏转录组学在研究微生物组成方面变得越来越重要[5]。宏转录组学为基因表达及调控途径提供了有力见解，为分子层面了解微生物具有重大意义[6]。Lavelle 等[7]人通过宏转录组学技术，证明了微生物在肠炎患者体内的功能与作用。Gosalbes 等[8]通过宏转录组分析，发现了肠道菌群主要通过代谢碳水化合物以及生产细胞成分来维持机体正常运转。测序技术的发展虽引领了瘤胃微生物的宏转录组学研究，但这一方法的精确度并不高，生物分类常局限于属水平。但宏转录组技术目前在瘤胃微生物中的应用仍能对其多样性及丰富度带来极有价值的研究。

本文主要探究饲喂箭筈豌豆对黄淮肉羊代谢组学及转录组学的影响，以期能为箭筈豌豆在我国的种植推广提供科学依据。

## 1.材料与方法

### 1.1 试验方法

#### 1.1.1 试验时间与地点

预饲期 14 天，正式期 70 天，共 84 天，其中正式期前 63 天为育肥期，后 7 天为 $CH_4$ 测定期。试验期为 2023 年 8 月至 2023 年 10 月，本试验于中国安徽省阜阳市颍上县国家农业绿色发展长期固定观测颍上试验站开展。

#### 1.1.2 试验动物与分组

选取 36 只体态健康，生长状况良好，体重相近（26.11±0.62 kg）的 3 月龄黄淮肉羊公羊进行饲喂试验。试验羊只统一编号后随机分为三组，每组 12 只，即 AR 组（40%紫花苜蓿+20%脆秆水稻秸秆+40%精料）、CAR 组（20%紫花苜蓿+20%箭筈豌豆+20%脆秆水稻秸秆+40%精料）和 CR 组（40%箭筈豌豆+20%脆秆水稻秸秆+40%精料）。

#### 1.1.3 饲养管理与试验饲粮

正式试验期每天饲喂黄淮肉羊公羊两次（8:30 和 18:30），试验期间自由饮水，采食，定期对羊群服用伊维菌素进行驱虫，并对羊舍进行清扫，消毒，以保证羊舍环境的干燥，清洁，

防止疫病的产生。日粮参照我国《肉羊饲喂标准》（NY/T 816-2021）制定，日粮中原料经粉碎、混合加工制成的全混颗粒饲料，晾干待用，试验日粮原料组成及其营养成分见表 1。

**表 1　箭筈豌豆干草替代苜蓿干草日粮原料组成与营养成分含量（风干基础）**

**Tab. 1　Raw material composition and nutrient content of diets with vetch hay instead of alfalfa hay (air drying basis)**

| 原料 raw material | 苜蓿组 Alfalfa | 苜蓿豌豆组 alfalfa and Vicia sativa | 豌豆组 Vicia sativa |
|---|---|---|---|
| 紫花苜蓿干草 | 40.00 | 20.00 | 0.00 |
| 箭筈豌豆花期干草 | 0.00 | 20.00 | 40.00 |
| 脆秆水稻秸秆 | 20.00 | 20.00 | 20.00 |
| 玉米 | 28.00 | 28.00 | 28.00 |
| 麦麸 | 2.91 | 4.80 | 6.60 |
| 大豆粕 | 5.40 | 3.60 | 1.85 |
| 食盐 | 0.70 | 0.70 | 0.70 |
| 碳酸钙 | 1.10 | 1.05 | 1.00 |
| 磷酸氢钙 | 0.89 | 0.85 | 0.85 |
| 预混料 Premix 1 | 1.00 | 1.00 | 1.00 |
| 精粗比 | 40:60 | 40:60 | 40:60 |
| 常规营养成分含量 | | | |
| 干物质 DM (%) | 93.4 | 91.8 | 93.1 |
| 粗蛋白质 CP (%) | 14.11 | 14.10 | 14.10 |
| 中性洗涤纤维 NDF (%) | 38.82 | 37.46 | 37.09 |
| 酸性洗涤纤维 ADF (%) | 20.43 | 19.69 | 18.95 |
| 粗灰分 Ash (%) | 8.49 | 10.04 | 11.58 |
| 钙 Ca (%) | 0.90 | 0.90 | 0.90 |
| 磷 P (%) | 0.51 | 0.51 | 0.51 |

注：预混料组成 mg/kg：铁 1500、铜 Cu 150、锰 600、锌 1000、维生素 A 25000 IU、维生素 D3 40000 和维生素 E 400 mg/kg。

Note: premix composition mg / kg: iron 1500, copper Cu 150, manganese 600, zinc 1000, vitamin A 25000 IU, vitamin D3 40000 and vitamin E 400 mg / kg.

### 1.2 样品采集与指标测定

#### 1.2.1 瘤胃液宏转录组测定

##### 1.2.1.1 总 RNA 提取及质量检测

选取 18 只羊瘤胃液样品，利用 Soil RNA Extraction Kit 试剂盒进行样品 RNA 抽提。完成 RNA 抽提后，检测 RNA 浓度和纯度，利用 1%琼脂糖凝胶电泳检测 RNA 的完整性，Agilent5300 检测 RQN 值。利用 RiboCop rRNA Depletion Kit for Mixed Bacterial Samples（lexogen，USA）试剂盒去除 RNA 样本中的 rRNA，获得目标 mRNA。

##### 1.2.1.2 文库构建、库检及测序

使用 Illumina® Stranded mRNA Prep, Ligation（Illumina，美国）建库，具体流程如下：

（1）加入离子打断试剂与随机引物，将目标 RNA 打断，并使随机引物与目标 RNA 互补；

（2）加入 1 链逆转录试剂，将目标 RNA 逆转录为 cDNA，形成 RNA 和 cDNA 的杂交链；

（3）加入 2 链合成试剂，去除 cDNA 和 RNA 杂交链中的 RNA，并合成二链 cDNA；

（4）二链 cDNA 合成产物进行末端补平和加 A；

（5）连接“Y”字形接头；

（6）使用磁珠筛选去除接头自连片段；

（7）利用 PCR 扩增进行文库模板的富集，获得转录组文库；

使用 Illumina NovaSeq 6000（Illumina，美国）测序平台进行宏转录测序，具体流程如下：

（1）文库分子一端与引物碱基互补，经过一轮扩增，将模板信息固定在芯片上；

（2）固定在芯片上的分子另一端随机与附近的另外一个引物互补，也被固定住，形成“桥(bridge)”；
（3）PCR 扩增，产生 DNA 簇；
（4）DNA 扩增子线性化成为单链。
（5）加入改造过的 DNA 聚合酶和带有 4 种荧光标记的 dNTP，每次循环只合成一个碱基；
（6）用激光扫描反应板表面，读取每条模板序列第一轮反应所聚合上去的核苷酸种类；
（7）将“荧光基团”和“终止基团”化学切割，恢复 3'端粘性，继续聚合第二个核苷酸；
（8）统计每轮收集到的荧光信号结果，获知模板 DNA 片段的序列。

**1.2.1.3 测序数据过滤、比对分析和拼接**

使用 fastp（https://github.com/OpenGene/fastp，version 0.19.6）对 reads 3'端和 5'端的 adapter 序列进行质量剪切；去除剪切后长度小于 50bp、平均碱基质量值低于 20 以及含 N 碱基的 reads，保留高质量的 pair-end reads 和 single-end reads；使用软件 SortMeRNA（http://bioinfo.lifl.fr/RNA/sortmerna/，version2.1b）将 reads 比对 SILVA SSU (16S/18S)和 SILVA LSU (23S/28S) 数据库，去除比对到 rRNA 的 reads。使用软件 Trinity（http://trinityrnaseq.github.io/，version 2.2.0）对优化序列进行拼接组装。在拼接结果中挑取长度 ≥300bp 的转录本。用 CD-HIT（http://www.bioinformatics.org/cd-hit/）对所有样品组装获得的长度 ≥300bp 的转录组本进行聚类去冗余（参数为：95% identity、90% coverage），每类取最长的基因作为代表序列，构建 Unigene 集，用于后续的物种和功能注释分析。将 Clean reads 与 Unigene 集进行比对，使用 RSEM（http://deweylab.biostat.wisc.edu/rsem/）计算基因表达量（RPKM 值）。

**1.2.1.4 mRNA 测序数据筛选、差异表达分析及功能分析**

使用 Diamond（https://github.com/bbuchfink/diamond，version 0.8.35）将 Unigene 集的氨基酸序列与 NR 数据库进行比对（BLASTP，比对参数设置期望值 e-value 为 1e-5），并通过 NR 库对应的分类学信息数据库获得物种注释，然后使用物种对应的基因表达丰度总和计算该物种的表达丰度。使用 Diamond（https://github.com/bbuchfink/diamond，version 0.8.35）对 Unigene 集进行 GO 注释，然后使用 GO 对应的基因表达丰度总和计算该 GO 的表达丰度。使用 Diamond（https://github.com/bbuchfink/diamond，version 0.8.35）将 Unigene 集的氨基酸序列与 KEGG 的基因数据库（GENES）进行比对（BLASTP，比对参数设置期望值 e-value 为 1e-5）。根据比对结果使用 KOBAS（KEGG Orthology Based Annotation System，version2.0）进行功能注释。使用 KO、Pathway、EC、Module 对应的基因丰度总和计算该功能类别的表达丰度。

**1.2.2 瘤胃液代谢组测定**

**1.2.2.1 代谢物提取及衍生化**

精确称量适量样本于 2 mL 离心管中，加入 600 μL 甲醇含 2-氯-L-苯丙氨酸（4 ppm），涡旋振荡 30 s；加入钢珠，放入组织研磨器中，50 Hz 研磨 120 s；室温超声 10 min；12,000 rpm 4℃离心 10 min，取上清液过 0.22 μm 膜过滤，过滤液加入到检测瓶中，用于 LC-MS 检测（Turroni S, Fiori J, et al. Fecal metabolome of the Hadza hunter-gatherers: a host-microbiome integrative view. Sci Rep. 2016 Sep 14;6:32826.）。

**1.2.2.2 代谢物的 UPLC-MS/MS 检测**

根据先前描述制备瘤胃液样本，将样本进行质控后，使用 Thermo Vanquish（Thermo Fisher Scientific, USA）超高效液相系统，使用 ACQUITY UPLC® HSS T3（2.1×100 mm, 1.8 μm）(Waters, Milford, MA, USA)色谱柱，0.3 mL/min 的流速，40℃的柱温，进样量 2 μL。正离子模式，流动相为 0.1%甲酸乙腈（B2）和 0.1%甲酸水（A2），梯度洗脱程序为：0~1 min，8% B2；1~8 min，8%~98% B2；8~10 min，98% B2；10~10.1 min，98%~8% B2；10.1~12

min，8% B2。负离子模式，流动相为乙腈（B3）和 5 mM 甲酸铵水（A3），梯度洗脱程序为：0~1 min，8% B3；1~8 min，8%~98% B3；8~10 min，98% B3；10~10.1 min，98%~8% B3；10.1~12 min，8% B3[86]。并与 Thermo Q Exactive 质谱检测器（Thermo Fisher Scientific, USA）联用，电喷雾离子源（ESI），正负离子模式分别采集数据。正离子喷雾电压为 3.50 kV，负离子喷雾电压为-2.50 kV，鞘气 40 arb，辅助气 10 arb。毛细管温度 325℃，以分辨率 70000 进行一级全扫描，一级离子扫描范围 m/z 100~1000，并采用 HCD 进行二级裂解，碰撞能量为 30 eV，二级分辨率为 17500，采集信号前 10 离子进行碎裂，同时采用动态排除去除无必要的 MS/MS 信息[87]。

#### 1.2.2.3 代谢物数据分析

通过 Proteowizard 软件包（v3.0.8789）中 MSCONvert 工具将原始质谱下机文件转换为 mzXML 文件格式。采用 R XCMS 软件包进行峰检测、峰过滤、峰对齐处理，得到物质定量列表，参数设置有 bw = 2，ppm = 15，peakwidth = c(5, 30)，mzwid = 0.015，mzdiff = 0.01，method = “centWave”。采用公共数据 HMDB、massbank、LipidMaps、mzcloud、KEGG 及自建物质库进行物质的鉴定，参数设置为 ppm < 30 ppm。基于 QC 样本的 LOESS 信号校正方法实现数据矫正，消除系统误差。数据质控中过滤掉 QC 样本中 RSD > 30%的物质。采用 R 软件包 Ropls[96]分别对样本数据进行主成分分析（PCA）、偏最小二乘判别分析（PLS-DA）、正交偏最小二乘判别分析（OPLS-DA）降维分析。并分别绘制得分图、载荷图和 S-plot 图，展示各样本间代谢物组成的差异。用置换检验方法对模型进行过拟合检验。R2X 和 R2Y 分别表示所建模型对 X 和 Y 矩阵的解释率，Q2 标示模型的预测能力，它们的值越接近于 1 表明模型的拟合度越好，训练集的样本越能够被准确划分到其原始归属中。根据统计检验计算 P value 值、OPLS-DA 降维方法计算变量投影重要度(VIP)、差异倍数（fold change, FC）计算组件差异倍数，衡量各代谢物组分含量对样本分类判别的影响强度和解释能力，辅助标志代谢物的筛选。当 P value 值 < 0.05 和 VIP 值> 1 时，认为代谢物分子具有统计学意义。采用 MetaboAnalyst 软件包对筛选差异代谢分子进行功能通路富集和拓扑学分析。富集得到的通路采用 KEGG Mapper 可视化工具进行差异代谢物与通路图的浏览。

# 2 结果与分析

## 2.1 基于宏转录组测序分析箭筈豌豆干草替代苜蓿干草对黄淮肉羊瘤胃的影响

### 2.1.1 宏转录组测序数据概况

为保证数据的质量和可靠性，对经测序后得到的原始数据进行筛查和过滤，通过测序平台（Illumina HiSeq 2500）从 18 只黄淮肉羊瘤胃液样品中测得原始数据。使用软件 fastq 剪切序列 3’端和 5’端的 adapter 序列，过滤剪切后长度小于 50bp 的 reads 及平均质量低于 20 以及含 N 碱基的 reads，得到高质量 pair-end reads 和 single-end reads。如表 3-3 所示，去除核糖体 RNA 后得到样品序列条数在 2393076 到 16553458 之间，clean reads 的大小从 0.35G 到 2.48G，18 个样品共得到超过 16G clean reads，三个处理组样品去除 rRNA 后序列条数占总序列条数 4.25%-43.46%。

**表 2 去除 rRNA reads 后数据统计表**

**Tab. 2 Statistics of non-rRNA data**

| 样品 Samples | 有效序列大小 Non-rRNA data(G) | 有效序列数 Non-rRNA reads | 有效序列长度 Non-rRNA bases(bp) | 序列条数占比 Percent in raw reads(%) | 序列长度占比 Percent in raw bases(%) |
|---|---|---|---|---|---|
| AR1 | 1.28 | 8650948 | 1282307046 | 19.28164766 | 18.92759882 |
| AR2 | 1.19 | 7997690 | 1190378863 | 17.70128231 | 17.44811125 |

| | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|
| AR3 | 0.35 | 2393076 | 354833059 | 4.250174859 | 4.173471333 |
| AR4 | 0.45 | 3038980 | 446280281 | 9.716432415 | 9.449519875 |
| AR5 | 0.37 | 2478456 | 368142377 | 4.730517566 | 4.653356343 |
| AR6 | 2.48 | 16553458 | 2479731637 | 43.46131307 | 43.116336 |
| CAR1 | 0.6 | 4043676 | 599098852 | 7.574833891 | 7.432215664 |
| CAR2 | 0.71 | 4834578 | 710634395 | 9.44513552 | 9.194304835 |
| CAR3 | 0.81 | 5479508 | 807189632 | 9.511499342 | 9.279104047 |
| CAR4 | 0.44 | 2961096 | 440786903 | 6.042292965 | 5.956635502 |
| CAR5 | 0.95 | 6461958 | 950906772 | 11.5792472 | 11.28436662 |
| CAR6 | 1.94 | 13046754 | 1942201085 | 27.65354397 | 27.26249306 |
| CR1 | 0.73 | 4930058 | 730949802 | 9.455258473 | 9.283932674 |
| CR2 | 0.42 | 2817158 | 417541296 | 5.20068804 | 5.104721889 |
| CR3 | 0.76 | 5074946 | 756336656 | 10.38236053 | 10.24714501 |
| CR4 | 1.27 | 8522620 | 1270074365 | 17.36211527 | 17.13490549 |
| CR5 | 0.98 | 6599306 | 984904577 | 15.07874377 | 14.90335695 |
| CR6 | 0.73 | 4929442 | 733621817 | 9.65940871 | 9.520243845 |

### 2.1.2 差异表达基因分析

使用 DESeq2 软件对三组样品基因表达量进行比较，以筛选三组样品之间的显著差异表达基因，筛选标准为：FDR < 0.05 且|$\log_2$FC| > 1。大多数基因在三组中均有所表达，与 AR 组相比，CAR 组共有 604 个差异表达基因，其中 141 个下调基因，463 个上调基因；CR 组共有 205 个差异表达基因，其中 173 个下调基因，32 个上调基因；与 CR 组相比，CAR 组共有 84 个差异表达基因，其中 41 个下调基因，43 个上调基因（图 1）。

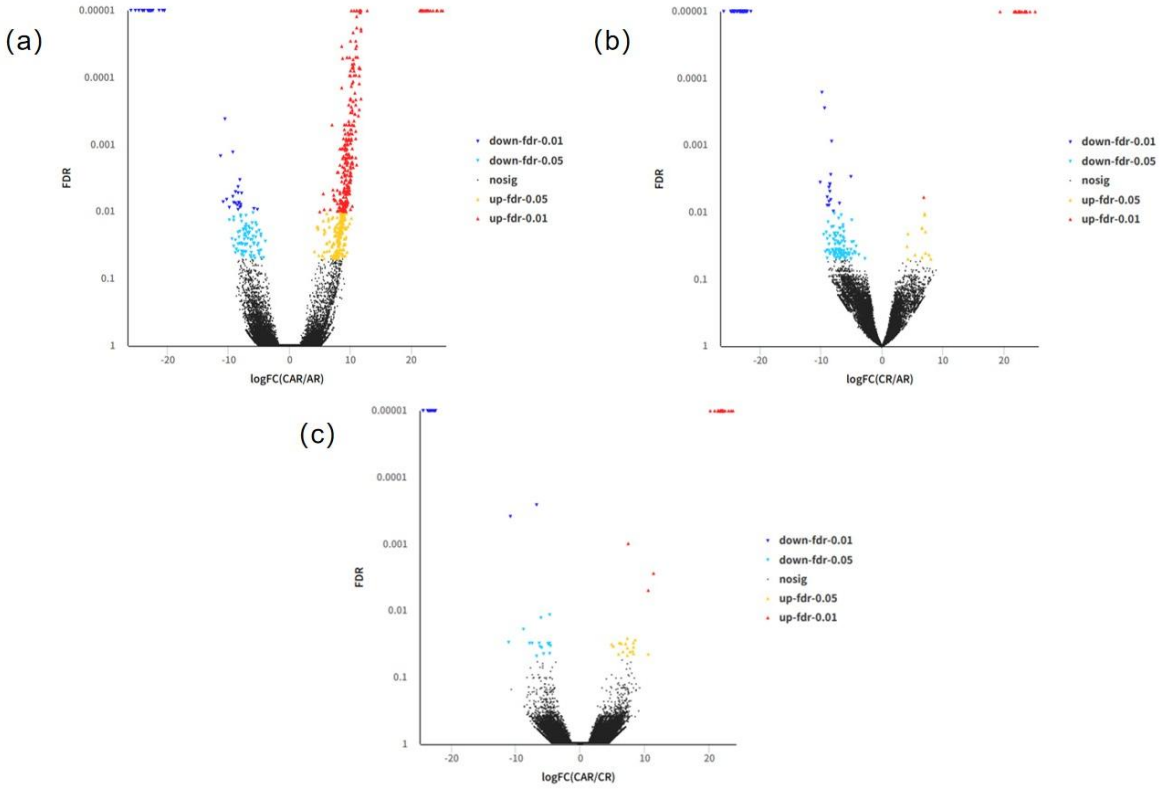



**图 1　三组间差异基因表达火山图**

**（a）AR vs CAR；（b）AR vs CR；（c）CR vs CAR**

**Fig. 3-8　The differential gene expression Volcano plot between the three groups**

**（a）AR vs CAR；（b）AR vs CR；（c）CR vs CAR**

### 2.1.3 差异表达基因的生物功能学分析

为探索试验组间差异基因两两相互关系，将三组试验筛选出较为显著的差异基因进行组间差异比较。根据韦恩图（图 2）在各组间差异基因个数，以及比较组之间的重叠关系，包括各组重叠基因的名称，进而分析基因的功能，筛选出三组间的差异基因。由图可知，三组间共同表达基因有 1017 个，其中 AR 组与 CAR 组共同基因有 1138 个，AR 组与 CR 组共同基因有 1066 个，CR 组与 CAR 组共同基因有 1084 个。

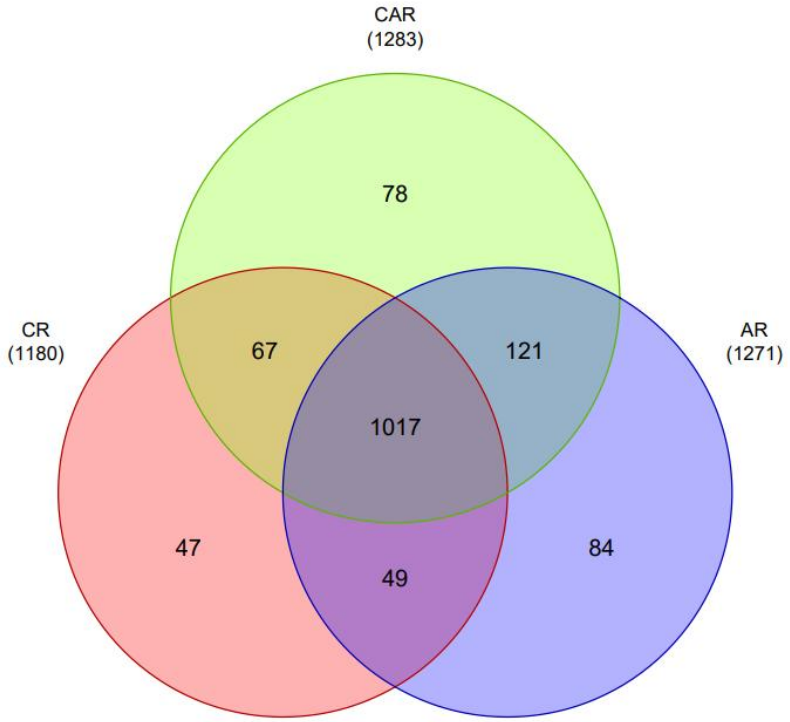



**图 2　三组间差异基因韦恩图**

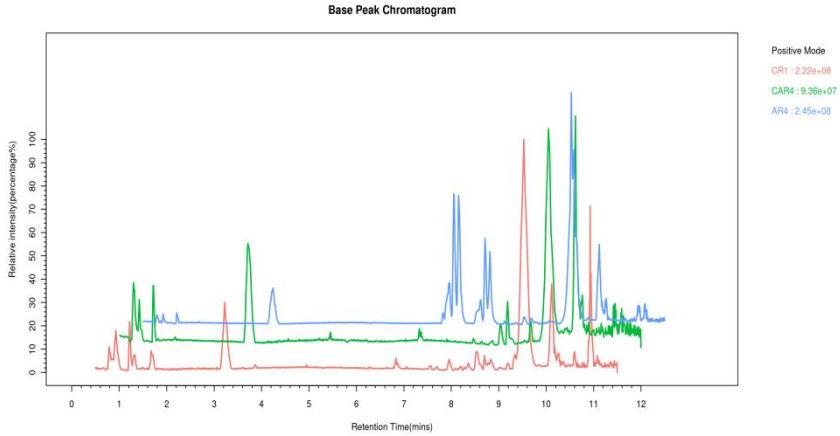
**Fig. 3-4　The differential gene Venn plot between the three groups**

## 2.2 箭筈豌豆干草替代苜蓿干草对黄淮肉羊瘤胃代谢组学的影响

### 2.2.1 数据质控与稳定性

不同模式（正负离子）下待测样品的基峰强度色谱图见图 3。由图所示，不同日粮处理 AR、CAR 和 CR 组之间存在明显差异，包括色谱峰的离子强度、峰数目和位置均不一致，说明不同处理组之间代谢产物存在显著差异。

（a）




（b）

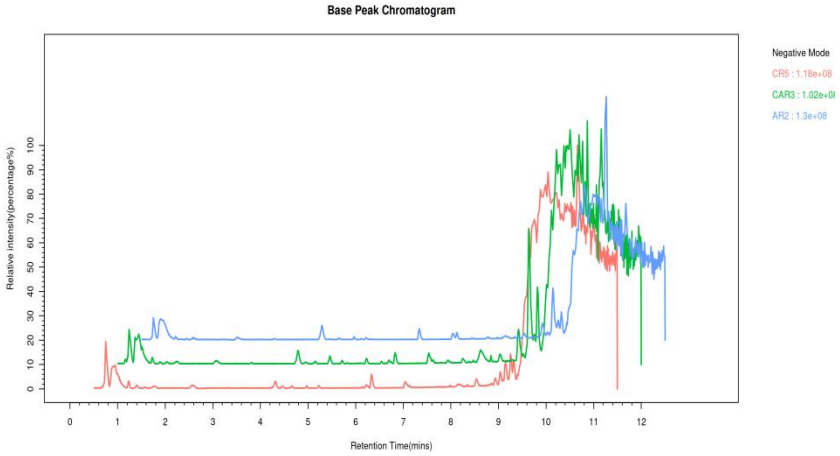



**图 3　正、负离子模式下的样本基峰色谱图（BPC）**

**（a）正离子模式；（b）负离子模式**

**Fig. 3　Basal peak chromatogram (BPC) in positive and negative ion modes**

**positive ion mode; (b) negative ion mode**

在基于质谱技术的代谢组学研究中，因其易受外界环境影响，且变化迅速，为获得可靠且高质量的代谢组学数据，需进行质量控制（Quality Control, QC），质量控制是获得具有稳定性和准确性代谢组结果的必要步骤。QC 样本间差异越小，说明方法稳定性越高，数据质量越好。如图 4 所示，在正离子和负离子模式下 PCA 图中（图 a，b）QC 样本均具有聚集趋势，在 95%置信区间内，说明重复性良好。在 RSD 分布图中（图 c，d），正离子模式和负离子模式下原始数据中 QC 样本中 RSD < 30%的特征峰比例分别达到 68.9%和 80.2%，说明试验数据良好，可靠性较高。

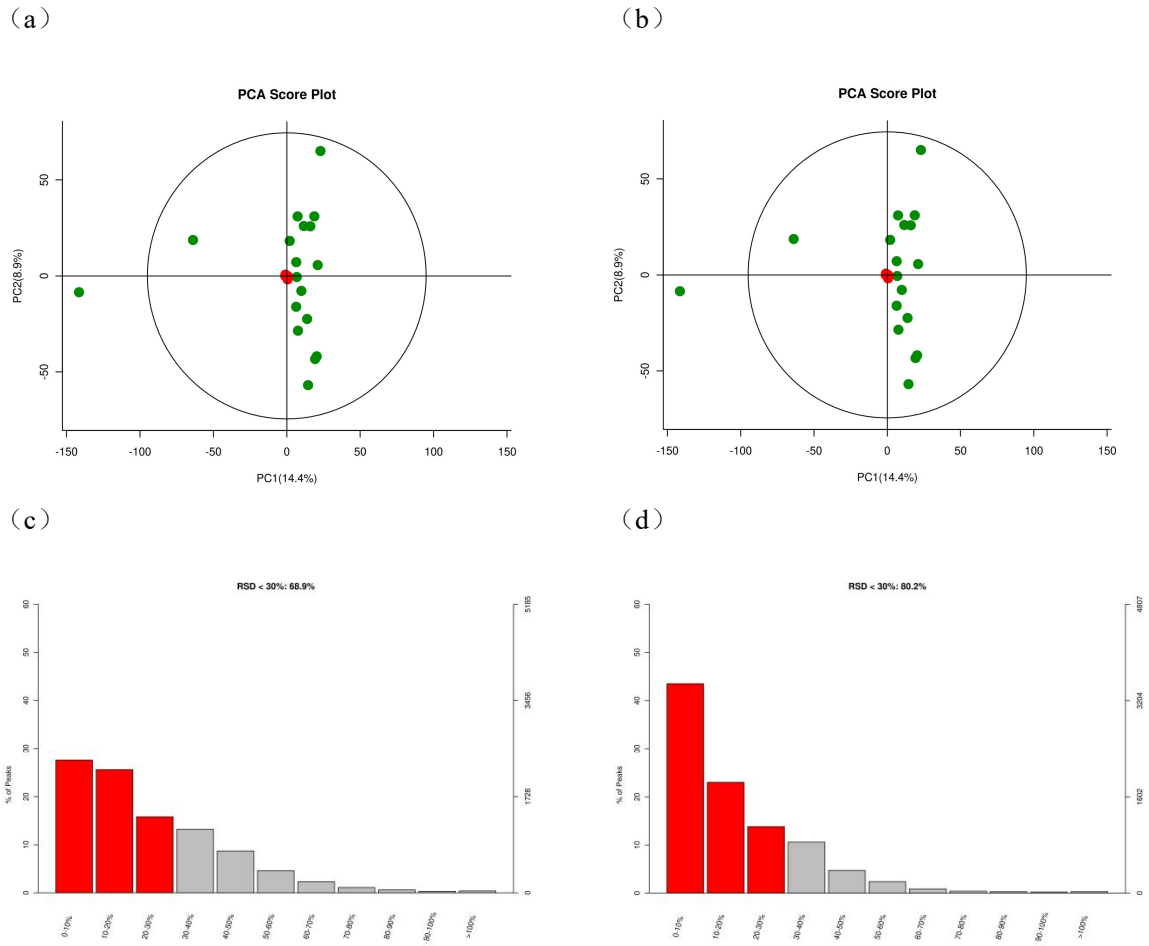



**图 4　正离子和负离子模式下 QC 样本 PCA 得分图和 RSD 分布图**

**（a）（c）正离子模式；（b）（d）负离子模式**

**Fig. 4　PCA scores of QC samples in positive ion and negative ion modes and RSD distribution map**

**(a) (c) positive ion mode; (b) (d) negative ion mode**

### 2.2.2 差异代谢物筛选与鉴定

为进一步评估各处理组间样本代谢物的差异，根据代谢组数据鉴定结果，对代谢物进行初步筛选和统计分析。不同分组间 AR 组与 CAR 组、AR 组与 CR 组、CAR 组与 CR 组代谢物均存在显著差异（图 5）。基于 OPLS-DA 模型得到的变量重要性投影(Variable Importance in Projection, VIP)，t 检验（VIP > 1, $P < 0.05$），得到三组总代谢物 411 种，其中三组间具有显著性差异的代谢物有胞嘧啶（*Cytosine*），亮氨酸酮（*Ketoleucine*），庚酸（*Heptanoic acid*），L-谷氨酸（*L-Glutamic acid*），2-甲氧基-4-乙烯基苯酚（*2-Methoxy-4-vinylphenol*）等 35 种。

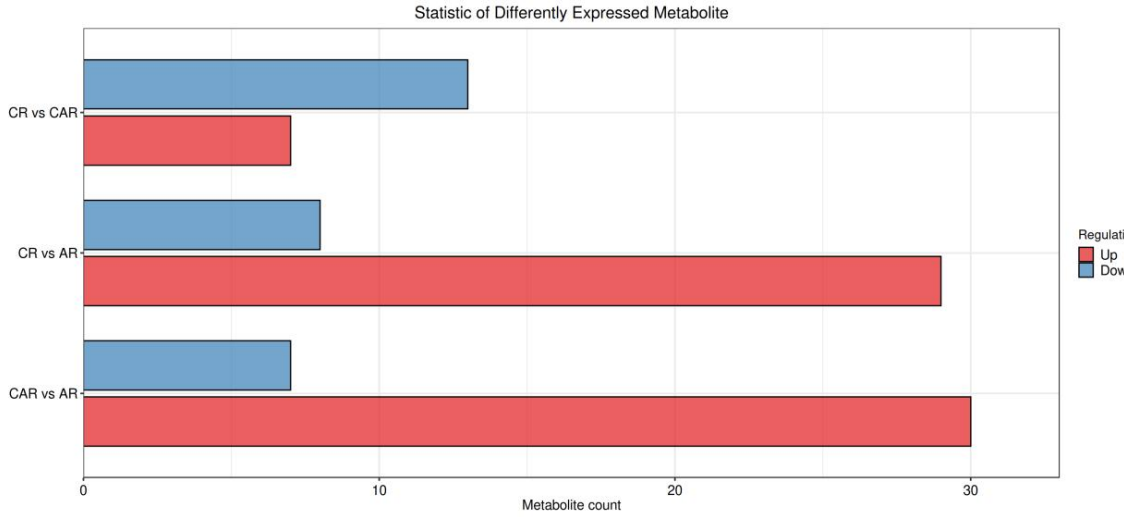
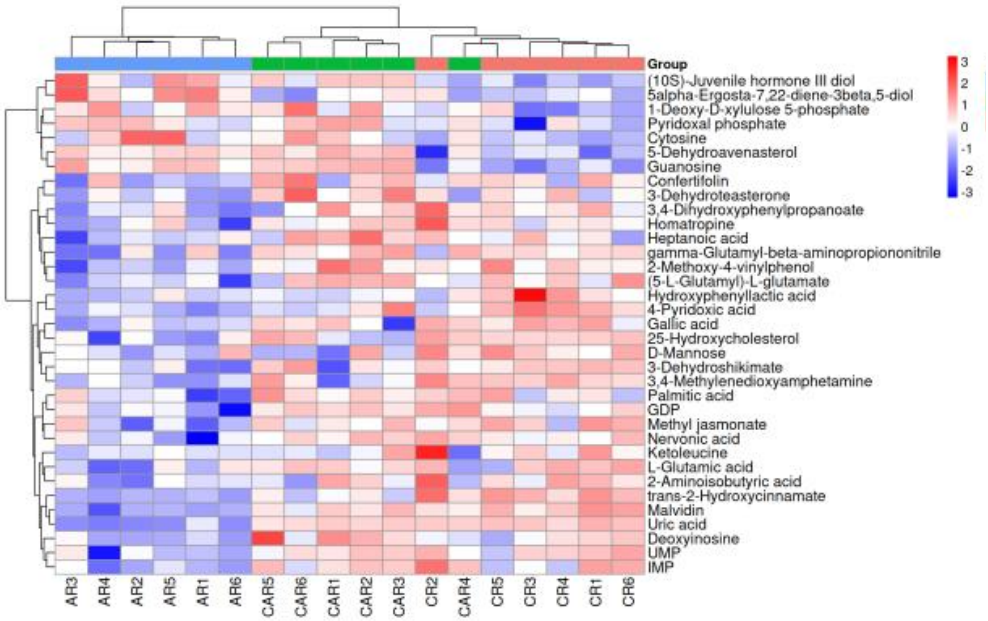



**图 5 不同分组间代谢产物差异比较**

**Fig. 5 Comparison of differences in metabolites among different groups**

### 2.2.3 差异代谢物聚类和关联分析

为进一步分析各组代谢产物的差异表达情况和互作关系，对不同组间代谢产物进行了层次聚类分析，如图 6（a）所示，不同处理组间代谢产物存在明显差异，说明饲喂箭筈豌豆对黄淮肉羊瘤胃液代谢产物有显著影响。图 6（b）为不同代谢产物关联热图，不同代谢产物之间存在明显的正相关和负相关，表明饲喂箭筈豌豆可对黄淮肉羊瘤胃微生物代谢途径存在交互作用。




（a）

（b）

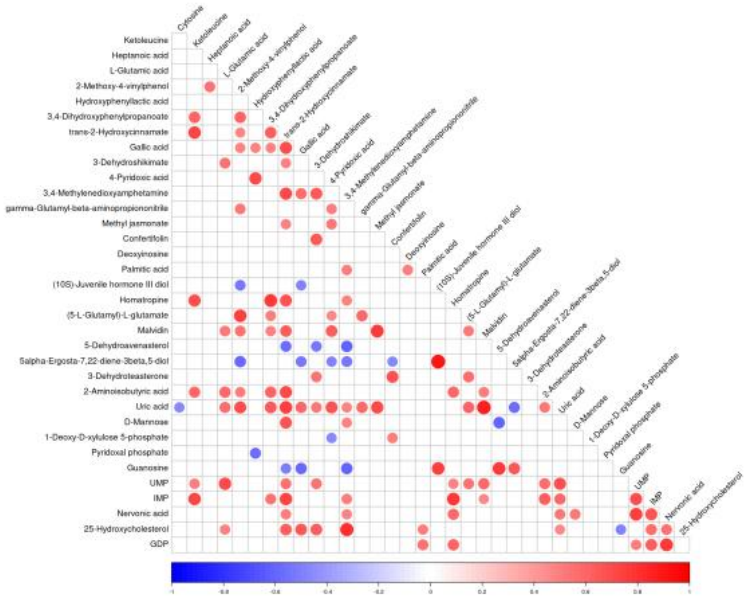



**图 6　箭筈豌豆干草替代苜蓿干草对黄淮肉羊瘤胃液差异代谢物聚类热图及关联热图**

**（a）差异代谢物聚类热图；（b）差异代谢物关联热图**

**Fig. 3-6　Cluster heat map and association heat map of differential metabolites in rumen fluid of Huanghuai sheep by replacing alfalfa hay with common vetch hay**

**( a ) Cluster heat map of differential metabolites; ( b ) Differental metabolite association heat map**

# 3.讨论

## 3.1 箭筈豌豆干草替代苜蓿干草对黄淮肉羊瘤胃宏转录组学的影响

瘤胃发育对于幼年反刍动物极为重要，机体生长发育过程中瘤胃随之不断变化，不仅在体积形态上发生改变，更在瘤胃内部发生骤变。幼龄反刍动物瘤胃由起初的不稳定不健全到成年后的稳定复杂，使得其饮食上有了多种多样的选择，不过无论其饮食如何变化，最终都需通过瘤胃微生物发酵分解，进而转化为营养物质被消化吸收[9]。本研究中，检测出的差异基因主要富集在细胞黏附，生物酶活，氨基酸代谢，维生素 $B_6$ 代谢，氮代谢，免疫系统过程等途径。与 AR 组相比，CAR 组差异基因在免疫系统通路上调，说明日粮中添加箭筈豌豆可调节机体免疫。孙美杰[10]等人研究发现改变湖羊日粮，其肝脏中与免疫系统相关的通路中基因有不同程度下调。也有研究发现，高比例精料会激活泌乳奶山羊的炎症反应，降低其抗氧化能力[11]。在免疫反应期间，营养物质从生长过程转向与免疫相关的过程可能会降低动物的饲料利用率[12]。这一结果与本文的研究结果一致，日粮中添加箭筈豌豆可改变反刍动物免疫系统和代谢途径，提高饲料利用率，促进生长发育。

## 3.2 箭筈豌豆干草替代苜蓿干草对黄淮肉羊瘤胃代谢组学的影响

瘤胃代谢组学研究显示，本研究中三个处理组之间瘤胃液代谢物存在显著差异，证明了箭筈豌豆干草替代苜蓿干草对瘤胃液代谢物有明显影响。KEGG 通路富集结果显示，大多数差异代谢物富集在嘌呤代谢通路上，嘌呤代谢的最终产物是尿酸，尿酸在细胞抗氧化，免疫调节等方面发挥着重要作用[13]。这提示了动物机体代谢对饲喂箭筈豌豆干草替代紫花苜蓿干草的响应。另外，维生素 $B_6$ 代谢通路中包含两种差异代谢物，分别为 *Pyridoxal phosphate* 和 *4-Pyridoxic acid*。B 族维生素常作为辅助因子参与机体生化反应，瘤胃微生物可生成维生素 $B_6$，维生素 $B_6$ 分解产物包括 *4-Pyridoxic acid*。李宁[14]等人研究发现，饲料颗粒度与加工方式可影响维生素 $B_6$ 的产生及代谢，进而影响机体免疫。谷氨酸参与机体三羧酸循环，饲粮组成成分不同，可影响瘤胃上皮细胞对谷氨酸的合成与代谢[15]。因此，推测箭筈豌豆干

草替代苜蓿干草饲喂黄淮肉羊，可影响其瘤胃微生物代谢，进而影响其他表征，具体影响途径还需进一步探究。

参考文献 References：


[21] HUANG Y F, MATTHEW C, LI F, et al. Common vetch varietal differences in hay nutritive value, ruminal fermentation, nutrient digestibility and performance of fattening lambs [J]. Animal, 2021, 15(7): 100244.

[22] 南志标, 王彦荣, 聂斌, 等. 春箭筈豌豆新品种"兰箭 3 号"选育与特性评价[J]. 草业学报, 2021, 30(4): 111-120.

[23] COX J E, THUMMEL C S, TENNESSEN J M. Metabolomic Studies in Drosophila [J]. Genetics, 2017, 206(3): 1169-1185.

[24] 周亚楠. 不同粗饲料来源饲粮对哺乳期牦牛犊牛生长和复胃发育的影响[D]. 青海: 青海大学, 2023.

[25] HASSA J, MAUS I, OFF S, et al. Metagenome, metatranscriptome, and metaproteome approaches unraveled compositions and functional relationships of microbial communities residing in biogas plants [J]. Applied microbiology and biotechnology, 2018, 102(12): 5045-5063.

[26] NIU S Y, YANG J, ADAM M D, et al. Bioinformatics tools for quantitative and functionalmetagenome and metatranscriptome data analysis in microbes [J]. Briefings in Bioinformatics, 2018, 19(6):1415-1429.

[27] LAVELLE A, SOKOL H. Gut microbiota: Beyond metagenomics, metatranscriptomics illuminates microbiome functionality in IBD [J]. Nature reviews Gastroenterology & hepatology, 2018, 15(4): 193-194.

[28] GOSALBES M J, DURBAN A, PIGNATELLI M, et al. Metatranscriptomic approach to analyze the functional human gut microbiota [J]. PLoS One, 2011, 6(3): e17447.

[29] BALDWIN V R L, MCLEOD K R, KLOTZ J, et al. Rumen development, intestinal growth and hepatic metabolism in the pre-and postweaning ruminant [J]. Journal of dairy science, 2004, 87: 55-65.

[30] 孙美杰, 曹力文, 郑文金, 等. 基于转录组学研究日粮添加尿素对育肥湖羊肝组织氨代谢的影响[J]. 畜牧兽医学报, 2023, 54(03): 1148-1159.

[31] DUANMU Y, CONG R,TAO S, et al. Comparative proteomic analysis of the effects of high-concentrate diet on the hepatic metabolism and inflammatory response in lactating dairy goats [J]. Journal of Animal Science and Biotechnology, 2016, 7: 5.

[32] FARRELL D, SHAUGHNESSY R G, BRITTON L, et al. The identification of circulating MiRNA in bovine serum and their potential as novel biomarkers of early mycobacterium avium subsp paratuberculosis infection [J]. PLoS One, 2015, 10(7): e0134310.

[33] HONG W, MO Q D, WANG L Y, et al. Changes in the gut microbiome and metabolome in a rat model ofpulmonary arterial hypertension [J]. Bioengineered, 2021, 12(1): 5173-5183.

[34] 李宁, 李梦雅, 彭全辉. B 族维生素在反刍动物营养中的研究进展[J]. 动物营养学报, 2021, 33(9): 4909-4919.

[35] LlU C, WU H, LlU S j, et al. Dynamic alterations in yak rumen bacteria community and metabolomecharacteristics in response to feed type [J]. Frontiers in Microbiology, 2019, 10: 1116.

# 基于 CRISPR/Cas9 系统的柳枝稷 *PvMYB106* 基因敲除及功能分析

周蝶，蔺孟卓，刘华玥，刘博文，张蕴薇*

（中国农业大学草业科学与技术学院，北京 100193）

**摘要：**MYB 转录因子是植物中最大的转录家族，广泛参与着植物的生长发育、次生代谢、信号转导和逆境响应等多个过程。PvMYB106 是在柳枝稷（*Panicum virgatum* L.）中发现的一个 MYB 转录因子，它与拟南芥 AtMYB106 同源性较近。本研究基于 CRISPR/Cas9 系统，通过 CRISPR-GE 网站设计 *PvMYB106* 编辑靶点和表达盒引物，再利用表达盒引物构建 sgRNA 表达盒，最后将 sgRNA 表达盒连到 pYLCRISPR/Cas9 载体上，获得了 *PvMYB106* 敲除载体。通过农杆菌介导法进行柳枝稷的遗传转化，我们共获得 40 个柳枝稷再生植株，在 DNA 水平鉴定出 36 个阳性植株，转化效率为 90.0%。经过靶点扩增和测序进一步鉴定出 29 株敲除植株，编辑效率为 80.6%，其中编辑类型包括 10 bp 缺失，2 bp 缺失和 1 bp 插入，并且靶点 1 和靶点 2 编辑效率较高。对 *PvMYB106* 基因编辑植株苗期的表型进行观测，发现敲除植株的株高较野生型植株低，说明 *PvMYB106* 可能调控着柳枝稷的生长和发育。本研究可为柳枝稷 MYB 家族基因的研究以及柳枝稷的分子育种奠定一些理论基础。

**关键词：**柳枝稷；MYB 转录因子；CRISPR/Cas9；基因敲除

# CRISPR/Cas9-mediated kockout and functional analysis of *PvMYB106* gene in switchgrass

Zhou Die, Lin Mengzhuo, Liu Huayue, Liu Bowen, Zhang Yunwei*

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

**Abstract:** MYB transcription factors are the largest transcription family in plants, widely involved in multiple processes including plant growth and development, secondary metabolism, signal transduction and stress response. PvMYB106 is an MYB transcription factor found in switchgrass (Panicum virgatum L.), which is closely homologous to Arabidopsis AtMYB106. In this study, based on the CRISPR / Cas 9 system, *PvMYB106* editing target and expression cassette primers were designed by CRISPR-GE website, sgRNA expression cassette was constructed by expression cassette primers, and finally connecting the sgRNA expression cassette to the pYLCRISPR / Cas 9 vector to obtain the *PvMYB106* knockout vector. Through genetic transformation of switchgrass by Agrobacterium-mediated method, we obtained a total of 40 switchgrass regenerated plants and identified 36 positive plants at the DNA level with a transformation efficiency of 90.0%. Further target amplification and sequencing identified 29

基金项目：自然科学基金项目（32071870）资助；
周蝶（2000-），女，汉族，湖北黄冈人，硕士研究生，主要从事牧草分子育种工作，E-mail：18701451377@163.com；
*通信作者 Author for correspondence，E-mail: zywei@126.com

knockout plants with an editing efficiency of 80.6%, with the editing types including 10 bp deletion, 2 bp deletion and 1 bp insertion, and high editing efficiency of target site 1 and target site 2. Observation of the phenotypes of PvMYB106 gene-edited plants at the seedling stage revealed that the knockout plants had lower plant height than the wild-type plants, indicating that *PvMYB106* may regulate the growth and development of switchgrass. This study may lay some theoretical foundations for the study of MYB family genes and the molecular breeding of switchgrass.
**Key words**: Switchgrass; MYB transcription factors; CRISPR/Cas9; Gene knock-out

转录因子（Transcription Factors）是指能与基因 5’端上游特定序列结合，提高或减弱基因对 RNA 聚合酶的招募作用，从而调控基因表达的一类蛋白质分子[1]。MYB 转录因子（(v-myb avian myeloblastosis viral oncogene homolog）是近年来发现的一个转录因子家族，是植物中最大的转录因子家族。根据 MYB 转录因子保守的 DNA 结构域——R 单元，可将 MYB 转录因子分为 1R-MYB， 2R-MYB(R2R3-MYB), 3R-MYB, 4R-MYB， 其中 R2R3-MYB 类最多[2]。

MYB 转录家族在植物生长发育、次生代谢、信号转导和逆境响应等多个过程起到了重要的作用。在生长发育方面，拟南芥 *AtMYB98* 在植株雌配体发育过程中具有调节细胞分化的功能[3]，*AtMYB24* 参与调控花药的形成过程[4]，而棉花 GhMYB109 影响着棉纤维的发育[5]；在次生代谢方面，杨树 PtrMYB57[6]可与 bHLH131 和 PtrTTG1 相互作用负向调控花青素的生物合成，菊花 CmMYB8[7]降低转基因植株中木质素含量并改变其组成；在信号转导方面，茶树 CsMYB4a[8]能够调控 Cs IAA4 介导的生长素信号转导途径；在逆境响应方面，过表达 OsMYB6 可以提高水稻的耐盐性和抗旱性[9]，GmMYB48[10]与 GmSPX1 相互作用可以增强大豆对低磷胁迫的耐受性，苹果 MdMYB88 和 MdMYB124 结合于 MdCCA1 的启动子，进一步调节 MdCBF 基因，提高苹果的耐寒性[11]。目前，在其它模式植物中已报道了 MYB 转录因子及其功能，但是在柳枝稷中报道较少，且作用机制尚不明确。

CRISPR/Cas9 基因编辑技术是利用细菌抵抗噬菌体的免疫机制，通过设计 gRNA 与 Cas9 结合，将其导向靶点 DNA 序列，Cas9 切割靶 DNA 序列就会产生双链断裂[12]。随后在不同的修复途径下，就能编辑靶基因。与 RNA 干扰技术相比，操作简单，成本低，更有利于研究基因的功能。柳枝稷（*Panicum virgatum* L.）是禾本科黍属多年生 C4 草本植物，对环境的适应性强。柳枝稷生长速度快，生物量高，是一种优良饲草。柳枝稷的纤维含量高，易降解，乙醇转化率高，是草本生物质能源研究的模式生物。另外柳枝稷还可作为水土保持和风障植物。因此将基因编辑技术应用于柳枝稷基因的研究，不仅可以进一步探究柳枝稷 MYB 转录因子的作用，而且对于柳枝稷的分子育种和遗传改良具有重要的作用。

# 1 材料与方法

## 1.1 试验材料

本研究用于遗传转化的愈伤组织由柳枝稷 Alamo 种子诱导而来，DH5α、EH105 菌株购自北京擎科生物科技股份有限公司，pYLCRISPR/Cas9 载体由南京农业大学刘耀光老师馈赠。

## 1.2 靶点设计

根据 PvMYB106 基因组序列，利用靶点设计网站 CRISPR-GE 网页(http://skl.scau.edu.cn/)进行靶点设计[13], 靶点长度为 20 bp, GC 含量含量控制在 45%~70%，尽量靠近 5’端。设计 4 个靶点，其中靶点 1、2 和 3 设计在基因第一个外显子子，靶点 4 在第二个外显子上。

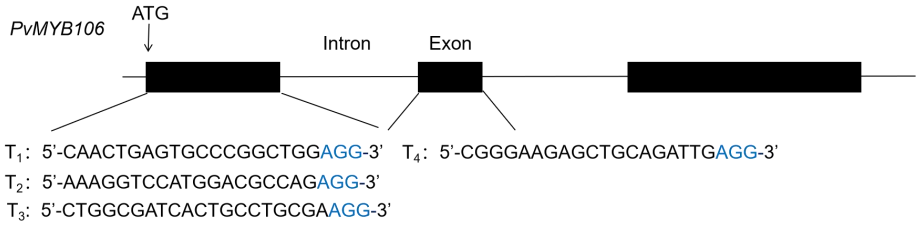



图 1 *PvMYB106* 编辑靶点位置

### 1.3 载体构建

利用 Overlapping PCR 法构建 sgRNA 表达盒。首先通过第一轮 PCR 分别将靶点序列引入到 U3/U6 启动子下游和 sgRNA 序列的上游，再通过第二轮 PCR，加入通用引物，将启动子、靶点和 sgRNA 构建成完整的表达盒。构建了四个 sgRNA 表达盒，四个表达盒分别由 OsU3、OsU6a、OsU6b 和 OsU6c 启动子驱动。最后利用 *Bsa* Ⅰ酶切和连接的“金门”克隆方法，以“边切边连”法组装 sgRNA 表达盒到 pYLCRISPR/Cas9 载体。载体经 PCR 鉴定正确后，由生工生物工程股份有限公司测序鉴定。

### 1.4 遗传转化

将测序正确的敲除质粒转入到农杆菌 EHA105 中，参照 Liu[14]等方法进行柳枝稷的遗传转化，利用潮霉素标记进行筛选，获得转基因再生植株。

## 2 结果与分析

### 2.1 *PvMYB106* 基因的基本信息

PvMYB106（ID: Pavir.6KG271100）基因组序列为 2449 bp，CDS 序列为 1227 bp，编码 409 个氨基酸。PvMYB106 是一个 R2R3-MYB 转录因子，其保守结构域如图 1。

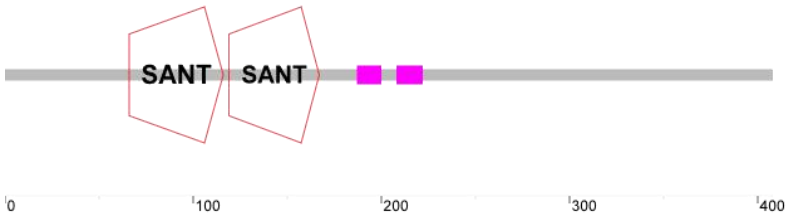



图 2　PvMYB106 蛋白的保守结果域

### 2.2 *PvMYB106* 基因敲除载体的构建

经构建好的 *PvMYB106* 基因敲除载体转入到大肠杆菌 DH5α 后，通过农杆菌菌落 PCR 进行验证。阳性菌 PCR 产物大小为 2500bp 左右。PCR 扩增结果见下图 2，其中 3、4、5、6 号正确，说明成功构建了 *PvMYB106* 基因敲除载体。

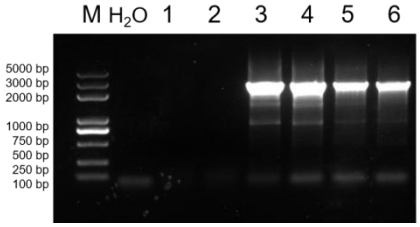



图 3　PCR 验证 *PvMYB106* 基因敲除载体

注：M 为 Trans 2K Plus DNA Marker；$H_2O$ 为阴性对照，1～6 为农杆菌 PCR 结果

### 2.3 柳枝稷的遗传转化及转基因植株的获得

通过农杆菌介导遗传转化方法，侵染柳枝稷的愈伤组织。愈伤组织经潮霉素筛选一个月后，移到分化培养基中见光分化，分化一个月后移到生根培养基进行生根培养，最后将转基因植株移到营养土中。柳枝稷的遗传转化过程见图 3。

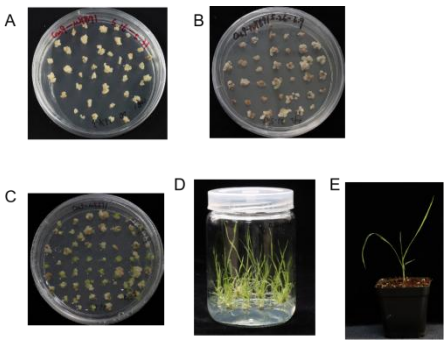



图 4　柳枝稷的遗传转化

注：　图 A 和 B 为侵染后的愈伤组织分别在 50、100mg/L 潮霉素中各筛选 14 d；图 C 为愈伤组织见光分化 30 d；图 D 为生根培养基生长 30 d；图 E 为移至土中生长 3 d

## 2.4 转基因植株的鉴定和表型分析

利用 CTAB 法提取转基因植株的 DNA，利用 PCR 扩增进行 DNA 水平的鉴定。DNA 鉴定结果如图 5，结果表明共获得 36 个阳性植株，转化效率为 90.0%。经过靶点 PCR 扩增和测序进一步鉴定出 29 株敲除植株，编辑效率为为 80.6%，其中编辑类型包括 10bp 缺失，2bp 缺失和 1bp 插入，结果如图 6。其中靶点 1 的编辑最高，其次为靶点 2 和靶点 4，靶点 3 未发生编辑，说明除了靶点 3，其它三个靶点均适用于 *PvMYB106* 基因的编辑。最后对苗期的敲除植株进行观测，发现敲除株系株高更低（图 6），与实验室前期构建的 *PvMYB106* 过表达植株的表型刚好相反，这说明 *MYB106* 可能参与调控柳枝稷的生长和发育，但具体机制有待进一步探究。

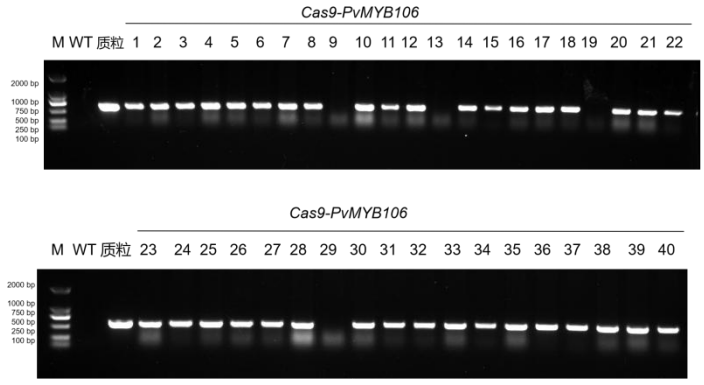



图 5　*PvMYB106* 基因敲除植株的 DNA 鉴定

**Target1**:
EV: 5'-CAACTGAGTGCCCGGCTGGAGG-3'
1 2 5: 5'-CAACTGAGT- - - - - - - - - - AGG-3' **-10 bp**
3 4 12 15 16 20 23 30 31 32 33 35 36 38 39: 5'-CAACTGAGTGCCCGGCTTGGAGG-3' **+1 bp**
7 8: 5'-CAACTGAGTGCCCGGCCTGGAGG-3' **+1 bp**
17 18 21 24: 5'-CAACTGAGTGCCCGGCGTGGAGG-3' **+1 bp**
11 25 26 28 34: 5'-CAACTGAGTGCCCGGCATGGAGG-3' **+1 bp**

**Target2**:
EV: 5'-AAAGGTCCATGGACGCCAGAGG-3'
21 26 28 31 32 33 38: 5'-AAAGGTCCATGGAC - - CAGAGG-3' **-2 bp**
1 2 3 4 5 7 8 11 12 15 23 30 35 36 39: 5'-AAAGGTCCATGGACGCACAGAGG-3' **+1 bp**
16 17 18 20 24 25 27 34: 5'-AAAGGTCCATGGACGCTCAGAGG-3' **+1 bp**

**Target3**：均未编辑

**Target4**:
EV: 5'-CGGGAAGAGCTGCAGATTGAGG-3'
30 35 36 39: 5'-CGGGAAGAGCTGCAGAGTTGAGG-3' **+1 bp**
11 26 28: 5'-CGGGAAGAGCTGCAGAATTGAGG-3' **+1 bp**

图 6　*PvMYB106* 基因敲除植株的编辑情况




图 7　*PvMYB106* 基因敲除植株的表型

## 参考文献

[1] Guo Y F, Gan S S. AtNAP, a NAC family transcription factor, has an important role in leaf senescence. The Plant Journal, 2006, 46: 601-612.

[2] Dubos C, Stracke R, Grotewold E, et al. MYB transcription factors in Arabidopsis[J]. Trends in Plant Science, 2010, 15(10):573-581.

[3] Punwani J A, Rabiger D S, Lloyd A, Drews G N. The MYB98 subcircuit of the synergid gene regulatory network includes genes directly and indirectly regulated by MYB98[J]. The Plant Journal, 2008,55(3):406-414.

[4] Cheng H, Song S, Xiao L, Soo H M, Cheng Z, Xie D, Peng J. Gibberellin acts through jasmonate to control the expression of MYB21, MYB24, and MYB57 to promote stamen filament growth in Arabidopsis[J]. PLoS Genetics, 2009,5(3):e1000440.

[5] Pu L, Li Q, Fan X, Yang W, Xue Y. The R2R3 MYB transcription factor GhMYB109 is required for cotton fiber development[J]. Genetics, 2008,180(2):811-820.

[6] Wan S, Li C, Ma X, Luo K. PtrMYB57 contributes to the negative regulation of anthocyanin and proanthocyanidin biosynthesis in poplar. Plant Cell Rep. 2017 Aug;36(8):1263-1276.

[7] Zhu L,Guan YX,Zhang ZH,et al.CmMYB8 encodes an R2R3 MYB transcription factor which represses lignin and flavonoid synthesis in Chrysanthemum[J].Plant Physiol Biochem,2020,149：217-224.

[8] Guoliang Ma, Mingzhuo Li, Yinglinget Wu,et al. CsMYB4a participates in regulation of stamen growth by interaction with auxin signaling transduction repressor CsAUX/IAA4[J].The Crop Journal,2024, 12：188-201.

[9] Tang YH,Bao XX,Zhi YL,et al.Overexpression of a MYB family gene,OsMYB6,increases drought and salinity stress tolerance in transgenic rice[J].Front Plant Sci,2019,10：168.

[10] Zhang J, Zhou X, Xu Y, Yao M, Xie F, Gai J, Li Y, Yang S. Soybean SPX1 is an important component of the response to phosphate deficiency for phosphorus homeostasis. Plant Sci. 2016 Jul;248:82-91.

[11] Geng, D., Shen, X., Xie, Y. et al. Regulation of phenylpropanoid biosynthesis by MdMYB88 and MdMYB124 contributes to pathogen and drought resistance in apple. Hortic Res 7, 102 (2020).

[12] JINEK M,CHYLINSKI K,FONFARA I,et al. A programmable dual-RNA-guided DNA endonuclease in adaptive bacterial immunity[J]. Science,2012,337(6096):816-821.

[13] 曾栋昌,马兴亮,谢先荣,等.植物 CRISPR/Cas9 多基因编辑载体构建和突变分析的操作方法[J].中国科学:生命科学,2018,48(07):783-794.

[14] Liu Y, Cen H, Yan J, Zhang Y, Zhang W. Inside out: high-efficiency plant regeneration and Agrobacterium-mediated transformation of upland and lowland switchgrass cultivars[J]. Plant Cell Reports,34(7):1099-1108.

# 海拔高度对高加索三叶草开花进程和花序生理指标的影响

张慧敏[50]，王明玖[1*]，提忠慧[1]，刘嘉伟[2]，曹克璠[1]，马一鸣[1]

（1.内蒙古农业大学草原与资源环境学院，内蒙古 呼和浩特 010020；2.内蒙古自治区农牧业科学院，内蒙古 呼和浩特 010031）

**摘要：**在青藏高原（海拔 2320 m 处）、内蒙古高原（海拔 1060 m 处）和东北平原（海拔 249 m 处）采集高加索三叶草初花期、盛花期和末花期的气候数据和新鲜花序样本。花序的 10 个生理指标被分为花青素合成因子，抗氧化酶因子和植物激素因子。结果表明随海拔的升高，平均气温显著下降。生长在海拔较高的高加索三叶草种群的开花期和单个花序的寿命显著延长。花青素合成因子的差异主要表现在 2320 m 与 249 m。在 2320 m 处，赤霉素（GA）的含量随开花时间的延长而明显降低，在 1060 m 处达到最大值 400 μg/g。抗氧化酶因子无明显的海拔差异。

**关键词：**高加索三叶草；海拔；花青素合成指标；植物激素；抗氧化酶活性

# Effect of Altitude on Flowering Process and Inflorescence Physiological Indices in Caucasian Clover

ZHANG Hui-min[1], WANG Ming-jiu[1*], TI Zhong-hui[1], CAO Ke-fan[1], LIU Jia-wei[2], MA Yi-ming[1], HAO Lu[1]

[1]College of Grassland, Resources and Environment, Inner Mongolia Agricultural University, Hohhot, Inner Mongolia, China.

[2]Inner Mongolia Academy of Agricultural and Animal Husbandry Sciences, Hohhot, China

**Abstract：** Climatic data and fresh inflorescence samples were collected from Caucasian clover at first, full and last flowering stages on the Tibetan Plateau (2320 m a.s.l.), the Inner Mongolian Plateau (1060 m a.s.l.) and the Northeast Plain (249 m a.s.l.). 10 physiological indices of inflorescence were classified into anthocyanin synthesis factor, antioxidant enzyme factor and phytohormone factor. The results showed a significant decrease in mean temperature with increasing altitude. Flowering time and longevity of individual inflorescences were significantly longer in Caucasian clover populations growing at higher altitudes. Differences in anthocyanin synthesis factors were mainly between 2320 m and 249

基金项目：国家自然科学基金项目（32160334）资助

作者简介：张慧敏，女，内蒙古巴彦淖尔人，在读博士生，主要从事牧草遗传育种研究，
E-mail: zhanghm0927@163.com；*通信作者 Author for correspondence，wangmj_0540@163.com

m. Gibberellin (GA) content decreased significantly with flowering time at 2320 m, reaching a maximum value of 400 μg/g at 1060 m. There were no significant altitudinal differences in antioxidant enzyme factors. Structural equation modelling indicated that anthocyanin synthesis factors were more sensitive to environmental changes than phytohormone factors.

**Key words**： Caucasian clover, altitude, anthocyanin synthesis factors, phytohormone, antioxidant enzyme activities

海拔是许多植物适应性研究的主题[1]。一些研究只比较小规模海拔梯度或相同地形下植物营养生长的适应性[2]。高加索三叶草是混合温带牧场中持久性草种。花序致密，从粉白色开始，逐渐变为浅粉红色，后为玫瑰红色，花期持续时间长[3]。然而，开花的不一致性对种子收获构成挑战。高加索三叶草由于其广泛的生态耐受性，在东北平原、内蒙古高原和青藏高原等温度环境恶劣的生境下仍良好生长[4]。植物的繁殖适应性是决定其经济价值和潜在用途的关键因素。关于高加索三叶草生殖器官在海拔上的生理适应知识有限。本研究探讨高加索三叶草花序在不同海拔的生理机制，以寻求调节开花以平衡种子产量和花蜜产量的潜在方法。

# 1 材料与方法

## 1.1 试验地概况和试验设计

蒙农三叶 1 号（*Trifolium ambiguum*‘Mengnon No.1’）为试验材料。本研究于 2021 年 5 月至 7 月在青海省西宁市（43°37'N，122°15'E，海拔 2320 m）、内蒙古呼和浩特市（40°48' N, 111°42' E，海拔 1060 m）和内蒙古通辽市（43°37' N, 122°15' E，海拔 249 m）进行。在初花期（20%植株开花）、盛花期（80%植株开花）和末花期（80%的个体处于开花末期并结实）从 20 平方米的区域随机选择约 100 个健康完整的花序立即冷冻在液氮中，用于实验室分析花青素合成相关的因素，包括原花青素（PA）、可溶性糖（SS）、花青素（ACY）和花青素还原酶（ANR）；抗氧化酶因子，包括超氧化物歧化酶（SOD）、过氧化物酶（POD）和过氧化氢酶（CAT）；以及植物激素因子，包括吲哚-3-乙酸（IAA）、赤霉素（GA）和脱落酸（ABA）。

## 1.2 个体和群体花期进程

本研究中以 50%的植株形成花芽为群体花期的开始，80%的花序凋落为群体花期结束。在盛花期时随机选取 18 个花蕾，每隔 3～5 天用游标卡尺测量 1 次花序长度和宽度，直至花序枯萎。对花序的生长速度进行分析。气候数据（气温、降水、日照、风速和湿度）来源于网站 https://rp5.ru.、www.weather-atlas.com 和 https://www.tianqi24.com/。

## 1.3 花序生理指标

生理试剂盒检测 PA、SS、ACY、ANR、SOD、POD 和 CAT。超高效液相色谱法测定 IAA、ABA 和 GA 的浓度[5,6]。

## 1.4 数据分析

方差分析确定不同试验地生理指标是否存在差异。结构方程模型（SEM）研究环境变量与生理变量之间的关系。生理指标被视为响应变量，环境变量被视为自变量。数据处理和异常数据消除使用 IBM SPSS Statistics 28.0.0.0 软件进行。图像使用 Origin 2021 创建，SEM 使用 Python 软件的 Semopy 软件包进行。使用默认的 "最大似然法 "和 "Wishart log-likelihood "方法对模型进行优化。

## 2 结果与分析

### 2.1 开花进度

2320 m 处的花期最长为 49 天，其次是 1060 m 处 40 天，最短的是 249 m 处为 34 天（图 1A）。2320 m 处的单个花序可持续 20 天，纵向生长速度明显快于横向生长速度，最大长度和宽度分别约为 30 mm 和 20 mm（图 1C）。1060 m 处的单花序开花时间约为 12 天，花序的最大长度和宽度分别为 25 mm 和 22 mm（图 1D）。249 m 处的单花序开花时间约为 13 天。花序的最大长度和宽度分别为 21 mm 和 13 mm，花序的纵向和横向生长速度相似（图 1E）。高加索三叶草的花期与海拔高度呈正相关，花序的尺寸随海拔的升高而增大（图 1）。

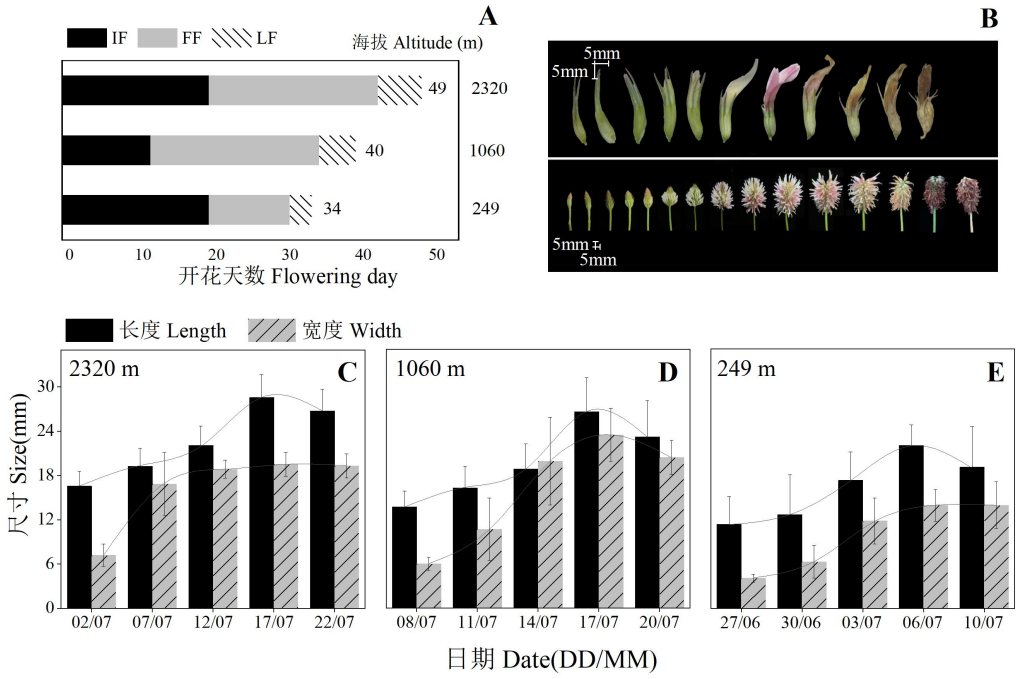



**图 1 不同地点高加索三叶草的开花情况。A 为不同地区种群的开花期。B，小花和花序开放过程的形态。C、D 和 E 为花序生长速度。IF，初花；FF，盛花；LF，末花。**

**Figure 1 The flowering of Caucasian clover at different sites. A showed the duration of the flowering of populations. B demonstrated the morphology of the floret and inflorescence opening process. C, D, and E described the growth rate of an inflorescence size. IF, initial flowering; FF, full flowering; LF, last flowering.**

### 2.2 花序花青素合成因子

PA、SS、ACY 和 ANR 随开花时间和海拔高度的变化而显著不同（图 2）。在初花期和盛花期，PA 浓度在 2320 m 和 2320m 以下之间存在差异。在海拔 2320 m 和 249 m 的末花期，PA 浓度明显下降（图 2）。在初花期，SS 浓度随海拔升高而增加，在 2320 米和 249 米处，SS 浓度在盛花期有显著差异。相比之下，开花末期海拔高度对 SS 没有明显影响（图 2）。初花期 ACY 浓度在 249 m 处达到最大值，盛花期在所有海拔高度均显著增加，在末花期则没有明显海拔变化趋势（图 2）。ANR 在初花期随着海拔的升高而降低，仅在 2320 米和 2320 m 以下的盛花期出现差异，而在末花期海拔对 ANR 没有影响（图 2）。

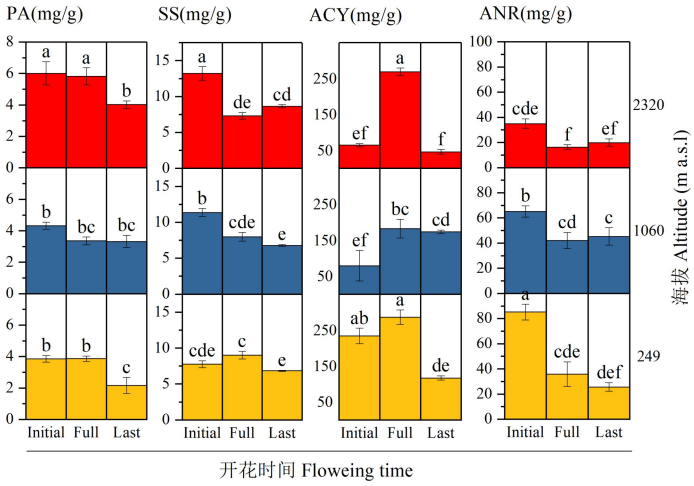



**图 2 取样时间和海拔对高加索三叶草中原花青素（PA）、可溶性糖（SS）、花青素（ACY）和花青素还原酶（ANR）浓度的影响。标有相同字母的列无显著差异($P < 0.05$)。Initial，Full 和 Last 分别为初花期、盛花期和末花期。**

**Figure 2 The effects of sampling time and altitude on the concentrations of proanthocyanidins (PA), soluble sugar (SS), anthocyanidins (ACY), and anthocyanidin reductase (ANR) in Caucasian clover. Columns labeled with the same letter are not significantly different at $P < 0.05$.**

## 2.3 激素因子

GA、IAA 和 ABA 浓度随开花时间和海拔高度的变化较大（图 3）。GA 在海拔 1060m 达到最大值，在初花、盛花期和末花期与海拔 2320 m 和 249 m 显著不同（图 3）。IAA 在 249 m 及以上海拔的初花和盛花期出现差异，而在 1060 m 的末花期则显著增加（图 3）。ABA 浓度在初花期受海拔影响，但在盛花期和末花期没有海拔变化趋势（图 3）。

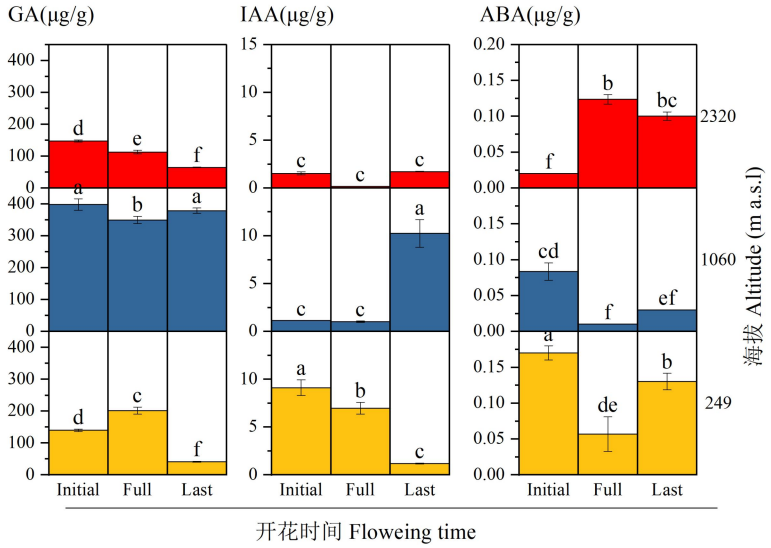



**图 3 取样时间和海拔对高加索三叶草中吲哚乙酸 (IAA)、赤霉素 (GA) 和脱落酸 (ABA) 浓度的影响。标有相同字母的列无显著差异($P < 0.05$)。Initial，Full 和 Last 分别为初花期、盛花期和末花期。**

**Figure 3 The impact of sampling time and altitude on the concentrations of acetic acid (IAA), gibberellic acid (GA), and abscisic acid (ABA) in Caucasian clover. Columns labeled with the same letter are not significantly different at $P < 0.05$.**

### 2.4 抗氧化酶因子

POD、SOD 和 CAT 随开花时间和海拔高度变化很大（图 4）。在初花期，POD 没有明显的海拔趋势差异，但在 2320 米和 1060 米处，从盛花期到末花期出现差异（图 4）。SOD 在初花期的 1060 m 和 249 m 之间有显著差异，在盛花期的 2320 m 和 2320 m 以下之间有显著差异。SOD 的最大值出现在 1060 m 的末花期（图 4）。CAT 在采样时间和海拔高度上存在差异，与海拔高度的关系不呈线性趋势（图 4）。

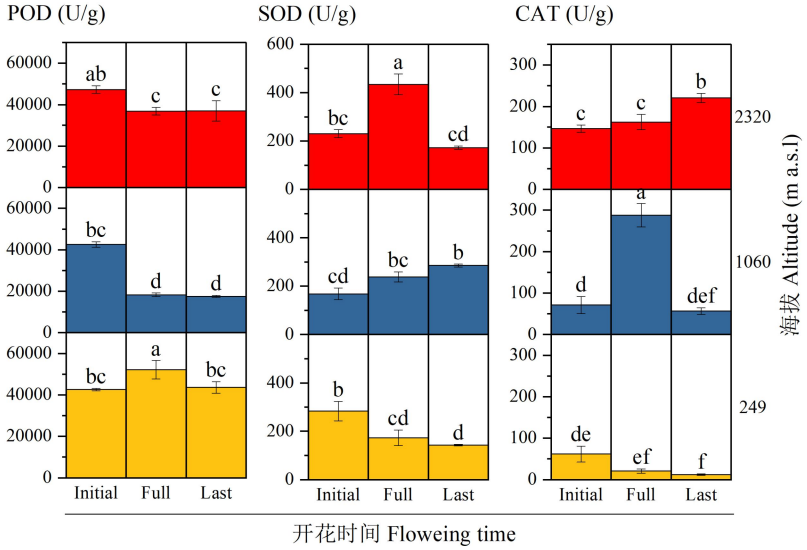



**图 4 取样时间和海拔对高加索三叶草中超氧化物歧化酶 (SOD)、过氧化物酶 (POD) 和过氧化氢酶 (CAT) 浓度的影响。标有相同字母的列无显著差异($P < 0.05$)。Initial，Full 和 Last 分别为初花期、盛花期和末花期。**

**Figure 4 The effects of sampling time and altitude on concentrations of superoxide dismutase (SOD), peroxidase (POD), and catalase (CAT) in Caucasian clover. Columns labeled with the same letter are not significantly different at $P < 0.05$.**

## 3 讨论

在 2320 m 处，花期的开始日期推迟。花序生长速度与海拔呈负相关。在 2320 m 处的高加索三叶草花序比在 249 m 处的花序更鲜亮（图 1A）。花序物候包括开花开始时间和持续时间[7]。海拔作为一种地形因素，造成了气候因子和土壤因子之间的差异[2]。植物的开花物候与气候环境密切相关。温度是开花的关键因素[8]。一般来说，温度与海拔之间呈负相关，即海拔越高，温度越低，昼夜温差越大[9]。海拔高度会影响土壤温度，从而影响土壤微生物和有机物的分解，而有机物不适合在低温下分解转化，不利于植物开花 [10]。较高的降雨量不利于开花，会降低光合速率，减缓生长速度，导致植物从无性繁殖向有性繁殖过渡困难。

PA 是一种多酚类化合物，在加热和酸处理下可产生具有抗氧化、捕捉自由基，并能抵抗机械损伤、紫外线损伤的 ACY [11]。ANR 催化 PA 形成的前体黄酮醇，将其转化为表黄烷-3-醇，并聚合形成 PA [12]。ACY 是一种水溶性天然色素，属于黄酮类化合物，广泛存在于植物中。在自然条件下，ACY 的游离态很少见，主要以苷的形式存在。研究表明，ACY 的合成通常是植物的一种应激反应，尤其是在天气发生重大变化时[11]。暴露在紫外线-B（UV-B）辐射下会导致活性氧（ROS）生成增加 [13]。然而，研究发现黄酮类化合物可以

减轻短波辐射造成的氧化损伤，并通过限制紫外线-B 辐射对植物器官的穿透来降低产生 ROS 的风险[14]。在海拔较高的地方，紫外线-B 辐射的增加会引发高加索三叶草花青素因子的合成，从而导致 PA 的增加。ACY 的含量最初会增加，但随后会随着海拔的升高而减少，这可能是它们是通过糖苷键与葡萄糖、鼠李糖和半乳糖形成的。因此，SS 含量对 ACY 有一定影响。花序中的 GA 浓度在海拔 1060 米处达到峰值，而 IAA 浓度在同一海拔高度的最后一个花期显著增加（图 3）。IAA 促进细胞伸长，调节核酸和蛋白质的合成，从而延缓植物衰老[15]。GA 可调节植物体内自由水和结构水的含量，促进从幼苗到成熟期的生长，诱导开花、打破植物休眠、刺激雄花分化、提高细胞 IAA 水平，使植物结籽并延缓衰老[16]。高温可以诱导色氨酸转移酶编码基因的表达，从而增加 IAA 的含量。海拔高度与 IAA 含量之间的关系仍存在争议。本研究结果表明，尽管温度降低，但海拔越高，IAA 含量越高。有研究发现，在低温条件下，水稻植株中的辅酶含量增加到 160%，而在高温条件下则达到 130%[17]。生物因素也会影响 IAA 的水平。GA 水平会影响 IAA 合成途径中的基因表达，并影响 IAA 的极性运输。研究指出，花青素物质清除 ROS 的效果至少是抗氧化剂的四倍。因此，花青素合成因子在高加索苜蓿对环境的生理适应中发挥着重要作用[18,19]。

## 4 结论

高加索三叶草在温度较低的高海拔地区花期有延迟和延长，适合做观赏利用。在温度较高的低海拔地区适合做种子生产。花青素类物质和激素类物质可考虑作为高加索三叶草调节花期的潜在物质。

## 参考文献


[1] Zhao Y, Xu F, Liu J, 等. The adaptation strategies of Herpetospermum pedunculosum (Ser.) Baill at altitude gradient of the Tibetan plateau by physiological and metabolomic methods[J]. BMC Genomics, 2019, 20(1): 451

[2] Zhu W-Z, Wang S-G, Yu D-Z, 等. Elevational patterns of endogenous hormones and their relation to resprouting ability of Quercus aquifolioides plants on the eastern edge of the Tibetan Plateau[J]. Trees, 2014, 28(2): 359–372

[3] Nguyen T D, Andrews M, Ley T W S, 等. Caucasian clover ( *Trifolium ambiguum* ) specific rhizobia persist in low and high fertility soils in the South Island of New Zealand[J]. New Zealand Journal of Agricultural Research, 2020, 63(3): 332–340.

[4] Yin X, He T, Yi K, 等. Comprehensive evaluation of candidate reference genes for quantitative real-time PCR-based analysis in Caucasian clover[J]. Scientific Reports, 2021, 11(1): 3269

[5] Sheflin A M, Kirkwood J S, Wolfe L M, 等. High-throughput quantitative analysis of phytohormones in sorghum leaf and root tissue by ultra-performance liquid chromatography-mass spectrometry[J]. Analytical and Bioanalytical Chemistry, 2019, 411(19): 4839–4848

[6] Bao S, Hua C, Shen L, 等. New insights into gibberellin signaling in regulating flowering in *Arabidopsis*[J]. Journal of Integrative Plant Biology, 2020, 62(1): 118–131

[7] Kim S, Kim T K, Yoon S, 等. Quantifying the importance of day length in process-based models for the prediction of temperate spring flowering phenology[J]. Science of The Total Environment, 2022, 843: 156780

[8] Fragoso-Jimenez J C, Silva-Morales J, Barba-Gonzalez R, 等. Temperature effects on meristem differentiation and flowering date in tuberose (Agave amica L.)[J]. Scientia Horticulturae, 2021, 275: 109663

[9] Ma L, Sun X, Kong X, 等. Physiological, biochemical and proteomics analysis reveals the adaptation

strategies of the alpine plant Potentilla saundersiana at altitude gradient of the Northwestern Tibetan Plateau[J]. Journal of Proteomics, 2015, 112: 63–82

[10] Panozzo J F, Walker C K, Maharjan P, 等. Elevated $CO_2$ affects plant nitrogen and water-soluble carbohydrates but not in vitro metabolisable energy[J]. Journal of Agronomy and Crop Science, 2019, 205(6): 647–658

[11] Albert N W, Griffiths A G, Cousins G R, 等. Anthocyanin leaf markings are regulated by a family of *R2R3-MYB* genes in the genus *T rifolium* [J]. New Phytologist, 2015, 205(2): 882–893

[12] Feng H, Li Y, Wang S, 等. Molecular analysis of proanthocyanidins related to pigmentation in brown cotton fibre ( Gossypium hirsutum L.)[J]. Journal of Experimental Botany, 2014, 65(20): 5759–5769

[13] Foyer C H, Noctor G. Stress-triggered redox signalling: what's in pROSpect?: What's in pROSpect?[J]. Plant, Cell & Environment, 2016, 39(5): 951–964

[14] Agati G, Tattini M. Multiple functional roles of flavonoids in photoprotection[J]. New Phytologist, 2010, 186(4): 786–793

[15] Zaman M, Kurepin L V, Catto W, 等. Evaluating the use of plant hormones and biostimulators in forage pastures to enhance shoot dry biomass production by perennial ryegrass ( *Lolium perenne* L.): Evaluating the use of plant hormones and biostimulators[J]. Journal of the Science of Food and Agriculture, 2016, 96(3): 715–726

[16] Wang H, Jiang H, Xu Y, 等. Systematic Analysis of Gibberellin Pathway Components in Medicago truncatula Reveals the Potential Application of Gibberellin in Biomass Improvement[J]. International Journal of Molecular Sciences, 2020, 21(19): 7180

[17] Du H, Liu H, Xiong L. Endogenous auxin and jasmonic acid levels are differentially modulated by abiotic stresses in rice[J]. Frontiers in Plant Science, 2013, 4(9): 397

[18] Hughes N M, Morley C B, Smith W K. Coordination of anthocyanin decline and photosynthetic maturation in juvenile leaves of three deciduous tree species[J]. New Phytologist, 2007, 175(4): 675–685

[19] Attanayake R, Rajapaksha R, Weerakkody P, 等. The Effect of Maturity Status on Biochemical Composition, Antioxidant Activity, and Anthocyanin Biosynthesis Gene Expression in a Pomegranate (Punica granatum L.) Cultivar with Red Flowers, Yellow Peel, and Pinkish Arils[J]. Journal of Plant Growth Regulation, 2019, 38(3): 992–1006

# 青海高原优势禾草-麦宾草内生真菌最佳培养条件筛选的研究

李 媛[1,2,3]，雷姝琦[1]，张 鹏[1,2,3]，马婧娟[1]，鲍根生[51,2,3*]

(1. 青海大学，青海 西宁 810003；2. 青海省畜牧兽医科学院，青海 西宁 810016；3. 青海省青藏高原优质牧草种质资源利用重点实验室，青海 西宁 810016)

**摘要：**麦宾草作为青海高原退化高寒草地修复的优势禾草之一，目前，国内外已对其所感染的内生真菌进行了大量研究，然而，有关青海高原优势禾草-麦宾草内生真菌最佳培养条件筛选的研究鲜有报道。基于此，本研究以青海高原 5 个生态型麦宾草（*Elymus tangutorum*）中分离的 *Epichloë*内生真菌为研究对象，观测分离的 5 株麦宾草内生真菌菌株在不同碳源和氮源培养条件下菌落形态、分生孢子形态与大小、菌落生长速度等特性，进而确定各个菌株的最佳培养条件。结果表明：（1）不同生态型麦宾草中分离的 *Epichloë*内生真菌最适碳源和氮源存在差异。其中，1、3 号菌株分别以蔗糖和胰蛋白胨为碳源和氮源时，*Epichloë*内生真菌的菌落生长速度最大，而 2、4 号菌株的菌落生长速度在以淀粉为碳源和蛋白胨为氮源时最高，5 号菌株的最适碳源和氮源分别为麦芽糖和胰蛋白胨。（2）不同碳源处理下，2、3、5 号菌株菌落形态相似，正面中央白色凸起，具有生长圈，背面颜色由中央向边缘由土黄色过渡为淡黄色；1 号菌株在淀粉条件下边缘菌丝呈不规则形状；4 号菌株在果糖条件下生长缓慢。不同氮源处理下，5 个菌株菌落正面中央白色凸起，背面颜色由中央至边缘逐渐变浅；在钼酸铵条件下，仅观察到白色小圆点；而在不添加任何氮源时，菌落边缘气生菌丝稀疏呈透明色。（3）分生孢子形态多为椭圆形、圆形、肾形或两端不对称，在不同碳源和氮源处理下，同一菌株的分生孢子大小和分生孢子梗长度及基宽差异显著。上述研究表明，不同生态型麦宾草-*Epichloë*内生真菌生长所需碳、氮源存在差异，筛选麦宾草内生真菌生长最佳培养碳氮源将为利用麦宾草内生真菌共生体进行披碱草属禾草新种质创制提供菌源。

**关键词：**麦宾草；*Epichloë*内生真菌；最佳培养条件；碳源；氮源

# Optimal cultivated conditions for *Epichloë* endophytes isolating from dominant grass-*Elymus tangutorum* in Qinghai Plateau

LI Yuan[1,2,3], LEI Shu-qi[1], ZHANG Peng[1,2,3], MA Jing-juan[1], BAO Gen-sheng[1,2,3*]

**基金项目：**国家自然科学基金项目（32060398，U21A20239）资助

**作者简介：**李媛（1999-），女，甘肃平凉人，在读硕士，主要从事牧草种质资源创新与利用的研究，E-mail: liy19991226@163.com；***通讯作者 Author for correspondence,** E-mail: baogensheng2008@hotmail.com

(1. Qinghai University, Xining, Qinghai Province, 810003, China; 2. Qinghai Academy of Animal Science and Veterinary Medicine, Xining, Qinghai Province, 810016, China; 3. Key Laboratory of Superior Forage Germplasm in the Qinghai-Tibetan Plateau, Xining, Qinghai Province, 810016, China)

**Abstract**: *Elymus tangutorum* is one of the endemic grasses for the restoration of degraded alpine grasslands in Qinghai Plateau. Recently, lots of studies about *Epichloë* endophytes infected by *E. tangutorum* were conducted by scientists. However, the optimal incubated conditions for the growth of *Epichloë* endophytes isolating from *E. tangutorum* for different ecotypes was unclear, few studies with regards to explore. Therefore, the morphological characteristics, including conidial size and speed rate of colonies, isolated from five ecotypes of *E. tangutorum* in Qinghai Plateau were examined in cultivating with different carbon and nitrogen sources. Our results indicated that the optimum carbon and nitrogen sources for the growth of *Epichloë* endophytes isolated from different ecotypes are significantly different. It is noted that sucrose and tryptone was the optimal carbon and nitrogen sources for the colony growth of strain 1 and 3, respectively; by contrast, the best suitable carbon and nitrogen sources for the colony growth of strain 2 and 4 was amylum and peptone, respectively; furthermore, maltose and tryptone was the optimum carbon and nitrogen source in accelerating the growth of strain 5. In contrast, the colony morphology of strains 2, 3, and 5 were similar, a white protrusion emerged in the center of the surface and a distinct circle formed in the edge, and the color of colonies was white centrally to light yellow at the margin under different carbon sources. It is noted that the colony edge of strain 1 is irregular in the condition that amylum as carbon source, however, Strain 4 slowly grew was observed when fructose as providing carbon source. The colony morphology of the five strains is commonly white convex in the center of the surface, conversely, the converse color of isolated colonies tan centrally to light tan in the edge when cultivating in different nitrogen sources. Interestingly, only small white dots in the colony surface were observed in the condition of ammonium as nitrogen source. However, aerial mycelium with sparse and transparent appeared at the edge of the colony when no nitrogen source was supplied. The shape of spores was characterized as oval, round, reniform or asymmetrical shape. However, spores and conidiophores size of the same strain are significantly different under different carbon and nitrogen sources supplied. Our results suggested that the colony growth and morphological traits of *Epichloë* endophytes isolated from different ecotypes of *E. tangutorum* were varied when different carbon and nitrogen sources supplied, and the optimal carbon and nitrogen sources for accelerating the growth of *Epichloë* endophytes isolated from *E. tangutorum* were clarified, these findings *E. tangutorum* could clarify the optimal cultivation for *Epichloë* endophytes, which will facilitate the process of breeding new germplasms of *Elymus* genus through inoculating *Epichloë* endophytes into cool seasonal grasses *E. tangutorum.*

**Key words**: *Elymus tangutorum*; *Epichloë* endophytes; optimal inoculated conditions; nitrogen source; carbon source

麦宾草（*Elymus tangutorum*）属禾本科披碱草属（*Elymus*），是我国西北地区常见优良牧草之一[0]。麦宾草具有较强的耐寒、耐旱能力，-35℃可安全越冬，海拔 3000 m 以上区域能顺利完成整个生活史[错误!未找到引用源。]。同时，麦宾草须根系发达，具有较强的水土保持能力，成为青藏高原退化草地恢复与重建的重要乡土草种之一[3]。目前，有关麦宾草的研究主要集中在栽培驯化、生产性能、生理生化和功能基因挖掘等方面[3-6]。例如：王晓丽等[3]发现黑土滩退化草地中建植麦宾草人工草地 2～4 年后，黑土滩土壤容重、团聚体稳定性和速效养分有一定的改善作用。祁娟等[错误!未找到引用源。]对 4 种披碱草属植物光合作用光响应特性进行

了比较，发现无论在强光或弱光条件下，麦宾草和披碱草（*Elymus dahuricus*）利用光能的能力较强。朱爱孺等[5]发现麦宾草的基因组组成为 StYH，其 St 基因组来自鹅观草属（*Roegneria*），H 基因组来自大麦属（*Hordeum*），Y 基因组与鹅观草属的 Y 基因组同源。然而，有关麦宾草与共生微生物间互作方面的研究报道较少。

*Epichloë*内生真菌是一类与早熟禾亚科（*Pooideae*）冷季型禾草形成共生关系而不引起寄主植物出现病害症状的有益微生物[7-8]。经过长期适应性进化，冷季型禾草与内生真菌形成互惠共生关系，具体表现为：一方面，禾草为内生真菌提供生长所需的营养和场所；同时，禾草种子也是内生真菌繁殖和传播的重要媒介[9-10]。另一方面，内生真菌能够提高宿主植物生长[11-13]、耐旱[14-15]、耐涝[16]、耐盐碱[17-18]、抗重金属污染[19]等特性，促进禾草营养物质的吸收和提高牧草产量[13]。同时，禾草内生真菌能在禾草体内合成保护性生物碱进而降低草食家畜采食频次[20]，阻遏昆虫采食[21]。鲍根生等[22]对青海高原冷季型禾草内生真菌检测发现，麦宾草内生真菌侵染率为 17%~100%。同时，Song 等[23]将麦宾草感染的内生真菌种类界定为 *Epichloë bromicola*。另外，Song 等[24]研究发现麦宾草内生真菌代谢物对作物病原物具有很强的防控效果。Bao 等[25]研究发现感染内生真菌的麦宾草对高寒草地根寄生植物-甘肃马先蒿（*Pedicularis kansuensis*）水浸液化感作用和寄生危害具有较强耐受力。由此可见，高寒区麦宾草内生真菌共生体在有害生物防控和退化草地修复等方面具有重要潜力。

利用禾草内生真菌进行冷季型禾草种质创新成为全球研究焦点之一。例如：李春杰等研究表明分离于野大麦（*Hordeum brevisubulatum*）的内生真菌可接种于栽培大麦（*Hordeum vulgare*），从而实现野大麦内生真菌-大麦新种质创制[26]。然而，分离并获得有益禾草内生真菌菌株资源成为利用内生真菌进行种质创新的基础。同时，由于 *Epichloë*内生真菌分离和培养周期较长，也成为禾草内生真菌新种质创制的限制因素[27]。碳源和氮源是影响微生物生长和繁殖的重要控制因素，筛选培养环境的优势碳源和氮源是提高内生真菌生长的关键所在[28-30]。例如：Li 等[28]研究发现醉马草（*Achnatherum inebrians*）内生真菌最适碳源和氮源分别为蔗糖和蛋白胨。金文进等[29]研究发现中华羊茅（*Festuca sinensis*）内生真菌生长的最佳碳、氮源分别为甘露醇和酵母浸液。陈泰祥等[30]发现野大麦内生真菌生长的最适碳源和氮源分别为麦芽糖和胰蛋白胨。由此可见，不同种类禾草内生真菌培养过程中对碳源和氮源的需求存在种间差异。因此，最佳碳源和氮源的筛选有利于后期快速培养内生真菌。

基于此，本研究以青海高原 5 株生态型麦宾草种分离的内生真菌为研究对象，以查氏培养基为基础培养基，拟解决以下问题：（1）探究 5 株生态型麦宾草中分离的 *Epichloë*内生真菌在不同碳源和氮源供给条件下菌落生长速度和菌落形态是否存在差异？（2）探究 5 株生态型麦宾草中分离的 *Epichloë*内生真菌在不同碳源和氮源处理条件下分生孢子和分生孢子梗形态和大小是否存在差异？（3）明晰不同生态型麦宾草内生真菌菌株生长的最佳生长碳源和氮源。通过上述研究为利用麦宾草内生真菌进行禾草内生真菌新种质创新提供菌株资源，也为高寒区乡土草种的有益微生物资源开发利用提供一定的理论依据。

# 1 材料与方法

## 1.1 采样地概况

2020 年牧草成熟季节（9 月中旬），分别在各采样点收集麦宾草植物样品，采集方法为以单株或单丛为单位采集麦宾草茎叶和种子[22]，各样点随机采集 10~20 株麦宾草单株，各单株间间距超过 5 m，采集样品编号并带回实验室。采样点具体信息见表 1。

**表 1 采样地概况**

**Table 1 Detailed information of sampling sites**

| 菌株 | 采集地 | 北纬（N） | 东经（E） | 海拔（m） | 草地类型 |
|---|---|---|---|---|---|
| Strains | Locality | Latitude | Longitude | Altitude | Grassland |

| | | | | | type |
|---|---|---|---|---|---|
| 1 号菌株 NO.1 | 共和县倒淌河镇柳梢沟 | 36°46'37" | 100°54'06" | 3400 m | 高寒草原 |
| 2 号菌株 NO.2 | 共和县龙羊峡镇 | 36°12'02" | 100°46'06" | 2600 m | 高寒草原 |
| 3 号菌株 NO.3 | 共和县黑马河乡 | 36°46'37" | 99°41'23" | 3360 m | 高寒草甸 |
| 4 号菌株 NO.4 | 共和县倒淌河镇巴卡台农场 | 36°16'16" | 101°03'41" | 3290 m | 高寒草原 |
| 5 号菌株 NO.5 | 共和县县城 | 36°11'07" | 100°59'19" | 2830 m | 高寒草原 |

### 1.2 内生真菌分离

参照李春杰等[31]苯胺蓝染色方法进行内生真菌检测，将采集样点单株麦宾草茎秆用手术刀剖开并轻刮少量茎髓至滴有少量苯胺蓝染液的载破片上，盖好盖玻片并在光学显微镜下观察是否出现菌丝。若沿细胞间隙出现平滑、连续的蓝色菌丝则判定检测的麦宾草样品感染内生真菌。

选取带菌且无病症的麦宾草茎秆进行内生真菌分离，具体方法为：分离样品茎秆首先在75%乙醇消毒5 min，然后在0.1%次氯酸钠溶液中消毒10 min；消毒茎秆用无菌水冲洗3次并用无菌滤纸吸干茎秆表面残留的水分，然后将茎秆排放至马铃薯葡萄糖琼脂培养基（Potato Dextrose Agar，PDA）上。同时，将培养皿置于黑暗环境、温度25℃的微生物培养箱内（ZENITHAR）进行培养[32]。培养期间，每周观察培养皿内茎秆边缘是否出现白色菌落。同时，无菌环境下挑取少量菌丝制作水玻片观察分生孢子和分生孢子梗形态特征是否与*Epichloë*内生真菌孢子形态特性一致[33]。表1采集地成功分离出5株内生真菌，编号分别为001~005；同时，将分离内生真菌再次在PDA培养基中进行纯化，以备后续内生真菌最佳碳、氮源筛选研究。

### 1.3 不同碳源和氮源培养基制备及菌落形态特征测定

以查氏培养基为基础培养基，其中查氏培养基配置方法为：硝酸铵 3 g、磷酸氢二钾 1 g、硫酸镁 0.5 g、氯化钾 0.5 g、硫酸亚铁 0.01 g、蔗糖 30 g 和琼脂 20 g，用 1000 mL 蒸馏水定容[30]。选取供试 5 种碳源和氮源，其中，供试碳源为蔗糖、葡萄糖、可溶性淀粉，D-果糖和麦芽糖；供试氮源为硝酸铵、钼酸铵、尿素、蛋白胨和胰蛋白胨。以 5 种供试碳（氮）源等量替换蔗糖（硝酸铵）配置成含不同碳（氮）源的培养基，不加碳（氮）源培养基为对照。用打孔器获取直径 4 mm 菌饼并接种于不同碳源和氮源培养基上，不同生境分离内生真菌和碳源及氮源培养基组合重复 6 次，其中，5 株麦宾草内生真菌、11 种营养供给源（碳源和氮源各 5 种及对照）、6 次重复，共计 330 皿。将供试培养皿置于黑暗、25℃的菌物培养箱内培养 32 d[35]；培养期内，每周定时测定菌落直径用于评价不同碳、氮源培养基对内生真菌菌落生长影响，菌落生长速度=菌落直径/菌落培养时间[34]。第四周测完菌落直径后，挑取少量菌丝制作水玻片观测孢子和分子孢子梗形态、大小等形态特征。

### 1.4 数据与分析

采用一般线性模型分析不同生态型麦宾草内生真菌与不同碳（氮）源对麦宾草内生真菌菌落生长、分生孢子大小及孢子梗长度影响，其中，不同生态型和不同碳（氮）源为固定因子。同时，采用单因素 Duncan 方差方法比较相同菌株在不同碳（氮）源菌落生长和分生孢子形态差异。利用 IBM SPSS Statistics 25.0 进行数据分析，使用 Sigmaplot 14.0 软件进行作图。所有数据用“平均值±标准误”表示。

## 2 结果与分析

### 2.1 不同碳源和氮源对麦宾草内生真菌菌落生长速度的影响

同一菌株在不同碳源条件下的菌落生长速度差异显著（图1）。其中，以蔗糖为碳源时，1、3号菌株的菌落生长速度最快（分别为7.10 mm·week$^{-1}$和77.43 mm·week$^{-1}$），且显著高于以果糖、葡萄糖和麦芽糖为碳源条件下的生长速度（图1，$P$<0.05）。2、4号菌株的菌落生长速度在以淀粉为碳源时最大（分别为9.41 mm·week$^{-1}$和8.80 mm·week$^{-1}$）且显著高于其他碳源处理（图1，$P$<0.05）。5号菌株的菌落生长速度在以麦芽糖为碳源时最大（8.19 mm·week$^{-1}$），

且显著高于果糖、葡萄糖和蔗糖处理（图1，$P$<0.05）。同时，不同菌株在相同碳源条件下的菌落生长速度也存在显著差异（图1）。其中，以果糖、葡萄糖和麦芽糖为碳源时，5号菌株的菌落生长速度均大于其他菌株，且显著大于1号菌株（图1，$P$<0.05）。蔗糖为碳源时，3号菌株的菌落生长速度显著大于2、4、5号菌株（图1，$P$<0.05）。淀粉为碳源时，2号菌株的菌落生长速度显著高于1、3、5号菌株（图1，$P$<0.05）。不添加碳源时，1号菌株的菌落生长速度最大而3号菌株最小（图1）。

同一菌株在不同氮源处理下的菌落生长速度存在显著差异（图2）。其中，以胰蛋白胨为氮源时，1、3和5号菌株的菌落生长速度最快（分别为8.92、9.91和111.88 mm·week$^{-1}$）且显著高于钼酸铵、尿素和无氮源处理（图2，$P$<0.05）。2、4号菌株的菌落生长速度在蛋白胨条件下最大（分别为9.29和10.42 mm·week$^{-1}$）且显著高于钼酸铵、尿素和硝酸铵处理（图2，$P$<0.05）。值得注意的是钼酸铵为氮源条件下，供试菌株的菌落生长速度最慢（图2，$P$<0.05）。同时，同一氮源条件下，不同菌株的菌落生长速度也存在显著差异（图2）。其中，硝酸铵和胰蛋白胨时，5号菌株的菌落生长速度最大且显著高于其他4个菌株（图2，$P$<0.05）。以尿素为氮源时，2号菌株的菌落生长速度显著大于1、3、4号菌株（图2，$P$<0.05）；而蛋白胨为氮源和无氮源为条件下，4号菌株的菌落生长速度显著大于1、2、5号菌株（图2，$P$<0.05）。

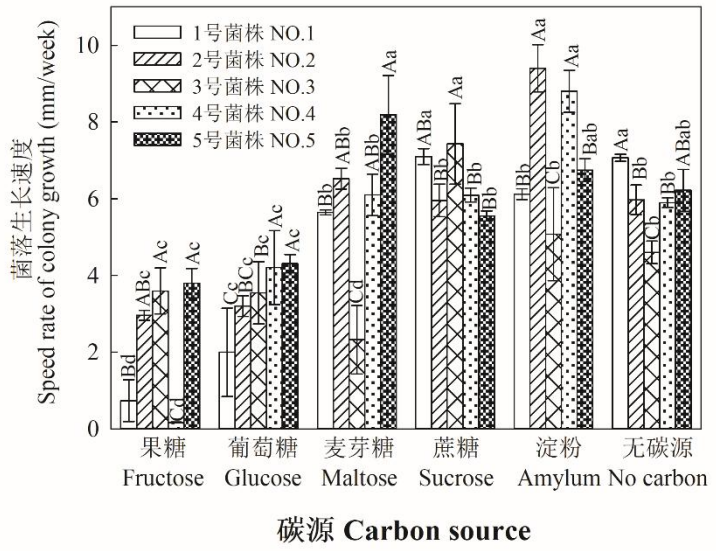



**图 1 不同碳源处理下麦宾草内生真菌菌落生长速度**

**Fig. 1 Growth speed rate of colony *Epichloë* endophytes isolating from *Elymus tangutorum* when different carbon sources supplied**

注：不同小写字母表示同一菌株在不同碳源处理条件下的菌落生长速度在 0.05 水平上差异显著。不同大写字母表示不同菌株在相同碳源处理条件下的菌落生长速度在 0.05 水平上差异显著，下同。

Note: Different lowercase letters indicate growth speed rate of identical strain isolating from *Elymus tangutorum* were significantly different at the 0.05 level when different carbon sources supplied. Different capital letters indicate that growth speed rate of different strains isolating from *Elymus tangutorum* were significantly different at the 0.05 level when same carbon sources supplied. The same below.

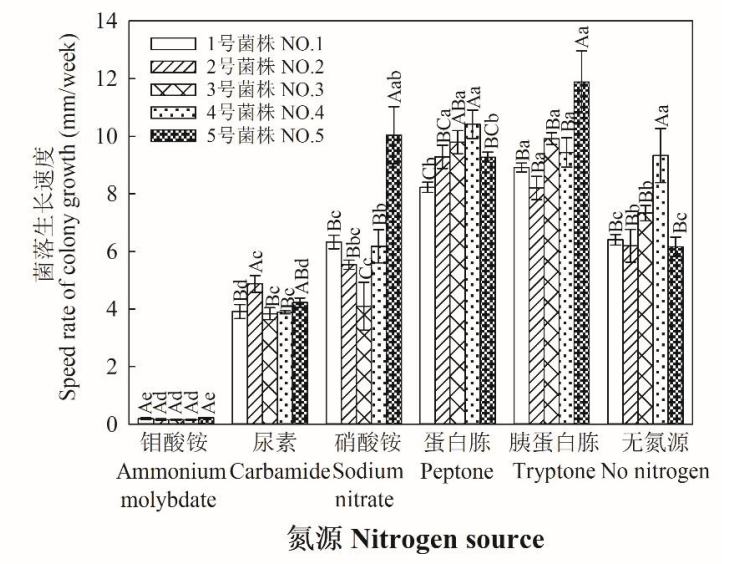



**图 2 不同氮源处理下麦宾草内生真菌菌落生长速度**

**Fig. 2 Growth speed rate of colony *Epichloë* endophytes isolating from *Elymus tangutorum* when different nitrogen sources supplied**

## 2.2 不同碳源和氮源对麦宾草内生真菌菌落形态及分生孢子的影响

查氏培养基作为培养基质时，5 株麦宾草中分离内生真菌菌株的菌落形态和孢子特征符合 *Epichloë*内生真菌的形态特征（图 3，图 4，表 2 和表 4）。

不同碳源对麦宾草内生真菌菌落形态存在显著影响（图 3，表 2）。其中，大多数菌落正面白色，少数略带淡黄色或浅褐色；背面颜色由中央到边缘从褐色过渡为淡黄色。蔗糖为碳源条件下，5 株麦宾草内生真菌菌株的菌落正面中央均有白色凸起；以淀粉为碳源时，1 号菌株边缘菌丝呈不规则形状，2、3、4 和 5 号菌株菌落边缘形成明显的晕圈（图 3，表 2）。供试碳源为葡萄糖和麦芽糖时，5 株麦宾草内生真菌菌落正面中央有白色凸起，边缘颜色由浅褐色渐变为淡黄色（图 3，表 2）。果糖为碳源时，除 4 号菌株以外，其余菌株菌丝致密，菌落正面白色毡状（图 3，表 2）。不同碳源条件下，5 个菌株的分生孢子形态相似，多为椭圆形、圆形、肾形和两端不对称；然而，供试菌株的分生孢子大小和孢子梗长度呈现明显差异（图 3）。其中，蔗糖条件下，1、2 和 3 号菌株的分生孢子较大，而 5 号菌株的分生孢子在淀粉处理下最大（表 2）。同时，淀粉为碳源时，大多数菌株的分生孢子梗最长（表 2）。

不同氮源条件下，5 个菌株的内生真菌菌落正面颜色由白色向淡黄色过渡，中央微凸，外缘气生菌丝稀疏。菌落背面中央为土黄色（图 4，表 3）；2、3 号菌株的菌落边缘不规则。钼酸铵条件下，菌落生长非常缓慢，仅观察到白色小圆点。无氮源添加时，菌落边缘气生菌丝稀疏呈透明色（图 4，表 3）。各供试氮源条件下，5 个菌株的孢子形态相似，多为椭圆形、肾形、水滴状和圆形（图 4）。氮源为尿素时，大多数菌株的分生孢子最大、分生孢子梗最长（表 3）。

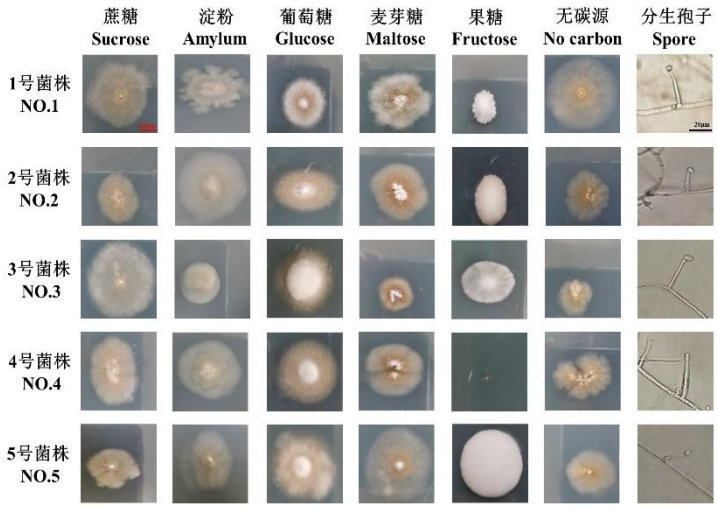


**图 3 不同碳源处理下麦宾草内生真菌菌落和产孢结构形态（25℃，32 天）**

**Fig. 3 The morphology of colonies and spores of *Epichloë* endophytes isolating from *Elymus tangutorum* when different carbon sources supplied (25℃, 32 days)**

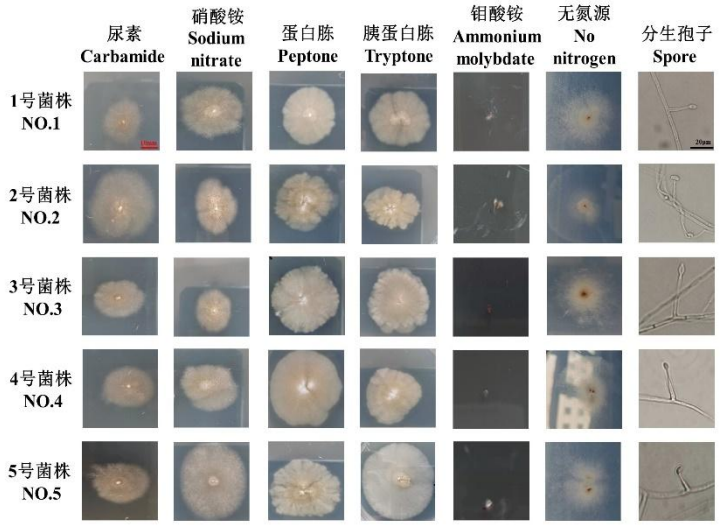



**图 4 不同的氮源处理下麦宾草内生真菌菌落和产孢结构形态（25℃，32 天）**

**Fig. 4 The morphology of colonies and spores of *Epichloë* endophytes isolating from *Elymus tangutorum* when different nitrogen sources supplied (25℃, 32 days)**

**表 2 不同碳源处理下内生真菌菌落和分生孢子形态特征**

**Table 2 The morphological traits of colonies and spores *Epichloë* endophytes under different carbon sources**

| 菌株 Strain | 碳源种类 Carbon sources | 菌落形态 Colony morphology | 孢子形态 Spore morphology | 分生孢子大小 Conidia size (μm) | | 分生孢子梗大小 Conidiophore size (μm) | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|
| | | | | 长 Length | 宽 Width | 长度 Length | 基宽 Width |
| 1 号菌株 001 | 蔗糖 Saccharose | 菌落正面浅褐色，中央凸起；背面中央淡黄色，向边缘颜色逐渐变浅 | 椭圆形、圆形 | 5.60±0.42Aa | 3.02±0.37Ab | 17.60±1.42Aa | 1.86±0.13Aab |
| | 淀粉 Amylum | 菌落正面白色，边缘菌丝呈不规则形状；背面中央淡黄色 | 椭圆形、圆形、肾形 | 5.21±0.26Aa | 3.49±0.21Aa | 20.75±1.51Aa | 2.24±0.16Ba |
| | 葡萄糖 Glucose | 菌落正面白色，中央凸起，边缘菌丝稀疏；背面中央深褐色 | 椭圆形、肾形 | 4.79±0.24Aab | 3.14±0.23Aab | 19.30±1.43Ba | 2.09±0.14Bab |
| | 麦芽糖 Maltose | 菌落正面白色，中央凸起，边缘菌丝稀疏；背面中央呈土黄色，向边缘颜色逐渐变浅 | 椭圆形、圆形、肾形 | 4.08±0.31Abc | 2.15±0.15Bd | 17.12±1.56Ba | 1.72±0.11Cb |
| | 果糖 Fructose | 菌落正面白色毡状，菌丝致密，菌落边缘不规则；背面中央浅黄色至白色 | 椭圆形、圆形 | 3.29±0.33Cc | 2.56±0.22Bc | 17.04±1.85Ba | 1.85±0.11Bab |
| | 无碳源 No carbon | 菌落正面淡黄色；背面中央淡黄色 | 椭圆形、圆形 | 4.31±0.13Abc | 2.23±0.12Bcd | 20.30±1.15Aa | 1.64±0.08Bb |
| 2 号菌株 002 | 蔗糖 Saccharose | 菌落正面浅黄色，中央凸起；背面浅棕色至白色 | 椭圆形、肾形 | 5.07±0.2ABa | 3.35±0.15Aa | 17.93±1.65Aa | 1.99±0.16Aa |
| | 淀粉 Amylum | 菌落正面白色，中央有晕圈；背面中央淡黄色，边缘白色 | 椭圆形、圆形 | 4.88±0.13Aa | 3.21±0.14Aa | 12.76±0.76Cd | 1.75±0.14Cb |
| | 葡萄糖 Glucose | 菌落正面中央白色凸起，边缘淡黄色；背面中央浅褐色 | 椭圆形、肾形 | 4.74±0.31Aa | 2.63±0.22Bb | 18.66±1.50BCa | 2.14±0.21Ba |
| | 麦芽糖 Maltose | 菌落正面中央白色凸起；背面中央呈土黄色，向边缘颜色逐渐变浅 | 椭圆形、肾形 | 3.51±0.18Bb | 2.24±0.20Bb | 17.21±1.76Bb | 2.38±0.43Aa |
| | 果糖 Fructose | 菌落正面白色毡状；背面中央浅黄色至白色 | 椭圆形、圆形 | 4.90±0.21Aa | 3.35±0.18Aa | 15.76±0.95Cc | 2.02±0.10Aa |
| | 无碳源 No carbon | 菌落正面淡黄色；背面中央淡黄色 | 椭圆形、圆形 | 4.13±0.72Aab | 2.10±0.28Bd | 14.4±1.55Ccd | 1.42±0.14Cc |
| 3 号菌株 003 | 蔗糖 Saccharose | 菌落正面白色，中央凸起；背面白色 | 椭圆形、圆形、肾形 | 4.74±0.16Ba | 2.81±0.09Ba | 17.02±1.2ABab | 2.16±0.08Aa |
| | 淀粉 Amylum | 菌落正面白色，中央有生长圈；背面中央淡黄色，边缘白色 | 椭圆形、肾形 | 3.97±0.14Ab | 2.12±0.13Bb | 19.46±1.22Ba | 1.99±0.10Bb |

| | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|
| | 葡萄糖 Glucose | 菌落正面中央白色凸起，边缘淡黄色；背面中央浅褐色 | 椭圆形、圆形 | 3.22±0.29Cc | 2.50±0.21Ba | 18.94±1.53Ba | 2.26±0.19Ba |
| | 麦芽糖 Maltose | 菌落正面白色，中央不规则凸起，边缘菌丝稀疏；背面中央呈土黄色 | 椭圆形、肾形 | 3.83±0.17ABb | 2.69±0.17Aa | 19.69±2.17Aa | 2.41±0.19Aa |
| | 果糖 Fructose | 菌落正面白色散射状；背面中央浅黄色至白色 | 椭圆形、圆形、肾形 | 3.82±0.15Bb | 2.29±0.1BCb | 14.56±1.02Db | 2.01±0.14Aa |
| | 无碳源 No carbon | 菌落正面中央有白色凸起；背面中央淡黄色 | 椭圆形、圆形 | 3.42±0.3Bbc | 2.58±0.23Aa | 14.49±1.51Cb | 1.93±0.14Ab |
| 4 号菌株 004 | 蔗糖 Saccharose | 菌落正面淡黄色；背面中央浅褐色 | 椭圆形、圆形 | 4.27±0.23Ca | 2.78±0.19Ba | 13.48±1.3Bc | 1.91±0.15Aa |
| | 淀粉 Amylum | 菌落正面白色，中央有明显的生长圈；背面中央淡黄色，边缘白色 | 椭圆形、肾形或两端不对称 | 3.24±0.27Bb | 2.48±0.19Ba | 19.22±1.36Bab | 2.03±0.14Ba |
| | 葡萄糖 Glucose | 菌落正面中央白色凸起;背面颜色由中央向边缘由土黄色过渡为淡黄色 | 椭圆形、肾形 | 2.81±0.18Dbc | 2.54±0.13Ba | 20.16±2.61Aa | 2.2±0.15Ba |
| | 麦芽糖 Maltose | 菌落正面白色，中央不规则凸起；背面中央呈土黄色 | 椭圆形、圆形、肾形 | 4.02±0.19Aa | 2.32±0.14ABa | 14.51±1.3Cbc | 1.64±0.14Cb |
| | 果糖 Fructose | 菌落正面有浅褐色小圆点 | 椭圆形、肾形 | 2.19±0.25Ec | 1.63±0.16Db | 18.52±1.41Aab | 2.43±0.32Aa |
| | 无碳源 No carbon | 菌落正面淡黄色，形状不规则；背面中央淡黄色 | 椭圆形、圆形 | 4.32±0.14Aa | 2.80±0.18Aa | 15.56±0.71Cb | 1.80±0.13Aab |
| 5 号菌株 005 | 蔗糖 Saccharose | 菌落正面中央白色凸起；背面中央浅褐色 | 椭圆形、圆形、肾形 | 4.52±0.37Bab | 3.65±0.27Aa | 20.88±2.79Aa | 1.86±0.11Ab |
| | 淀粉 Amylum | 菌落正面中央白色凸起,有生长圈;背面中央淡黄色，边缘白色 | 椭圆形、圆形 | 4.87±0.24Aa | 3.38±0.17Aa | 21.86±2.41Aa | 3.08±0.20Aa |
| | 葡萄糖 Glucose | 菌落正面中央白色凸起，边缘浅褐色；背面颜色由中央向边缘由土黄色过渡为淡黄色 | 椭圆形、肾形或两端不对称 | 3.85±0.23Bb | 2.39±0.14BCb | 14.24±1.10Cb | 2.63±0.20Aa |
| | 麦芽糖 Maltose | 菌落正面白色，中央凸起，边缘菌丝稀疏；背面中央呈土黄色 | 椭圆形、圆形、肾形 | 4.31±0.26Aab | 2.69±0.18Ab | 13.38±0.68Db | 1.96±0.09Bb |
| | 果糖 Fructose | 菌落正面白色，棉状；背面颜色由中央向边缘逐渐变浅 | 椭圆形、肾形 | 2.76±0.15Dc | 2.23±0.12BCb | 17.03±1.95Bab | 1.72±0.17Bb |
| | 无碳源 No carbon | 菌落正面淡黄色，中央有白色小圆点；背面中央淡黄色 | 椭圆形、圆形 | 4.37±0.20Aab | 2.60±0.16Ab | 17.30±1.19Bab | 1.49±0.07Cc |

注：不同小写字母表示同一菌株在不同碳源处理条件下的内生真菌分生孢子和分生孢子梗大小在 0.05 水平上差异显著。不同大写字母表示不同菌株在相同碳源处理条件下的内生真菌分生孢子和分生孢子梗大小在 0.05 水平上差异显著，下同。

Note: Different lowercase letters indicate *Epichloë* endophytes conidia size and conidiophore size of identical strain isolating from *Elymus tangutorum* were significantly different at the 0.05 level when different nitrogen sources supplied. Different capital letters indicate that *Epichloë* endophytes conidia size and conidiophore size of different strains isolating from *Elymus tangutorum* were significantly different at the 0.05 level when same nitrogen sources supplied. The same below.

**表 3 不同氮源处理下内生真菌菌落和分生孢子形态特征**

**Table 3 The morphological traits of colonies and spores *Epichloë* endophytes under different nitrogen sources**

| 菌株 Strain | 氮源种类 Nitrogen sources | 菌落形态 Colonial morphology | 孢子形态 Conidial morphology | 分生孢子大小 Conidia size (μm) | | 分生孢子梗大小 Conidiophore size / μm | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|
| | | | | 长 Length | 宽 Width | 长度 Length | 基宽 Width |
| 1 号菌株 001 | 尿素 Carbanide | 菌落正面白色至淡黄色，中央凸起；背面淡黄色 | 椭圆形、肾形、圆形 | 4.79±0.24Bab | 3.14±0.23ABbc | 19.29±1.43Bbc | 2.09±0.14Ab |
| | 硝酸铵 Sodium nitrate | 菌落正面白色至淡黄色，中央凸起；背面棕色至白色 | 椭圆形、圆形或两端不对称 | 3.29±0.33Cc | 2.56±0.22Bcd | 23.73±1.63Aa | 1.85±0.11ABbc |
| | 蛋白胨 Peptone | 菌落正面白色，中央凸起；背面由中央到边缘颜色逐渐变浅 | 椭圆形、肾形、圆形 | 5.21±0.26Aa | 3.49±0.21Aab | 20.75±1.51Ab | 2.24±0.16Ab |
| | 胰蛋白胨 Tryptone | 菌落正面白色，中央不规则凸起；背面中央土黄色 | 椭圆形、圆形 | 4.08±0.31Bb | 2.15±0.15ABd | 17.12±1.56BCc | 1.72±0.11Bc |
| | 钼酸铵 Ammonium molybdate | 菌落正面具有白色小圆点 | 椭圆形、肾形、圆形 | 5.10±0.28Aa | 2.50±0.18Ccd | 13.20±0.78Cd | 3.20±0.09Aa |
| | 无氮源 No nitrogen | 菌落正面白色，边缘气生菌丝稀疏呈透明色；背面中央深褐色 | 椭圆形、圆形 | 4.32±0.17ABb | 3.97±0.34Aa | 18.67±0.38Ac | 1.94±0.13Bb |
| 2 号菌株 002 | 尿素 Carbanide | 菌落正面白色至淡黄色，中央凸起；背面淡黄色 | 椭圆形、肾形、圆形 | 5.93±0.22Aa | 3.66±0.28Aa | 24.14±2.25Aa | 1.74±0.18Bb |
| | 硝酸铵 Sodium nitrate | 菌落正面白色至淡黄色，中央凸起；背面棕色至白色 | 椭圆形、圆形 | 3.13±0.30Cd | 2.36±0.17Bb | 13.09±0.63Bd | 1.66±0.11Bb |
| | 蛋白胨 Peptone | 菌落正面白色，中央凸起，边缘不规则；背面由中央到边缘颜色逐渐变浅 | 椭圆形、肾形、圆形 | 3.17±0.18Cd | 2.58±0.20Bb | 16.75±1.02Bb | 1.88±0.11Ba |
| | 胰蛋白胨 Tryptone | 菌落正面白色至淡黄色，中央不规则凸起，边缘毛刷状；背面中央土黄色 | 椭圆形、肾形或两端不对称 | 5.00±0.34Ab | 2.77±0.33Ab | 17.09±1.42BCb | 1.93±0.07Aa |
| | 钼酸铵 Ammonium molybdate | 菌落正面具有白色小圆点 | 椭圆形、圆形 | 4.30±0.34Bc | 3.73±0.43Ba | 15.52±1.40Bbc | 1.98±0.12Ba |
| | 无氮源 No nitrogen | 菌落正面白色，边缘气生菌丝稀疏呈透明色；背面中央深褐色 | 椭圆形、圆形 | 4.55±0.12ABc | 2.90±0.10Bb | 17.71±1.18Bb | 2.23±0.15Aa |
| 3 号菌株 003 | 尿素 Carbanide | 菌落正面白色至淡黄色，中央凸起；背面淡黄色 | 椭圆形、肾形、圆形 | 4.48±0.33Bab | 2.97±0.24Bb | 22.57±2.3Aa | 1.94±0.13Aa |
| | 硝酸铵 Sodium nitrate | 菌落正面中央白色凸起；背面浅黄色至白色 | 椭圆形、肾形、圆形 | 5.31±0.31Aa | 3.81±0.32Aa | 22.14±2.63Aa | 2.19±0.14Aa |
| | 蛋白胨 Peptone | 菌落正面白色，中央凸起；背面由中央到边缘颜色逐渐变浅 | 椭圆形、肾形、圆形 | 4.50±0.16ABab | 2.62±0.18Bb | 21.15±1.60Aa | 1.84±0.13Bab |
| | 胰蛋白胨 Tryptone | 菌落正面中央白色凸起，边缘不规则；背面中央土 | 椭圆形、圆形 | 4.28±0.33Bb | 2.31±0.1ABb | 18.53±2.21Bb | 1.92±0.10Aa |

| | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|
| | | 黄色 | | | | | |
| | 钼酸铵 Ammonium molybdate | 菌落正面具有白色小圆点 | 椭圆、肾形或两端不对称 | 3.30±0.31Cc | 2.32±0.23Cb | 19.38±2.45Ab | 1.84±0.12Bab |
| | 无氮源 No nitrogen | 菌落正面白色，边缘气生菌丝稀疏呈透明色；背面中央深褐色 | 椭圆形、圆形 | 3.82±0.21Cbc | 2.51±0.17Bb | 16.46±1.24Cc | 1.88±0.12Bab |
| 4 号菌株 004 | 尿素 Carbanide | 菌落正面白色至淡黄色，中央凸起；背面淡黄色 | 椭圆形、肾形、圆形 | 6.03±0.28Aa | 3.31±0.21ABb | 17.28±1.72Ca | 1.85±0.10Bb |
| | 硝酸铵 Sodium nitrate | 菌落正面白色，中央凸起；背面浅黄色至白色 | 椭圆形、圆形 | 4.04±0.15Bb | 2.50±0.11Bc | 13.36±0.80Bb | 2.10±0.10Aa |
| | 蛋白胨 Peptone | 菌落正面中央白色凸起，菌落背面由中央到边缘颜色逐渐变浅 | 椭圆形、肾形、圆形 | 4.26±0.14Bb | 2.70±0.13Bc | 16.19±0.80Bab | 2.15±0.14Aa |
| | 胰蛋白胨 Tryptone | 菌落中央呈白色，向边缘颜色变为浅黄色；背面中央淡黄色 | 椭圆形、圆形 | 4.58±0.29Bb | 2.65±0.26Ac | 17.95±1.10Ba | 1.68±0.13Bbc |
| | 钼酸铵 Ammonium molybdate | 菌落正面具有白色小圆点 | 椭圆形、肾形 | 2.88±0.16Cc | 4.97±0.20Aa | 13.82±1.01Cb | 1.77±0.13Bb |
| | 无氮源 No nitrogen | 菌落正面白色，边缘气生菌丝稀疏呈透明色；背面中央深褐色 | 椭圆形、圆形 | 4.94±0.12Ab | 2.87±0.12Bc | 17.05±1.49Ba | 2.47±0.19Aa |
| 5 号菌株 005 | 尿素 Carbanide | 菌落正面白色至淡黄色，中央凸起；背面淡黄色 | 椭圆形、肾形、圆形 | 5.66±0.40Aa | 4.02±0.29Aa | 24.14±2.26Aa | 1.88±0.12Aa |
| | 硝酸铵 Sodium nitrate | 菌落正面白色，中央凸起；背面浅黄色至白色 | 椭圆形、圆形或两端不对称 | 4.34±0.24Bb | 2.47±0.20Bb | 13.59±0.67Bd | 1.75±0.11Ba |
| | 蛋白胨 Peptone | 菌落正面白色，中央凸起；菌落背面由中央到边缘颜色逐渐变浅 | 椭圆形、肾形 | 4.80±0.13ABab | 2.73±0.13Bb | 19.68±1.45ABb | 2.04±0.13Aa |
| | 胰蛋白胨 Tryptone | 菌落正面白色，中央凸起；背面淡黄色 | 椭圆形、圆形 | 5.44±0.22Aa | 2.50±0.15Ab | 21.91±1.64Ab | 1.91±0.12Aa |
| | 钼酸铵 Ammonium molybdate | 菌落正面具有白色小圆点 | 椭圆形、肾形、圆形 | 2.60±0.12CDc | 4.87±0.23Aa | 15.78±1.38Bc | 1.80±0.13Ba |
| | 无氮源 No nitrogen | 菌落正面白色，菌丝稀疏，边缘气生菌丝稀疏呈透明色；背面中央深褐色 | 椭圆形、圆形 | 5.02±0.19Aab | 4.11±0.16Aa | 15.97±0.71Cc | 1.85±0.12Ba |

# 3 讨论

## 3.1 不同碳源处理下麦宾草内生真菌菌落形态与生长速度

本研究发现供试麦宾草内生真菌菌株在同一碳源处理下，菌落正面及背面的形态存在明显差异。主要原因为：内生真菌在培养基上生长过程中部分菌丝深入培养基吸收养料，而一部分菌丝向空中伸展繁殖发育形成白色棉质的气生菌丝，产生分生孢子，越接近菌落中心、越靠近培养基的菌丝生理年龄越大，发育分化和成熟也越早，而菌落外圈的菌丝生理年龄较小，故菌落正反两面的颜色形态不同，且菌落背面和菌落中间要比菌落正面和菌落边缘的颜色要深[36-38]。同一碳源处理下，不同菌株菌落形态特征存在一定差异。菌落颜色大多数为白色，少数略带黄色或浅褐色；质地差异较大，有的菌落呈疏松状，而有的则呈致密棉状。杨洋等[38]在 48 株中华羊茅上分离的内生真菌中也发现了菌落形态特征及生长特性具有较高的多样性，这与本研究中 5 个内生真菌菌株在相同条件下表现出差异比较大的外部特征，这很可能与其具天然禾草中内生真菌有较为多样的外在表现和自身遗传组成有关，这也是其遗传多样性的外在表现[39]。

同时，本研究也发现相同菌株在不同碳源的培养基上生长速度存在较大的差异。001 号菌株在蔗糖条件下生长速度最快（7.10 mm·week$^{-1}$），002 和 004 号菌株在淀粉条件下生长速度最快（分别为 9.41、8.80 mm·week$^{-1}$），003 号菌株在蔗糖条件下生长速度最快（7.43 mm·week$^{-1}$），005 号菌株在麦芽糖条件下生长速度最快（8.19 mm·week$^{-1}$）。造成这种差异的主要原因为：（1）菌株生长速度除了受培养基的营养成分影响外，在一定程度上还取决于内生真菌的种类和遗传背景[28]；（2）内生真菌菌落的生长与宿主植物的生长环境具有较强相关性，表现出环境可塑性特征[40]。另外，分生孢子梗长度与内生真菌菌株在培养基质中生长速度相关，表现为生长速度快菌株一般具有较长的分生孢子梗长度。不同碳源条件下麦宾草内生真菌菌落生长特性发现蔗糖和淀粉可促进菌落生长，说明内生真菌生长过程中对双糖和多糖吸收利用高于单糖。这与张玉平[41]发现披碱草内生真菌菌株在蔗糖培养基生长速率较高的研究结果一致。造成这种现象的原因主要是双糖和多糖所产生的营养碳更多，为微生物的生长发育提供了物质基础，更有利于菌株的吸收生长[41]。菌株在无碳源的培养基上也能缓慢生长，说明内生真菌菌株有较发达的碳代谢途径[27]。

## 3.2 不同氮源处理下麦宾草内生真菌菌落形态与生长速度

本研究发现同一氮源处理下，5 株麦宾草内生真菌菌株的菌落形态有显著差异；而氮源处理下内生真菌分生孢子却形态相似，大多为椭圆形、肾形或圆形。主要原因是内生真菌利用氮源前需激活一系列相适应酶活性、代谢途径和生理活动，造成产生不同的代谢产物。而这些生理生化过程的内在差异反映到细胞形态水平上表现出细微差别，导致菌落形态也呈现不明显变化[27]。此外，虽然 5 株内生真菌分离自不同生境的同一宿主-麦宾草，而其菌落形态特征却出现明显差异，这可能与内生真菌和麦宾草长期的共同进化和对环境的适应性有关。本研究也发现分离菌株的生长速率与宿主采集地的海拔间无相关性，这与师茜[34]对不同海拔高度的麦宾草内生真菌生物学特性的研究结果一致。

同时，不同氮源处理下麦宾草内生真菌生长特性比较研究发现胰蛋白胨作为氮源条件下 001、003 和 005 号菌株生长速度最快（分别为 8.92、9.91 和 11.88 mm·week$^{-1}$），而 002 号和 004 号菌株在蛋白胨作为氮源条件下生长速度最快（分别为 9.29 和 10.42 mm·week$^{-1}$）。同时，不同麦宾草内生真菌菌株对其他类型氮源吸收也存在差异，表现为对钼酸铵的利用能力最低。造成麦宾草内生真菌不同氮源吸收能力存在差异的原因可能与麦宾草内生真菌共生体生长环境和感染内生真菌种类基因型差异有关，进而表现出分离菌落生物学特性和生长速度差异[31]。陈泰祥等[30]对野大麦内生真菌对氮源利用的研究中也发现不同氮源间利用能力存在较大的差异且野大麦内生真菌对牛肉膏和胰蛋白胨的利用能力最强，钼酸铵、尿素的利用效率较差。本研究也得出麦宾草内生真菌菌株在蛋白胨和胰蛋白胨培养基上生长速率高，而钼氨酸培养基上生长速率较慢的相似结论，这可能与蛋白胨其相对分子质量较小，易于被内生真菌生长所吸收，且其碳水化合物总含量较高，能在内生真菌生长后期提供更多的营养物质来源，更易于内生真菌生长和菌落形成[42]。内生真菌菌株在钼酸铵上明显无法生长可能是由于钼酸铵还原途径中缺乏相关的代谢途径和钼酸铵降解途径中所需的酶，但潜在作用机理尚不明晰。由于钼氨酸可抑制其生长，在后续研究中可尝试开展钼酸铵作为内吸性杀菌剂替代品抑制冷季型禾草内生真菌生长，摸索出彻底抑制或消除内生真菌最佳浓度，进而建立未感染内生真菌的禾草种群[43]。尿素通常通过脲酶分解为氨和二氧化碳；因此，尿素可以作为几种真菌的氮源。但本试验中尿素利用率低可能是由于缺乏吸收系统或缺乏脲酶[27]。菌株可在无氮源的查氏培养基上生长，且在缺氮的培养基中生长甚至高于在硝酸铵、尿素的生长，说明内生真菌有高效的氮代谢途径[44]。

# 4 结论

禾草内生真菌在分离过程中需要严格控制所用试剂的浓度、分离的时间和分离的过程，其次内生真菌生长缓慢，分离的菌株需要很长时间才能长出菌落，为后续研究带来诸多不便，因此，研究内生真菌的最佳培养条件很有必要，适宜的碳源和氮源可以为后续菌株的纯化和扩繁提供一定的基础资料。本研究探索了麦宾草内生真菌生长的最佳条件，为内生真菌的进一步研究提供了理论依据。不同碳源和氮源培养基上 5 株麦宾草内生真菌的菌落形态和生长速度存在明显差异。不同碳源处理下，1 号菌株在淀粉条件下边缘菌丝呈不规则形状；2、3、4 号菌

株菌落形态相似，正面中央白色凸起，具有生长圈，背面颜色由中央向边缘由土黄色过渡为淡黄色；4 号菌株在果糖条件下生长缓慢。不同氮源处理下，5 个菌株菌落形态多为正面中央白色凸起，背面颜色由中央至边缘逐渐变浅；在钼酸铵条件下，仅观察到白色小圆点；无氮源时，菌落边缘气生菌丝稀疏呈透明色。以蔗糖为碳源时，1、3 号菌株菌落生长最快、分生孢子最大；而以淀粉为碳源时，2、4 号菌株的菌落生长速度最高，5 号菌株的最适碳源为麦芽糖。因此，麦宾草内生真菌生长最佳碳源为双糖（蔗糖）和多糖（淀粉）。以胰蛋白胨为氮源时，1、3、5 号菌株的菌落生长速度最快；而 2、4 号菌株的菌落生长速度却以蛋白胨为氮源时最高。所以，这 5 株内生真菌的最适氮源为蛋白胨或胰蛋白胨。另外，需对所分离的菌株进行系统发育研究，去确定其感染内生真菌的分类地位，并对内生真菌的宿主特异性进行研究，为今后利用麦宾草内生真菌进行种质创新及新品种选育提供基础资料。

## 参考文献


[1] 乌吉玛,德英,斯琴巴特尔. 自交、异交及开放授粉对不同熟性麦宾草结实率的影响[J]. 内蒙古农业科技,2013(3):28-29

[2] LIU Y,ZHAO L R,LIU Y F,et al. Restoration of a hillslope grassland with an ecological grass species (*Elymus tangutorum*) favors rainfall interception and water infiltration and reduces soil loss on the Qinghai-Tibetan Plateau[J]. Catena,2022,219:106632

[3] 王晓丽,马玉寿,王彦龙,等. 祁连山高寒地区不同栽培年限麦宾草对黑土滩土壤特性的影响研究[J]. 青海畜牧兽医杂志,2020,50(2):7-13

[4] 祁娟,师尚礼,徐长林,等. 4 种披碱草属植物光合作用光响应特性的比较[J]. 草业学报,2013,22(6):100-107

[5] 朱爱孺. 利用基因组原位杂交技术探讨小麦族 StH 基因组变异及麦宾草基因组组成[D]. 成都:四川农业大学,2012:17-23

[6] SAIKKONEN K,GUNDEL P E,HELENDER M. Chemical ecology mediated by fungal endophytes in grasses[J]. Journal of Chemical Ecology,2013,39(7):62-968

[7] WANG J F,HOU W P,CHRISTENSEN M J,et al. Role of *Epichloë* endophytes in improving host grass resistance ability and soil properties[J]. Journal of Agricultural and Food Chemistry,2020,68(26):6944-6955

[8] WANG J J,ZHOU Y P,LIN W H,et al. Effect of an *Epichloë* endophyte on adaptability to water stress in *Festuca sinensis*[J]. Fungal Ecology,2017,30:39-47

[9] TADYCH M,BERGEN M S,WHITE J F. *Epichloë* spp. associated with grasses: new insights on life cycles, dissemination and evolution[J]. Mycologia,2014,106(2):181-201

[10] XIA C,ZHANG X X,CHRISTENSEN M J,et al. *Epichloë* endophyte affects the ability of powdery mildew (*Blumeria graminis*) to colonise drunken horse grass (*Achnatherum inebrians*) [J]. Fungal Ecology,2016,16:26-34

[11] HESSE U,SCHÖBERLEIN W,WITTENMAYER L,et al. Effect of *Neotyphodium* endophytes on growth reproduction and drought-stress tolerance of three (*Lolium perenn*e L.) genotypes[J]. Grass and Forage Science,2003,58(4):407-415

[12] KANE K H. Effects of endophyte infection on drought stress tolerance of (*Lolium perenne*) accessions from the Mediterranean region[J]. Environmental and Experimental Botany,2011,71(3):337-344

[13] 蒋瑞娟,何权,朱军,等. 新疆阿魏内生真菌 AW57 菌液对小麦种子萌发及幼苗生长的影响[J]. 新疆农业科学,2019,56(3):393-402

[14] OBERHOFER M,GüSEWELL S,LEUCHTMANN A. Effects of natural hybrid and non-hybrid *Epichloë* endophytes on the response of *Hordelymus europaeus* to drought stress[J]. New Phytologist,2014,201(1):242-253

[15] 夏超. 醉马草-内生真菌共生体对干旱胁迫的响应[D]. 兰州:兰州大学,2018:92-95

[16] SONG M L,LI X Z,SAIKKONRN K,et al. An asexual *Epichloë* endophyte enhances water logging tolerance of *Hordeum brevisubulatum*[J]. Fungal Ecology,2015,13:44-52

[17] SONG M L,CHAI Q,Li X Z,et al. An asexual *Epichloë* endophyte modifies the nutrient stoichiometry of wild barley (*Hordeum brevisubula*tum) under salt stress[J]. Plant and Soil,2015,387(1-2):153-165

[18] CHEN T X,JOHNSON R,CHEN S H,et al. Infection by the fungal endophyte *Epichloë bromicola* enhances the tolerance of wild barley (*Hordeum brevisubulatum*) to salt and alkali stresses[J]. Plant and Soil,2018,428(1-2):353-370

[19] 贾彤,王瑞宏,曹苗文. 白羊草 *Epichloë*属内生真菌的分离鉴定及其重金属耐受性[J]. 生态学报,2018,38(18):6623-6631

[20] GUERRE P. Ergot alkaloids produced by endophytic fungi of the genus *Epichloë*[J]. Toxins,2015,7:773-790

[21] RUPPERT K G,MATTHEW C,MCKENZIE C M,et al. Impact of *Epichloë* endophytes on adult Argentine stem weevil damage to perennial ryegrass seedlings[J]. Entomologia Experimentalis et Applicata,2017,163:328-337

[22] 鲍根生,张兴旭,李秀璋,等. 青海高原禾草内生真菌资源的调查和分离[J]. 草业科学,2015,32(12):1997-2007

[23] SONG H,NAN Z B,SONG Q Y,et al. Advances in research on *Epichloë* endophytes in Chinese native grasses[J]. Frontiers in Microbiology,2016,7:1399

[24] SONG Q Y,NAN Z B,GAO K,et al. Antifungal, phytotoxic, and cytotoxic activities of metabolites from *Epichloë bromicola*, a fungus obtained from *Elymus tangutorum* grass[J]. Journal of Agricultural and Food Chemistry,2015,40(63):8787-8792

[25] BAO G S,SAIKKONEN K,WANG H S,et al. Does endophyte symbiosis resist allelopathic effects of an invasive plant in degraded grassland[J]? Fungal Ecology,2015,17(7):114-125

[26] 李春杰,王正凤,陈泰祥,等. 利用禾草内生真菌创制大麦新种质[J]. 科学通报,2021,66(20):2608-2617

[27] KULKARNI R K,NIELSEN B D. Nutritional requirements for growth of a fungus endophyte of Tall Fescue grass[J]. Mycologia,1986,78(5):781-786

[28] LI C J,NAN Z B,LI F. Biological and physiological characteristics of *Neotyphodium gansuense* symbiotic with *Achnatherum inebrians*[J]. Microbiological Research,2008,163(4):431-440

[29] 金文进,李春杰,南志标. 中华羊茅内生真菌 *Neotyphodium* sp.生物学与生理学特性的研究[J]. 菌物学报,2009,28(3):363-369

[30] 陈泰祥,李春杰,李秀璋. 一株野大麦内生真菌的生物学与生理学特性[J]. 草业科学,2016,33(9):1658-1664

[31] 李春杰,南志标,刘勇,等. 醉马草内生真菌检测方法的研究[J]. 中国食用菌,2008,27(Supplement):16-19

[32] KANG Y,JI Y L,ZHU K R,et al. A new *Epichloë* species with interspecific hybrid origins from *Poa pratensis* ssp. pratensis in Liyang, China[J]. Mycologia,2011,103(6):1341-1350

[33] LEUCHTMANN A,BACON C W,SCHARDL C L,et al. Nomenclatural realignment of *Neotyphodium* species with genus *Epichloë*[J].

Mycologia,2014,106:202-215
[34] SHI Q,MATTHEW C,LIU W H,et al. Alkaloid contents in *Epichloë* endophyte-infected *Elymus tangutorum* sampled along an elevation gradient on the Qinghai-Tibetan Plateau[J]. Agronomy,2020,10(11):1812
[35] ZHANG X,REN A Z,WEI Y K,et al. Taxonomy, diversity and origins of symbiotic endophytes of *Achnatherum sibiricum* in the Inner Mongolia Steppe of China[J]. FEMS Microbiology Letters,2010,301(1):12-20
[36] 许文博. 中华羊茅内生真菌的分类、多样性及代谢产物研究[D]. 兰州:兰州大学,2022:53-54
[37] 宋辉,南志标,田沛. 中国西北地区披碱草属植物所带内生真菌的培养特征[J]. 草业学报,2015,24(9):89-95
[38] 杨洋,陈娜,李春杰. 甘肃中华羊茅内生真菌形态多样性[J]. 草业科学,2011,28(2):273-278
[39] 柳莉,李秀璋,郭长辉,等. 不同培养基对禾草内生真菌 *Epichloë*生长与产孢的影响[J]. 草业科学,2015,32(6):859-869
[40] 宋辉. 九种披碱草属植物及其 *Epichloë*内生真菌的系统进化[D]. 兰州:兰州大学,2015:45-66
[41] 张玉平. 披碱草-内生真菌共生体生物学与生理学特性的研究[D]. 兰州:兰州大学,2007:31-40
[42] HEESWIJCK R,MCDONALD G. Acremonium endophytes in perennial ryegrass and other pasture grasses in Australia and New Zealand[J]. Australian Journal of Agriculture Research,992,43(8):1683-1709
[43] 田沛,旷宇,南志标. 中华羊茅的优良特性以及利用内生真菌进行育种潜力浅析[J]. 草业科学,2015,32(7):1079-1087
[44] 鲍根生,李春杰. 青藏高原高寒草地优势禾草-紫花针茅内生真菌分离和鉴定[J]. 草业学报,2016,25(03):32-42

# 青藏高原禾本科牧草混播对牧草产量、土壤养分和土壤微生物群落的影响

李思达[1,2]，刘文辉*[,1,2]，梁国玲[1,2]，贾志峰[1,2]，刘凯强[1,2]，石正海[1,2]

1 青海大学畜牧兽医科学院（青海省畜牧兽医科学院），青海西宁，810016；2 青藏高原种质资源研究与利用实验室，青海西宁，810016

**摘要：**在青藏高原地区建立人工草地是解决草畜矛盾的有效途径。但由于该地区海拔高、气温低、气候干旱，导致多年生豆科与禾本科混播草地存在返青率低，易退化的问题。因此，我们拟通过田间试验，探索利用草地早熟禾和碱茅两种禾本科植物在该地区建立禾本科混播栽培草地的可行性。本试验结果表明，早熟禾和碱茅混播草地的牧草产量随时间的显著变化。其中，在第 3～6 年，混播草地的产量高于单播草地。其产量较单播碱茅草地的产量高出 19.38%～29.14%，较单播早熟禾草地的产量高出 17.18%～62.98%。通过对人工草地土壤理化性质和土壤微生物群落的分析表明，禾本科混播草地可以通过提高土壤酶活性，改善土壤微生物群落，提高土壤养分水平，固氮效率以及有机磷转化效率。因此，在青藏高原地区建立禾本科混合草地是可行的。

**关键词：**青藏高原、混播草地、草地早熟禾、小花碱茅、土壤微生物

# The Impact of Mixed Planting of Poaceae Species in the Qinghai-Tibet Plateau Region on Forage Yield, Soil Nutrients, and Soil Microbial Communities

Sida Li[1,2]，Wenhui Liu*[,1,2]， Guoling Liang[1,2]， Zhifeng Jia[1,2]， Kaiqiang Liu[1,2]， Zhenghai Shi[1,2]

(1. Academy of Animal and Veterinary Sciences，Qinghai University, Qinghai Academy of Animal and Veterinary Sciences, Xining, Qinghai 810016, China; 2. Laboratory for Research and Utilization of Qinghai Tibet Plateau Germplasm Resources, Xining, Qinghai 810016, China.)

**Abstract：** Establishing cultivated grassland in the Qinghai-Tibet Plateau region is an effective method to address the conflict between vegetation and livestock. However, the high altitude, low temperature, and arid climate in the region result in slow regeneration and susceptibility to degradation of mixed cultivation grassland containing perennial legumes and gramineous plants. Therefore, we aim to through field experiments, explore the feasibility of establishing mixed cultivation grassland of Poaceae species in the region by utilizing two grass species, Poa pratensis L. and Puccinellia tenuiflora. By employing a mixture of P. pratensis and P. tenuiflora to establish cultivated grassland, we observed significant changes in forage yield over time. Specifically, during the 3rd to 6th years of cultivation, the yield in the mixed grassland was higher than in monocultures. It exceeded the yield of monoculture P. tenuiflora by 19.38% to 29.14% and surpassed the monoculture of P. pratensis by 17.18% to 62.98%. Through the analysis of soil physicochemical properties and soil microbial communities in the cultivated grassland, the study suggests that the mixed grassland with Poaceae species can enhance soil enzyme activity and improve soil microbial communities. Consequently, this leads to increased soil nutrient levels, enhanced nitrogen fixation efficiency, and improved organic phosphorus conversion efficiency. Therefore, establishing mixed grasslands with Poaceae species in the Qinghai-Tibet Plateau region is deemed feasible.

**Keywords:** Qinghai-Tibet Plateau, Mixed grasslands, Poa pratensis L., Puccinellia tenuiflora, Soil microbial communities

混播作为一种高效的种植模式，与单播相比，混播可以改善了种间竞争和资源利用[1]。研究表明，混播草地可以提高草地的牧草产量和品质[2]。因此，在青藏高原建立混播草地是促进草地生产力的关键策略。目前，大部分研究集中在豆科植物和禾本科植物的混播上，主要是由于豆科植物可以通过固氮作用或通过分解土壤枯落物来提高土壤养分，从而增加了牧草产量[3]-[4]。同时，混播可以影响土壤微生物群落的结构和功能，增强其稳定性和适应性，并促进土壤养分循环，从而改善土壤肥力[5]-[6]。然而，在青藏高原地区，由于高海拔、低累积温度和干旱气候，大多数优质多年生豆科植物的适应性受到影响。这导致了多年生豆科人工草地的再生速度较低和迅速退化。基于上述原因，青藏高原地区建立豆科植物和禾本科植物的混播草地可能不是最佳选择。因此，本研究旨在探索在青藏高原地区利用禾本科植物建立混播草地的可行性。这一探索旨在找到一种有效的方法来增加草地生产

力，同时保护该地区的生态环境。

# 1.材料与方法

## 1.1 试验地概况

试验地位于中国青海省海北州西海镇多年生牧草种质资源圃（36°59′36″，100°52′84″E，海拔 3 156 m）。属高原大陆性气候，寒冷期长，年平均气温 0.9 ℃，最高气温 30.5 ℃，最低气温 - 33.8 ℃，≥10 ℃ 年积温 634.5 ℃。光照充足，太阳辐射强。干湿季分明，雨热同季，年平均降水量 369.1 mm，无霜期较短。土壤类型为黑钙土，土壤养分含量为:有机质 38.35 g·kg$^{-1}$、碱解氮 2.58 mg·kg$^{-1}$、速效磷 1.36 mg·kg$^{-1}$、速效钾 21.69 mg·kg$^{-1}$，土壤 pH 为 8.43。

## 1.2 试验设计

试验材料选用青海扁茎早熟禾（*Poa pratensis* var. *anceps Gaund.* cv. ‘Qinghai’）、同德小花碱茅（*Puccinellia tenuiflora* cv. ‘Tongde’）。由青海省畜牧兽医科学院提供。试验共设有 3 个处理，分别为同德小花碱茅播草地（*Puccinellia*）、青海扁茎早熟禾单播草地（*Poa*），早熟禾和碱茅混播草地（*Poa* + *Puccinellia*）。试验于 2018 年 7 月 15 日播种，小区面积为 50 m$^2$，3 次重复。各处理总播量为 22.5 kg·hm$^{-2}$，混播处理按种子数量比 1:1 播种，采用条播，行距 30 cm。播前施尿素 75 kg·hm$^{-2}$ 和磷酸二铵 150 kg·hm$^{-2}$ 播种当年和第二年牧草返青后各除杂草 1 次，旱作。

## 1.3 试验取样及指标测定

牧草产量：于 2019 年、2020 年、2021 年、2022 年、2023 年乳熟期进行测定各处理牧草产量。

土壤取样：2023 年 8 月 15 日，乳熟期，进行根际土壤采样。测定土壤含水量(SMC)、土壤容重(SBD)、土壤全氮（STN）、土壤全磷（STP）、土壤脲酶(SU)、土壤碱性磷酸酶（SAP）,以及土壤微生物多样性。

# 2.结果分析

## 2.1 不同类型人工草地的牧草产量及种间竞争关系

人工草地的牧草产量受到种植模式与种植年限的显著影响。人工草地的牧草产量随着种植年限的增加呈降低趋势，在种植第 5 年到第 6 年时产量逐渐稳定。混播草地的牧草产量在种植第 2 年牧草产量最高，但低于单播碱茅草地。但在 2020 年（种植第 3 年）逐渐高于单播早熟禾草地和单播碱茅草地（图 1A）。在 2019 年 *Poa* +*Puccinellia* 的 RYT 显著小于 1（P<0.05）,但随着种植年限的增长，*Poa* +*Puccinellia* 的 RYT 显著大于 1（P<0.05）。这表明在 2021 到 2023 年，混播草地的竞争程度变化较小，混播草地的种间关系稳定。（图 1B）

## 2.2 不同类型人工草地的土壤性质及土壤酶活性

土壤养分方面，混播草地的 STN 较 *Poa* 单播草地高 4.61%，较 *Puccinellia* 单播草地高 7.27%。混播草地的 STP 较 *Puccinellia* 单播草地高 4.09%，与 Poa 单播草地差异不显著（P>0.05）（图 1C）。土壤酶活性方面，混播草地的 SNR, SAP, SU 显著高于 *Poa*，*Puccinellia* 单播草地。其中混播草地的 SNR 分别较 *Puccinellia* 高 45.40%单播草地，较 *Poa* 单播草地高 75.44%。*Poa* +*Puccinellia* 混播草地的 SAP 分别较 *Puccinellia* 单播草地高 10.91%，较 *Poa* 单播草地高 9.65%。*Poa* +*Puccinellia* 混播草地的 SU 分别较 *Puccinellia* 单播草地高 13.79%，较 Poa 单播草地高 11.61%（图 1D）。

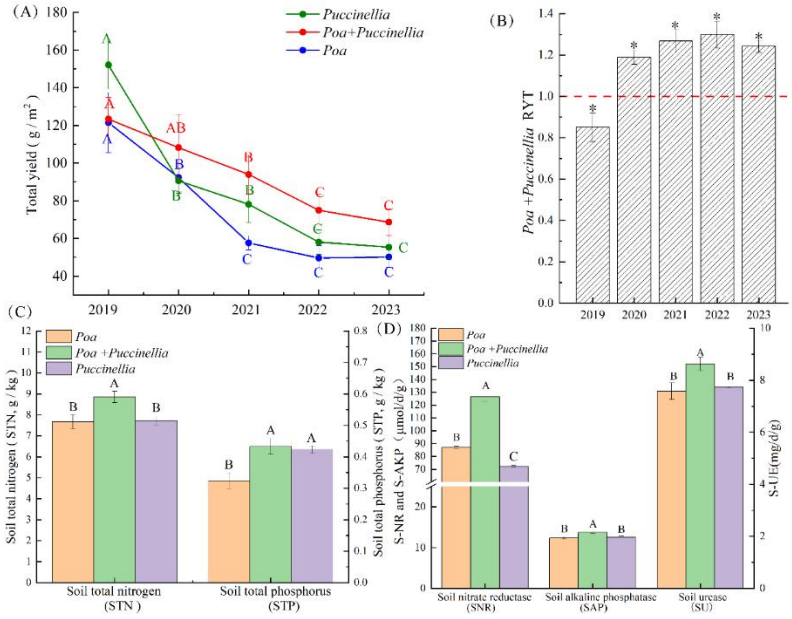


图 1 各处理不同生长年限的牧草产量、土壤养分以及土壤酶活性

Fig. 1 Forage yield, soil nutrients and soil enzyme activities of each treatment in different growth years

注：图 1A 表示各处理不同生长年限的牧草产量；图 1B 表示混播处理不同生长年限的相对总产量（RYT）；图 1C 表示各处理不同生长年限的土壤全氮全磷含量；图 1D 表示各处理不同生长年限的土壤碱性磷酸酶（S-AKP）、硝酸还原酶（S-NR）、脲酶（S-UE）活性。

Note: Figure 1A represents the forage yield of each treatment at different growth years; Figure 1B represents the relative total yield (RYT) of mixed sowing treatment at different growth years; Figure 1C represents the soil total nitrogen and total phosphorus content of each treatment at different growth years; Figure 1D represents the soil alkaline phosphatase (S-AKP), nitrate reductase (S-NR), and urease (S-UE) activities of each treatment at different growth years.

## 2.3 土壤微生物群落结构

试验结果表明，*Poa*+*Puccinellia* 混播草地较 *Puccinellia* 单播草地和 *Poa* 单播草地显著提高了真菌的 Shannon 指数和 Simpson 指数（P<0.05）。但对 Sobs 和 ACE 指数影响不显著（P>0.05）。但 *Poa*+*Puccinellia* 混播草地较 *Poa* 单播草地降低了细菌的 Shannon 指数和 Simpson 指数，但对 Sobs 和 ACE 指数影响不显著（P>0.05）（表 1）。采用 PCoA 分析的土壤微生物多样性表明，主坐标 1 分别占总变异量的 13.24%和 18.95%，主坐标 2 分别占总变异量的 12.85%和 17.23%。并且混播草地较 *Puccinellia* 单播草地和 *Poa* 单播草地显著影响了土壤细菌群落，但对真菌群落影响较小(图 2A，图 2B)。

由图 2C 和图 2D 可知，*Poa*+*Puccinellia* 混播草地较 *Puccinellia* 单播草地，显著影响了细菌 *Proteobacteria*，*Acidobacteriota*，*Bacteroidota*，*Gemmatimonadota*，*Verrucomicrobiota* 和 *Myxococcota* 的丰度（P＜0.05），对 *Poa* 单播草地相比影响不显著（P＞0.05）（图 2C）。但，*Poa*+*Puccinellia* 混播草地较 *Poa* 单播草地，显著影响了真菌 *Ascomycota, Mortierellomycota*，*Basidiomycota* 和 *Olpidiomycota* 的丰度（P＜0.05），对 *Puccinellia* 单播草地相比影响不显著（P＞0.05）（图 2D）。

通过 FAPROTAX，对人工草地的细菌进行功能注释，结果表明，混播草地增加了固氮功能、芳香族化合物降解功能的基因丰度。降低了芳香烃降解、非甲烷烃降解和烃类降解功能的基因丰度（图 2F）。通过 FunGuild，对人工草地的真菌进行功能注释，结果表明，混播草地增加了动物病原体-内生-地衣寄生虫-植物病原体-土壤腐殖质-木材腐殖质，内生-凋落物腐殖质-土壤腐殖质-未定义腐殖质，动物病原体-粪便腐殖质-内生-地衣寄生虫-植物病原体-未定义腐殖质，内生-植物病原体-木材腐殖质，内生-附生-真菌寄生虫-昆虫寄生虫，真菌寄生虫-未定义腐殖质的基因丰度（图 2E）。

表 1 各处理土壤微生物群落α多样性

Table 1. Soil microbial community alpha diversity.

| | | *Puccinellia* | *Poa*+*Puccinellia* | *Poa* | F | *P* |
|---|---|---|---|---|---|---|
| Fungal | Sobs | 977.33±17.21 | 934±29.82 | 968±30.45 | 2.216 | 0.190 |
| | ACE | 1077.82±17.44 | 1037.5±31.12 | 1099.74±31.74 | 256.850 | 0.081 |
| | Shannon | 6.76±0.03b | 6.89±0.02a | 6.71±0.01b | 3.620 | <0.001 |
| | Simpson | 0.98±0.01a | 0.98±0.01a | 0.97±0.01b | 3.934 | <0.001 |
| Bacterial | Sobs | 4323±41.94 | 4532.33±201.65 | 4306.33±74.27 | 2.978 | 0.126 |
| | ACE | 4868.7±37.21 | 5087.97±191.78 | 4847.9±50.82 | 3.908 | 0.082 |
| | Shannon | 9.63±0.04b | 9.67±0.03ab | 9.75±0.05a | 6.095 | 0.036 |
| | Simpson | 0.99±0.01b | 0.99±0.01b | 0.99±0.01a | 20.938 | 0.002 |

注：不同字母表示差异显著（P<0.05）。

Note: Different letters denote significant differences（P<0.05）.

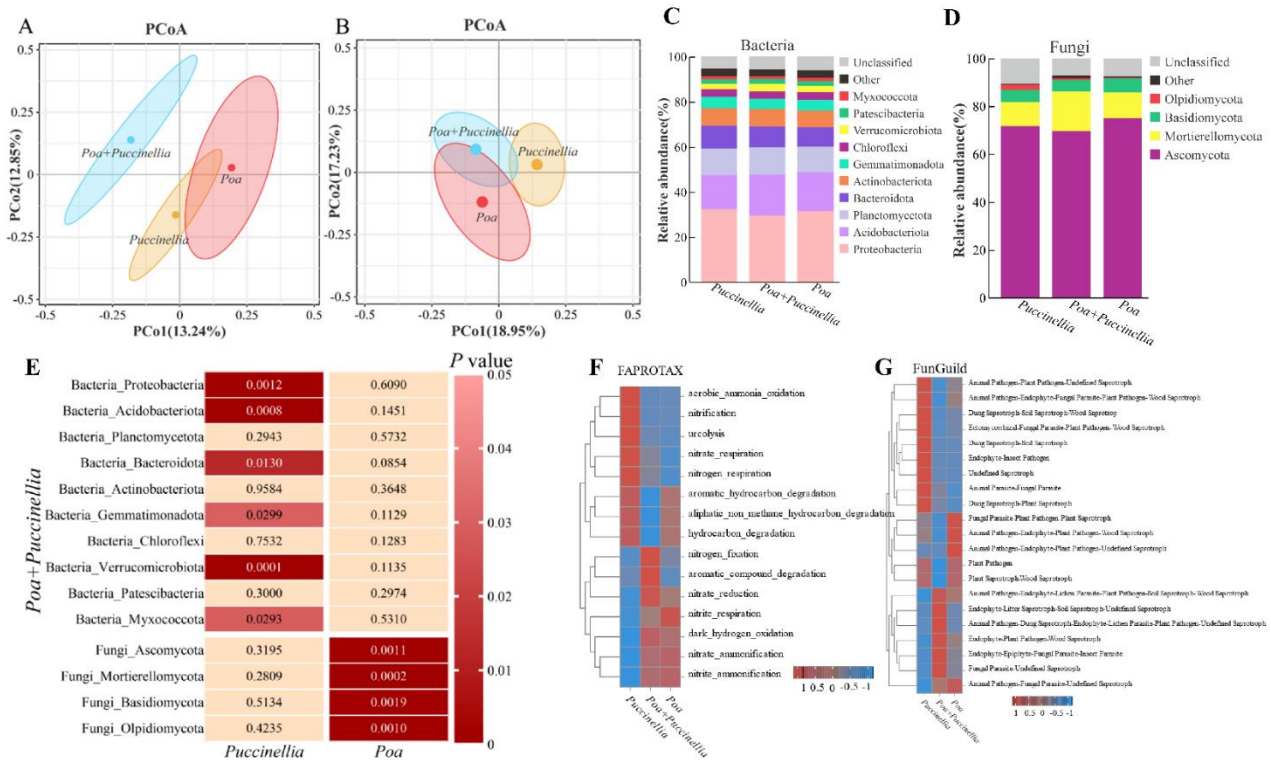



图 2 各处理的微生物群落特征

Fig. 2 Microbial community characteristics of each treatment

注：图 2A 表示各处理土壤细菌微生物β多样性；图 2B 表示各处理土壤真菌微生物β多样性；图 2C 表示各处理土壤细菌微生物群落组成；图 2D 表示各处理土壤真菌微生物群落组成；图 2E 表示混播草地与单播草地的土壤微生物群落差异；图 2F 表示各处理土壤细菌微生物群落功能基因差异；图 2E 表示各处理土壤真菌微生物群落功能基因差异。

Note: Figure 2A shows the diversity of soil bacterial microbial β in each treatment. Figure 2B shows the diversity of soil fungal microbial β in each treatment. Figure. 2C shows the composition of soil bacterial microbial community in each treatment. Figure. 2D shows the composition of soil fungal microbial community in each treatment. Figure. 2E shows the difference of soil microbial communities between mixed-sowing grassland and mono-sowing grassland. Figure 2F shows the differences of functional genes of soil bacterial microbial communities in different treatments. Figure 2E shows the functional gene differences of soil fungal microbial communities in different treatments.

## 3.讨论

大量研究表明，生态位重叠越高的人工草地会对有限资源激烈竞争，导致草地稳定性降低和产量减少[7]-[9]。本研究表明，在 2019 年（第 2 年），*Poa* + *Puccinellia* 混播草地的牧草产量低于单播碱茅草地，其 RYT 显著低于 1.0（P<0.05）。这是可能是因为在生长的早期阶段，播种密度过大，并且早熟禾和碱茅均为禾本科下繁草，其植株高度和养分需求相似，使混播草地存在激烈光合和养分竞争。这种显著的生态位重叠抑制了两种牧草的生长。然而，随着混播草地的生长，RYT 增加到显著大于 1.0（P<0.05），这表明混播草地种间兼容性增加，竞争减少。这种变化归因于随着时间的推移，混播草地中可利用的生态因子的增长和植物密度的降低，减少了混播草地之间的生态位重叠，减轻了种间竞争[10]。因此，混播草地的牧草产量逐渐超过了早熟禾和碱茅单播草地。

先前的研究表明，土壤碱性磷酸酶、硝酸还原酶、脲酶是土壤中重要的酶类。当土壤碱性磷酸酶活性增强时，土壤中有机磷转化为无机磷的速率加快，增加了有效磷的含量。土壤硝酸还原酶活性的增加可以影响土壤反硝化速率和提高有效氮含量。土壤脲酶催化尿素水解为 $NH^3$，进一步通过质子交换转化为 $NH^{4+}$。因此土壤碱性磷酸酶、硝酸还原酶、脲酶在土壤养分循环中具有重要作用[11]-[12]。本试验表明，混播草地提高了土壤碱性磷酸酶、硝酸还原酶和脲酶的酶活性，这表明混播草地较单播草地具有更高的土壤养分循环效率。同时研究表明，混播草地可以通过分解植物的凋落物转化为矿质化的养分，增加土壤中的氮磷含量，或者通过根系分泌的有机酸和酶，能够使土壤中锁定的氮、磷释放，从而增加土壤氮，磷的可利用性[13]。此外混播草地还可以通过改善土壤微生物群落，提高提高土壤的固氮能力，等途径提高土壤中的全氮、全磷含量[14]。本试验与前人研究结果一致，早熟禾和碱茅混播草地较单播草地具有更高的土壤全氮含量、总磷含量。

混播草地对微生物功能也有显著的影响[15]。我们的研究表明，混播草地增加了固氮功能、芳香族化合物降解功能的基因丰度。芳香化合物在自然界中广泛存在，芳香族化合物降解功能基因丰度的提高，可以有助于微生物将复杂的有机物质转化为可以被微生物和植物利用的形式[16]。同时芳香族化合物降解功能基因丰度的提高，表明土壤中的微生物活性增强，能更有效地分解和移除土壤中的芳香化合物，从而改善土壤的肥力和生产力。同时，之前大量研究表明，在青藏高原地区限制植物生长的主要因素是低温、干旱、以及缺少可利用氮[17]。因此固氮功能基因丰度的增加，提高了土壤的固氮能力从而缓解混播草地不同植物对养分的竞争，提高牧草产量。

在土壤真菌方面，此前研究表明，*Ascomycot* 菌门是在干旱的草地中占主导地位的真菌[18]。*Ascomycot* 菌门是干旱生态系统碳氮循环的重要驱动因子。这些真菌在土壤稳定、植物生物量分解以及与植物的内生相互作用中发挥作用。它们也可能与生物外壳成分形成共生关系，或潜伏在植物组织上的腐殖质或病原体[19]。同时，Diakhaté 研究表明[20]，*Mortierellales* 菌门主要包括中的腐养菌，通常对植物或动物和人类无致病性，可以通过合成和分泌草酸来溶解土壤中的无机磷，增加土壤养分。与此前研-究结果一致。本研究表明，混播草地显著降低了 *Ascomycot* 菌门的丰度，并显著增加了 *Mortierellales* 菌门的丰度。这表明，混播草地改善了土壤的真菌的群落结构，增强了土壤对有机磷转化为无机磷的效率，并且有利于防治病虫害。

# 4. 结论

本研究表明，在青藏高原地区，草地早熟禾和小花碱茅的混播草地可以增加草地的饲草产量，土壤总氮和总磷含量，以及土壤酶活性。并有效促进了土壤微生物群落，提高了土壤微生物群落稳定性。此外，草地早熟禾和小花碱茅混播可以提高土壤酶如脲酶、碱性磷酸酶和硝酸还原酶的活性，同时增加了珠霉菌门和固氮功能基因的丰度。这有助于提高土壤有机磷向无机磷的转化效率和土壤固氮效率。因此，在青藏高原地区建立禾本科混播草地是具有可行性的。

## 参考文献


[1]. Suter, Matthias, Huguenin-Elie, Olivier, Lüscher, & Andreas. (2021). Multispecies for Multifunctions: Combining Four Complementary Species Enhances Multifunctionality of Sown Grassland. *Scientific Reports, 11*(1), 3835.

[2]. Liu, Xiang, Huang, Xiaotao, Qin, Wenping, Li, Xiaoan, Ma, Zhiwen, Shi, Hongxiao, Li, Lanhai, Li, & Changzhong. (2022). Effects of Establishing Cultivated Grassland on Soil Organic Carbon Fractions in a Degraded Alpine Meadow on the Tibetan Plateau. *Peerj, 10*, e14012.

[3]. David Tavi Agbor, Kizito Sone Eboh, Desmond Kwayela Sama, Lony Mbah Teche, Gregory Tambe Tanyi, & Raymond Ndip Nkongho. (2023). Maize-legume Intercropping and Botanical Piper Mitigating Effect on Pest Populations while Enhancing the Yield of Maize. *Journal of Natural Pesticide Research, 6*, 100060..

[4]. Gabriela Castro Pires, Maria Eloá de Lima, Carin Sgobi Zanchi, Caio Moretti de Freitas, Juliana Mendes Andrade de Souza, Tatiane Andrea de Camargo, Leandro Pereira Pacheco, Flávio Jesus Wruck, Marco Aurélio Carbone Carneiro, Karl Kemmelmeier, Anibal de Moraes, & Edicarlos Damacena de Souza. (2021). Arbuscular Mycorrhizal Fungi in the Rhizosphere of Soybean in Integrated Crop Livestock Systems with Intercropping in the Pasture Phase. *Rhizosphere, 17*, 100270.

[5]. Jiang Xin, & Kechang Niu. (2021). Effects of Grass Mixed-sowing on Soil Microbial Diversity in the Qingzang(tibetan) Plateau. *Chinese Journal of Plant Ecology, 45*(1).

[6]. Gerardo Moreno, Ana Hernández-Esteban, Víctor Rolo, & José Mariano Igual. (2021). The Enduring Effects of Sowing Legume-rich Mixtures on the Soil Microbial Community and Soil Carbon in Semi-arid Wood Pastures. *Plant and Soil, 465*(1), 563-582.

[7]. Emily R. Reiss & Laurie E. Drinkwater. (2022). Promoting Enhanced Ecosystem Services From Cover Crops Using Intra- and Interspecific Diversity. *Agriculture, Ecosystems & Environment, 323*, p.107586.

[8]. Sebastian Christoph Glowacki, Martin Komainda, Edmund Leisen & Johannes Isselstein. (2023). Yield of Lucerne-grass Mixtures Did Not Differ From Lucerne Pure Stands in a Multi-site Field Experiment. *European Journal of Agronomy, 150*, p.126927.

[9]. Vincent Baillard, Marie Laure Delignette-Muller, Cécile Sulmon, Anne-Kristel Bittebiere, Cendrine Mony, Ivan Couée, Gwenola Gouesbet, Simon Devin & Elise Billoir. (2021). How Does Interspecific Competition Modify the Response of Grass Plants Against Herbicide Treatment? a Hierarchical Concentration-response Approach. *Science of the Total Environment, 778*, p.146108.

[10]. Niu KeChang, Liu Yining, Shen Zehao, He Fangliang & Fan Jing-yun. (2009). Community Assembly: the Relative Importance of Neutral Theory and Niche Theory.. *Biodiversity Science, 17*, pp.579-593.

[11]. Aoife M. Duff, Patrick Forrestal, Israel Ikoyi & Fiona Brennan. (2022). Assessing the Long-term Impact of Urease and Nitrification Inhibitor Use on Microbial Community Composition, Diversity and Function in Grassland Soil. *Soil Biology and Biochemistry, 170*, p.108709.

[12]. Edgar Pinto, Fernanda Fidalgo, Jorge Teixeira, Ana A. Aguiar & Isabel M.P.L.V.O. Ferreira. (2014). Influence of the Temporal and Spatial Variation of Nitrate Reductase, Glutamine Synthetase and Soil Composition in the N Species Content in Lettuce (lactuca Sativa). *Plant Science, 219-220*, pp.35-41.

[13]. Fengkui Ma, Qun'ou Jiang, Lidan Xu, Kexin Lv & Guoliang Chang. (2021). Processes, Potential, and Duration of Vegetation Restoration Under Different Modes in the Eastern Margin Ecotone of Qinghai-tibet Plateau. *Ecological Indicators, 132*, p.108267.

[14]. Xiaohong Deng, Heqiang Du, Zongxing Li, Hong Chen, Nan Ma, Yulin Song, Lihui Luo & Quntao Duan. (2023). Sand Fixation and Human Activities on the Qinghai-tibet Plateau for Ecological Conservation and Sustainable Development. *Science of the Total Environment*, p.169220.

[15]. Ying Wang, Mei Wang, Zhen'an Yang, Yalin Jiao & Guangming Chu. (2022). Dominant Fungal Communities Aggregate in the Shallow Rhizosphere Soil of Anabasis Aphylla. *Sustainability, 14*(22), p.15423.

[16]. Qing-Feng Wang, Hui-Jun Jin, Cui-Cui Mu, Xiao-Dong Wu, Lin Zhao & Qing-Bai Wu. (2023). Non-climate Environmental Factors Matter to Holocene Dynamics of Soil Organic Carbon and Nitrogen in an Alpine Permafrost Wetland, Qinghai–tibet Plateau. *Advances in Climate Change Research, 14*(2), pp.213-225.

[17]. Zhongmin Dai, Weiqin Su, Huaihai Chen, Albert Barberán, Haochun Zhao, Mengjie Yu, Lu Yu, Philip C. Brookes, Christopher W. Schadt, Scott X. Chang & Jianming Xu. (2018). Long-term Nitrogen Fertilization Decreases Bacterial Diversity and Favors the Growth of actinobacteria and proteobacteria in Agro-ecosystems Across the Globe. *Global Change Biology, 24*(8), pp.3452-3461.

[18]. Jean F. Challacombe, Cedar N. Hesse, Lisa M. Bramer, Lee Ann McCue, Mary Lipton, Samuel Purvine, Carrie Nicora, La Verne Gallegos-Graves, Andrea Porras-Alfaro & Cheryl R. Kuske. (2019). Genomes and Secretomes of Ascomycota Fungi Reveal Diverse Functions in Plant Biomass Decomposition and Pathogenesis. *Bmc Genomics, 20*(1), p.976.

[19]. Jennifer L Davies, Musangu Ngeleka & Gary A Wobeser. (2010). Systemic Infection with Mortierella Wolfii Following Abortion in a Cow. *Canadian Veterinary Journal, 51*(12), p.1391

[20]. S. Diakhaté, M. Gueye, T. Chevallier, N.H. Diallo, K. Assigbetse, J. Abadie, M. Diouf, D. Masse, M. Sembène, Y.B. Ndour, R.P. Dick & L. Chapuis-Lardy. (2016). Soil Microbial Functional Capacity and Diversity in a Millet-shrub Intercropping System of Semi-arid Senegal. *Journal of Arid Environments, 129*, pp.71-79.

# 新麦草 *PjIPT* 基因的功能验证

任晓敏[52]，云岚[1,2*]，艾芊[1]，赵乔[3*]

（1.内蒙古农业大学草原与资源环境学院，内蒙古 呼和浩特 010018；2.草地资源教育部重点实验室，内蒙古 呼和浩特 10011；3.中国科学院深圳先进技术研究院，广东 深圳 518055）

**摘要：**异戊烯基转移酶（isopentenyl transferases, IPT）参与反式玉米素（*trans*-zeatin, *tZ*）的生物合成。tZ 是调节植物生长发育和抵抗逆境胁迫的一种细胞分裂素类型，在促进芽生长和调控植物侧枝发育方面具有重要作用。探索新麦草 *IPT* 基因的功能，为后续新麦草产量性状改良提供了理论依据。通过花粉管通道法获得过表达 *PjIPT* 拟南芥（*Arabidopsis thaliana*）植株，使用液质联用系统测定反式玉米素。通过花粉管通道法获得过表达 *PjIPT* 拟南芥（*Arabidopsis thaliana*）植株，证明 *PjIPT* 上调植株分枝数。此外，反式玉米素的定量分析表明 PjIPT 通过参与 tZ 的生物合成去调控拟南芥植株分枝数。*PjIPT* 是上调植株分枝数的关键基因。

**关键词：**新麦草；异戊烯基转移酶；反式玉米素；分蘖；功能验证

新麦草（*Psathyrostachys juncea*(Fisch.)Nevski）是小麦族多年生的冷季型牧草，是草原生态修复的优良种质资源[1]。新麦草具有耐牧、抗旱寒和耐盐碱等特性，也是禾草优良抗性基因挖掘的重要遗传资源[2]。改良产量性状是新麦草品种培育要解决的关键问题，而分蘖是决定禾草地上生物量和种子产量的关键性状。

本研究利用前期克隆的新麦草 *PjIPT* 基因，构建了 pCambia-1300-cYFP-*PjIPT* 过表达载体，通过农杆菌侵染转化拟南芥（Col-0），利用抗性板筛选阳性苗，并以 Col-0 和阳性苗为材料测定反式玉米素含量。本研究为后续新麦草产量性状改良提供了理论依据。

## 1 材料与方法

### 1.1 材料

以盛花期的哥伦比亚拟南芥为侵染材料。载体 pCambia-1300-cYFP、农杆菌菌株 GV3101、潮霉素和特美汀均由中国科学院深圳先进技术研究院提供。

### 1.2 方法

#### 1.2.1 农杆菌侵染及阳性苗筛选

将 200 μL 含 p1300-cYFP-*PjIPT* 载体的农杆菌菌液置于含 25 mg/mL 利福平（Rif）和 50 mg/mL 卡那（Kan）的 LB 液体培养基中，30℃ 200 r/min 振荡培养 12 h，4 000 r/min 离心 25 min，去上清，加入 50 mL 侵染液。通过花粉管通道法侵染 Col-0 植株的花朵，长日照培养至收种。将种子置于抗性板上进行筛选，筛选 3 代后，保留纯合阳性植株。

#### 1.2.2 分枝数及株高分析

于分蘖盛期，选取 30 株 Col-0 和 30 株 *35S:* p1300-cYFP-*PjIPT* 纯合拟南芥植株，统计植株所有分枝数，并测量植株绝对高度。利用 Graphpad Pism 9.5 进行差异显著性分析和作图。

#### 1.2.3 反式玉米素含量测定

称取 200 mg 分蘖旺盛期 Col-0 和*35S:*p1300-cYFP-*PjIPT* 阳性苗分蘖节和根，研磨成粉末，加入 1 mL 提取液（甲醇：甲酸：水=80：1 ：19，V：V：V），涡旋混匀，0℃避光超声 20 min。离心后取上清，-80℃去杂质 1 h，离心 10 min，用安捷伦 6470 LC-MS 液质联用仪器进行反式玉米素含量测定。

## 2 结果

### 2.1 IPT 参与反式玉米素的生物合成途径

根据前期二代转录组测序结果和 IPT 相关研究进行反式玉米素合成途径分析。结果（图 1）表明，二甲基丙烯基二磷酸（dimethylallyl diphosphate, DMAPP）在异戊烯基转移酶 IPT 的催化下，产生异戊烯基腺苷- 5′- 三磷酸（isopentenyladenosine-5′-triphosphate, iPRTP）和异戊烯基腺苷-5′-二磷酸（isopentenyladenosine-5′-diphosphate, iPRDP），然后通过细胞色素 P450 单加氧酶（cytochrome P450 monooxygenases, CYP735A）的催化转化成反式玉米素核苷 5′三磷酸盐（tZ riboside 5′-triphosphate, tZRTP）和反式玉米素核苷 5′二磷酸盐（tZ riboside 5′-diphosphate, tZRDP），再经过反式玉米素–核糖苷-5′-磷酸后形成反式玉米素核苷，最终生成反式玉米素。

基金项目：国家自然科学基金项目（32371762），内蒙古自治区自然科学基金重点项目（2023ZD07），内蒙古自治区揭榜挂帅项目（2022JBGS00400303）资助

作者简介：任晓敏（1998-），女，汉族，内蒙古乌兰察布人，硕士研究生，主要从事草种质资源与育种研究，E-mail：2937923090@qq.com；*通信作者 Author for correspondence，E-mail：yunlan@imau.edu.cn；*第二通信作者 Author for correspondence，赵乔，E-mail：qiao.zhao@siat.ac.cn




图 1 反式玉米素的合成途径

Fig. 1　Synthesis pathway of *trans*-zeatin

注：ADP 和 ATP 均为植物 IPT 酶的底物

Note: Both ADP and ATP are substrates of plant IPT enzymes

## 2.2 *35S:*p1300-cYFP-*PjIPT* 纯合阳性植株的表型分析

研究共筛选出 3 个独立的阳性苗株系。结果（图 5-A）显示，与野生型相比，过表达 *PjIPT* 拟南芥具有明显的分枝数增加和植株矮化的表型。分别取 3 个独立的转基因株系和 Col-0 各 30 株进行分枝数和主茎直立高度的统计，结果显示（图 5-B），*35S:*p1300-cYFP-*PjIPT* 阳性苗的分枝数极显著上调（$P$<0.000 1），株高极显著下调（$P$<0.001）。

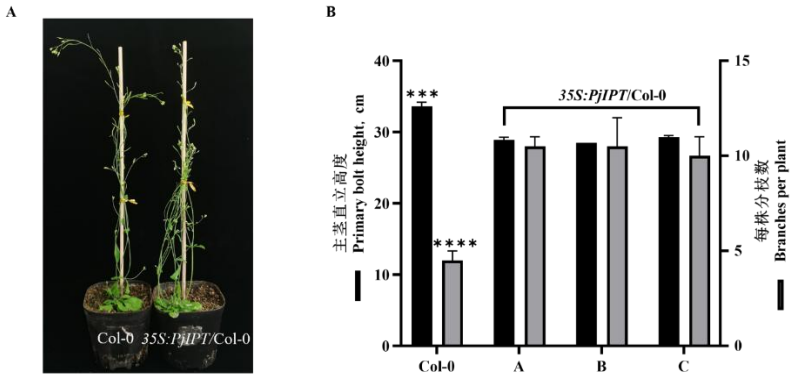



图 5 *35S:*p1300-cYFP-*PjIPT* 阳性植株表型分析

Fig. 5　Phenotypic analysis of *35S:*p1300-cYFP-*PjIPT* positive plants

注：A：42 日龄野生型与过表达 *PjIPT* 的代表性植株；B：42 日龄 Col-0 和 3 个独立的*35S:*p1300-cYFP-*PjIPT* 转基因拟南芥株系的分枝数和株高统计；***表示差异极显著（$P$<0.001）。下同

Note: A: Axillary branching of wild-type and overexpressed *PjIPT* in the representative plants described in B. B: Branch numbers and plant height in 42-day-old Col-0 and 3 independent *35S:*p1300-cYFP-*PjIPT* transgenic *Arabidopsis* lines. ***: Extremely significant difference in ($P$ <0.001). The same below

## 2.3 反式玉米素含量分析

为了探究 PjIPT 在反式玉米素生物合成中的潜在作用，利用安捷伦 6470 LC-MS 液质联用系统分析 *35S:*p1300-cYFP-*PjIPT* 植株分蘖节和根组织中的反式玉米素。结果（图 6-A）显示，与野生型相比，转基因拟南芥中的反式玉米素含量极显著增加；多反应监测模式（multiple reaction monitoring, MRM）显示，反式玉米素定量离子对色谱峰的采集时间在不同的样品间相似，Col-0 样品为 0.690 min，*35S:*p1300-cYFP-*PjIPT* 样品为 0.699 min（图 6-B）；不同样品中反式玉米素的碎片离子扫描光谱相同（图 6-C）。说明 PjIPT 通过参与反式玉米素的生物合成，从而上调拟南芥植株的分枝数。

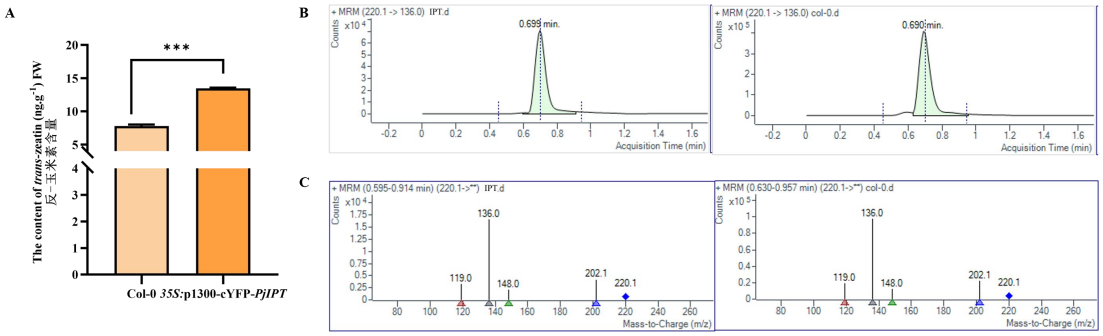



图 6 反式玉米素定量分析

Fig. 6 Quantitative analysis of *trans*-zeatin

注：A：不同样品中反式玉米素含量的分析；B：MRM 色谱图；C：MRM 质谱图

Note: A: Analysis of *trans*-zeatin content in different samples; B: MRM chromatograms; C: MRM mass spectrographs

# 3 讨论

反式玉米素是植物内源性细胞分裂素的活性形式之一，反式玉米素生物合成基因 *IPT* 编码异戊烯基转移酶，其催化 DMAPP 转化为反式玉米素[3-5]。诸多研究中均表明 IPT 是催化形成反式玉米素的限速酶[6]。在水稻（*Oryza sativa*）[7]、玉米 (*Zea mays*) [8]、草莓（*Fragaria vesca*）[9]和大豆（*Glycine max*）[10]等植物中，大部分 IPTs 均通过参与反式玉米素的合成而在植物中发挥功能。在二代转录组测序分析中显示[11]，新麦草 *IPT* 同样也参与细胞分裂素的生物合成，说明 *PjIPT* 编码的异戊烯基转移酶也可能通过参与反式玉米素的生物合成而调控植物生长发育。

通过过表达 *PjIPT*（*PjIPT*-overexpressing, *PjIPT*-OE），野生型拟南芥的分枝数和株高发生了变化。*PjIPT*-OE 拟南芥植株的表型与菊花 *CmIPT1* 转入拟南芥后的表型相同，植株侧枝数均会增加[12]，说明 *PjIPT* 上调植株分枝数。此外，研究通过对比 Col-0 植株和 *PjIPT*-OE 植株中的反式玉米素含量发现，PjIPT 通过参与反式玉米素的合成上调拟南芥的分枝数。

# 4 结论

新麦草PjIPT蛋白具有调控植株分枝的功能。*PjIPT*主要通过参与反式玉米素的合成在植株分枝方面发挥作用。*PjIPT*是上调植株分枝数的关键基因。

# 参考文献


[1] 黄文, 李睿, 李卫军. 新麦草种子丸粒化包衣配方的筛选 [J]. 现代农业科技, 2023(2): 178-183

[2] 张晨, 云岚, 白亚利, 等. 新麦草种质资源的SSR遗传多样性分析 [J]. 中国草地学报, 2017, 39(5): 24-30

[3] WATERS MT, BREWER PB, BUSSELL JD, et al. The *Arabidopsis* ortholog of rice DWARF27 acts upstream of MAX1 in the control of plant development by strigolactones [J]. Plant Physiol, 2012, 159(3): 1073-1085

[4] 李民吉. 桃ATP/ADP PpIPT基因鉴定与表达分析 [D]. 泰安: 山东农业大学, 2015

[5] 王孝敬. 森林草莓IPT/CKX基因的进化及表达功能分析 [D]. 南京: 南京农业大学, 2017

[6] WORAKAN P, GUJJAR RS, SUPAIBULWATANA K. Stable and reproducible expression of bacterial ipt gene under the control of SAM-specific promoter (pKNOX1) with interference of developmental patterns in transgenic *Peperomia pellucida* plants [J]. Front Plant Sci, 2022, 13: 984716

[7] SAKAMOTO T, SAKAKIBARA H, KOJIMA M, et al. Ectopic expression of KNOTTED1-like homeobox protein induces expression of cytokinin biosynthesis genes in rice [J]. Plant Physiol, 2006, 142(1): 54-62

[8] BRUGIÈRE N, HUMBERT S, RIZZO N, et al. A member of the maize isopentenyl transferase gene family, *Zea mays* isopentenyl transferase 2 (ZmIPT2), encodes a cytokinin biosynthetic enzyme expressed during kernel development [J]. Plant Mol Biol, 2008, 67(3): 215-229

[9] MI XN, WANG XJ, WU H, et al. Characterization and expression analysis of cytokinin biosynthesis genes in *Fragaria vesca* [J]. Plant Growth Regul, 2017, 82(1): 139-149

[10] LE DT, NISHIYAMA R, WATANABE Y, et al. Identification and expression analysis of cytokinin metabolic genes in soybean under normal and drought conditions in relation to cytokinin levels [J]. PLoS One, 2012, 7(8): e42411

[11] LI Z, YUN L, REN XM, et al. Analysis of controlling genes for tiller growth of *Psathyrostachys juncea* based on transcriptome sequencing technology [J]. BMC Plant Biol, 2022, 22(1): 456

[12] 阿不都热扎克·依沙克. 菊花侧枝发生相关基因*CmERF053*和*CmIPT1*的克隆与功能分析[D] . 北京: 中国农业大学, 2018

# 越冬期苜蓿根系生理特性研究

王晓龙[1]，杨婴[1]，柴华[1]，徐艳霞[1]，李莎莎[1]，吴玥[1]，王建丽[2]
(1.黑龙江省农业科学院畜牧兽医分院，黑龙江 齐齐哈尔 161005；
2.黑龙江省农业科学院草业研究所，黑龙江 哈尔滨 150086)

**摘要：**筛选适宜黑龙江省西部地区种植的苜蓿品种，以国内外 9 个不同苜蓿品种为材料，通过对苜蓿越冬期根系生理指标如游离脯氨酸、可溶性蛋白、可溶性糖、丙二醛、SOD 和相对电导率进行测定，利用隶属函数评价筛选出耐寒苜蓿品种。结果表明：冬季低温下，苜蓿根系游离脯氨酸、可溶性糖、可溶性蛋白含量和 SOD 活性呈先升后降的变化，丙二醛和相对电导率则呈现上升趋势。冷冻胁迫下，抗寒品种龙牧 801、龙牧 806 和公农 2 号根系渗透调节物质含量和酶活性显著高于其他品种（$P<0.05$），因而越冬期根系内含物含量与活性的变化是评价品种抗寒强弱的有效手段，依此得出品种抗寒强弱顺序为：龙牧 801>龙牧 806>公农 2 号>驯鹿>阿迪娜>金皇后>三得利>赛迪>WL525。综合比较筛选出龙牧 801、龙牧 806 和公农 2 号较适宜黑龙江省西部地区种植。

**关键词：**苜蓿；越冬期；生理特性；抗寒性；评价

紫花苜蓿（*Medicago sativa* L.）具有产量高、品质优、适应性强等优良特性[1,2]。但在我国北方地区种植，存在越冬问题，并且苜蓿品种不同表现出来的越冬率亦不同。黑龙江地区是我国重要的畜牧业发展基地，历史以来影响黑龙江地区苜蓿生长最为关键的因素之一是越冬。正因如此选择适宜黑龙江地区种植的苜蓿品种，不仅要求高产、优质，而且还应具有较强的抗寒性[3]。寒冷地区苜蓿引种或管理不当会导致苜蓿越冬率偏低，甚至苜蓿植株大量死亡，给种植户和企业造成巨大的经济损失。目前解决苜蓿越冬问题的关键是了解苜蓿对寒冷适应的规律和特点以及苜蓿根系对抗寒性的响应[4-6]。当植物面临低温时，体内会产生一系列生理生化反应，通过提高一些调节物质如游离脯氨酸、可溶性糖、SOD 等含量和酶活性来保护植物免受低温伤害，这些调节物质常被作为评价植物抗寒性的重要指标[4]。通常苜蓿在秋末冬初停止生长，地上部的营养物质会转移至根部，以备翌年再生。所以苜蓿根系既是植物生长时水分和营养物质的吸收器官，亦是苜蓿越冬时重要的贮藏器官，其存储营养物质的多少直接影响着植株的越冬与再生性。由于耐寒性是一个复杂的数量性状，仅靠单一指标还无法判定苜蓿的抗低温能力强弱，因此，如何选择适宜的生理指标来评价品种抗寒性，已成为当前寒区苜蓿产业化发展亟须解决的一大难题[7,8]。所以本研究以国内外不同苜蓿品种为试验材料，通过对苜蓿越冬期根系内的渗透调节物质、细胞膜质过氧化和保护酶活性等物质进行测定，旨在探究苜蓿越冬期根系生理代谢响应机制，并评价出不同品种之间的抗寒性强弱等级，为寒区苜蓿引种栽培及抗寒种质资源鉴定提供理论依据。

## 1 材料与方法

### 1.1 试验地概况

试验地位于齐齐哈尔市富拉尔基，E 123°24′36″，N 47°9′，最低温度 - 39.5℃，年均气温 3℃，积温（≥10℃）2722.1℃，年均降水量约 480 mm，无霜期 132 d 左右。试验地土壤为黑风沙土，有机质 19.89 g·kg$^{-1}$，全氮 1.19 g·kg$^{-1}$，速效磷 10.60 mg·kg$^{-1}$，速效钾 124.84 mg·kg$^{-1}$。

### 1.2 试验材料

选取国内外苜蓿材料 9 份，包括国内审定品种 3 份（龙牧 801、龙牧 806、公农 2 号），国外引进品种 6 份（驯鹿、金皇后、阿迪娜、三得利、赛迪、WL525）。

### 1.3 试验设计

试验小区面积 20 m$^2$（4m×5m），采用随机区组设计，人工条播，行距 40cm，3 次重复，以龙牧 801 为保护行。播前试验小区均未施底肥，播种后及时镇压。试验期间进行灌溉、除草、病虫防治等田间管理措施。越冬期每隔 60d（冷胁迫：10 月 30 日；冻胁迫：12 月 30 日）田间挖取苜蓿根系，以 8 月 30 日为对照（CK），生理指标测定参照史树德等（2011）主编的《植物生理学实验指导》方法[9]测定。

### 1.4 统计分析

采用 Excel（2010）进行数据处理，SAS（9.0）软件进行方差分析和相关性分析。应用模糊数学隶属函数法[10,11]对所测指标进行综合评价，若测定指标与苜蓿越冬耐寒性呈正相关，则 $Fij=[Xij-Ximin]/[Ximax-Ximin]$；测定指标与越冬耐寒性呈现负相关，则 $Fij=1-[Xij-Ximin]/[Ximax-Ximin]$，式中：$Fij$ 为 $i$ 草种 $j$ 指标值；$Xij$ 为鉴定 $i$ 草种 $j$ 指标隶属值；$Ximax$ 为所鉴定 $i$ 草种 $j$ 指标最大值；$Ximin$ 为所鉴定 $i$ 草种 $j$ 指标最小值。将 $i$ 草种各项指标函数值进行累加，求平均值，均值越大则品种耐寒性越强。

## 2 结果与分析

### 2.1 游离脯氨酸和可溶性糖

由图 1 可知，供试品种根系中游离脯氨酸含量均呈先升后降的变化，游离脯氨酸含量由 364.88～377.13 nmol•g$^{-1}$ 升至 614.19～690.37 nmol•g$^{-1}$ 又降至 453.65～628.21 nmol•g$^{-1}$；冷胁迫下，各品种游离脯氨酸含量呈现最高值，与对照组相比增高 66.46%～86.18%；冻胁迫下，龙牧 801 的游离脯氨酸含量显著高于其他品种（$P$<0.05）。可溶性糖含量由 37.57～39.32 mg•g$^{-1}$ 升至 50.64～60.08 mg•g$^{-1}$ 又降至 42.31～51.71 mg•g$^{-1}$；冷胁迫下，各品种可溶性糖积累量呈现最高值，以品种公农 2 号最高，其次为龙牧 801 和龙牧 806。

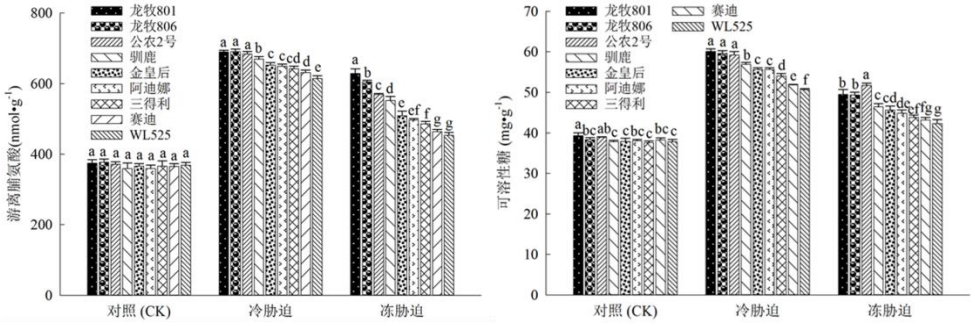



图 1 游离脯氨酸和可溶性糖

## 2.2 可溶性蛋白和 SOD

由图 2 可知，所有品种根系可溶性蛋白含量由 33.96～34.96 μg•g$^{-1}$ 升至 41.13～53.10 μg•g$^{-1}$ 又降至 35.55～41.96 μg•g$^{-1}$。冷胁迫下，各品种可溶性蛋白含量迅速增加，与对照相比增加 20.14%～53.56%；冻胁迫下，龙牧 801、龙牧 806 和公农 2 号可溶性蛋白含量较高。各品种根系的 SOD 活性由 39.12～40.30 U•g$^{-1}$FW 升至 45.00～55.15 U•g$^{-1}$FW 又降至 41.00～48.07 U•g$^{-1}$FW。冷胁迫时，龙牧 801 和龙牧 806 的 SOD 活性显著高于其他品种（$P$<0.05），而赛迪苜蓿的 SOD 活性最低；随胁迫加剧，SOD 活力有所下降，冻胁迫下，龙牧 801、龙牧 806 和公农 2 号的 SOD 活性较高，与其他品种相比差异显著（$P$<0.05）。

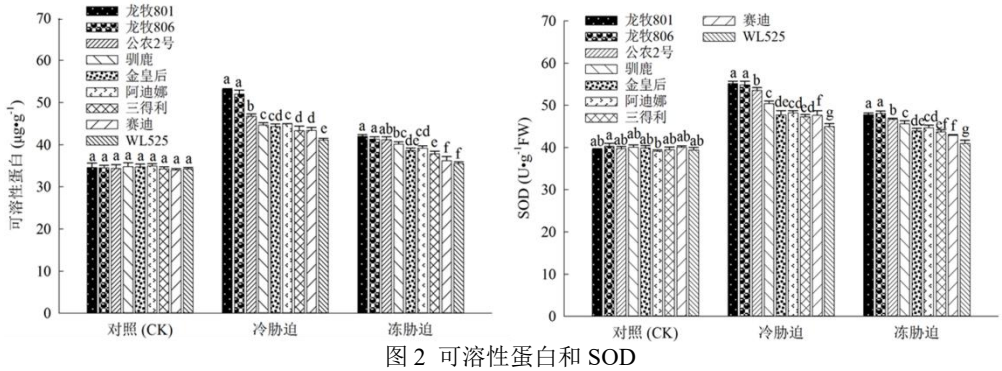



图 2 可溶性蛋白和 SOD

## 2.3 丙二醛和相对电导率

由图 3 可知，各品种丙二醛含量由 51.02～52.94 nmol•g$^{-1}$ 升高至 64.53～98.40 nmol•g$^{-1}$，相对电导率由 8.16%～8.38%升至 54.08%～72.55%。与对照相比，龙牧 801 和龙牧 806 冷胁迫下丙二醛增加较为缓慢，而赛迪和 WL525 苜蓿丙二醛迅速升高。随胁迫强度加剧，各品种在冻胁迫下丙二醛积累量呈现最高值，以品种赛迪和 WL525 的丙二醛含量较高，而龙牧 801 和龙牧 806 丙二醛含量显著低于其他品种（$P$<0.05）。与对照相比，各品种冷胁迫时的相对电导率增加 252.12%～374.39%；冻胁迫时，以赛迪和 WL525 苜蓿的相对电导率显著高于其他品种（$P$<0.05），而龙牧 801、龙牧 806 和公农 2 号的相对电导率较低。

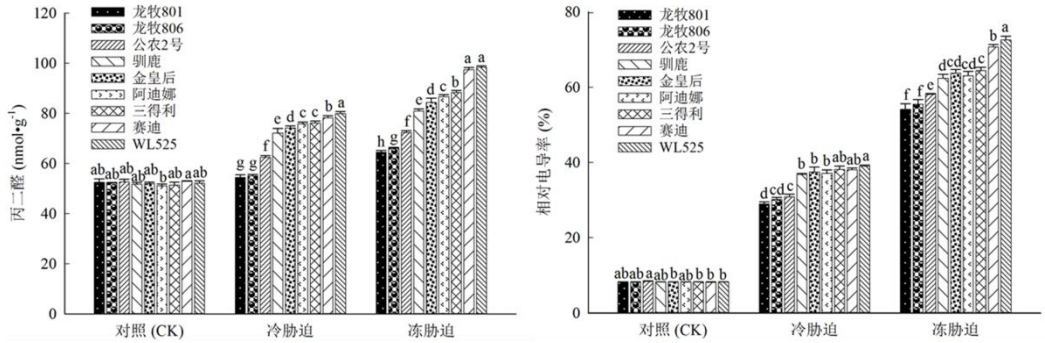



图 3 丙二醛和相对电导率

## 2.4 综合评价

相关性结果表明，苜蓿游离脯氨酸与可溶性糖、蛋白、SOD 之间呈极显著或显著正相关，相关系数分别为 0.549、0.930 和 0.945。丙二醛与相对电导率呈极显著正相关（$P$<0.01；0.901），说明低温下苜蓿的丙二醛积累量越高，则品种的细胞膜损伤程度较重，膜透性增大，电导率升高（表 1）。采用隶属函数法对 9 个品种的抗寒性进行评价，抗寒强弱顺序依次为：龙牧 801>龙牧 806>公农 2 号>驯鹿>阿迪娜>金皇后>三得利>赛迪>WL525（表 2）。

表 1 相关性分析

| 指标 | 游离脯氨酸 | 可溶性糖 | 可溶性蛋白 | SOD | 丙二醛 |
|---|---|---|---|---|---|
| 可溶性糖 | 0.549** | | | | |
| 可溶性蛋白 | 0.930** | 0.422* | | | |
| SOD | 0.945** | 0.528** | 0.979** | | |
| 丙二醛 | 0.341 | 0.587** | 0.114 | 0.164 | |
| 相对电导率 | 0.467* | 0.872** | 0.271 | 0.351 | 0.901** |

**注：***在 0.05 水平显著相关；**在 0.01 水平显著相关。

表 2 隶属函数分析

| 品种 | 游离脯氨酸 | SOD | 丙二醛 | 可溶性蛋白 | 相对电导率 | 综合评价值 | 排序 |
|---|---|---|---|---|---|---|---|
| 龙牧 801 | 0.602 | 0.511 | 0.613 | 0.466 | 0.516 | 0.542 | 1 |
| 龙牧 806 | 0.576 | 0.511 | 0.600 | 0.463 | 0.512 | 0.533 | 2 |
| 公农 2 号 | 0.544 | 0.500 | 0.500 | 0.516 | 0.516 | 0.515 | 3 |
| 驯鹿 | 0.541 | 0.511 | 0.434 | 0.515 | 0.491 | 0.498 | 4 |
| 金皇后 | 0.500 | 0.505 | 0.439 | 0.470 | 0.491 | 0.481 | 6 |
| 阿迪娜 | 0.491 | 0.537 | 0.435 | 0.474 | 0.491 | 0.486 | 5 |
| 三得利 | 0.478 | 0.513 | 0.443 | 0.465 | 0.489 | 0.478 | 7 |
| 赛迪 | 0.457 | 0.459 | 0.477 | 0.413 | 0.507 | 0.463 | 8 |
| WL525 | 0.448 | 0.427 | 0.466 | 0.397 | 0.507 | 0.449 | 9 |

冬季低温下，苜蓿根系游离脯氨酸、可溶性糖、可溶性蛋白含量和 SOD 活性呈先升后降的变化，丙二醛和相对电导率则呈上升趋势。越冬期根系内含物含量与活性的变化是评价品种抗寒强弱的有效手段，依此得出品种抗寒强弱顺序为：龙牧 801>龙牧 806>公农 2 号>驯鹿>阿迪娜>金皇后>三得利>赛迪>WL525。综合比较筛选出龙牧 801、龙牧 806 和公农 2 号较适宜黑龙江省西部地区种植。

# 羊草（*Leymus chinensis*）根茎扩繁能力研究

侯向阳[1,2] 范煜峰[1,2] 白乌云[3]

（1.山西农业大学草业学院 山西 太谷 030801；2.农业农村部饲草高效模式创新重点实验室山西 太谷 030801; 3.内蒙古师范大学 内蒙古 呼和浩特 011517）

**摘要：**羊草是半干旱区退化草原生态修复及高产人工草地建植中特别重要的乡土草种。羊草繁殖特性具有以无性繁殖为主、有性繁殖能力相对较差的特点，在当前羊草种子扩繁技术和产业化水平仍有限的条件下，挖掘和利用其根茎扩繁能力是有效推进草原生态建设和草业可持续发展的重要途径之一。本研究在多年系统搜集羊草野生资源的基础上，采用非破坏性同质园研究方法和盆栽实验研究方法,不同地理来源的羊草的根茎扩繁能力，探讨其与原生境地理气候因素的关系，研究内源和外源褪黑素对羊草根茎扩繁能力的影响及调控机制。结果表明，不同地理来源的羊草材料其表型性状和根茎扩繁性状均有较大差异；随着原生境的均温、高温和低温的增加，以及温差的降低，显著促进羊草根茎的克隆繁殖；内源和外源褪黑素含量对羊草根茎扩繁能力有显著促进作用。本研究对羊草生态生物学研究的进一步深化、羊草新品种选育、生态修复实践都有非常重要指导和支撑意义。

**关键词：**羊草；根茎扩繁能力；地理气候因子；内源和外源褪黑素

# A study on the expansion capacity of Leymus chinensis rhizomes

HOU Xiangyang[1,2], FAN Yufeng[1,2], BAI Wuyun[3]

(1. College of Grassland Science Shanxi Agricultural University, Taigu 030801, Shanxi; 2. Key Laboratory of Forage Efficient Pattern Innovation, Ministry of Agriculture and Rural Development, Taigu 030801, Shanxi; 3. Inner Mongolia Normal University, Hohhot 011517, Inner Mongolia)

**Abstract**: Leymus chinensis is a particularly important native grass species in the ecological restoration of degraded grassland in semi-arid areas and in the establishment of high-yield artificial grassland. The reproduction characteristics of Leymus chinensis are characterized by asexual reproduction and relatively poor sexual reproduction ability. Under the current conditions that the seed expansion technology and industrialization level of Leymus chinensis are still limited, tapping and utilizing its rhizome expansion ability is one of the important ways to effectively promote the ecological construction of grassland and sustainable development of the grass industry. In this study, based on the systematic collection of wild Leymus chinensis resources for many years, we used non-destructive homogeneous garden research method and pot experimental research method to study the rhizome expansion capacity of Leymus chinensis from different geographical sources, to explore the relationship between it and the geographical and climatic factors of the original habitat, and to study the effects of endogenous and exogenous melatonin on the rhizome expansion capacity of Leymus chinensis and its regulatory mechanism. The results showed that the phenotypic traits and rhizome expansion traits of Leymus chinensis materials from different geographic origins differed greatly; the clonal propagation of Leymus chinensis rhizomes was significantly promoted with the increase of mean, high and low temperatures in the native habitats as well as the decrease of temperature difference; and the content of endogenous and exogenous melatonin had a significant effect on the rhizome expansion ability of Leymus chinensis. The present study is of great significance in guiding and supporting the further deepening of ecological biology research, selection and breeding of new varieties of Leymus chinensis, and ecological restoration practice of Leymus chinensis.

**Keywords**: Leymus chinensis; rhizome expansion capacity; geo-climatic factors; endogenous and exogenous melatonin

## 1 引言

我国草原面积辽阔，拥有近 40 亿亩天然草地[1]。由于气候变化和人为不合理利用等因素，目前草原退化、沙化、盐渍化等问题仍很严重，草原平均放牧超载率达 10%以上，草地退化面积占 80%以上，退化草原治理的任务仍然十分艰巨。2023 年，国家林草局在三北防护林工程 40 年建设取得重大进展的基础上，启动和部署三北工程攻坚战，将退化荒漠化草地治理及科学利用纳入重点攻坚任务，为草原保护和治理带来新的机遇。

生态修复，草种是关键。目前我国乡土草种子严重缺乏，草原修复治理工程对草种的需求缺口巨大，每年仍进口草种 10 万吨左右。我国乡土草资源研究的薄弱和抗逆优质乡土品种的短缺是新的草原保护和治理中的一个重要短板。

羊草是半干旱区退化草原生态修复及高产人工草地建植中特别重要的乡土草种。羊草是禾本科赖草属植物，是多年生根茎型植物，具有有性、无性混合繁殖策略，以无性繁殖为主，有性繁殖为辅[2]。在野外自然环境条件下，羊草有性繁殖存在“三低”现象，即抽穗率低、结实率低、发芽率低，分别为 7.9%、25%和 10%～20% [3]。无性营养繁殖是羊草的主要繁殖策略。羊草的营养繁殖方式又分两种，分蘖和根茎克隆繁殖[4]。在当前羊草种子扩

繁技术和产业化水平仍有限的条件下，挖掘和利用其根茎扩繁能力是有效推进草原生态建设和草业可持续发展的重要途径之一。根茎扩繁能力既是根茎植物生长能力以及全株产量性状的反映，也是根茎植物适应生物和非生物胁迫能力的反映，更是根茎植物通过无性扩繁占据生态空间能力的反映。过去的研究工作较少将羊草和赖草的根茎扩繁能力纳入资源研究和育种目标，严重制约了羊草无性繁殖特性在生态建设中的作用。

本团队在多年系统搜集羊草野生资源的基础上，系统研究其根茎扩繁能力，探讨羊草根茎扩繁能力与原生境地理气候因素的关系，研究羊草根茎扩繁能力与内源和外源褪黑素的关系，为以根茎扩繁能力为目标的资源筛选、品种选育及植物调节提供依据，为草原生态修复和高产草地建设提供支撑。

# 2 研究材料和方法

## 2.1 材料来源

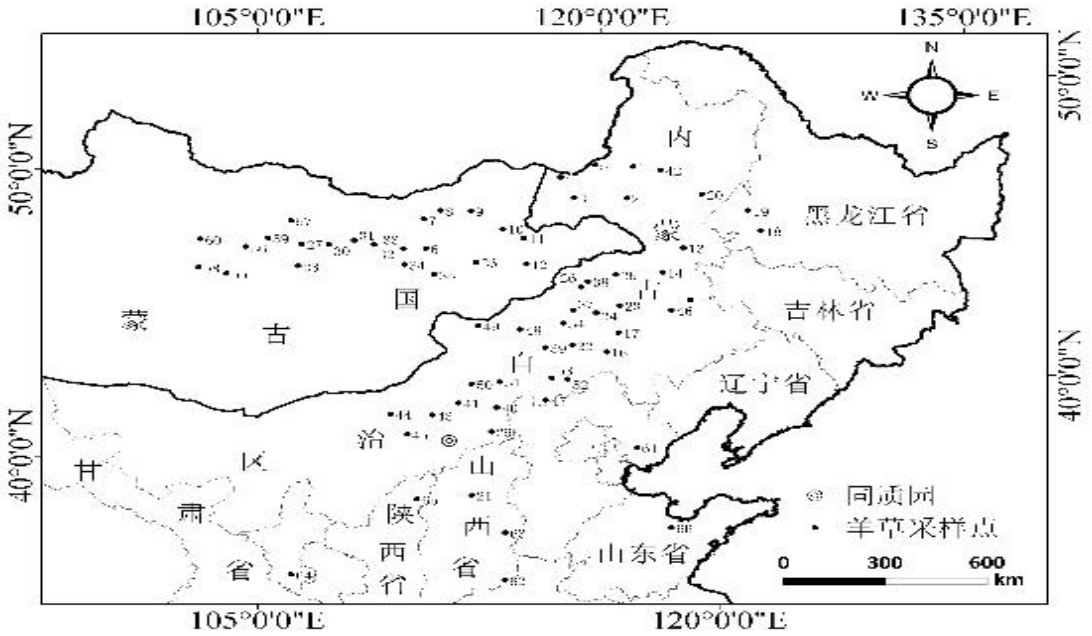
本试验从近几年采集的羊草种质资源中选取不同地理来源的 66 份羊草作为试验材料（图 1），采样范围：35°31′～49°47′N，102°45′～124°31′E，海拔 9～2000 m。66 份羊草材料中有来自蒙古国的 22 份，来自中国 7 个省、自治区的 44 份。羊草采样点年平均气温-2.1 ℃～13.3 ℃，年平均降水量 166.6～695.6 mm。不同采样点之间的平均距离为 621.02 km，最短距离为 29.80 km（LC26 和 LC38），最远距离为 1967.58 km（LC19 和 LC64）。

图 1 羊草采样点分布示意图

Figure 1. Schematic distribution of Leymus chinensis sampling sites

## 2.2 羊草根茎扩繁能力研究方法

（1）本研究以不同地理来源 66 份羊草材料为试验材料,采用非破坏性研究方法,在同质园栽培条件下研究羊




草种内变异，遗传多样性及其地理分布。

（2）通过对羊草根茎克隆繁殖相关 9 个指标（NER、MR、NED、AED、MED、ED、EA、CGR 和 MRD）进行主成分分析，计算根茎克隆繁殖力综合指标 Y，根据 Y 值评价羊草根茎扩繁能力并筛选不同扩繁能力的种质材料，通过研究原生境地理（经度、纬度、海拔）和长期气候因子对羊草性状种内分化和扩繁能力的影响，揭示羊草对地理和气候因子的大尺度长期适应机制。

## 2.3 褪黑素对羊草根茎扩繁能力影响研究方法

在前期研究基础上，选择根茎扩繁能力不同 9 份羊草材料为研究对象。选取叶片数一致的羊草单株若干，去除根颈部分蘖芽，修剪须根至相同长度，移栽至装有 400g 营养土的花盆中，每盆 5 株。随机摆放在室内温度 23℃、光照时间 14 小时的培养架上进行生长，定期浇水。培养 7 周后，取出花盆中的羊草地下根茎进行测定褪黑素，根茎性状和其他生理指标并对 9 份材料进行根茎生长能力分类。选取根茎生长能力强和弱的两种材料进行移栽并在相同环境下培养 7 周后，进行褪黑素处理。将褪黑素（麦克林，中国）溶解在乙醇中，并进一步用水稀释至不同浓度（100、200、300、400 和 500 μmol/L）。每隔 4 天在傍晚时分进行根灌处理，共处理 4 次，之后进行测定相关的指标。

### 2.3.1 根茎数量性状指标

根茎数量性状指标测定方法如 (表 1)。

表 1 根茎数量性状测定方法

Table 1 Methods of determining quantitative traits of rhizomes

| 序号 Order | 指标类型 Type | 性状名称 Trait | 性状缩写 Abbreviations | 单位 Unit | 测定方法 Method |
|---|---|---|---|---|---|
| 1 | | 根长 | RL | cm | 从分蘖节到根茎顶芽直径的距离 |
| 2 | | 根粗 | RT | mm | 根茎的直径 |
| 3 | | 根茎数 | NR | 无 | 根茎分枝数量 |
| 4 | | 根茎子株数 | NER | 无 | 母株丛以外的子株数 |
| 5 | 地下根茎 | 根茎克隆生长率 | CGR | % | 根茎子株数/克隆生长天数 |
| 6 | | 根茎节数 | NRN | 无 | 根茎节的个数 |
| 7 | | 根茎节间距 | SRN | mm | 从单个根茎节到相邻根茎节间的距离 |
| 8 | | 母株克隆增加倍数 | MR | 无 | 母株丛中的分蘖株数/移栽成活的母株数 |

### 2.3.2 褪黑素含量测定

内源褪黑素：采用酶联免疫法（ELISA）测定。精确称取根茎 0.1-0.5g，加入适量的生理盐水捣碎，3000 转离心 10 分钟后待测。按照植物褪黑素检测试剂盒(莱尔生物)说明进行测定。

### 2.3.3 糖代谢、氮代谢、抗氧化机制测定

糖代谢测定蔗糖含量、蔗糖合成酶、蔗糖磷酸合成酶；氮代谢测定硝酸还原酶和谷胱氨肽合成酶；抗氧化机制测定超氧化物歧化酶、过氧化物酶、过氧化氢酶、还原型谷胱氨肽根据高俊风所提供的方法测定[5]。

## 3 研究结果

### 3.1 羊草性状种内变异研究

### 3.1.1 羊草性状种内变异

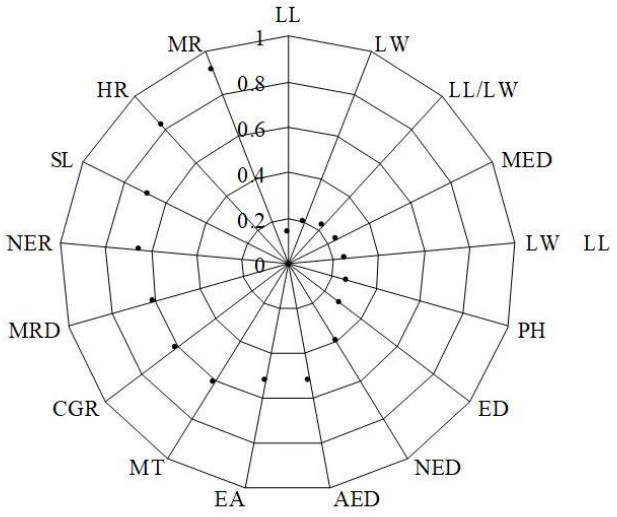
66 份不同地理来源羊草的 17 个数量性状均存在显著差异（$P$<0.001）。羊草不同性状的变异程度不同（图 1）。表型性状中，叶片性状的变异相对最小。株高（PH）和茎长（SL）的变异大于叶片性状。根茎克隆繁殖相关性状中，空间扩展相关性状（MED、ED、NED、AED 和 EA）的变异（CV=0.24～0.52）小于根茎子株相关性状（CGR、MRD、NER 和 MR）的变异（CV=0.61～0.91）。根茎空间扩展相关性状中，单向最大扩展距离（MED）的变异最小，扩展面积（EA）的变异最大。根茎子株相关性状中，克隆生长率（CGR）的变异最小，母株根茎扩展增加倍数（MR）的变异最大。分蘖节的无性繁殖相关性状（母株分蘖增加倍数，MT）的变异小于根茎子株相关性状的变异。

图 1 羊草性状的变异比较

Figure 1. Comparison of variation in lambda traits

注：LW 为叶宽，LL 为叶长，LW×LL 为叶片大小，LL/LW 为叶长宽比，SL 为茎长，PH 为株高，HR 为母株抽穗率，MT 为母株分蘖增加倍数，NER 为根茎子株数，MR 为母株根茎克隆增加倍数，NED 为根茎扩展方向数，AED 为根茎累积扩展距离，MED 为根茎单向最大扩展距离，ED 为根茎扩展距离，EA 为根茎扩展面积，CGR 为克隆生长率，MRD 为根茎子株跨年增加倍数，SD 为标准偏差，CV 为变异系数，H′为 Shannon-weaver 多样性指数.

Note: LW is leaf width, LL is leaf length, LW　LL is leaf size, LL/LW is leaf length-to-width ratio, SL is stem length, PH is plant height, HR is maternal spiking rate, MT is maternal tiller multiplication, NER is number of rhizome daughter plants, MR is maternal rhizome clonal multiplication, NED is number of rhizome expanding in one direction, and AED is cumulative expansion distance of the rhizome. MED is maximum expansion distance of rhizomes in one direction, ED is expansion distance of




rhizomes, EA is expansion area of rhizomes, CGR is clonal growth rate, MRD is multiplicity of increase of rhizome daughter plants across the years, SD is standard deviation, CV is coefficient of variation, and H' is Shannon-weaver diversity index.

### 3.1.2 基于数量性状的羊草种质聚类分析

系统聚类过程中，当欧氏距离系数为 13.40 时，66 份羊草材料可聚为 4 组，Cluster 1～2 分别包括了 23、24、

18 和 1 个羊草材料（图 2）。各聚类组的数量性状均值有显著差异。Cluster 1～Cluster 4 综合值平均值依次增加，分别为-0.50、0.10、0.48 和 1.76。Cluster 3 和 Cluster 4 中的羊草在根茎空间扩展能力、单株产量和克隆后代数方面具有明显优势。

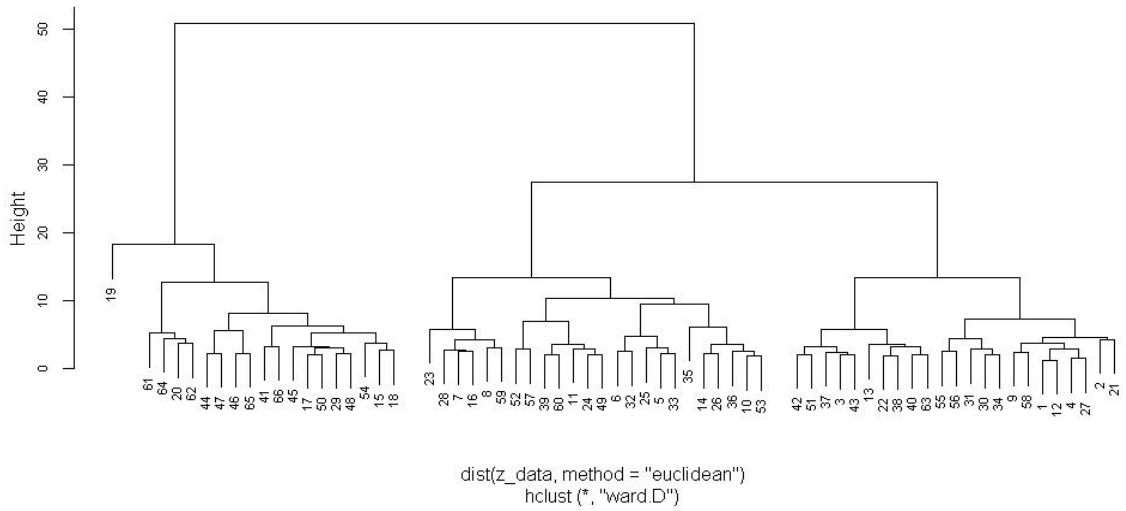



图 2 基于羊草数量性状的系统聚类结果

Figure 2. Results of systematic clustering based on quantitative traits of Leymus chinensis

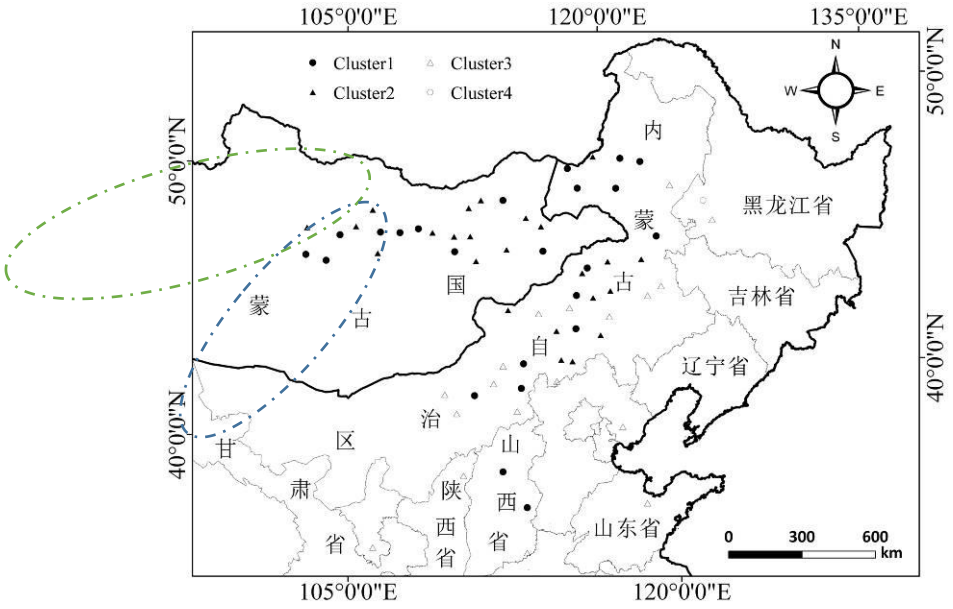



图 3 各聚类组的地理分布示意图

Figure 3. Schematic of the geographic distribution of the cluster groups

从图 3 可以看出，聚类组 Cluster1 和 Cluster2 呈东西向近似水平混合分布，聚类组 Cluster2 和 Cluster3 呈东北-西南方向混合分布，聚类组 Cluster2 中羊草数量最多，分布范围最广。综合值较高的优良羊草种质主要来源于黑龙江省西部和内蒙古中部地区，综合值较低的羊草种质主要来源于蒙古国、内蒙古北部地区。

### 3.2 羊草根茎扩繁能力与原生境地理气候因素的关系研究

基于羊草根茎克隆繁殖相关 9 个指标（NER、MR、NED、AED、MED、ED、EA、CGR 和 MRD）计算根茎克隆繁殖力综合指标 Y。66 份羊草试验材料 Y 值-1.22～1.76，Y 值越大，根茎克隆繁殖力则越强如（表 2）。

表 2 羊草根茎克隆繁殖力指标 Y

Table 2 Indicators of fecundity of Leymus chinensis rhizome clones Y

| 羊草编号 | Y | 羊草编号 | Y | 羊草编号 | Y | 羊草编号 | Y | 羊草编号 | Y | 羊草编号 | Y |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| LC1 | -0.92 | LC12 | -0.98 | LC23 | 1.29 | LC34 | -0.53 | LC45 | 1.18 | LC56 | -1.22 |
| LC2 | -0.95 | LC13 | -0.91 | LC24 | 0.22 | LC35 | -0.05 | LC46 | -0.12 | LC57 | -0.33 |

| | | | | | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| LC3 | -0.43 | LC14 | 0.06 | LC25 | -0.25 | LC36 | -0.59 | LC47 | 0.30 | LC58 | -0.74 |
| LC4 | -0.73 | LC15 | 0.29 | LC26 | -0.20 | LC37 | -0.38 | LC48 | 0.73 | LC59 | 0.81 |
| LC5 | -0.41 | LC16 | 0.60 | LC27 | -0.83 | LC38 | -0.34 | LC49 | 0.52 | LC60 | 0.20 |
| LC6 | -0.08 | LC17 | 1.01 | LC28 | 0.69 | LC39 | -0.32 | LC50 | 1.04 | LC61 | 1.76 |
| LC7 | 1.24 | LC18 | 0.23 | LC29 | 0.64 | LC40 | -0.73 | LC51 | -0.56 | LC62 | 1.23 |
| LC8 | 0.73 | LC19 | 1.06 | LC30 | -0.65 | LC41 | 0.38 | LC52 | 0.06 | LC63 | -1.03 |
| LC9 | -1.12 | LC20 | 1.04 | LC31 | -0.34 | LC42 | -0.66 | LC53 | -0.37 | LC64 | 0.74 |
| LC10 | 0.16 | LC21 | -1.06 | LC32 | -0.03 | LC43 | -0.91 | LC54 | 1.12 | LC65 | -0.48 |
| LC11 | 0.19 | LC22 | -0.18 | LC33 | -0.03 | LC44 | 0.27 | LC55 | -0.82 | LC66 | 0.48 |

基于世界气候（WorldClim, www.worldclim.org）环境数据库（Bioclimate）19 个 BC 系列气候因子，分析气候因子对根茎克隆性状的影响（如图 4）。可以看出，单株产量（F2）受 BC1（年均温）、BC2（昼夜温差月均值）、BC10（最热季度平均温度）、B11（最冷季度平均温度）和 BC12（年降水量）的极显著影响，除 BC2 具有抑制作用外，BC1、BC10、BC11 和 BC12 均是促进作用，即温差降低，均温、高温、低温升高，降水量增加显著促进羊草单株产量增加。母株抽穗率受 BC1 和 B11 的显著影响，且均为促进作用，即年均温和低温的升高显著促进母株抽穗。分蘖（MT）受 BC12 的显著影响，且为促进作用，即年降水量增加显著促进羊草分蘖。根茎克隆繁殖力（Y）受 BC1、BC10 和 BC11 的极显著影响，且为促进作用，受 BC2 的显著抑制，表现为均温、高温和低温的增，温差的降低显著促进羊草根茎克隆繁殖。

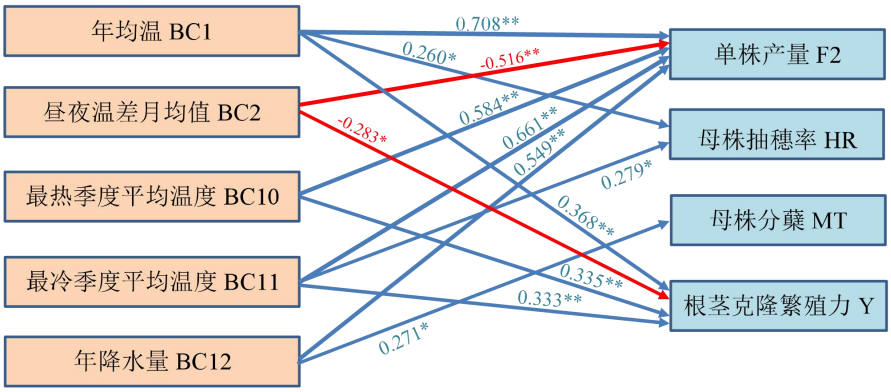



图 4 BC 系列气候因子对羊草性状分化的综合影响路径图

Figure 4. Pathways of the combined effects of the BC series of climatic factors on the differentiation of Leymus chinensis traits

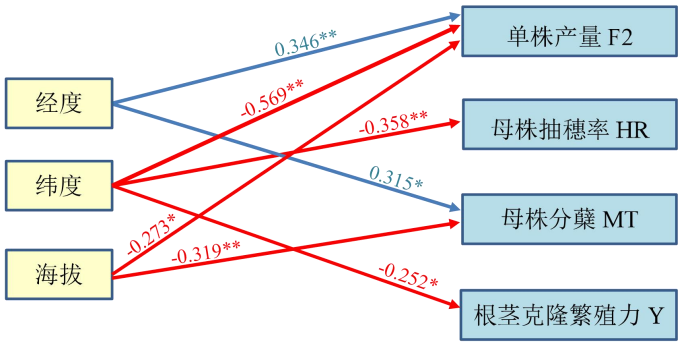



图 5 地理因子对羊草性状分化的综合影响路径图

Figure 5. Pathways of combined effects of geographic factors on trait differentiation in Leymus chinensis traits

图 5 表明，对羊草性状分化的影响而言，纬度增加显著抑制单株产量、母株抽穗和根茎克隆繁殖，经度增加显著促进单株产量增加和分蘖，海拔增加显著抑制单株产量和母株分蘖。

## 3.3 褪黑素对羊草根茎扩繁能力影响研究

### 3.3.1 羊草根茎扩繁能力与其内源褪黑素含量呈正相关关系

对 9 份羊草材料的 8 个数量性状和根茎内源褪黑素含量进行相关性分析并绘制相关性热图（图 6）结果表明，羊草根茎内源褪黑素含量与根茎子株数、根茎数和根茎克隆生长率之间存在显著正相关（P<0.05），并与根粗之

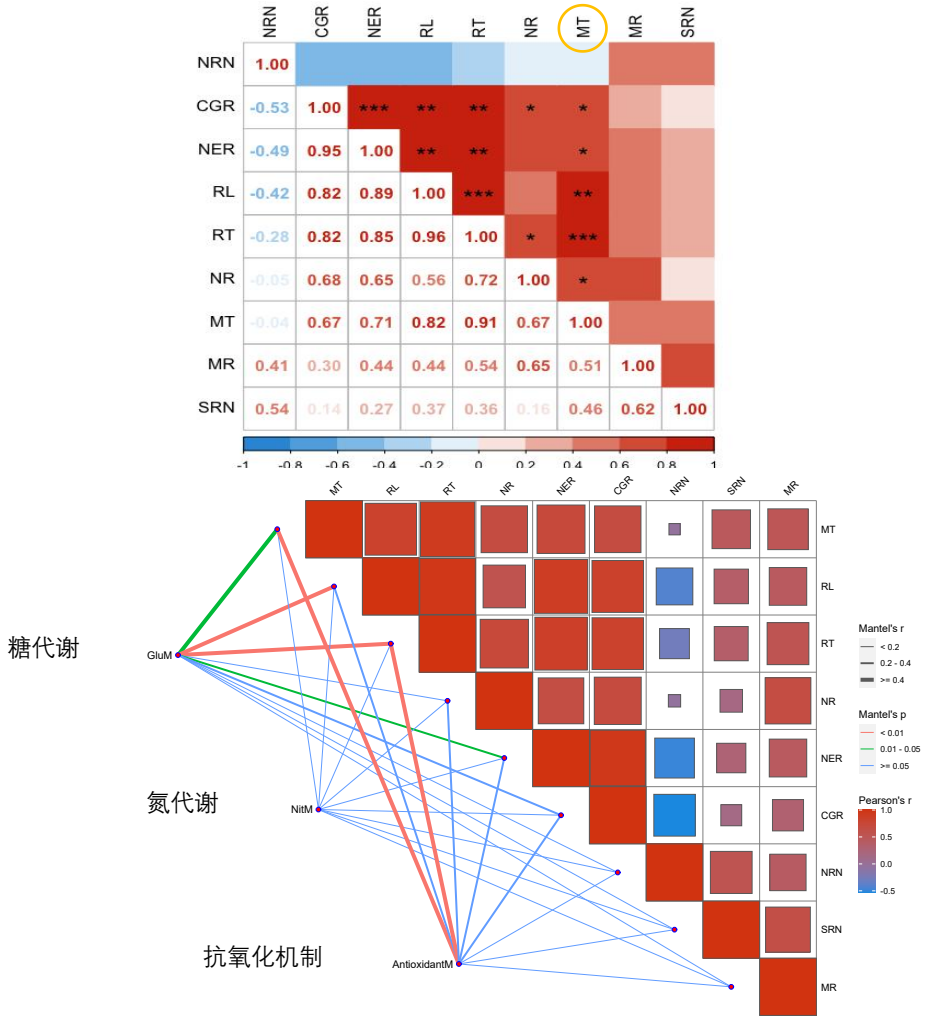
间存在极显著正相关（P<0.001）。因此，可以认为根茎褪黑素含量可能是影响根茎生长能力的重要因素。

图 6 羊草根茎褪黑素含量与根茎性状的相关性分析

Figure 6. Correlation analysis between melatonin content and rhizome traits in Leymus chinensis rhizomes

### 3.3.2 褪黑素通过影响相关代谢过程调控羊草根茎生长能力

对 9 份羊草材料的根茎相关代谢与根茎生长性状指标及内源褪黑素含量 3 者之间进行相关性分析结果表明




（图 7），根茎相关代谢与根茎生长性状和内源褪黑素之间存在显著相关（P<0.05）。在糖代谢方面，糖代谢（GluM）与褪黑素含量（MT）、根长（RL）、根粗（RT）和根茎数（NR）之间存在显著相关(P<0.05)。在氮代谢（NitM）方面，氮代谢与根茎生长相关指标不存在显著相关（P>0.05）。在抗氧化机制（Antioxiant M）方面，抗氧化系统、褪黑素含量（MT）和根长（RL）之间存在显著相关（P<0.01）。因此，可以认为糖代谢和抗氧化系统是影响羊草根茎生长能力的主要因素，而且同时，根据内源褪黑素与根茎生长能力之间的相关性结果表明，内源褪黑素可能通过影响糖代谢和抗氧化系统进而调控羊草的根茎生长。

图 7 羊草内源褪黑素含量与相关代谢过程及根茎生长能力的关系

Figure 7. Relationship between endogenous melatonin content and related metabolic processes and rhizome growth capacity of Leymus chinensis

### 3.3.3 外源褪黑素对羊草根茎生长能力的影响

#### 3.3.3.1 外源褪黑素处理对根茎生长性状的影响

根据以上结果，根茎内源褪黑素含量与根茎生长能力之间存在正相关，因此我们选择根茎生长能力强（内源褪黑素含量高）的材料 LC19 和根茎生长能力弱（内源褪黑素含量低）的材料 LC2，进行不同浓度的外源褪黑素处理。对外源褪黑素处理后的材料的根茎生长指标进行统计和单因素方差分析结果表明，不同浓度处理下的羊草根茎生长指标均存在显著差异（P<0.001）。

外源褪黑素处理根茎生长能力弱的材料 LC2 的结果表明，外源褪黑素处理显著促进了根茎的生长发育。当褪黑素浓度为 200umol/L 时，根长、根茎子株数、根茎克隆生长率、根茎节数、根茎节间距以及母株克隆生长率的促进作用最好，分别提高了 48.16%、81.63%、81.62%、75.36%、57.46%和 37.84%。然而，随着褪黑素浓度的

提高，羊草根茎的生长发育受到了不同程度的抑制。

外源褪黑素处理根茎生长能力强的材料 LC19 的结果表明，外源褪黑素处理显著促进了根茎的生长发育。当褪黑素浓度为 200umol/L 时，8 个根茎生长性状指表均显著提高了 74.66%、23.02%、44.44%、62.71%、62.72%、68.12%、30.62%、67.00%。随着褪黑素浓度的提高，羊草根茎的生长发育开始出现抑制。

因此，外源褪黑素处理均会促进根茎生长能力强和弱（内源褪黑素含量高和低）羊草材料的根茎生长发育，褪黑素的处理促进根茎生长发育的最适浓度为 200umol/L，随后开始出现抑制作用。

表 3.不同浓度处理的根茎生长性状指标

Table 3.Indicators of rhizome growth traits in different concentration treatments

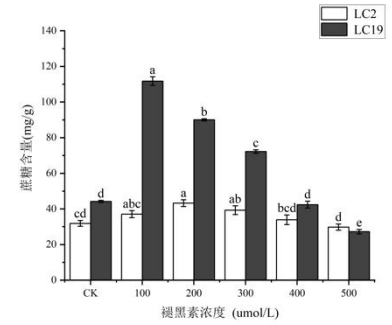
| 材料 | 处理 | RL/cm | RT/mm | NR | NER | CGR/% | NRN | SRN/mm | MR/% |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| LC 2 | CK | 11.60±1.74e | 0.69±0.02d | 6.25±0.48b | 2.25±0.48b | 5.63±1.20b | 4.25±0.48c | 3.85±0.40e | 2.30±0.13c |
| | 100 umol/L | 22.38±2.37d | 1.09±0.03c | 8.75±0.25a | 3.00±0.58b | 7.50±1.44b | 10.50±0.65b | 8.08±0.44ab | 3.15±0.10ab |
| | 200 umol/L | 85.13±4.95a | 1.30±0.03b | 4.75±0.25c | 12.25±0.48a | 30.63±1.19a | 17.25±0.48a | 9.05±1.12a | 3.70±0.31a |
| | 300 umol/L | 54.10±3.14b | 1.44±0.07b | 5.75±0.25bc | 4.00±0.91b | 10.00±2.28b | 7.00±1.47c | 5.88±0.47 | 2.65±0.28bc |
| | 400 umol/L | 56.95±0.84b | 1.65±0.14a | 5.25±0.48bc | 2.75±0.48b | 6.88±1.20b | 6.50±0.86c | 6.96±0.15bc | 2.35±0.22c |
| | 500 umol/L | 37.48±1.46c | 1.37±0.04b | 5.25±0.48bc | 3.75±0.48b | 9.38±1.20b | 6.25±0.95c | 5.13±0.35de | 1.60±0.24d |
| LC19 | CK | 19.98±1.98d | 1.07±0.01b | 7.50±0.65c | 5.50±0.29bc | 13.75±0.72bc | 5.50±0.29c | 4.60±0.37c | 1.70±0.45c |
| | 100 umol/L | 67.33±0.79b | 1.38±0.03a | 10.50±0.65b | 7.50±0.29b | 18.75±0.72b | 13.00±1.00b | 5.73±0.30b | 3.25±0.17b |
| | 200 umol/L | 78.85±3.42a | 1.39±0.01a | 13.50±0.65a | 14.75±0.85a | 36.88±2.13a | 17.25±1.10a | 6.63±0.08a | 5.15±0.43a |
| | 300 umol/L | 54.85±2.71c | 0.97±0.04b | 6.75±1.11c | 7.00±0.71b | 17.50±1.77b | 7.25±1.03c | 4.65±0.06c | 4.75±0.50a |
| | 400 umol/L | 58.33±6.05bc | 0.96±0.04b | 6.25±0.47c | 7.00±1.29b | 17.50±3.23b | 7.75±0.85c | 5.93±0.23ab | 3.30±0.24b |
| | 500 umol/L | 49.15±4.64c | 0.80±0.06c | 3.25±0.85d | 4.50±0.65c | 11.25±1.61c | 7.25±0.48c | 4.63±0.25c | 2.85±0.31b |

注：RL 为根长，RT 为根粗，NR 为根茎数，NER 为根茎子株数，CGR 为克隆生长率，NRN 为根数，SRN 为根茎节间距，MR 为母株根茎克隆增加倍数。

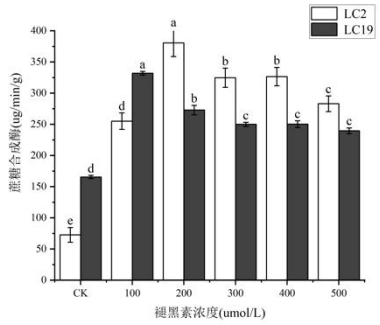
Note: RL(root length), RT(root thickness), NR(number of rhizomes), NER(Number of extravaginal ramets), CGR (Clonal growth rate), NRN(number of root nodes), SRN(spacing between rhizome nodes), MR (Multiple of parent shoots through rhizome extension).

### 3.3.3.2 外源褪黑素处理对根茎不同代谢和根茎内源褪黑含量的影响

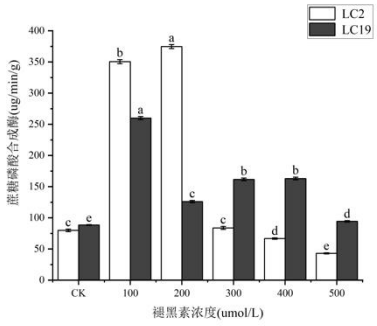
对外源褪黑素处理后的羊草根茎糖代谢、氮代谢和抗氧化机制进行数据统计和单因素方差分析。图 8-图 11 表明，不同浓度处理下的羊草根茎糖代谢、氮代谢、抗氧化机制性和根茎褪黑素含量均存在显著差异（P<0.001），并且在浓度为 100umol/L 时对根茎生长能力强的材料 LC19 的促进作用最好，当浓度为 200umol/L 时对根茎生长能力弱的材料 LC2 的促进作用最好。随着浓度的升高褪黑素的促进作用开始降低甚至产生抑制作用。可以认为根茎生长能力强的材料对褪黑素的敏感程度高于根茎生长能力弱的羊草材料，并且可能与褪黑素受体相关机制相关。




(a)



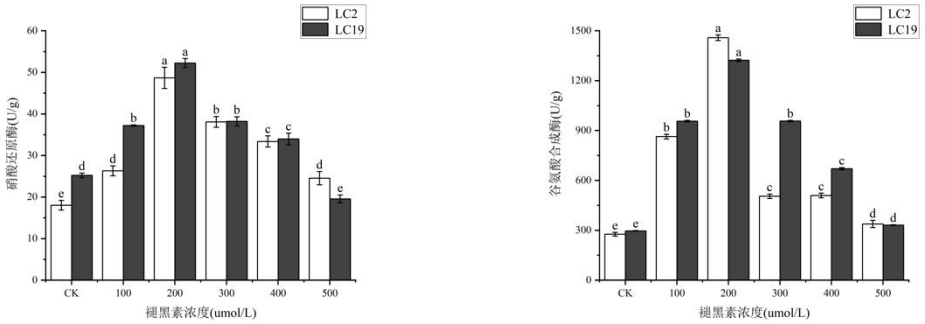

(b)




(c)

图 8 外源褪黑素对糖代谢的影响

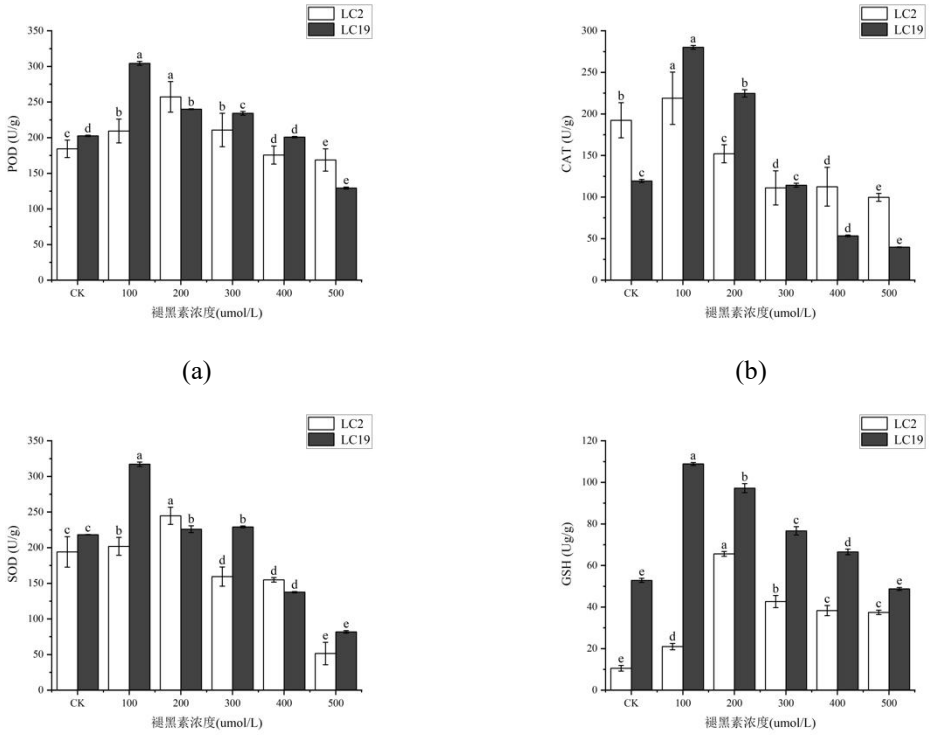
Figure 8. Effect of exogenous melatonin on glucose metabolism




(a) (b)

图 9 外源褪黑素对氮代谢的影响

Figure 9. Effect of exogenous melatonin on nitrogen metabolism




(a) (b)

(c) (d)

图 10 外源褪黑素对羊草抗氧化机制的影响

Figure 10. Effect of exogenous melatonin on the antioxidant mechanism of Leymus chinensis

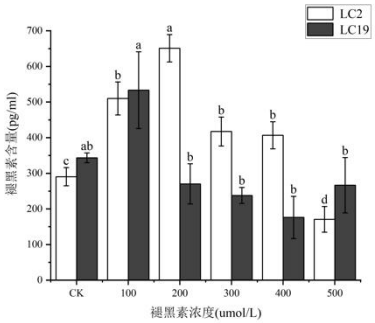



图 11 外源褪黑素对羊草根茎褪黑素含量的影响

Figure 11. Effect of exogenous melatonin on melatonin content of Leymus chinensis rhizomes

# 4 结论和展望

### 4.1 结论

1) 不同地理来源的羊草材料其表型性状和根茎扩繁性状均有较大差异。表型性状中，叶性状变异小于株高和茎长的变异；根茎克隆繁殖性状中，空间扩展相关性状的变异小于根茎子株相关性状的变异。

2) 基于羊草数量性状进行的系统聚类，66 份羊草材料主要聚为 4 类。聚类组 Cluster1 和 Cluster2 呈东西向近似水平混合分布，聚类组 Cluster2 和 Cluster3 呈东北-西南方向混合分布。综合值较高的优良羊草种质主要来源于黑龙江省西部和内蒙古中部地区。

3) 羊草根茎扩繁能力主要受 BC 气候系列因子 BC1、BC10 和 BC11 的极显著影响，且为促进作用，受 BC2 的显著抑制，表现为均温、高温和低温的增加，以及温差的降低显著促进羊草根茎克隆繁殖。

4) 羊草根茎扩繁能力与其内源褪黑素含量呈正相关关系；羊草内源褪黑素通过影响相关代谢过程调控羊草根茎生长能力；施用浓度为 200umol/L 褪黑素，对于根茎生长能力弱的羊草 LC2 的根长、根茎子株数、根茎克隆生长率、根茎节数、根茎节间距以及母株克隆生长率均有显著促进作用, 而施用 100umol/L 褪黑素对根茎生长能力强的羊草 LC19 的促进作用最好，该结果表明了根茎生长能力强的材料对褪黑素的敏感性更高。

### 4.2 展望

本研究系统分析了不同地理来源羊草的根茎克隆能力的变异及与原生境地理气候因子的关系，研究揭示了内源和外源褪黑素对羊草根茎克隆能力的影响以及可能的调控机制，对于深化羊草生态生物学研究，增强以根茎扩繁能力为目标的羊草新品种选育，强化羊草强根茎扩繁能力品种的应用和生态修复实践，都有非常重要的科学指导和实践支撑意义。

## 参考文献


[1] 龚国辉, 董春, 亢晓琛. 国土三调数据与地理国情数据融合可行性分析 [J]. 遥感信息, 2020, 35(06): 67-75.

[2] 祝廷成. 羊草生物生态学 [M]. 长春: 吉林科学技术出版社, 2004.

[3] 黄泽豪，朱锦懋, 母锡金,林金星. 羊草有性繁殖力低的成因研究进展 [J]. 中国草地, 2002, (06): 56-61.

[4] 白乌云. 羊草根茎克隆生长特性种内分化及与原生境地理和气候因素的关联研究 [D], 2021.

[5] 高俊凤. 植物生理学试验指导 [M]. 高等教育出版社, 2006.

# m$^6$A 结合蛋白 PvECT9 提高柳枝稷耐盐性

刘博文[#]，刘华玥[#]，蔺孟卓，周蝶，张蕴薇[*]
（中国农业大学草业科学与技术学院，北京 100193）

**摘要：**盐胁迫限制植物生长和发育进程，同时，土壤盐渍化已经成为威胁全球农牧业生产和生态安全最严重的非生物因素之一。N$^6$-甲基腺嘌呤（m$^6$A）是高等生物 mRNA 上最为普遍的一种修饰，对植物生长、发育和响应环境胁迫至关重要。本文以禾本科多年生能源草柳枝稷（*Panicum virgatum*）为研究对象，首先筛选到一个响应盐胁迫的编码 m$^6$A 结合蛋白的基因 *PvECT9*，其次构建过表达和 RNA 干扰载体，并通过农杆菌转化法获得了转基因植株，对其进行进一步的功能分析。随后，对野生型和转基因株系进行 28 d 的 200 mM NaCl 胁迫处理，与野生型相比，*PvECT9* 过表达植株有着明显的耐盐表型，而 RNAi 植株耐盐性降低。综上所述，本研究初步验证了 m$^6$A 结合蛋白 PvECT9 可以提高柳枝稷耐盐性，丰富了柳枝稷中 m$^6$A 相关蛋白潜在功能的认知，为柳枝稷耐盐品种遗传改良提供了理论依据和支持。

**关键词**：柳枝稷；盐胁迫；m$^6$A 结合蛋白；PvECT9

# m$^6$A Reader Protein PvECT9 Improves Salt Tolerance in Switchgrass

LIU Bo-wen[#], LIU Hua-yue[#], LIN Meng-zhuo, ZHOU Die, ZHANG Yun-wei*
(College of Grassland Science and Technology, China Agricultural University, Beijing 100193, China)

**Abstract:** Salt stress limits plant growth and development, meanwhile, soil salinization has become one of the most serious abiotic factors threatening global agricultural and animal husbandry production and ecological security. N$^6$-methyladenine (m$^6$A) is the most common modification of mRNA in higher organisms and is essential for plant growth, development, and response to environmental stresses. *Panicum virgatum* is a perennial energy grass of the Gramineae family. In this study, we first screened a salt stress-response gene *PvECT9*, which encodes an m$^6$A reader protein. Secondly, the over-expression and RNA interference vector were constructed, and the transgenic plants were obtained through agrobacterium transformation for further functional analysis. Subsequently, the wild-type and transgenic lines were subjected to 200 mM NaCl stress treatment for 28 d. Compared with the wild-type, an obvious salt-tolerant phenotype was exhibited in *PvECT9* over-expression plants, while the salt-tolerance of RNAi plants was reduced. In summary, we preliminarily verified that the m$^6$A-binding protein PvECT9 can improve the salt tolerance of switchgrass, which enriched the understanding of the potential functions of m$^6$A-related proteins in switchgrass and provided a theoretical basis for the genetic improvement of salt-tolerant switchgrass.

**Key words**: Switchgrass; Salt stress; m$^6$A reader protein; PvECT9

盐分是威胁全球植物生长和发育的主要非生物环境胁迫因素之一[1]。随着人口的不断增长和人类活动对土地的过度开发，盐渍化成为全世界需要解决的关键土壤问题。据统计，全球约有 10 亿 hm$^2$ 盐渍土，而我国的盐渍土占世界范围的 10%[2]。盐胁迫会对植物造成直接的离子毒害和渗透胁迫，也会导致氧化胁迫、光合受阻和养分亏缺，最终抑制植物的生长发育，使植物产量降低或死亡[3]。为了有效地应对盐胁迫，植物已经进化出许多生理机制，例如通过吸收无机离子或积累小分子有机物作为渗透保护剂，激活逆向转运蛋白以及转录因子（TF）调节等方式响应盐胁迫[4]。除了传统的生理生化水平的研究外，DNA 和 mRNA 水平上的表观遗传学修饰及其在植物生长发育中的作用已成为研究热点。

在表观遗传学修饰中，N$^6$-甲基腺嘌呤（m$^6$A）是植物 mRNA 中最普遍的甲基化修饰，它影响 mRNA 诸多代谢过程，如 mRNA 稳定性、可变剪切、翻译效率、PolyA 位点选择及核-质转运等，可在转录和翻译水平调节基因表达。同时，m$^6$A 修饰在植物中是可逆的，其调控胚胎发生、开花、昼夜节律以及非生物胁迫响应过程，这表明 m$^6$A 修饰的动态变化具有重要的生物学意义[5]。在 m$^6$A 的动态变化过程中，甲基转移酶（writer）、去甲基化酶（eraser）和结合蛋白（reader）分别负责催化、去除和识别 m$^6$A 修饰，其中 m$^6$A 结合蛋白的识别是揭示其在细胞中发挥各种生理功能的机制的关键所在[6]。与 writer 和 eraser 蛋白相比，m$^6$A 阅读器蛋白在不同胁迫下发生更显著的变化[7]。目前，植物中大多数已知的 m$^6$A 结合蛋白都含有 YTH 结构域，模式植物拟南芥的基因组中包

基金项目：国家自然科学基金项目（32071870）资助；
刘博文（1998-），男，汉族，山东泰安人，博士研究生，主要从事牧草分子育种研究，E-mail：liubw98@cau.edu.cn；
[#]共同第一作者
*通信作者 Author for correspondence，E-mail: zywei@126.com

括 13 个 YTH 结构域蛋白，其中具有保守的 C 端区域的 ECT2/3/4 已经被证明可以与含有 m$^6$A 修饰的 RNA 结合，从而影响叶形态和毛状体发育，同时与热胁迫、渗透胁迫等密切相关[8-10]。然而，在非模式植物中 YTH 家族的成员及其功能仍知之甚少。

柳枝稷（*Panicum virgatum* L.）是禾本科多年生 C4 能源草，生物量高，根系发达，适应性广，抗逆性强[11]。在 20 世纪 90 年代柳枝稷被引种到我国作为人工草地建植物种，相比于其他引种禾草，柳枝稷表现出抗逆性强、生物量高和水土保持等优良特征[12-13]，不仅可以改善当地生态环境，还能作为生物质能源产业原料，具有重要的生态和经济价值。前人研究表明，柳枝稷 Alamo 品种在长期盐胁迫下仍有着较高的生物量，m$^6$A 修饰和基因表达的联合分析也初步揭示了其对长期盐胁迫的适应性机制[14-15]。然而，有关 m$^6$A 结合蛋白调控柳枝稷耐盐性的研究尚未见报道，因此，本文探讨了 m$^6$A 结合蛋白 PvECT9 对柳枝稷耐盐性的调控作用，拟为柳枝稷耐盐品种选育提供更多基因资源和理论依据。

# 1 材料与方法

## 1.1 试验材料与设计

本研究选用柳枝稷（*Panicum virgatum*）低地型 Alamo 品种为试验材料，所有转基因株系均来源于同一粒种子诱导的愈伤，以保证遗传背景的一致性。转基因株系获得后移栽到草业科学与技术学院温室中培养，光周期为 16 h 光照/8 h 黑暗，培养温度为 25℃左右。当柳枝稷植株生长至 E3 时期，对野生型、过表达和 RNA 干扰株系施加 200 mM 的 NaCl 胁迫处理，以施加蒸馏水为对照，持续 28 d，每个处理共 3 次生物学重复。

## 1.2 *PvECT9* 的克隆与载体构建

根据 Phytozome 网站（https://phytozome-next.jgi.doe.gov/）上的柳枝稷（Panicum virgatum v5.1）基因组数据，设计了 *PvECT9* 的特异性引物，并以野生型柳枝稷茎的 cDNA 为模板，扩增出 *PvECT9* 的 CDS 序列。同时，从 NCBI 网站获取模式植物拟南芥 m$^6$A 结合蛋白家族序列，构建系统进化树，构建方法使用邻接法。

通过 PCR 扩增将 *PvECT9* 的 CDS 序列加上同源臂，与 pCAMBIA1307 过表达载体进行同源重组，将测序正确的 pCAMBIA1307 重组质粒转化农杆菌感受态 EHA105。此外，克隆出 *PvECT9* 的 CDS 上两段 200 bp 左右片段，根据前人方法构建了两个 *PvECT9* 的 RNA 干扰载体[16]。

## 1.3 柳枝稷遗传转化及转基因植株的鉴定

采用农杆菌转化法侵染柳枝稷愈伤，根据实验室已有体系，经共培养、筛选、再生及生根培养后，获得了完整植株[17]。提取再生抗性苗的 DNA 和 RNA，进行 DNA 水平和 mRNA 水平上的鉴定。

# 2 结果与分析

## 2.1 *PvECT9* 的鉴定和组织表达模式

在柳枝稷中共鉴定出 24 个具有 YTH 结构域的 m$^6$A 结合蛋白，进化树分析表明这些蛋白根据 YTH 结构域可分为 4 类，其中 PvECT9 属于 YTHDF3 类别（图 1A）。通过组织特异性表达分析，*PvECT1/2/3* 在不同组织中表达水平较高，而 *PvECT9* 在维管组织中表现出特异性表达（图 1B）。盐胁迫下，*PvECT6* 和 *PvECT9* 的表达水平显著上调，表明他们可能在柳枝稷响应盐胁迫中发挥重要作用（图 1C）。

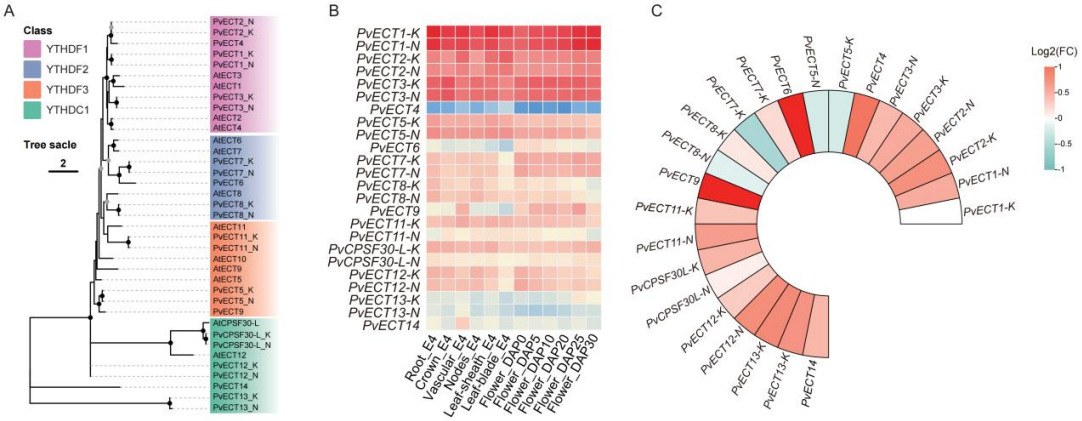



图 1 柳枝稷 m$^6$A 结合蛋白家族基因的鉴定和组织表达模式分析

Fig. 1 Identification and expression pattern analysis of m$^6$A reader protein family genes in switchgrass

## 2.2 *PvECT9* 过表达和 RNA 干扰植株的获得

通过农杆菌介导的遗传转化，共计获得 *PvECT9* 过表达的再生抗性苗 18 株，其中阳性苗 17 株；获得 *PvECT9* RNA 干扰片段 1 的再生抗性苗 4 株，其中阳性苗 1 株；获得 *PvECT9* RNA 干扰片段 2 的再生抗性苗 9 株，其中阳性苗 8 株（图 4A、B）。通过 qRT-PCR 对其进行表达水平的检验，过表达植株的表达水平相较于对照都显著上调 80-500 倍，干扰植株下调 50%-80%之间（图 4C）。

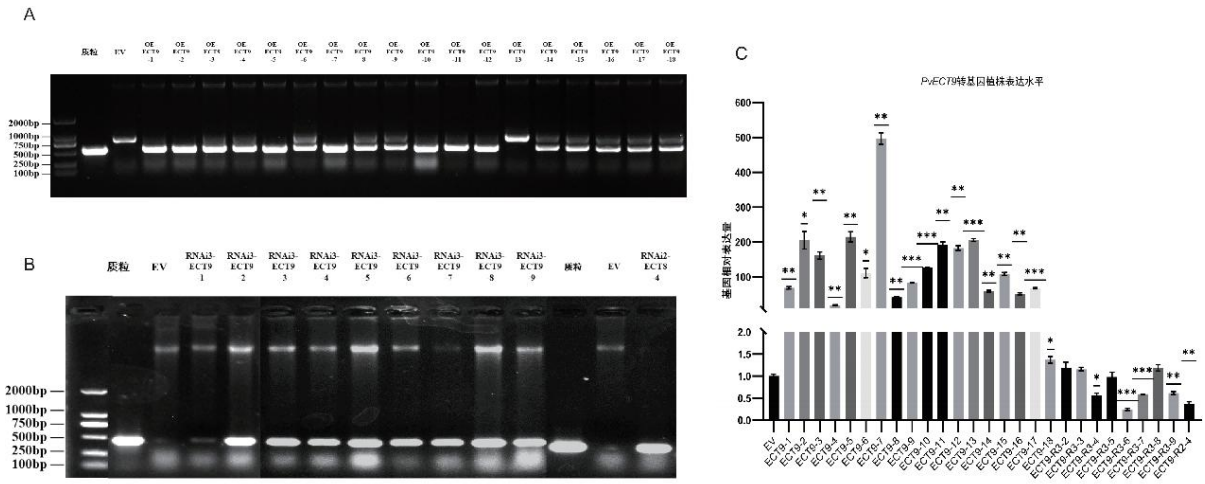



图 2 *PvECT9* 过表达和 RNA 干扰株系的鉴定

Fig. 2 Identification of *PvECT9* overexpression and RNAi lines

**2.3** 盐胁迫下 *PvECT9* 转基因株系的表型

在对照下，野生型（EV）、过表达（OE）和 RNA 干扰（RNAi）株系无明显差异，但 28 d 盐胁迫处理后，EV 和 RNAi 植株叶片表现出明显的黄化、萎蔫等表型，OE 株系叶片仍保持绿色，这初步表明 $m^6A$ 结合蛋白 PvECT9 可以提高柳枝稷耐盐性，后续拟通过生理指标测定和转录组分析，探究其响应耐盐性的生理和分子机制（图 3）。

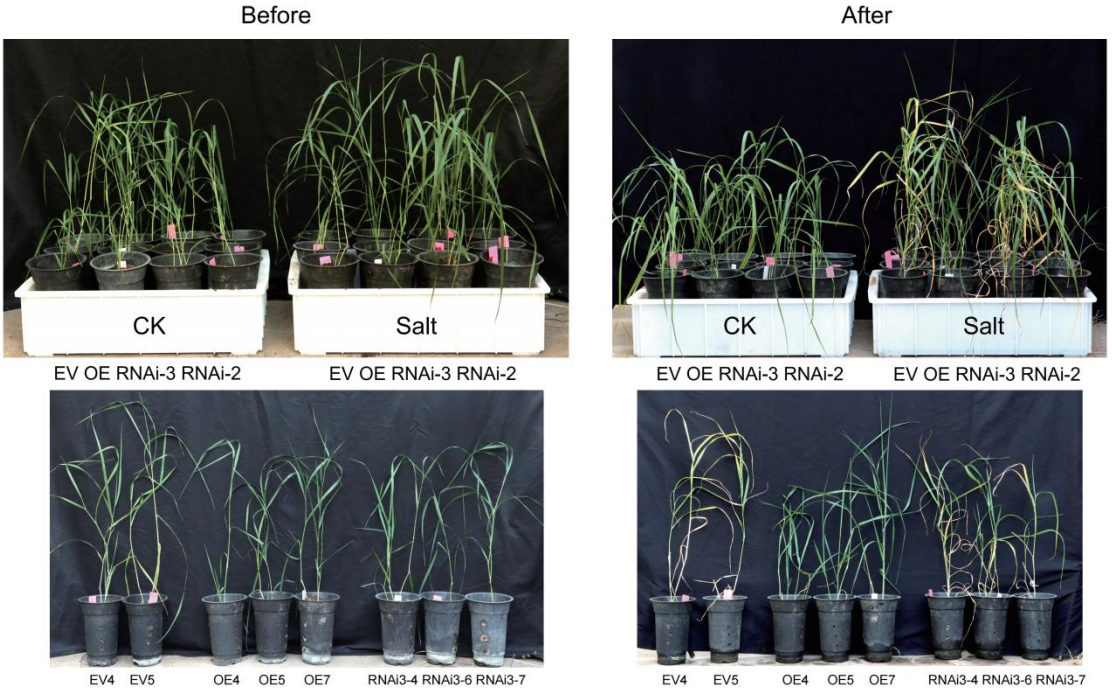



图 3 盐胁迫下 PvECT9 转基因株系的表型

Fig. 3 The phenotypes of PvECT9 transgenic lines under salt stress

## 参考文献

[1] MUCHATE N S, NIKALJE G C, RAJURKAR N S,et al. Plant salt stress: adaptive responses, tolerance mechanism and bioengineering for salt tolerance[J]. The Botanical Review,2016,82(4):371-406

[2] FLOWERS T J, MUNNS R, COLMER T D. Sodium chloride toxicity and the cellular basis of salt tolerance in halophytes[J]. Annals of Botany,2015,115:419-431

[3] SHABALA S, BOSE J, HEDRICH R. Salt bladders: do they matter?[J] Trends in Plant Science,2014,19: 687-691

[4] CHINNUSAMY V, JAGENDORF A, ZHU J K. Understanding and improving salt tolerance in plants[J]. Crop Science,2005,45(2):437-448

[5] WANG W, LI W, CHENG Z,et al. Transcriptome-wide $N^6$-methyladenosine profiling of cotton root provides insights for salt stress

tolerance[J]. Environmental and Experimental Botany,2022,194:104729
[6] YIN S, AO Q, TAN C,et al. Genome-wide identification and characterization of YTH domain-containing genes, encoding the m$^6$A readers, and their expression in tomato[J]. Plant Cell Reports,2021,40(7):1229-1245
[7] HU J, MANDUZIO S, KANG H. Epitranscriptomic RNA methylation in plant development and abiotic stress responses[J]. Frontiers in Plant Science,2019,10:430649
[8] ARRIBAS-HERNÁNDEZ L, BRESSENDORFF S, HANSEN M H,et al. An m$^6$A-YTH module controls developmental timing and morphogenesis in *Arabidopsis*[J]. The Plant Cell,2018,30(5):952-967
[9] SCUTENAIRE J, DERAGON J M, JEAN V,et al. The YTH domain protein ECT2 is an m$^6$A reader required for normal trichome branching in *Arabidopsis*[J]. The Plant Cell,2018,30(5):986-1005
[10] WEI L H, SONG P, WANG Y,et al. The m$^6$A reader ECT2 controls trichome morphology by affecting mRNA stability in *Arabidopsis*[J]. The Plant Cell,2018,30(5):968-985
[11] WU ZY, WANG NF, HISANO H,et al. Simultaneous regulation of F5H in COMT-RNAi transgenic switchgrass alters effects of COMT suppression on syringyl lignin biosynthesis[J]. Plant Biotechnology Journal,2019,17(4):836-845
[12] 徐炳成,山仑,李凤民. 黄土丘陵半干旱区引种禾草柳枝稷的生物量与水分利用效率[J]. 生态学报,2005,9:2206-2213
[13] GAO Z J, LIU J B, AN QQ,et al. Photosynthetic performance of *P. virgatum* and its relation to field productivity: A three-year experimental appraisal in semiarid Loess Plateau[J]. Journal of Integrative Agriculture,2017,16(6):1227-1235
[14] HU G, LIU Y, DUO T,et al. Antioxidant metabolism variation associated with alkali-salt tolerance in thirty switchgrass (*Panicum virgatum*) lines[J]. PLoS One,2018,13(6):e0199681
[15] LIU H, LIN M, WANG H,et al. N$^6$-methyladenosine analysis unveils key mechanisms underlying long-term salt stress tolerance in switchgrass (*Panicum virgatum*)[J]. Plant Science,2024:112023
[16] XU B, ESCAMILLA‐TREVIÑO L L, SATHITSUKSANOH N,et al. Silencing of 4-coumarate: coenzyme A ligase in switchgrass leads to reduced lignin content and improved fermentable sugar yields for biofuel production[J]. New Phytologist, 2011,192(3):611-625
[17] GUAN C, LI X, TIAN D Y,et al. ADP-ribosylation factors improve biomass yield and salinity tolerance in transgenic switchgrass (*Panicum virgatum* L.)[J]. Plant Cell Reports,2020,39:1623-1638

# 不同固持材料对矿山边坡植被重建及水土流失的影响

王雅茹，陈翔，冯彩霞，金净，张晓严，包海龙，邢旗，张全民，宋晓辉，张健*

蒙草生态环境（集团）股份有限公司 内蒙古 呼和浩特 010030

**摘要：**露天煤矿排土场边坡水土流失严重，合理边坡固持材料的铺设配合植被措施可以有效防止水土流失的进一步扩大。在矿山边坡修复工程中，多应用水泥，铁丝网等材料进行边坡防护，以上工程材料效果短且且材料本身不可降解易造成环境破坏，本试验选用可降解材料为矿山边坡修复固持材料的应用提供多种选择。本试采用种试验小区内混播沙生冰草、草木樨、紫花苜蓿、沙打旺、披碱草、二色补血草、小叶锦鸡儿等草种，铺设植物纤维网、草帘、芦苇帘、沙柳四种材料与不铺设固持材料进行比较分析，分析不同固持材料对于边坡水土流失，植被高度、盖度、密度，地上生物量及土壤理化性质变化的影响，为边坡修复中固持材料的选择提供理论依据。结果表明，铺设草帘可减少冲沙量、冲蚀沟数量及深度，增加植被高度、盖度、密度及生物量，显著增加土壤有效磷，对其他土壤理化性质改变不明显。铺设植物纤维沙障可减少冲蚀沟数、提高土壤有机质、速效钾，土壤温度、湿度。

**关键词：**排土场；固持材料；植被恢复

# Effects of different retaining materials on vegetation reconstruction and soil erosion of mine slope

**Abstract**: The soil erosion of the dump slope of open-pit coal mine is serious, and the laying of reasonable slope fixation materials combined with vegetation measures can effectively prevent the further expansion of soil erosion. In the mine slope restoration project, cement, barbed wire and other materials are commonly used for slope protection. The above engineering materials have short fixation effect, and the materials themselves are non-degradable and easy to cause environmental damage. In this experiment, degradable materials are selected to provide a variety of choices for the application of fixation materials in mine slope restoration. In this paper, grasses such as sand ice grass, mallow, alfalfa, sand swallowwort, sedge, two-color blood-nourishing grass, and small-leaf cornflower are mixed in the test plot, and four kinds of materials such as plant fiber net, straw curtain, reed curtain, and sand willow are laid and compared with no laying fixation materials. The effects of different fixation materials on soil erosion, vegetation height, coverage, density, aboveground biomass and soil physical properties are analyzed, providing a theoretical basis for the selection of fixation materials in slope restoration. The results show that the laying of straw curtain reduces the amount of sand erosion, the number and depth of erosion ditches, increases the height, coverage, density and biomass of vegetation, significantly increases the soil available phosphorus, and has no obvious change on other soil properties. Plant fiber sand barriers can reduce the number of erosion ditches, increase soil organic matter, available potassium, soil temperature and moisture.

**Key words:** A waste dump; Holding material; Vegetation restoration

矿产资源在人类文明建设和发展当中占据着十分重要的地位，已经普遍应用到了人们的日常生活和生产工作当中，当前由于人口数量的快速增长以及社会的发展，人类对矿产的需求越来越大，采矿的速度加快，开采的规模也逐步扩张。1949-2023 年期间，原煤年消费量由 42.90 百万吨 提升到 57.2 亿吨，其产量主要集中在内蒙古、山西、陕西、贵州、新疆、山东等 9 个省区，2023 年全国总产量为 47.1 亿吨，内蒙古煤炭产量达到 12.1 亿吨，占全国煤炭总产量超 $1/4^{0}$。

内蒙古自治区矿坑共计 6987 个，总面积 188.68 万亩。其中鄂尔多斯矿坑 676 个，占内蒙古自治区矿坑个数的 9.68%；鄂尔多斯矿坑总面积 5.46 km2，占内蒙古自治区矿坑面积的 19.31%。鄂尔多斯十大孔兑区矿坑个数为 127 个，占鄂尔多斯矿坑个数的 18.79%；鄂尔多斯十大孔兑区矿坑总面积为 9.03 万亩，占鄂尔多斯矿坑面积的 24.78%。

国外对矿山生态修复理论与技术进行了大量研究，一些发达国家建立了一系列较为完备的修复理论体系，对应的修复技术也已非常成熟。我国在该领域的研究起步较晚，随着我国对生态环境保护要求的不断提高，国内矿山生态修复研究工作也取得了很大进步，但仍存在诸多不足，突出表现在矿山生态修复效益效果不佳，这将是矿

资助项目：内蒙古自治区科技计划项目“呼伦贝尔草原露天煤矿排土场生态修复关键技术研究与示范”；“科技兴蒙”行动重点专项创建鄂尔多斯国家可持续发展议程创新示范区项目——十大孔兑综合治理与水资源集约高效利用集成示范（KJXM-EEDS-2020005）。

作者简介：王雅茹（1996-），女，巴彦淖尔人，E-mail:472245785@qq.com；

*通讯作者：张健 E-mail:304537843@qq.com

山生态修复工作中的难点和重点。矿山生态修复研究主要基于恢复生态学原理，结合矿山扰动情况及立地条件等进行深入的理论研究，为生态修复工作提供技术和理论支撑，将已扰动矿区在人为干预下或根据需要重建成满足某种社会需求的状态，恢复到近天然或以矿区周围自然环境为标准恢复成与其相适应的状态[0]。国内外对矿山生态修复的研究主要集中在生态修复相关理论、生态修复技术、修复生态效益及修复效果评价等 4 个方面[3-8]。旨在瞄准内蒙古地域特色，采用新技术、新方法，探索矿区生态修复与可持续发展途径。

本课题重点开展十大孔兑区域由于矿区建设导致的植被退化、土壤侵蚀加剧等生态安全问题，围绕解决十大孔兑地区矿区土壤、植被系统、边坡稳固系统等问题，研究矿区边坡稳固、植被恢复等不同技术、工艺、方法、材料的集成技术，解决矿区生态安全保障技术问题，在鄂尔多斯市十大孔兑区域开展矿区植被重建关键技术集成与示范应用，为矿区生态修复和保护提供科技支撑。提出绿色矿山生态修复与综合治理体系。

# 1.材料与方法

## 1.1 研究区概况

试验区位于鄂尔多斯市东胜区铜川镇民达露天煤矿区，温带大陆性季风气候，其特点是冬长夏短，四季分明，夏季温热，秋季短促不定、气温下降快，冬季寒冷干燥、降水少；年平均气温 6.4℃，1 月平均气温-10.3℃，7 月平均气温 21.7℃， 生长期年平均 184 天，无霜期年平均 144 天。年平均日照时数 3093.7 小时，年平均降水量 385.7 毫米。植被属于温带干旱草原植被，发育广泛。植物类型以多年生的草本植物组成，以禾本科植物占优势，其次是菊科、豆科植物。另有部分小灌木、半灌木，以豆科、菊科为主。因侵蚀、沙化、地下水以及其他因素的影响，全市的植被大体分化成干旱草原沙生植被、干旱草原植被、草甸草原及盐生植被 3 种类型。

## 1.2 试验设计

选择长 20 米，宽 75 米的边坡作为试验样地，试验样地内使用不同固持材料作为试验处理设置试验小区，试验处理分别是植物纤维、芦苇帘、沙柳、草帘和对照，每个试验小区 3 个重复，共计 15 个小区。每个小区宽 5 米，长 20 米。在每个试验小区内混播沙生冰草、草木樨、紫花苜蓿、沙打旺、披碱草、二色补血草、小叶锦鸡儿等草种，每平方米播量 10g。补播后定期测定 1m×1m 植被高度、密度、盖度和产量等指标。2021 年 7 月 10 日在播种后铺设喷灌管网，利用水车进行灌溉，灌溉深度 20cm。2022 年 5 月 10 日，再次使用水车进行灌溉。

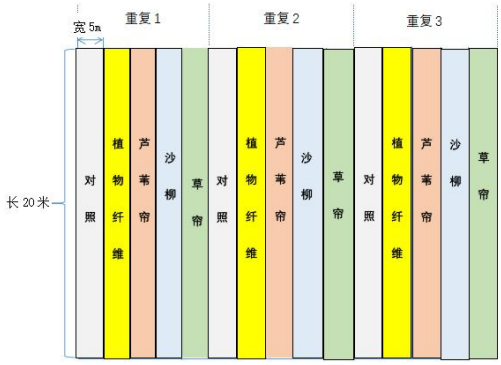





图 8 边坡固持材料试验设计图

## 1.3 数据采集

在每种固持材料小区，从坡顶到坡底按照固定距离埋置测扦，通过冲蚀深度，计算整个坡面单位面积的冲沙量，定期测定降水后土壤被冲蚀的冲沙量，记录不同固持材料的冲沙量。

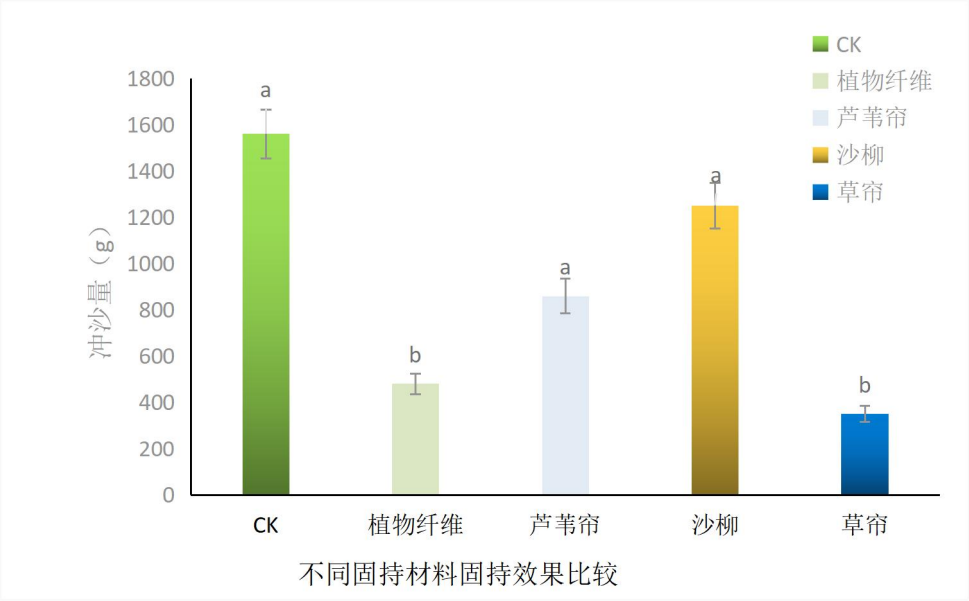
2022 年 9 月在试验样地随机选取 1 个 1m×1m 样方，并且观测每个样方内植物的高度、密度和群落盖度，然后将样方内每个物种齐地刈割，把生物量装袋记录，带回实验室在 65℃下烘干 48h，称重记录其重量，每个试验小区随机取土样 5 份检测其土壤 PH、湿度、温度、速效钾、有效磷、水解性氮、有机质。

# 2 结果与分析

## 2.1 边坡不同固持新材料修复下土壤冲沙量研究

由图 2 可知，对于不同的固持材料，各个处理下的冲沙量各有不同，CK 的冲沙量最高，其次为沙柳和芦苇帘，植物纤维和草帘显著低于 CK（$P<0.05$），其中以草帘的固持效果最佳。

图 9 不同固持材料冲沙量




2.2.1.2 边坡不同固持材料修复后坡面冲沟数

通过实地测量观测发现，对不同固持材料小区冲蚀沟数量和深度统计如下表：使用草帘和植物纤维进行边坡固持后，冲蚀沟的数据和深度较其他固持材料明显减少。

表 15 排土场边坡铺设不同固持材料后坡面冲沟特征变化

| | 冲沟数量（条） | 冲蚀沟平均深度（cm） |
|---|---|---|
| 无铺设物（对照） | 11 | 15 |
| 植物纤维 | 5 | 8 |
| 芦苇帘 | 6 | 10 |
| 沙柳 | 8 | 12 |
| 草帘 | 3 | 8 |

2.2 边坡铺设不同固持材料修复后植被高度、盖度、密度变化研究

应用不同的固持材料铺设于边坡后，对监测数据分析结果显示，铺设草帘后，群落植被的高度、盖度、密度都显著高于对照和其他固持材料高度最高（$P<0.05$）；铺设沙柳后，植被的盖度和密度与对照差异性不大，高度较对照存在显著差异（$P<0.05$）；铺设植物纤维和芦苇帘后，群落植被的高度、盖度、密度都显著高于对照（$P<0.05$），高于沙柳条，其中，铺设草帘效果最佳且施工难易程度最为合适。

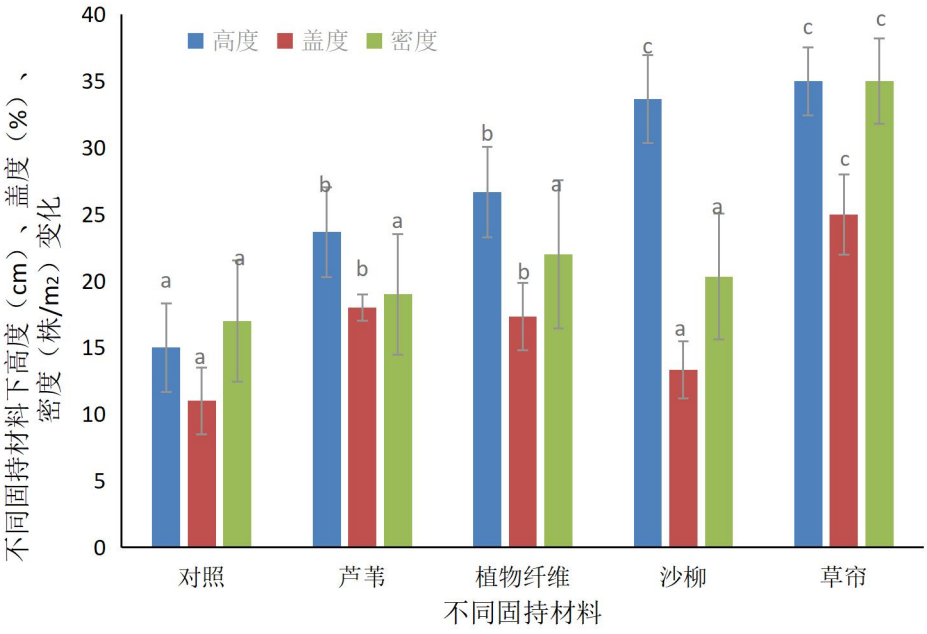



图 10 铺设不同固持材料下群落植被高、盖、密度变化

## 2.3 边坡不同固持材料修复后地上植被生物量变化研究

对不同固持材料修复后的植被地上生物量测定，分析得出芦苇帘、植物纤维、沙柳、草帘 4 种固持材料与对照（不铺设材料）相比，生物量较对照有显著差异，并植物纤维与草帘铺设后的生物量较芦苇帘和沙柳生物量存在显著差异（$P<0.05$）。

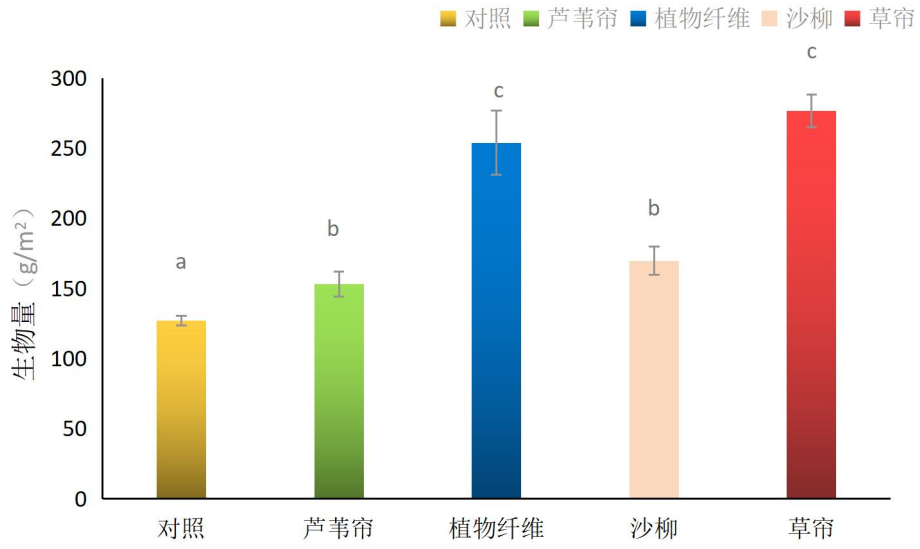



图 11 不同固持材料地上生物量差异

## 2.4 边坡不同固持材料修复后土壤变化研究

如图 4 所示，矿山边坡铺设芦苇帘、植物纤维、沙柳、草帘 4 种固持材料，与对照处理相比土壤的 PH 均无显著性差异（P＞0.05），但是各处理与对照相比均有所降低；固持材料植物纤维和柳条处理与对照相比土壤湿度升高，其中植物纤维土壤湿度最高，芦苇帘最低，植物纤维的土壤湿度显著高于芦苇帘（P＜0.05）；与对照处理相比，植物纤维、柳条和草帘子处理的土壤温度均高于对照，其中植物纤维土壤温度最高，芦苇帘最低，植物纤维的土壤温度显著高于芦苇帘（P＜0.05）；总体来说，各种固持材料对土壤 PH 无显著影响，铺设植物纤维沙障土壤温度和湿度相较于铺设其他材料最高，芦苇帘最低，土壤湿度和温度条件均高的处理可能更有利于植物生长。

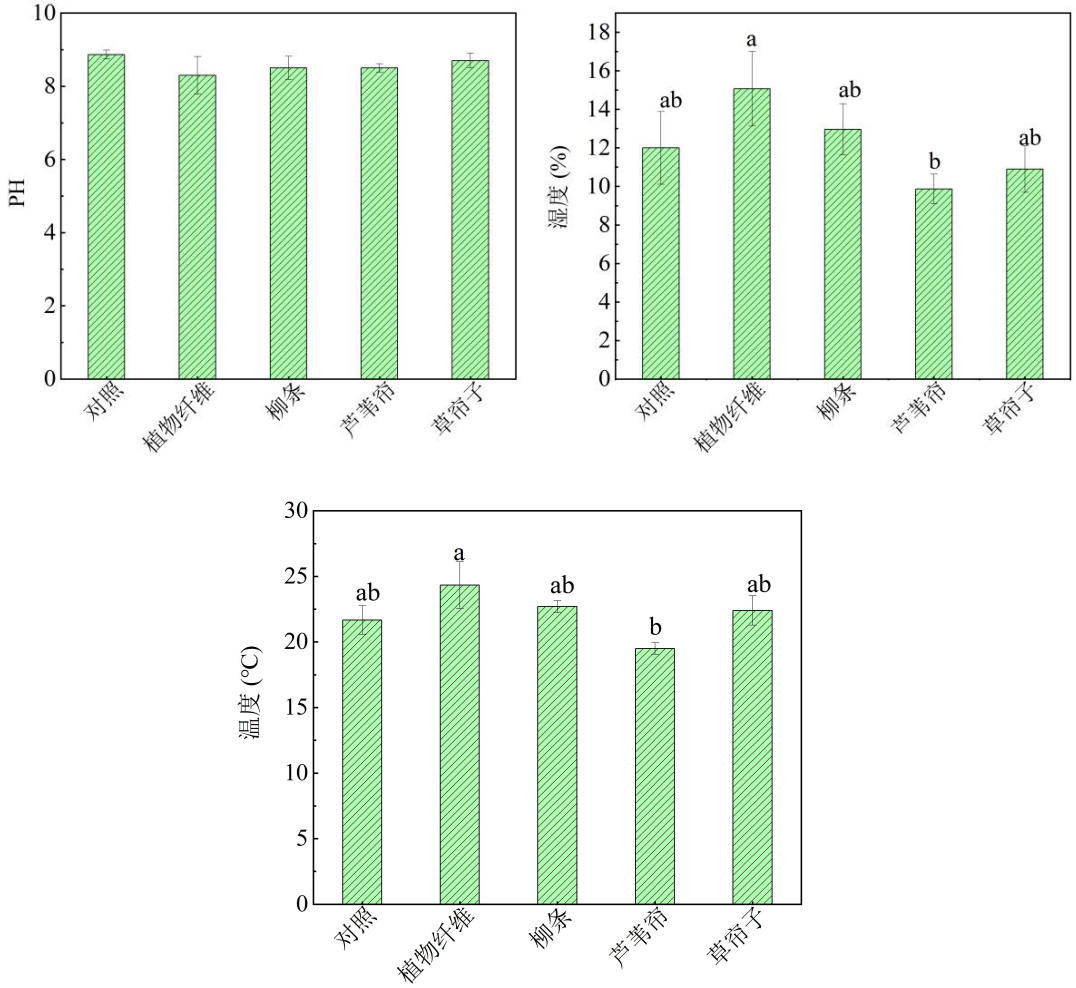



图 12 不同固持材料处理下矿山边坡土壤物理性质变化

如图 6 所示，植物纤维处理土壤速效钾含量显著高于对照处理（$P<0.05$），而柳条、芦苇帘和草帘子处理均显著低于对照，植物纤维处理速效钾含量最高，柳条处理最低，柳条和草帘子处理差异不显著（$P>0.05$）；与对照处理相比，草帘子的有效磷含量显著高于对照（$P<0.05$），植物纤维与对照相比有效磷含量有所提高，但是不显著；与对照相比，除芦苇帘之外，植物纤维、柳条和草帘子处理的水解性氮均显著高于对照处理（$P<0.05$），柳条处理最高，植物纤维和草帘子处理次之，芦苇帘处理最低；与对照相比，植物纤维和柳条处理的有机质含量显著高于对照处理（$P<0.05$），而草帘子显著低于对照处理（$P<0.05$），植物纤维的有机质含量最高，草帘子的最低。综上所述，各种固持材料提高了土壤中水解性氮的含量，与其他固持材料相比，植物纤维对土壤化学性质的改变效果最好。

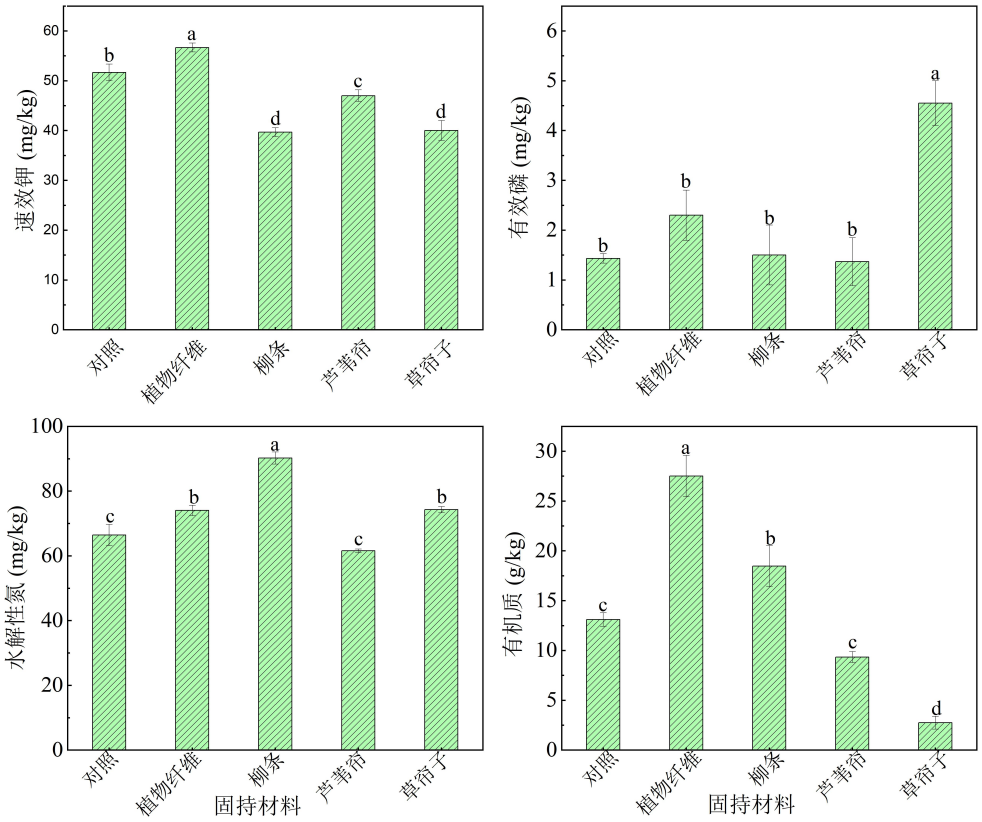



**图 13 不同固持材料处理下矿山边坡土壤化学性质变化**

# 3 讨论

露天矿区在经过大规模开采后将会遗留大量的裸露边坡，如果不对这些区域的植被进行有效恢复，就有可能产生水土流失、滑坡、土壤沙化及生物量降级等问题[12]。植物群落特征可有效反映出植物对环境的干扰程度。在研究植物种群和群落数量特征中，植物种群高度、盖度和密度最终会影响到群落高度、盖度和密度的变化[10]。本试验采用 4 种固持材料配合灌草种子混播，结果表明植物纤维显著提高土壤有机质，速效磷，可能与植物纤维提高了土壤湿度有关，湿度提升使土壤有机质稳定[11]。草帘覆盖有助于矿区边坡植被恢复，生物量和植被高度、盖度、密度高于未铺设固持材料和其他材料的试验区，并且可减少土壤冲沙量及冲蚀沟的形成，但对土壤温度、湿度、有机质、速效钾提高作用不明显，综合比较下草帘覆盖对植被恢复有明显促进作用。沙柳覆盖对于冲沙量的减少具有明显作用，后期可考虑对固持材料进行综合利用，是否对于植被建植有更高效的促进作用。

# 4 结论

铺设草帘减少冲沙量、冲蚀沟数量及深度，增加植被高度、盖度、密度及生物量，显著增加土壤有效磷，对其他土壤性质改变不明显。铺设植物纤维沙障可减少冲蚀沟数、提高土壤有机质、速效钾，土壤温度、湿度。综上所述可采用草帘和植物纤维进行矿山边坡植被建植施肥量及植物配比研究。

参考文献

《2023 煤炭行业发展年度报告》

王海峰,李建东,王清良等.酸法地浸采铀矿山地下水修复技术应用与探讨[J].南华大学学报(自然科学版),2023,37(01):24-32+70.DOI:10.19431/j.cnki.1673-0062.2023.01.004.

白楠.某矿区不稳定边坡成因分析及治理措施[J].煤炭技术,2024,43(04):220-224.DOI:10.13301/j.cnki.ct.2024.04.044.

商宇,李钢铁,麻云霞,等.鄂尔多斯矿区不同恢复年限排土场边坡植被演变规律[J/OL].山西农业大学学报(自然科学版),1-11[2024-04-08].

[1] 杨波,王文龙,郭明明,等.矿区排土场边坡不同植被配置模式的控蚀效益研究[J].土壤学报,2019,56(06):1347-1358.

[2] 王丽丽,甄庆,王颖,等.晋陕蒙矿区排土场不同改良模式下土壤养分效应研究[J].土壤学报,2018,55(06):1525-1533.

[3] 陈晓燕,张雯,何秉宇,等.新疆准东露天煤矿区新型边坡治理技术[J].农村科技,2018,(03):57-60.DOI:10.19777/j.cnki.issn1002-6193.2018.03.028.

[4] 祝小科,陈桂平.露采矿山几种边坡类型植被恢复技术——以紫金山金铜矿区为例[C]中国水土保持学会工程绿化专业委员会,北京林业大学边坡绿化研究所.工程绿化理论与技术进展——全国工程绿化技术交流研讨会论文集.贵州大学林学院；贵州远平环保产业有限公司，2008:7.
[5] 裴晓阳.基于高分辨率遥感数据的矿区生态修复研究[J].能源与环保,2022,44(07):43-47.
[6] 宋晓辉,金净,阿拉塔,等.几种不同修复方式对天然退化草地恢复效果的研究[J].当代畜禽养殖业,2022,(02):13-16.
[7] 朱向前. 黑岱沟露天煤矿排土场土层重构及不同植被配置模式对土壤性质影响研究[D].华东师范大学,2023.DOI:10.27149/d.cnki.ghdsu.2023.000766.

# Feeding Common Vetch with Rice Straw to Fattening Lambs: Effects on Growth Performance, Ruminal Fermentation and Microbiota, and Economic Efficiency

**Xiaoan Zhang[1,2,3], Huiqing Wei [1], Sunze Wang [1], Wenjie Wang [1], Li He [4], Yiming Sun [1], Zijun Zhang [1,3], Guanjun Wang [1,2,*],Chunhuan Ren [1,], Yafeng Huang[1,3,*]**

1 College of Animal Science and Technology, Anhui Agricultural University, Hefei 230036, China; renchunhuan@ahau.edu.cn (C.R.); zhangxiaoan@stu.ahau.edu.cn (X.Z.); weihuiqing123@stu.ahau.edu.cn (H.W.); wangsunze@stu.ahau.edu.cn (S.W.); wangwenjie0123@stu.ahau.edu.cn (W.W.); sunyiming@stu.ahau.edu.cn (Y.S.); zhangzijun@ahau.edu.cn (Z.Z.)

2 National Agricultural Green Development Long-term Fixed Observation Yingshang Test Station, Yingshang 236200, China

3 Center of Agriculture Technology Cooperation and Promotion of Dingyuan county, Dingyuan 233200, China

4 New Rural Development Research Institute, Anhui Agricultural University, Hefei 230036, China; heli@ahau.edu.cn (L.H.)

* Correspondence: wgj19142427786@ahau.edu.cn (G.J.); huangyafeng@ahau.edu.cn (Y.H.); Tel.: +86-0551-6578-6328.

**Abstract:** The aim of this study was to compare the growth performance, ruminal fermentation and microbiota, economic efficiency and in fattening lambs fed alfalfa hay (AH) or common vetch hay (CV) combined with rice straw (RS). Twenty lambs were equally divided into two groups: control group (fed 40% AH with 20% RS) and CV group (fed 40% CV with 20% RS). CV had greater *in vitro* digestibility ($P < 0.05$) than AH. The CV group had improved average daily gain (ADG), and efficiency of feed and economic compared to control group, but ruminal $NH_3$-N content and estimated methane produced per unit of ADG was lower ($P < 0.05$) in the CV group than in the control group. Compared to control group, *Ruminococcus* abundance was lower ($P < 0.05$) in the CV group, but no differences ($P > 0.05$) were observed between groups with respect to other genera abundance. In summary, CV can be incorporated into lamb diets as a low-cost additive to improve feed efficiency, animal performance, and economic efficiency and reduce methane produced per unit of ADG. However, it did not improve ruminal fermentation or microbiota, thus CV could be used as a novel dietary forage self-sufficiency for ruminant diets.

**Keywords:** common vetch; growth performance; rumen fermentation; microbiota composition; sheep

**Funding**: This research was funded by National Natural Science Foundation of China (31772566), Application Test of Comprehensive Nutrient Balance Production Technology of 'Herbivorous Livestock-Planting Industry' in Agricultural Areas (23339045), and China Agriculture Research System of MOF and MARA (CARS-38).

As the largest lamb meat producer worldwide, China has 194.03 million sheep and 132.24 million goats in 2022, which produced 5.24 million tons of mutton and goat meat and 14,648.53 tons of cashmere wool [1,2](NBS National Bureau of Statistics of the People's Republic of China, 2022[1]; Li Shaobo et al., 2022[2]). However, the large-scale confined feeding of high-energy grains to sheep in China and the rest of worldwide is faced with increasing challenges in terms of animal health and welfare, lack of adequate and high-quality forage, and high feed prices (Touno, Eiko et al., 2013[3]; Zhang Xia et al., 2021[4]; ). According to the statistics data of General Administration of Customs of the People's Republic of China (2022), China imported 1.94 million tons of dried forages hay, containing 1.78 million tons of alfalfa (*Medicago sativa* L.) hay[5]. Hence, improvement of forage self-sufficiency to replace use of alfalfa hay can be known as isurgent for the sheep industry for farmers, particularly at times of protein feed shortage in winter spring season.

Common vetch (CV) is one of the most widely distributed annual leguminous crops throughout the northern hemisphere, originated in the arid regions of the Middle East (Huang et al., 2017[6] [7]). As a cool-season annual legume, CV is mainly utilized as an alternative high-protein feed for ruminants and as green manure. Its yield is somewhat high, even under extreme winter conditions and on the Tibetan plateau, because of its high adaptability and cold resistance. (Huang et al., 2017[6], 2021[8]; Chen Wang et al., 2022[9]; 赵梦宇等 2022[10]). In a previous study, replacing alfalfa hay with CV hay resulted in similar performance and lower methane emissions in growing cattle (Du et al., 2019[11]). Moreover, Huang et al. (2021[7]) concluded that a diet containing 20% common vetch hay improved growth

performance and the digestibility of dietary nutrients of growing lambs compared to a diet of 20% alfalfa hay. Meanwhile, rice (*Oryza sativa* L.) straw (RS) is one of the most abundant crop residues in China, with nearly 21 million metric tons produced annually (Chen, Xiaoguang et al., 2016[12]). However, RS is often used as waste, and most are discarded (leading to wasted resources) or burnt (directly generating massive pollutants such as dust and greenhouse gases) (Xu Yao et al., 2023[13]).

Rumen microorganisms could use their unique physiological structure to convert the roughage into volatile fatty acids and proteins, providing sufficient nutrients for the ruminants (Chen, X. et al., 2022[14]; Liu, M.J. et al., 2023[15]). Notably, the stability of rumen microflora has a positive effect on the host's health and immune system and maintains performance and product quality (Gao, X et al., 2023[16]; Bujňáková, Dobroslava et al., 2023[17]). The composition and structure of the diet strongly affect construction of rumen microbiota of ruminants (Belanche Alejandro et al., 2012[18]; Lv, F. et al., 2020[19]; Zened, A. et al., 2013[20]). Zhang X. et al (2021)[4] also confirmed that feeding cattle high-quality forage promotes healthy and appropriate changes in the rumen microbiome in the long term.

Methane ($CH_4$) emissions from ruminant livestock have attracted significant attention in many countries of the worldwide, particularly in China. This is mainly due to global $CH_4$ production from ruminants accounting for 23–27% of global anthropogenic CH4 emissions to cause warming phenomenon (IPCC, 2007)[21]. Previous studies have reported that $CH_4$ emission varied with the source of forages used in the ruminant diet (Hassanat et al., 2016[22]; Huang et al., 2020[7]). Therefore, considering the importance of the sheep industry, forage utilization, and the continuous search for efficient feeding strategies, this study compared the growth performance, ruminal fermentation and microbiota, economic efficiency and $CH_4$ emission of lambs offered common vetch or alfalfa hay combined with rice straw. Thus, this study hypothesized that common vetch hay combined with rice straw could improve the growth performance economic efficiency and reduce $CH_4$ emission of lambs while ensuring a stable rumen microflora environment. Results revealed the potential nutritional value of vetch hay, and provide a theoretical basis and practical example of increased efficiency and sustainable development of the sheep industry.

# 1. Materials and Methods

## 1.1. Study site, Common Vetch Harvest, and Hay Production

Common vetch (Lanjian No.2) was sown at a density of 150 seeds/$m^2$ in rows spaced 20 cm apart in fields at the National Agricultural Green Development Long-Term Fixed Observation Yingshang Test Station (at Yingshang City, Anhui Province, China: 32°42'18" N, 116°0'13" E; altitude 20.7 m). The study site has a transitional climate between the north temperate and subtropical region, with an average annual temperature of 15.0°C, a frost-free period of 221 days, and an average annual rainfall of 904.6 mm. The CV was sown in late October 2022, manually harvested during the flowering stage in mid-April, and subsequently air-dried for four days before being stored for the feeding experiment.

## 2.2. **Study Animals, Experimental Design, and Growth Performance**

The feed trial was conducted from early August 2023 to late September 2023 in Yingshang County, Anhui Province, China. A total of 20 Huang-huai male lambs with an initial live weight (BW) of 24.89 ± 0.67 kg at four months of age were randomly divided into two groups of 10 and housed in separate pens (3.1 × 1.5 m) with two animals in each pen. The control group was fed total mixed ration (TMR) pellets consisting of 400 g/kg concentrate mixtures, 400 g/kg alfalfa hay (as fed, CON), and 200 g/kg brittle culm RS. The other group received similar feed with the alfalfa hay substituted with CV hay (as fed, CVG). The diets were prepared based on the nutritional requirements of meat-type sheep and goats (NY/T 816-2021, Ministry of Agriculture, China[23]) and processed into full-price pellet feed. Its composition and nutritional value are shown in Table 1.

**Table 1.** Ingredients (% as-fed basis) and chemical composition of the experimental diets.

| Title | Diet [1] | | Common vetch hay | Alfalfa hay |
|---|---|---|---|---|
| | **CON** | **CVG** | | |
| Ingredients | | | | |
| Alfalfa | 40.00 | 0.00 | | |
| Common vetch | 0.00 | 40.00 | | |
| Brittle culm rice stover | 20.00 | 20.00 | | |
| Corn | 28.00 | 28.00 | | |
| Wheat bran | 2.91 | 6.60 | | |
| Cottonseed meal | 5.40 | 1.85 | | |
| Salt | 0.70 | 0.70 | | |
| Calcium carbonate | 1.10 | 1.00 | | |
| Calcium bicarbonate | 0.89 | 0.85 | | |
| Mineral-vitamin premix [2] | 1.00 | 1.00 | | |
| F:C ratio [3] | 40:60 | 40:60 | | |
| Chemical composition | | | | |
| Dry matter, % | 89.89 | 89.35 | 93.10 | 92.51 |
| Crude protein, % | 14.11 | 14.10 | 20.82 | 17.24 |
| Neutral detergent fiber, % | 38.82 | 37.09 | 33.44 | 36.59 |

| | | | | |
|---|---|---|---|---|
| Acid detergent fiber, % | 20.43 | 19.95 | 22.46 | 28.30 |
| Ash, % | 8.49 | 10.58 | 15.54 | 8.97 |
| Calcium, % | 0.90 | 0.92 | 0.39 | 0.28 |
| Phosphorus, % | 0.50 | 0.51 | 0.26 | 0.25 |

[1] CON= diet containing alfalfa hay; CVG = diet containing common vetch hay.

[2] Composition, mg/kg: Fe 1,500, Cu 150, Mn 600, Zn 1,000, vitamin A 25,000 IU, vitamin D3 40,000 IU, vitamin E 400 mg/kg.

[3] F:C ratio = proportion between the amounts of roughage and concentrate in the diet.

All animals received treatment against internal and external parasites using an anthelmintic drug before the experiment. The experiment lasted 64 days, including a 14-day adaptation period and a 50-day fattening period, during which growth performance was measured and ruminal fluids were collected. All lambs received water ad libitum and feed twice daily at 08:30 and 18:30. Two-day averages of body mass of lambs were recorded at the beginning and end of the fattening period before the morning feed. The amount of feed dispensed to each lamb was recorded daily and the refusals were weighed every three days. The average daily feed intake (ADFI), average daily gain (ADG), and feed conversion ratio (FCR) for the whole period were calculated as described by Huang et al. (2021)[8].

### 2.3. **Ruminal Fluid Collection and Fermentation Analysis**

Ruminal fluid samples (approximately 30 ml) were collected on day 65 after overnight fasting from from six selected lambs per group using an oral a gastric tube (MDW15, Colebo Equipment Co., Ltd., Wuhan, China) and a 350-mL syringe. The pH values of rumen fluid samples were measured immediately after collection using a portable pH meter (PHS-3C, Leici Scientifific Instrument Co., Ltd., Shanghai, China). Each sample of ruminal fluid was strained through four layers of cheesecloth and divided into three parts. One 5 mL of strained ruminal fluid were mixed with 1 mL of 25% metaphosphoric acid and stored at -20°C until it was analyzed for volatile fatty acids (VFA). The rest of the ruminal fluid was immediately frozen in liquid nitrogen and stored at -80°C until analysis of $NH_3$-N and DNA extraction. The VFA analysis was conducted using capillary gas chromatograph (C-2010 Plus, Shimadzu, Japan) equipped with a capillary column (30 mm × 0.32 mm × 0.25 mm) following the method described by Huang et al. (2021)[8]. Ruminal $NH_3$-N content was measured based on a colorimetric method (Zhao et al., 2023[24]) and adapted for Thermo Scientifific Multiskan GO (BIO-RAD, Hercules, CA, USA) with a 700 nm absorbance filter.

### 2.4. **Ruminal Fluid DNA Extraction, Microbiota Sequencing and Analysis**

To determine the ruminal fluid microbiota composition, high-throughput sequencing was performed at Majorbio Bio-Pharm Technology Co., Ltd (Shanghai, China). The total DNA in the ruminal fluid was extracted using the QIAamp DNA Stool Mini Kit (Qiagen, China) according to the manufacturer's instructions. DNA purity and quality assessed using electrophoresis (2% agarose gel) and an OD-1000+ spectrophotometer. (one drop, Shanghai, China). The V3-V4 regions of the bacterial 16S rRNA gene were amplified using primers 338F (ACTCCT ACG GGA GGC AGC A) and 806R (GGA CTA CHV GGG TWT CTA AT) (Zhao et al., 2023[24]). Deep sequencing of DNA extracts was conducted on an Illumina MiSeq platform (Illumina, San Diego, CA, USA; Illumina Novaseq6000) using paired-end sequencing (2 × 250 bp).

The raw data were initially processed and analyzed by Trimmomatic software. Operational taxonomic units (OTUs) were clustered at a similarity level of 97% using UPARSE software (version 7.1) (Edgar, R.C. et al., 2013[25]), and chimeric sequences were identified and removed. AS Venn analysis was performed on the OTUs obtained. Representative sequences of OTUs were aligned to the SILVA database for taxonomic assignments of bacteria using QIIME (http://qiime.org/scripts/assign_taxonomy.html) (Quast, C., et al., 2013)[26]. The observed OTUs and the Shannon index were used to assess the alpha diversity in each fecal sample. Mann-Whitney U tests and Wilcoxon signed-rank tests were used to analyze the variance in the microbiota data.

Richness estimates and diversity indices, including Chao 1, Good's coverage, Shannon index, and Simpson's index, were calculated using the QIIME Pipeline (Version 1.8.0). A principal coordinate analysis (PCoA) based on unweighted UniFrac distances was conducted to compare all samples, and a distance-based matrix analysis (PERMANOVA) was performed to evaluate differences between samples using the vegan package in the QIIME software. A bar graph of the Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes (KEGG) function was generated using GraphPad Prism 6.0 software.

### 2.5. **In Vitro Digestibility**

Samples of CV and alfalfa hay were analyzed to determine the *in vitro* digestibility of dry matter (IVDMD) and neutral detergent fiber (IVNDFD) using an artificial rumen incubator (MC-NFSF-II, Beijing Mancang Technology, Beijing, China). Ruminal fluid was collected 3 min postmortem from two slaughtered Huang-huai sheep rams fed a TMR of 40% CV, 20.0% RS, and 40.0% concentrate. The collected ruminal fluid was strained through four layers of sterilized cheesecloth and intermittently stirred under $CO_2$ flushing in a water bath (39°C). Ground samples (250 mg/bag, in duplicate) were weighted into pre-weighed filter bags (5.2 × 4.7 cm, 30 μm pore size) and then heat-sealed. Then, twenty-four bags plus three blank controls were incubated in each incubation jar. Incubation jars were filled with 1596 mL pre-warmed (39°C) mineral buffer and 400 mL ruminal fluid and incubated for 48 h at 39 °C with incubation. After the incubation, the bags were removed and gently washed with cold tap water, and the α-amylase-treated neutral detergent fiber (aNDF) content was analyzed. Residual NDF content was analyzed as described by Van Soest (1991)[27],

with the addition of α-amylase and anhydrous sodium sulfite. These residual fractions were calculated as IVDMD (g/kg DM) and IVNDFD (g/kg NDF) using the equations recommended by Huang et al. (2019)[28].

### 2.6. **Calculations and Statistical Analysis**

An economic evaluation was conducted with USD as the currency. The price of the experimental diets and Huang-huai lambs in China was follows: price of 1kg/ live body weight on selling was 4.18 USD, 1 kg CON diet was 0.26 USD, and 1kg CVG diet was 0.23 USD. All collected prices were calculated form the local market, then adjusted as the exchange rate from RMB to Dollars. The net revenue and economic efficiency were calculated according to Hassan, O.G. A. et al., 2024[29]: total = selling price of lambs - purchase prices of lambs; net revenue = selling price of lambs - total feed cost - purchase prices of lambs, and economic efficiency = net revenue/total feed cost.

Total $CH_4$ production (L/day) was also estimated from the measured ADFI throughout the fattening period, as described by Ramin and Huhtanen (2013)[30] as: $CH_4$ (L/day) = 20 ( ± 12.1) + 35.8 ( ± 2.87) × ADFI – 0.50 ( ± 0.132) × $ADFI^2$, where ADFI is average daily feed intake. The $CH_4$ measurements were estimated based on the ADG.

Statistical analyses were performed using SPSS software (Version 25.0. IBM Corporation, Armonk, NY, USA). Data obtained for *in vitro* digestibility, growth performance, ruminal fermentation parameters, bacterial microbiota, and economic efficiencywere analyzed using a general linear model. Differences between groups were evaluated using Duncan's tests with significance defined as $P < 0.05$, and a tendency was defined as $0.05 < P \leq 0.10$.

## 3. Results

### 3.1. **Hay In Vitro Digestibility and Growth Performances**

As shown in Figure 2, the IVDMD and IVNDFD concentrations of CV hay were higher ($P < 0.05$) than those of alfalfa hay.

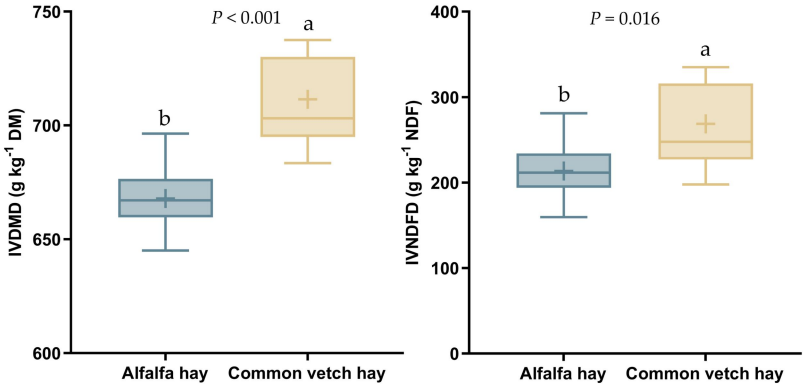



Figure 1. *In vitro* digestibility of the hay from common vetch and alfalfa. [a,b] Values within a row with different lowercase superscript letters differ significantly at $P < 0.05$; Abbreviations: IVDMD = *in vitro* dry matter digestibility; IVNDFD = *in vitro* neutral detergent fiber digestibility.

The initial and final BW of the lambs did not differ ($P > 0.05$) between the groups and averaged 26.16 and 35.98 kg, respectively (Figure 2). The ADG of lambs from the CON group was markedly higher than that of lambs from the CVG group ($P < 0.05$). The ADFI was not affected by the diet ($P > 0.05$), but FCR was 7.87% lower ($P < 0.05$) in the CVG group than in the CON group.

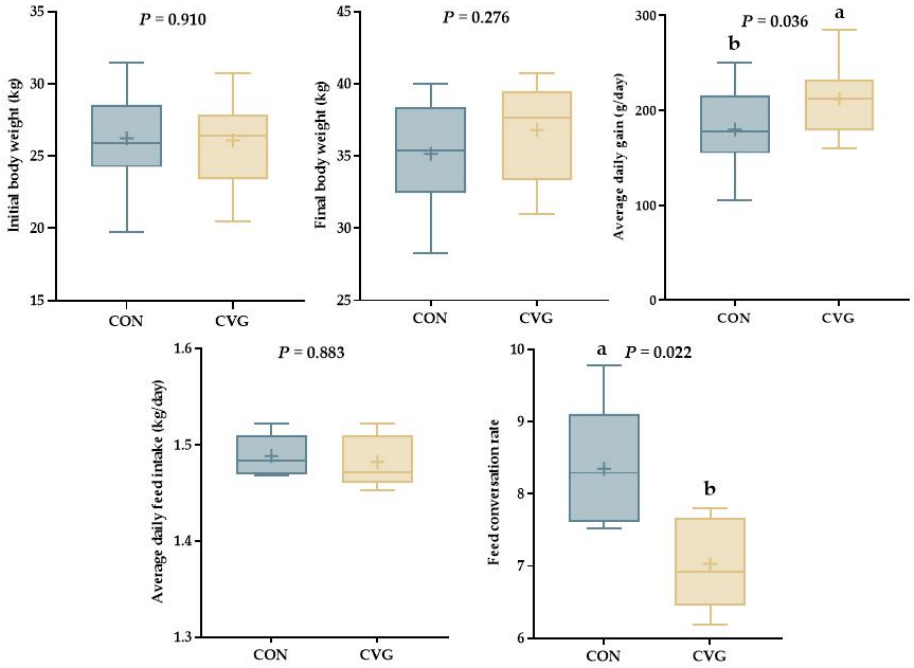



**Figure 2.** Effects of common vetch hay on growth performance and feed conversion rate of growing lambs. [a,b] Values within a row with different lowercase superscript letters differ significantly at $P < 0.05$; Abbreviations: CON= diet containing alfalfa hay; CVG = diet containing common vetch hay.

### 3.2 **Ruminal Fermentation Characteristics**

Ruminal pH was similar ($P > 0.05$) between the two groups and averaged 5.75 and 6.08 in the CON and CVG groups, respectively (Table 2). Ruminal $NH_3$-N concentration was significantly lower ($P < 0.05$) in the CVG group compared with the CON group. The concentrations of total VFA were not affected between diet and averaged 58.91 mmol/L. Likewise, there was no significant difference ($P > 0.05$) in the molar proportion of propionate, isobutyrate and acetate:propionate ratio between the two groups. However, the molar proportion of acetate and valerate was lower ($P < 0.05$) in the CVG group than in the CON group. Additionally, the molar proportion of butyrate and isovalerate were significantly higher ($P < 0.05$) in the CVG group as compared to the CON group.

**Table 2. The parameters of ruminal fermentation of feedlotting lambs fed CON and CVG diets.**

| Item | Diet [1] | | | SEM | *P*-value |
|---|---|---|---|---|---|
| | CON | CVG | Mean | | |
| pH | 5.76 | 6.05 | 5.91 | 0.121 | 0.289 |
| $NH_3$-N (mg/mL) | 17.75 [a] | 13.29 [b] | 15.52 | 0.991 | 0.021 |
| Total VFA (mmol $L^{-1}$) | 56.59 | 61.23 | 58.91 | 2.77 | 0.460 |
| Acetate (% molar) | 71.73 [a] | 67.45 [b] | 69.59 | 0.839 | 0.005 |
| Propionate (% molar) | 19.44 | 17.27 | 18.36 | 0.711 | 0.158 |
| Butyrate (% molar) | 4.66 [b] | 11.38 [a] | 8.02 | 1.10 | < 0.001 |
| Valerate (% molar) | 2.12 [a] | 0.95 [b] | 1.53 | 0.194 | < 0.001 |
| Isobutyrate (% molar) | 1.34 | 1.26 | 1.30 | 0.083 | 0.674 |
| Isovalerate (% molar) | 0.71 [b] | 1.69 [a] | 1.20 | 0.212 | 0.017 |
| Acetate:Propionate | 3.75 | 3.94 | 3.84 | 0.139 | 0.547 |

[a,b] Values within a row with different lowercase superscript letters differ significantly at $P < 0.05$.
[1] CON= diet containing alfalfa hay; CVG = diet containing common vetch hay.

### 3.3 **Ruminal Microbial Community Composition**

A total of 590,533 effective reads were retrieved from 10 sequenced samples after filtering out low-quality reads with an average of 59,053 per sample, and 3,084 OTUs were identified with a similarity of 97% (Figure 3).

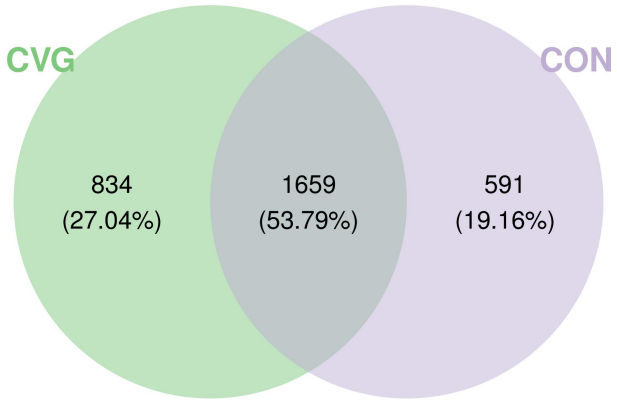



**Figure** 3. Venn analysis of operational taxonomic units (OTUs) of the ruminal microbiota of sheep fed CON and CVG diets. Abbreviations: CON= diet containing alfalfa hay; CVG = diet containing comm.,on vetch hay.

Based on the sampling depth at which rarefaction curves tend to plateau, samples were rarefied to 1,057 (CON group) and 1,071 (CVG group) OTUs with a 97% identify (Table 3). Similarly, the Good's coverage index for all samples exceeded 99 %, implying that the sequencing depth was adequate to represent each rumen microbial community. After analysis using QIIME Pipeline, alpha diversity indices showed that there was no significant difference in Chao1, Simpson's index, Shannon index, and Goods_coverage between the two treatment groups (Table 2).

**Table 3. Alpha diversity indices analysis of operational taxonomic units (OTUs) of the ruminal microbiota of sheep fed CON and CVG diets.**

| Item | Diet [1] | | | SEM | *P*-value |
|---|---|---|---|---|---|
| | CON | CVG | Mean | | |
| OTUs | 1057 | 1071 | 1064 | 16.77 | 0.926 |
| Chao1 | 1353.62 | 1372.55 | 1363.09 | 14.22 | 0.912 |
| Simpson's index | 0.95 | 0.87 | 0.91 | 0.009 | 0.317 |
| Shannon index | 6.40 | 5.44 | 5.92 | 0.175 | 0.278 |
| Goods_coverage (%) | 99.34 | 99.28 | 99.31 | 0.013 | 0.503 |

[1] CON= diet containing alfalfa hay; CVG = diet containing common vetch hay.

The principal coordinate analysis (PCoA) based on unweighted UniFrac distances showed a relative separation of rumen bacteria in the CON and CVG groups

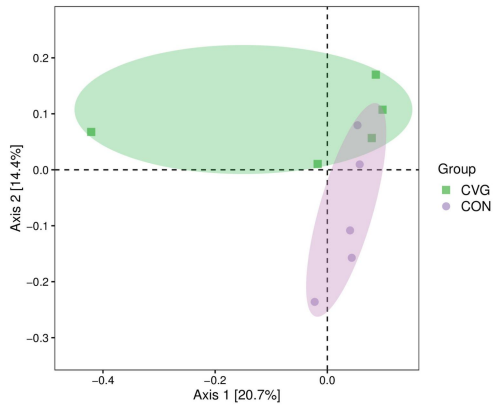



**Figure 4**. Principal coordinate analysis of the beta diversity of the ruminal microbiota of sheep fed CON and CVG diet. Abbreviations: CON= diet containing alfalfa hay; CVG = diet containing common vetch hay.

Taxonomic analysis classified the bacteria into 321 genera belonging to 24 phyla. At the phylum level, 7 bacterial phyla were identified to as the detected bacterial phyla (relative abundance > 1%; Table 4). The most abundant phyla in the CON and CVG groups were *Bacteroidetes* (53.42 % and 64.95 %), followed by *Firmicutes* (28.00 % and 21.01 %), *Actinobacteria* (7.31 % and 3.77 %), *Proteobacteria* (2.96 % and 1.29 %), *Fibrobacteres* (0.96 % and 3.03 %), *Tenericutes* (2.08 % and 2.08 %) and *Spirochaetes* (2.01 % and 1.64 %), respectively. The relative abundances of 7 phyla showed no significant differences between the two treatment groups, but there was a tendency for higher *Proteobacteria* in CVG group compared to the CON group ($P = 0.076$).

**Table 4. Microbial community analysis at the phylum level (relative abundance >1%) of microbiome obtained from the rumen contents of lambs fed fed CON and CVG diet.**

| Item | Diet [1] | | | SEM | *P*-value |
|---|---|---|---|---|---|
| | CON | CVG | Mean | | |
| *Bacteroidetes* | 53.42 | 64.95 | 59.18 | 3.56 | 0.107 |
| *Firmicutes* | 28.00 | 21.01 | 24.50 | 2.84 | 0.267 |

| | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|
| *Actinobacteria* | 7.31 | 3.77 | 5.54 | 2.97 | 0.502 |
| *Proteobacteria* | 2.96 | 1.29 | 2.13 | 0.505 | 0.076 |
| *Fibrobacteres* | 0.96 | 3.03 | 2.00 | 0.286 | 0.233 |
| *Tenericutes* | 2.08 | 2.08 | 1.91 | 0.392 | 0.754 |
| *Spirochaetes* | 2.01 | 1.64 | 1.82 | 0.509 | 0.692 |

[1] CON= diet containing alfalfa hay; CVG = diet containing common vetch hay.

At the genus level, the top 20 genera were identified and the most abundant genus in CON and CVG groups were *Prevotella* (22.65 % and 41.67 %), *unidentified_Bacteroidales* (20.80 % and 18.26 %), *unidentified_Clostridiales* (6.53 % and 2.82 %), *unidentified_Bifidobacteriaceae* (5.75 % and 0.95 %), *Succiniclasticum* (1.56 % and 3.57 %), *unidentified_RF16* (4.13 % and 0.70 %), *RFN20* (3.21 % and 1.56 %), *unidentified_BS11* (2.41 % and 1.80 %), *unidentified_Lachnospiraceae* (1.94 % and 2.11 %), *Fibrobacter* (0.96 % and 3.03 %), *Butyrivibrio* (1.56 % and 2.03 %), *Treponema* (1.93 % and 1.57 %), *unidentified_Veillonellaceae* (1.75 % and 1.53 %), *unidentified_Ruminococcaceae* (1.43 % and 1.16 %), *Bifidobacterium* (0.02 % and 2.03 %), *unidentified_F16* (1.30 % and 0.65 %), *Ruminococcus* (1.42 % and 0.53 %), *Oscillospira* (1.16 % and 0.69 %), *Selenomonas* (1.58 % and 0.26 %), and *unidentified_RF39* (0.98 % and 0.86 %), respectively (Table 5).

*Ruminococcus* abundance was higher in the CON group than in the CVG group ($P < 0.05$), while *Prevotella* tended to be higher ($P = 0.099$) and *unidentified_Clostridiales* tended to be lower ($P = 0.100$) in the CVG group than in the CON group.

**Table 5. Microbial community analysis at the genera level (top 20 genera) of microbiome obtained from the rumen contents of lambs fed fed CON and CVG diet.**

| Item | Diet [1] | | | SEM | *P*-value |
|---|---|---|---|---|---|
| | CON | CVG | Mean | | |
| *Prevotella* | 22.65 | 41.67 | 32.16 | 3.23 | 0.099 |
| *unidentified_Bacteroidales* | 20.80 | 18.26 | 19.53 | 2.722 | 0.717 |
| *unidentified_Clostridiales* | 6.53 | 2.82 | 4.67 | 1.184 | 0.100 |
| *unidentified_Bifidobacteriaceae* | 5.75 | 0.95 | 3.35 | 2.858 | 0.325 |
| *Succiniclasticum* | 1.56 | 3.57 | 2.57 | 0.51 | 0.196 |
| *unidentified_RF16* | 4.13 | 0.70 | 2.42 | 1.21 | 0.116 |
| *RFN20* | 3.21 | 1.56 | 2.38 | 1.228 | 0.453 |
| *unidentified_BS11* | 2.41 | 1.80 | 2.11 | 0.63 | 0.634 |
| *unidentified_Lachnospiraceae* | 1.94 | 2.11 | 2.02 | 0.329 | 0.879 |
| *Fibrobacter* | 0.96 | 3.03 | 2.00 | 0.286 | 0.234 |
| *Butyrivibrio* | 1.56 | 2.03 | 1.80 | 0.142 | 0.447 |
| *Treponema* | 1.93 | 1.57 | 1.75 | 0.50 | 0.698 |
| *unidentified_Veillonellaceae* | 1.75 | 1.53 | 1.64 | 0.18 | 0.785 |
| *unidentified_Ruminococcaceae* | 1.43 | 1.16 | 1.30 | 0.166 | 0.597 |
| *Bifidobacterium* | 0.02 | 2.03 | 1.02 | 0.00 | 0.328 |
| *unidentified_F16* | 1.30 | 0.65 | 0.98 | 0.217 | 0.143 |
| *Ruminococcus* | 1.42 [a] | 0.53 [b] | 0.97 | 0.074 | 0.006 |
| *Oscillospira* | 1.16 | 0.69 | 0.93 | 0.318 | 0.473 |
| *Selenomonas* | 1.58 | 0.26 | 0.92 | 0.62 | 0.219 |
| *unidentified_RF39* | 0.98 | 0.86 | 0.92 | 0.26 | 0.812 |
| *Others* | 16.92 | 12.20 | 14.56 | 1.64 | 0.172 |

[a,b] Values within a row with different lowercase superscript letters differ significantly at $P < 0.05$.

[1] CON= diet containing alfalfa hay; CVG = diet containing common vetch hay.

### 3.4 **Economic Efficiency and Methane Emission**

Compared to the CON group, daily feed costs were significantly decreased ($P < 0.05$) by 23.31% in CVG group, respectively (Table 5). The price received for sheep from CVG group was similar to that of CON group; however, The CVG group increased ($P < 0.05$) the total revenue, net revenue and economic efficiency by 19.57%, 83.78% and 139.16%, respectively, than the CON group.

**Table 5. Comparison of the economic efficiency of sheep fed CON and CVG diets.**

| Item | Diet [1] | | | SEM | *P*-value |
|---|---|---|---|---|---|
| | CON | CVG | Mean | | |
| Sheep purchase price (Dollars/head) | 109.45 | 108.85 | 109.15 | 2.72 | 0.910 |
| Total feed cost (Dollars/50 d/head) | 21.70 [a] | 16.64 [b] | 19.17 | 0.57 | <0.001 |
| Daily feed cost (Dollars/d/head) | 0.434 [a] | 0.333 [b] | 0.383 | 0.012 | <0.001 |
| Sheep price (Dollars/head) | 145.71 | 152.23 | 148.97 | 3.09 | 0.276 |
| Total revenue (Dollars/head) | 36.25 [b] | 43.38 [a] | 39.82 | 1.82 | 0.036 |
| Net revenue (Dollars/head) | 14.55 [b] | 26.74 [a] | 20.65 | 2.09 | <0.001 |
| Economic efficiency (%) | 66.85 [b] | 159.88 [a] | 113.37 | 12.91 | <0.001 |

[a,b] Values within a row with different lowercase superscript letters differ significantly at $P < 0.05$.
[1] CON= diet containing alfalfa hay; CVG = diet containing common vetch hay.

The predicted $CH_4$ emissions are presented in Table 6. For VFA production and per unit of ADFI, the $CH_4$ values from lambs fed the CVG diet were similar to those from lambs fed the CON diet. Per unit of ADG, compared to the Control diet, lambs fed the CVG diet had a lesser predicted CH4 production ($P < 0.05$).

**Table 5. The predicted methane emission of growing Huang-huai lambs fed CON and CVG diets.**

| Item | Diet [1] | | | SEM | *P*-value |
|---|---|---|---|---|---|
| | CON | CVG | Mean | | |
| L/day [2] | | | | | |
| Minimum | 55.33 | 55.26 | 55.29 | 0.344 | 0.883 |
| Maximum | 88.61 | 88.54 | 88.58 | 0.416 | 0.884 |
| $L \cdot kg^{-1} \cdot ADG^{-1}$ | | | | | |
| Minimum | 322.30 [a] | 296.67 [b] | 309.48 | 11.98 | 0.026 |
| Maximum | 516.39 [a] | 475.59 [b] | 495.99 | 19.61 | 0.032 |

[a,b] Values within a row with different lowercase superscript letters differ significantly at $P < 0.05$.
[1] ADG = average daily gain; CON= diet containing alfalfa hay; CVG = diet containing common vetch hay; SEM = standard error of the mean
[2] = estimated according to Ramin and Huhtanen (2013)[30].

# 4. Discussion

Limited research is available on the effects of CV hay in combination with rice straw fed to feedlot lambs, therefore this study will assist the intensification of cultivated CV hay-based livestock systems to enhance forages sourced for animal production. The present study showed that CV hay affected the growth performance, ruminal VFA formation and bacteria, and economic efficiency of growing lambs.

## 4.1. Hay In Vitro Digestibility and Growth Performances

Forage quality is key in the evaluation of animal performance and the production potential of a forage crop (Huang et al., 2020)[7]. The greater IVDMD and IVNDFD of the CV hay compared to the alfalfa hay, suggest that CV hay allows greater nutrient utilization efficiency in lambs and may improve the growth performance of lambs. Similarly, Huang et al. (2021)[8] reported that replacing alfalfa hay (20% of the diet, as fed) with common vetch hay in the diet of fattening lambs resulted in greater apparent total tract digestibility of NDF.

Providing a sufficient diet for growing lambs is critical to ensure their production and health. The ADFI of lambs didn't differ between common vetch hay and alfalfa hay, indicating that common vetch hay was just as palatable as alfalfa hay. The common vetch hay supported high ADG in lambs, indicating that common vetch hay as a high-quality forage substitute for alfalfa hay promotes growth performance. The difference in daily body mass gain between the two treatment groups appeared to be caused by differences in the digestibility of nutrients since there was no difference in DMI. These results were consistent with Huang et al. (2021)[8], who reported that replacing alfalfa hay (20% of the diet, as fed ) with common vetch hay for fattening lambs resulted in greater body mass gain and similar DMI.

Overall, our findings indicate that the feeding value of CV hay prepared at the full-bloom stage is superior to that of alfalfa hay, based on the higher growth performance and the lower feed conversion ratio of lambs fed common vetch diets. This is a meaningful example of the cost-efficiency of the use of common vetch hay in feedlots.

## 4.2 **Ruminal Fermentation Characteristics**

The pH of the ruminal fluid from the lambs of both treatment groups was above the threshold pH values of subacute ruminal acidosis (pH > 5.6) (Ramos, Sonny C. et al., 2021)[31], indicating that using CV hay instead of alfalfa hay did not induce acidosis. The pH of the ruminal fluid from lambs fed CVG group was within the optimal pH ($6.0 < pH < 6.8$) range for fiber digestion (Karimizadeh Elham et al., 2017)[32]. Ruminal $NH_3$-N concentration of CVG group was lower than that of the CON group, suggesting that CV hay improved the utilization of ruminal $NH_3$-N, indicating a reduction in ruminal protein degradation. The reason for lower $NH_3$-N concentration in CVG group could be related to their condensed tannin (CT) concentration (alfalfa hay vs. CV hay = 1.37 vs 7.07 mg/g), since CT-mediated reductions in the ruminal protein degradation are usually associated with a decline in the concentration of ruminal ammonia (Peng Kai et al., 2016[33]). However, despite the negative effect of CV hay on rumen $NH_3$-N concentration compared to alfalfa hay, it did not negatively affect animal productive performance as indicated by the higher growth rate and lower FCR observed in CVG group, probably because CV hay contains higher CT and can shift protein digestion site from the rumen to the small intestine, resulting in improved protein utilization (Peng K et al., 2016)[33]

Regarding rumen fermentation characteristics, total VFA was numerically higher in lambs offered CVG diet than in those offered the CON diet, although the molar proportion of individual VFA changed. This variation could due to the lower aNDF content, rapid rumen fermentation and degradability of CV hay compared to alfalfa hay (Niyigena V et al., 2022[34]), as the rumen is the main site for fiber digestion (Peng K et al., 2016[33]). Our results agree with the findings of Huang et al. (2021)[8], in which replacing alfalfa hay with CV hay in the diet of fattening lambs did not affect the total VFA concentration. The significantly higher molar proportion of butyrate isovalerate and lower molar proportion of acetate and valerate in lambs fed CVG diet compared to those fed CON diet, which might be linked to decreased aNDF

degradability, lower $CH_4$ generation and high CT content in CV hay. A similar difference were observed in vitro (Battelli Marco et al., 2023)[35] and in vivo (Battelli M.et al., 2024[36]).

4.3 Ruminal Microbial Community Composition

As far as we know, this is the first study reporting the effects of CV hay on the rumen microbiota. The diversity and richness index are commonly used to evaluate the stability of an ecosystem (Wang, Shiqin et al., 2022[37]). Five samples from each group were used for analysis in the present study, which could a possible limitation. In the present study, the rumen samples from CON and CVG groups could be relatively grouped by beta diversity (Figure 4), indicating that microbial diversity across individuals was affected by the forage included in the TMR, in line with the previous studies that found that the rumen bacterial community was strongly associated with feed type (Trabi et al., 2019[38]). Furthermore, the diversity and richness of the rumen microbiota of lambs were similar between the two groups, which was in agreement with Liu M.J. et al. (2023)[15], in which replacing alfalfa hay with oat hay in the diet of lambs did no adverse effects on the alpha diversity of ruminal bacteria. Similarly, these findings could be commonly validated by previous researches in ruminants (Li, L., et al., 2022[39]; Wang, X. et al., 2022[40]).This result indicated that the substitution of CV hay for alfalfa hay resulted in similar establishment of rumen microflora.

Ruminal microbiological samples often play a crucial role in assessing the ruminal tract's health and digestive function (Ramírez-Restrepo, Carlos A. et al., 2016*[41]*; *Yin,* Xuejiao et al., 2023[42]; Guo, C.Y.[43]), thus influencing animal performance (Huang, S. et al., 2021[44]*)*. Regarding the rumen bacterial community, *Bacteroidetes* and *Firmicutes* were the most dominant phyla in the present study (> 81.42% relative abundance), which is consistent with previous research results in lambs (Zhou, Y.L. et al., 2022[45]; Yang, B., et al., 2018[46]; Zhang, Q. et al., 2019[47]). In the present study, *Bacteroidetes* tended to be higher (21.6%) and *Proteobacteria* (48.4%) tended to be lower in the CVG group than in the CON group. The higher abundance of *Bacteroidetes* observed in the CVG group may be associated with a higher abundance of pectin lyase and a higher degree of starch degradation (Tanca, A, et al., 2017[48]). The lower the abundance of *Proteobacteria* observed in the CVG group, in which many members were microaerophiles or facultative anaerobes, could be associated with trace levels of oxygen passing through rumen epithelial cells (Wu Qi-Chao et al., 2022[49]).

According to the results, microbes compete for available resources in the rumen, although without a direct relationship with their relative abundance. In agreement with a previous report*, Prevotella* was the predominant genus within *Bacteroidetes* in the rumen of sheep (Guo W. et al., 2022[50]; Zhang, Q. et al., 2018[51]), followed by *unidentified_Bacteroidales, unidentified_Clostridiales*, *unidentified_Bifidobacteriaceae* and *Succiniclasticum*, respectively. These results support previously findings that the phyla *Firmicute*s and *Bacteroidetes* are the core phyla of the rumen microbiome. Using CV hay instead of alfalfa hay tended to increase the relative abundance of *Prevotella*, which is associated with starch and plant cell polysaccharide degradation, resulting in the products of acetic acid, succinic acid, and propionic acid (Stevenson, D.M et al., 2007[52]). In contrast, using CV hay instead of alfalfa hay had a significant inhibiting effect on fiber hydrolysis bacteria, *Ruminococcus*, suggesting that replacing alfalfa hay with common vetch hay affected rumen microbiota composition, but not rumen metabolic function, since total rumen VFA content was similar. This can be attributed to rumen resilience and redundancy between microbial groups, i.e. the rumen microbiota was able to resist, adapt, and recover in response to different diets.

4.4 **Economic Efficiency and Methane Emission**

The pursuit of economic benefit is an important objective for all sheep enterprises and farmers (Huang et al., 2023)[53]. In sheep industry, reducing the feed cost and increasing the growth of lambs are approaches to improve producer's profit (Hassan Ola.G.A. et al., 2023[54]). The total revenue, net revenue and economic efficiency of lambs in the CVG group was higher compared to those in the CON group, despite similar sheep prices. Consequently, it suggests that replacement of alfalfa hay with the studied CV hay during the fattening period of lambs is expected to be beneficial economically. Further research is required to examine the potential effects of replacing alfalfa hay with common vetch hay on the quality and flavor attributes of sheep meat and the underlying mechanisms controlling these attributes.

In this study, $CH_4$ emission predicted by the model of Ramin and Huhtanen (2013) [30]showed that lambs fed CVG diet had the similar predicted CH4 emissions per unit of ADFI compared to the control diet. However, lambs fed CVG diet had the lower predicted $CH_4$ emissions per unit of ADG. This was a result of the high value for ADG in lambs fed the CVG diet, compared to that of lambs fed CON diet. Soltan et al. (2018)[55] stated that when comparing $CH_4$ emission expressed relative to ADI, it is preferable to determine emission per unit of animal production. Eckard, R.J. et al., 2010[56]noted that the principal interest of animal producers is the possibility of redirecting energy retained by reduction of $CH_4$ emission towards milk or body weight gain. Following this view, CVG diet outperformed the control diet due to the less predicted $CH_4$ emission per unit of body weight gain.

## 5. Conclusion

Common vetch hay had a greater nutritional value than alfalfa hay in terms of its greater in vitro digestibility, improving lamb FCR, reducing $CH_4$ emission per unit of ADG, and consequently animal performance and economic benefit, but it did not improve ruminal fermentation and microbiota. Further research is needed to determine the optimal

amount of common vetch hay in the formulated TMR to obtain the most benefit of its high nutritional value while minimizing the negative effect of CTs on nutrient digestion. Overall, common vetch hay has the potential to provide a novel option to lessen dependence in imported alfalfa hay.

## References


1. NBS (National Bureau of Statistics) of the People's Republic of China, National data: Agriculture. Available at https://data.stats.gov.cn/easyquery.htm?cn=C01. 2022.
2. Li, S., et al., Consumer preference, behaviour and perception about lamb meat in China. Meat Science, 2022. **192**: p. 108878.
3. Touno, E., et al., Evaluation of feeding value of forage soybean silage as a substitute for wheat bran in sheep. Animal Science Journal, 2014. **85**(1): p. 46-52.
4. Zhang, X., H. Wang, and X. Guo, Comparative analysis of rumen fermentation parameters and bacterial profiles during adaption to different fattening stages in beef cattle fed TMR with various forage silage. Animal Feed Science and Technology, 2021. **278**: p. 115006.
5. China, G.A.o.C.o.t.P.s.R.o., Analysis of China's forage and fodder imports in 2022: alfalfa hay imports increased by 36.2% (In Chinese). Available at https://www.163.com/dy/article/ HV547S6U051481OF.html. 2022.
6. Huang, Y.F., et al., Potential value of the common vetch (Vicia sativa L.) as an animal feedstuff: a review. Journal of animal physiology and animal nutrition, 2017. **101**(5): p. 807-823.
7. Huang Y.F., M.C., Li F, Nan Z.B. , Comparative Effects of Stovers of Four Varieties of Common Vetch on Growth Performance, Ruminal Fermentation, and Nutrient Digestibility of Growing Lambs. . Animals, 2020. **10(4):596.**
8. Huang, Y.F., et al., Common vetch varietal differences in hay nutritive value, ruminal fermentation, nutrient digestibility and performance of fattening lambs. animal, 2021. **15**(7): p. 100244.
9. Chen, W., et al., Physicochemical, structural and functional properties of protein isolates and major protein fractions from common vetch (Vicia sativa L.). International Journal of Biological Macromolecules, 2022. **216**: p. 487-497.
10. Zhao, M.Y.L., L.M.; Tang, J.; Li, S.; Wang, M.M.; Ren, C.H.; Cheng, X.; Zhang, Z.J.; Huang, Y.F. , Research progress on forage yield and nutritional quality of common vetch and its application in ruminant production. Pratacultural Science, 39(07):1494-1505. 2022.
11. Du, W.C.H., F.J.; Tsunekawa, A.; Kobayashi, N.; Ichinohe, T.; Peng, F. Effects of the diet inclusion of common vetch hay versus alfalfa hay on the body weight gain, nitrogen utilization efficiency, energy balance, and enteric methane emissions of crossbred Simmental cattle. Animals, 2019. **9**, 983. DOI: 10.3390/ani9110983.
12. Chen, X., Economic potential of biomass supply from crop residues in China. Applied Energy, 2016. **166**: p. 141-149.
13. Xu, Y.A., M.; Sun, Z.Y.; Zhou, Y.Q.; Xue, T.H.; Cheng, X.M.; Cheng, Y.F.; Hao, L.Z.; Zhu, W.Y.; Degen, A. , Ensiling of rice straw enhances the nutritive quality, improves average daily gain, reduces in vitro methane production and increases ruminal bacterial diversity in growing Hu lambs. Animal Feed Science and Technology, 2023. **295**: p. 115513.
14. Chen, X.M., Y.; Khan, M.Z.; Xiao, J.; Alugongo, G.M.; Li, S.; Wang, Y.; Cao, Z. A., Combination of lactic acid bacteria and molasses improves fermentation quality, chemical composition, physicochemical structure, in vitro degradability and rumen microbiota colonization of rice straw. Front. Vet. Sci., 2022. **9**: p. 900764.
15. Liu, M. and Y.W. Wang, Z.J.; Ge, G.T.; Jia, Y.S.; Du, S. Effects of replacing alfalfa hay with oat hay in fermented total mixed ration on growth performance and rumen microbiota in lambs. Fermentation, 2023. **9(1): 9**, DOI: 10.3390/fermentation9010009.
16. Gao, X., et al., Effect of replacing corn straw by sweet sorghum silage or whole plant corn silage in sheep diets on rumen fermentation and bacterial flora. animal, 2023. **17**(8): p. 100906.
17. Bujňáková, D., et al. Effects of dietary zinc and/or an herbal mixture on intestinal microbiota and barrier integrity in lambs. Agriculture, 2023. **13**, DOI: 10.3390/agriculture13091819.
18. Belanche, A., et al., Shifts in the rumen microbiota due to the type of carbohydrate and level of protein ingested by dairy cattle are associated with changes in rumen fermentation. The Journal of Nutrition, 2012. **142**(9): p. 1684-1692.
19. Lv, F.W., X.; Pang, X.; Liu, G. , Effects of supplementary feeding on the rumen morphology and bacterial diversity in lambs. . Peer.J. , 2020. **8, e9353.**
20. Zened, A.C., S.; Cauquil, L.; Mariette, J.; Klopp, C.; Bouchez, O.; Troegeler-Meynadier, A.; Enjalbert, F. , Microbial ecology of the rumen evaluated by 454 GS FLX pyrosequencing is affected by starch and oil supplementation of diets. FEMS Microbiol. Ecol., 2013. **83, 504–514**.
21. IPCC, Climate change 2007: Mitigation of climate change. Contribution of working group III to the fourth assessment report of the Intergovernmental Panel on Climate Change. Cambridge University Press, Cambridge, UK/New York. 2007.
22. Hassanat, F., Gervais, R., Benchaar. C. , Methane production, ruminal fermentation characteristics, nutrient digestibility, nitrogen excretion, and milk production of dairy cows fed conventional or brown midrib corn silage. J. Dairy Sci., 2016. **100, 2625–2636**.
23. Sciences, C.A.O.A.A., M.O. , Nutrient requirements of meat-type sheep and goat. China Agri: Beijing, China, pp. 1–30., 2022.
24. Zhao, M., et al., Stall-feeding of sheep on restricted grazing: effects on performance and serum metabolites, ruminal fermentation, and fecal microbiota. Animals, 2023. **13**(16): p. 2644.
25. Edgar, R.C., Uparse: Highly accurate otu sequences from microbial amplicon reads. Nat. Methods 2013, 10, 996–998. Nat. Methods, 2013. **10, 996-998.**
26. Quast, C., Pruesse, E., Yilmaz, P., Gerken, J., Schweer, T., Yarza, P., Peplies, J., Glöckner, F.O., The SILVA ribosomal RNA gene database project: improved data processing and web-based tools. . Nucleic Acids Res., 2013. **41, 590–596.**
27. Van Soest, P.J.R., J.B.; Lewis, B.A. , Methods for dietary fibre, neutral detergent fibre, and non-starch polysaccharides in relation to animal nutrition. . J. Dairy Sci. , 1991. **74, 3583–3597**.
28. Huang, Y., et al., Morphological fractions, chemical composition and in vitro digestibility of stover of four common vetch varieties grown on the Tibetan plateau. Journal of animal physiology and animal nutrition, 2019. **103**(6): p. 1646-1656.
29. Hassan, O.G.A., et al., Wheat germ meal replaces cottonseed meal at different levels in diets of Ossimi lambs: Impact on growth performance, feed utilization and economic efficiency. Journal of Animal Physiology and Animal Nutrition, 2024.

30. Ramin, M., Huhtanen. P. , Development of equations for predicting methane emissions from ruminants. J. Dairy Sci. , 2013. **96, 1–18.**
31. Ramos, S.C., et al. Diet transition from high-forage to high-concentrate alters rumen bacterial community composition, epithelial transcriptomes and ruminal fermentation parameters in dairy cows. . Animals, 2021. **11**, DOI: 10.3390/ani11030838.
32. Karimizadeh, E., M. Chaji, and T. Mohammadabadi, Effects of physical form of diet on nutrient digestibility, rumen fermentation, rumination, growth performance and protozoa population of finishing lambs. Animal Nutrition, 2017. **3**(2): p. 139-144.
33. Peng, K. and D.C.X. Shirley, Z.J.; Huang, Q.Q.; McAllister, T.A.; Chaves, A.V.; Acharya, S.; Liu, C.L.; Wang, S.X.; Wang, Y.X. , Effect of purple prairie clover (Dalea purpurea Vent.) hay and its condensed tannins on growth performance, wool growth, nutrient digestibility, blood metabolites and ruminal fermentation in lambs fed total mixed rations. Animal Feed Science and Technology, 2016. **222**: p. 100-110.
34. Niyigena, V., et al., Intake, digestibility rumen fermentation and nitrogen balance in lambs offered alfalfa and tall fescue-mixtures harvested and ensiled after a frost. Animal Feed Science and Technology, 2022. **286**: p. 115268.
35. Battelli, M.C., S.; Parma, P.; Galassi, G.; Crovetto, G.M.; Spanghero, M.; Pravettoni, D.; and S.A.M. Zanzani, M.T.; Rapetti, L., In vitro effects of different levels of quebracho and chestnut tannins on rumen methane production, fermentation parameters, and microbiota. Frontiers in Veterinary Science, 2023. **10**: p. 1178288.
36. Battelli, M., et al., Condensed tannins fed to dairy goats: effects on digestibility, milk production, blood parameters, methane emission, and energy and nitrogen balances. Journal of Dairy Science, 2024.
37. Wang, S. and J.M.Z. Chai, G.H.; Zhang, N.F.; Cui, K.; Bi, Y.L.; Ma, T.; Tu, Y.; Diao, Q.Y.; The temporal dynamics of rumen microbiota in early weaned lambs. Microorganisms, 2022. **10(1): 144**, DOI: 10.3390/microorganisms10010144.
38. Trabi, E.B., Seddik, H. E., Xie, F., Lin, L., Mao, S.Y., Comparison of the rumen bacterial community, rumen fermentation and growth performance of fattening lambs fed low-grain, pelleted or non-pelleted high grain total mixed ration. Animal Feed Science and Technology, 2019. **253**: p. 1-12.
39. Li, L.S., X.; Luo, J.; Chen, T.; Xi, Q.; Zhang, Y.; Sun, J. , Effects of herbal tea residue on growth performance, meat quality, muscle metabolome, and rumen microbiota characteristics in finishing steers. Front. Microbiol. , 2022. **12, 821293**.
40. Wang, X.H., X.; Zhang, Z.; Duan, Z. , Effect of Caragana korshinskii Kom. as a partial substitution for sheep forage on intake, digestibility, growth, carcass features, and the rumen bacterial community. . Trop. Anim. Heal. Prod., 2022. **54, 190.**
41. Ramírez-Restrepo, C.A. and C.O.N. Tan, C.J.; López-Villalobos, N.; Padmanabha, J.; Wang, J.k.; McSweeney, C.S. , Methane production, fermentation characteristics, and microbial profiles in the rumen of tropical cattle fed tea seed saponin supplementation. Animal Feed Science and Technology, 2016. **216**: p. 58-67.
42. Yin, X. and C.H.J. Duan, S.K.; Tian, P.Z.; Ju, S.S.; Yan, H.; Zhang, Y.J.; Liu, Y.Q. Average daily gain in lambs weaned at 60 days of age is correlated with rumen and rectum microbiota. Microorganisms, 2023. **11(2): 348**, DOI: 10.3390/microorganisms11020348.
43. Guo, C.Y.J., S.K.; Yan, H.; Wang, Y.J.; Liu, J.J.; Cao, Z.J.; Yang, H.J.; Zhang, W.J.; Li, S.L. , Dynamic change of the gastrointestinal bacterial ecology in cows from birth to adulthood. . Microbiology, 2020. **9, e1119.**
44. Huang, S.J., S.; Suen, G.; Wang, F.; Li, S. , The rumen bacterial community in dairy cows is correlated to production traits during freshening period. Front. Microbiol. , 2021. **12, 630605.**
45. Zhou, Y.L., et al., Effect of pelleted alfalfa or native grass total mixed ration on the rumen bacterial community and growth performance of lambs on the Mongolian Plateau. Small Ruminant Research, 2022. **207**: p. 106610.
46. Yang, B.L., J.; Wu, P.; Liu, J.; Guan, L.L.; Wang, J. , Alfalfa intervention alters rumen microbial community development in hu lambs during early life. . Front. Microbiol. , 2018. **9, 574.**
47. Zhang, Q.L., C.; Niu, X.; Zhang, Z.; Li, F.; Li, F. , The effects of milk replacer allowance and weaning age on the performance, nutrients digestibility, and ruminal microbiota communities of lambs. Anim. Feed. Sci. Technol. , 2019. **257, 114263.**
48. Tanca, A.F., C.; Manghina, V.; Palomba, A.; Abbondio, M.; Deligios, M.; Pagnozz, D.; Addis, M.F.; Uzzau, S. , Diversity and functions of the sheepfaecal microbiota: a multi-omic characterization. Microbial Biotechnology 2017. **10,541-554.**
49. Wu, Q.-C. and W.J.W. Li, W.K.; Wang, Y.L.; Zhang, F.; Lv, L.K.; Yang, H.J., Foxtail millet (Setaria italica L.) silage compared peanut vine hay (Arachis hypogaea L.) exhibits greater feed efficiency via enhancing nutrient digestion and promoting rumen fermentation more efficiently in feedlotting lambs. Small Ruminant Research, 2022. **215**: p. 106704.
50. Guo, W., et al., Effect of whole-plant corn silage treated with lignocellulose-degrading bacteria on growth performance, rumen fermentation, and rumen microflora in sheep. animal, 2022. **16**(7): p. 100576.
51. Zhang, Q.L., C.; Niu, X.; Zhang, Z.; Li, F.; Li, F. , An intensive milk replacer feeding program benefits immune response and intestinal microbiota of lambs during weaning. . BMC Vet. Res., 2018. **14, 366.**
52. Stevenson, D.M.W., P.J. , Dominance of prevotella and low abundance of classical ruminal bacterial species in the bovine rumen revealed by relative quantification real-time PCR. . Appl. Microbiol. Biotechnol. , 2007. **75, 165–174.**
53. Huang, Y., et al., Indoor feeding combined with restricted grazing time improves body health, slaughter performance, and meat quality in Huang-huai sheep. Animal Bioscience, 2023. **36**(11): p. 1655.
54. Hassan, O.G.A., et al., Influence of substituting soybean meal with moringa seed cake on feed intake, growth performance, digestibility, blood parameters and economics of fattening crossbred calves. Tropical Animal Health and Production, 2023. **55**(3): p. 213.
55. Soltan, Y.A.H., N.M.; Morsyb, A.S.; El-Azraka, K.M.; Nour El-Dina, A.; Sallama. S.M. , Comparative effects of Moringa oleifera root bark and monensin supplementations on ruminal fermentation, nutrient digestibility and growth performance of growing lambs. Anim. Feed Sci. Technol. , 2018. **235, 189–201.** .
56. Eckard, R.J., Grainger, C.; De Klein. C.A.M. , Options for the abatement of methane and nitrous oxide from ruminant production. Livest. Sci., 2010. **130, 47–56.** .

# 青藏高原植物生长调节剂对老芒麦落粒性影响研究

任春燕，刘文辉*，刘凯强，吴瑞，米文博

(青海大学畜牧兽医科学院，青海省青藏高原优良牧草种质资源利用重点实验室，青藏高原种质资源研究与利用实验室，青海 西宁 810016）

**摘要**：为探究青藏高原地区植物生长调节剂对老芒麦（*Elymus sibiricus L.*）落粒性的影响，明确影响老芒麦落粒的主要表型和生理性状，筛选适宜老芒麦种子生产的植物生长调剂。本研究以老芒麦审定品种‘青牧 1 号’为研究对象，在不同种类和浓度植物生长调节剂处理下研究老芒麦落粒机制，为青藏高原高寒地区老芒麦种子高效生产提供科学指导。结果表明：1）萘乙酸和多效唑处理下老芒麦落粒率具有显著影响，萘乙酸处理下落粒率显著低于 CK（$P<0.05$），分别较 CK 降低 24.01%、33.31%和 27.94%，多效唑处理下老芒麦落粒率显著较 CK 较低，分别降低 26.75%、23.33%和 32.44%。2）老芒麦在萘乙酸和多效唑处理下种子产量呈上升趋势。3）综合随机森林模型和主成分分析结果，单序籽粒数、小穗数、小穗长、单序籽粒重、千粒重、种子产量、纤维素酶、多聚半乳糖醛酸酶是调控老芒麦落粒的重要因子。通过多准则决策模型 TOPSIS 评价，80mg.L$^{-1}$ 的萘乙酸可以有效缓解种子落粒率，提高种子产量。

**关键词**：植物生长调节剂；老芒麦；落粒率；种子产量

# The effect of plant growth regulators on Seed Shattering of *Elymus sibiricus* in Qinghai-Tibetan plateau

REN Chun-yan, LIU Wen-hui*, LIU Kai-qiang, WU Rui, MI Wen-bo

Academy of Animal Science and Veterinary Medicine of Qinghai University, Key Laboratory of Superior Forage Germplasm in the Qinghai-Tibetan Plateau, Laboratory for Research and Utilization of Qinghai Tibet Plateau Germplasm Resources, Xining, 810016, China

Abstract: To investigate the effects of plant growth regulators on seed shattering of *Elymus sibiricus* in the Qinghai-Tibetan Plateau region, identification of major phenotypic and physiological traits affecting seed shattering and screening of plant growth regulator concentrations suitable for seed production in *Elymus sibiricus.* In this study, the *Elymus sibiricus* certified variety Qingmu No.1 was used as the research subject. Under the treatment of different types and concentrations of plant growth regulators, the mechanism of *Elymus sibiricus* grain drop was investigated to provide scientific guidance for the efficient production of *Elymus sibiricus* seeds in the alpine region of the Qinghai-Tibetan Plateau. The results showed that: 1) NAA and PP333 treatments had a significant effect on the seed shattering rate of *Elymus sibiricus*, which has a significantly lower ($P < 0.05$) in NAA treatment than in CK (24.01%, 33.31%, and 27.94%, respectively), and in PP333 treatment, which was significantly lower in *Elymus sibiricus* than in CK, with a decrease of 26.75%, 23.33%, and 32.44%, respectively. 2) Seed yield of *Elymus sibiricus* under NAA and PP33 treatments showed an upward trend.3) Combining the results of the random forest model and principal component analysis, SNi, Ns, SPL, Swi, TKW, Sy, CL, PG were the important factors regulating the seed shattering of *Elymus sibiricus*. Evaluated by topsis evaluation of multi-criteria decision making model, 80 mg.L-1 of NAA was effective in alleviating seed shattering and increasing seed yield.

Keywords: plant growth regulators ; *Elymus sibiricus* L. ;Shattering rate; Seed yield

青藏高原是我国主要的草地畜牧业生产基地和重要的生态屏障[1]，极端的气候和高海拔的地理环境造成了青藏高原生态环境的脆弱性，而且由于生长季短、牧草生长缓慢，给畜牧业生产造成了较大影响[2-3]。为了解决青藏高原高寒草地草畜供求季节不平衡的矛盾，建立高产、高效、优质的人工草地，是保护草地资源和促进草地畜牧业持续发展的关键措施之一[4]。老芒麦（*Elymus sibiricus L.*）是禾本科（*Gramineae*）披碱草属（*Elymus*）多样性较为丰富的牧草，其分布范围广泛[5]，在我国多数分布于西部、北部地区[6]。老芒麦叶片较柔软、叶量丰富、

**基金项目**：国家林草局应急科技揭榜挂帅项目“草种优良品种选育”；国家自然科学联合基金项目“披碱草属重要牧草适应高寒环境的分子生态学机制”(U20A2050)；青海省科技厅帅才科学家项目“草种创新及其在草地农业系统中的作用”（2023-NK-147）

**作者简介**：任春燕（1998-），女，甘肃静宁人，在读硕士。E-mail:cyren2021@163.com

*通信作者 Corresponding author. E-mail: qhliuwenhui@163.com

种子产量、粗蛋白含量较高并且具有良好的适口性，饲用价值高，为家畜所喜食[7-8]。老芒麦还具有根系发达、抗风沙等特点，能适应高海拔地区的生长环境，可以形成优势种群[9]，在生态修复和环境治理等方面也具有卓越的贡献[10]，是青藏高原草牧业发展和生态环境治理的主要栽培牧草。

落粒现象是植物在物种进化和适应环境过程中形成的一种重要生存策略，成熟的植物种子落粒有利于物种的繁衍和扩散[11]。老芒麦存在严重的落粒现象，有研究发现老芒麦开花期后 38 天落粒率高达 70%[12]，落粒性可导致老芒麦高达 80%的产量损失[13]。落粒性增加了老芒麦种子的生产成本、收获难度，也降低了种子质量[14]。落粒已成为制约老芒麦高产优质的重要因素之一，解决落粒问题成为老芒麦育种工作的重点。

植物生长调节剂作为代谢调控物质对植株内部的生物活性物质的调控转运上起着重要的作用[15]，其主要通过影响植物内源激素信号传导的机制对植物生长起到调控作用从而调控作物的生长发育过程[16]。多效唑是一种生长延缓剂，具有降低植株高度的功能。多效唑可使吲哚乙酸氧化酶活性提高，使细胞排列更紧密[17-19]。萘乙酸与植物本身的生长素吲哚乙酸具有类似的生理功能和作用特点，可降低植物的落花、落果率[20]，加速新陈代谢，增强光合作用，提高酶活性[21]。研究发现，对高羊茅、多年生黑麦草、苦荞等植物施用多效唑可明显增加种子败育率，减少落粒率[22-23]。萘乙酸在甜瓜、桃子、芝麻等经济作物的种植中有大量应用，而在牧草中的研究报道相对较少。因此，本研究以青藏高原审定推广的品种‘青牧 1 号’为研究对象，施用不同浓度的多效唑和萘乙酸，对其进行落粒性评价，筛选适宜老芒麦种子生产的植物生长调节剂浓度。同时开展植物生长调节剂对老芒麦落粒性的调控效应研究，明确导致老芒麦落粒的重要性状，为老芒麦种子高效增产提供理论依据，解决青藏高原优质牧草种质匮乏的问题。

关键词：植物生长调节剂；老芒麦；落粒率；种子产量

# 1. 材料与方法

## 1.1 试验地点和材料

试验于 2022 年 7 月 20 日至 2022 年 10 月初于青海省海北藏族自治州海晏县西海镇国家牧草种质资源圃（36°59′ N，100°53′ E，海拔 3 156 m）进行，该地区属于高原型大陆性气候，气候寒冷，持续时间长，光照充足，辐射强。全年无霜期 30 d，年均温 8.9℃，年平均降水量为 375 mm，且多集中在 7，8，9 三月，年平均日照时数为2 762.0 h，蒸发量年平均1 762.8 mm。试验地土壤类型为栗钙土。试验材料为青牧 1 号老芒麦，生育期为150-160d。试验点表层土壤(0-20 cm 深度)的化学特性见表 1。

**表 1 土壤化学特性**

**Table 1 Soil chemical properties**

| 全氮 Total nitrogen(%) | 碱解氮 Alkali hydrolyzed nitrogen(mg.kg$^{-1}$) | 有机质 Organic matter(g/kg) | 有效磷 Available phosphorus(mg.kg$^{-1}$) | 有效钾 Available potassium(mg.kg$^{-1}$) | PH |
|---|---|---|---|---|---|
| 0.16 | 83.00 | 34.28 | 25.00 | 218.00 | 8.43 |

## 1.2 实验设计

本试验选择两种类型的植物生长调节剂，分别设置三个梯度，于始花期在无风且阴天的下午，对老芒麦进行穗部喷施，水为对照。采用随机完全区组设计，共 3 个重复，每个小区按 1000L/hm$^2$ 的用液量喷施。植物生长调节剂及浓度设置见表 2。试验材料于 2021 年播种，采用人工条播，小区面积为 15 m$^2$，行间距为 0.3 m，各小区种植 10 行，播深 3~4 cm。小区间距 1m，四周设置 1m 的保护行，以磷酸二铵做底肥，用量 75 kg·hm$^{-2}$ 。试验期不灌溉、不施肥并且不放牧，播种年出苗后除草一次，第二年返青后除草一次。

**表 2　PGRs 种类和梯度设置**

**Table 2 Types of PGRs and gradient settings**

| 植物生长调节剂 PGRS | 处理编号 Treatment | 浓度（mg.L$^{-1}$） concentration |
|---|---|---|
| 萘乙酸 NAA | N1 | 20 |
| | N2 | 60 |
| | N3 | 80 |
| 多效唑 PP333 | P1 | 100 |
| | P2 | 200 |
| | P3 | 300 |
| CK | CK | Water |

## 1.3 测定项目

### 1.3.1 老芒麦落粒率和种子产量的测定

于老芒麦开花期，每个小区随机标记 10 株长势一致的老芒麦单株，并且记录每个花序的籽粒数，在老芒麦成熟期再次统计每花序剩余籽粒数，然后根据以下公式进行落粒率（SR）计算。

自然落粒率（shattering rate, SR）=（花序总籽粒数—花序剩余籽粒数）/花序总籽粒数×100%。

为避免边界效应，种子产量测定时去除四周边行收获剩余老芒麦种子，收获种子后放置于太阳下暴晒，在种子含水量约为 10%时测定种子产量，最后换算成 $kg \cdot hm^{-2}$。

### 1.3.2 老芒麦表型性状的测定

于老芒麦开花期和成熟期进行穗部性状测定，单序籽粒数（Seed number per inflorescence，SNi）、小穗数（Number of inflorescence，Ns）、花序长（Length of inflorescence，Li）、花序宽（Width of inflorescence，Wi）、小穗长（Spikelet length，SPL）、小穗宽（Spikelet width，SPW）于开花期测定，种子长（Seed length，SL）、种子宽（Seed length，SL）、外稃长（Lemma length，LL）、外稃宽（Lemma width，LW）、芒长（Awn length，AL）、单序籽粒重（Seed weight per inflorescence，SWi）、千粒重（Thousand kernels weight，TKW）、穗轴节数（Fringe number，FN）于完熟期测定。单序籽粒数是每个花序上的所有籽粒数，小穗数为一个花序上所有小穗的总和，花序长与花序宽分别用游标卡尺测量其绝对长度，小穗长、小穗宽、种子长、种子宽、外稃长、外稃宽、芒长选取花序中部位置测量其绝对长度；单序籽粒重为测量每个花序上的所有籽粒数的重量，千粒重为选取 1000 粒成熟牧草种子进行称重，穗轴节数为每个花序穗轴节的数目。

### 2.3.3 离区纤维素酶和多聚半乳糖醛酸酶测定

分别于开花期、乳熟期、蜡熟期、成熟期采集芒麦离区部位，每小区分别采集 3 个重复，进行纤维素酶和多聚半乳糖醛酸酶的测定。参照张俊超[24]和吴瑞[25]的方法，在低温环境下分别采集花序中间 1/3 区域的老芒麦离区结构，转移至超低温冰箱进行保存。测定酶活性时取出样品称取 0.1 g 加入缓冲液后冰浴匀浆，经离心后取上清液测定。采用苏州科铭生物技术有限公司生产的多聚半乳糖醛酸酶活性测定试剂盒和纤维素酶活性测定试剂盒进行反应，最后使用酶标仪在 540 nm 和 620 nm 下测定吸光值。

### 1.4. 数据分析

利用 SPSS version25 分析不同处理下老芒麦穗部性状、种子性状、产量形状、离区酶含量变化差异和多重比较分析（$P<0.05$）；通过随机森林模型和主成分分析，确定影响老芒麦落粒率的重要因子；使用 R-Studio 和 Origin 软件对数据进行可视化处理。

## 2. 结果与分析

### 2.1 不同植物生长调节剂对老芒麦落粒率的影响

萘乙酸和多效唑处理下老芒麦落粒率具有显著影响，不同植物生长调节剂对老芒麦落粒性不具有显著影响（$P>0.05$）（图 1）。萘乙酸处理下落粒率显著低于 CK（$P<0.05$），分别较 CK 降低 24.01%、33.31%和 27.94%，N2 处理下老芒麦落粒率达到最低，为 32.71%。多效唑处理下 P3 浓度处理下老芒麦落粒率达到最低为 32.71%，P1、P2 和 P3 处理对老芒麦落粒率均影响显著（$P<0.05$），老芒麦落粒率显著较 CK 较低，分别降低 26.75%、23.33%和 32.44%。

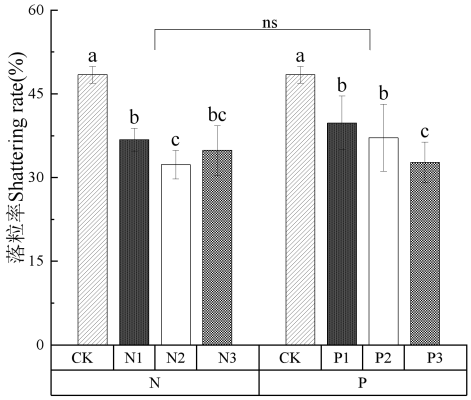



图 1 不同生长调节剂对老芒麦落粒率的影响

Fig. 1 Effect of different PGRs on shattering rate of *Elymus sibiricus*

注：不同小写字母表示相同植物生长调节剂处理间差异显著;ns 表示不同植物生长调节剂处理间差异不显著，*或**表示不同植物生长调节剂处理间差异显著或极显著。下同。

Note: Different lowercase letters indicate significant differences between treatments of the same plant growth regulators; ns indicates non-significant differences between treatments of different plant growth regulators, and * or ** indicates significant or highly significant differences between treatments of different plant growth regulators. Same as below.

## 2.2 不同 PGRs 对老芒麦种子产量的影响

老芒麦在萘乙酸和多效唑处理下种子产量呈上升趋势，不同植物生长调节剂对老芒麦种子产量不具有显著影响（$P>0.05$）（图 2）。萘乙酸处理下老芒麦种子产量在 N3 水平下显著高于 CK（$P<0.05$），较 CK 显著高 17.85%，N3、N2 水平下种子产量无显著差异。多效唑处理下老芒麦种子产量在 P3 水平下显著提高 20.68%（$P<0.05$），P3 与其他处理均具有显著差异。

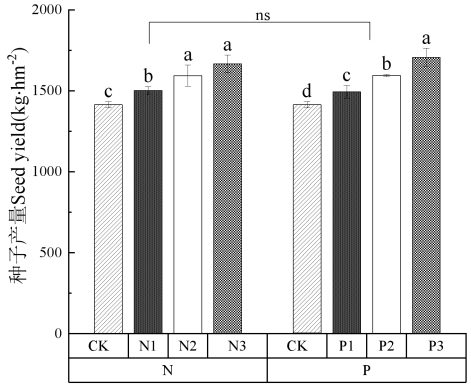



图 2 不同植物生长调节剂对老芒麦种子产量的影响

Fig. 2 Effect of different PGRs on seed yield of *Elymus sibiricus*

## 2.3 不同植物生长调节剂对老芒麦农艺性状的影响

### 2.3.1 不同植物生长调节剂对老芒麦种子表型性状的影响

由图 3 可见，芒长在植物生长调节剂处理下呈下降趋势，且不同植物生长调节剂处理下芒长差异极显著（$P<0.01$）。芒长在萘乙酸处理下显著低于 CK，多效唑处理下芒长在 P3 水平下低于 CK，P1、P2 与 CK 不存在显著差异。其他种子性状在不同植物生长调节剂处理下无显著差异，种子长在不同处理下与 CK 不存在显著差异（$P>0.05$）。萘乙酸处理下种子宽在 N2 处理下显著高于其他处理，多效唑处理下种子宽未见明显差异。萘乙酸处理下，外稃长和外稃宽在 N1 水平下显著低于其他处理（$P<0.05$）；多效唑处理下外稃长和外稃宽无显著差异（$P>0.05$）。

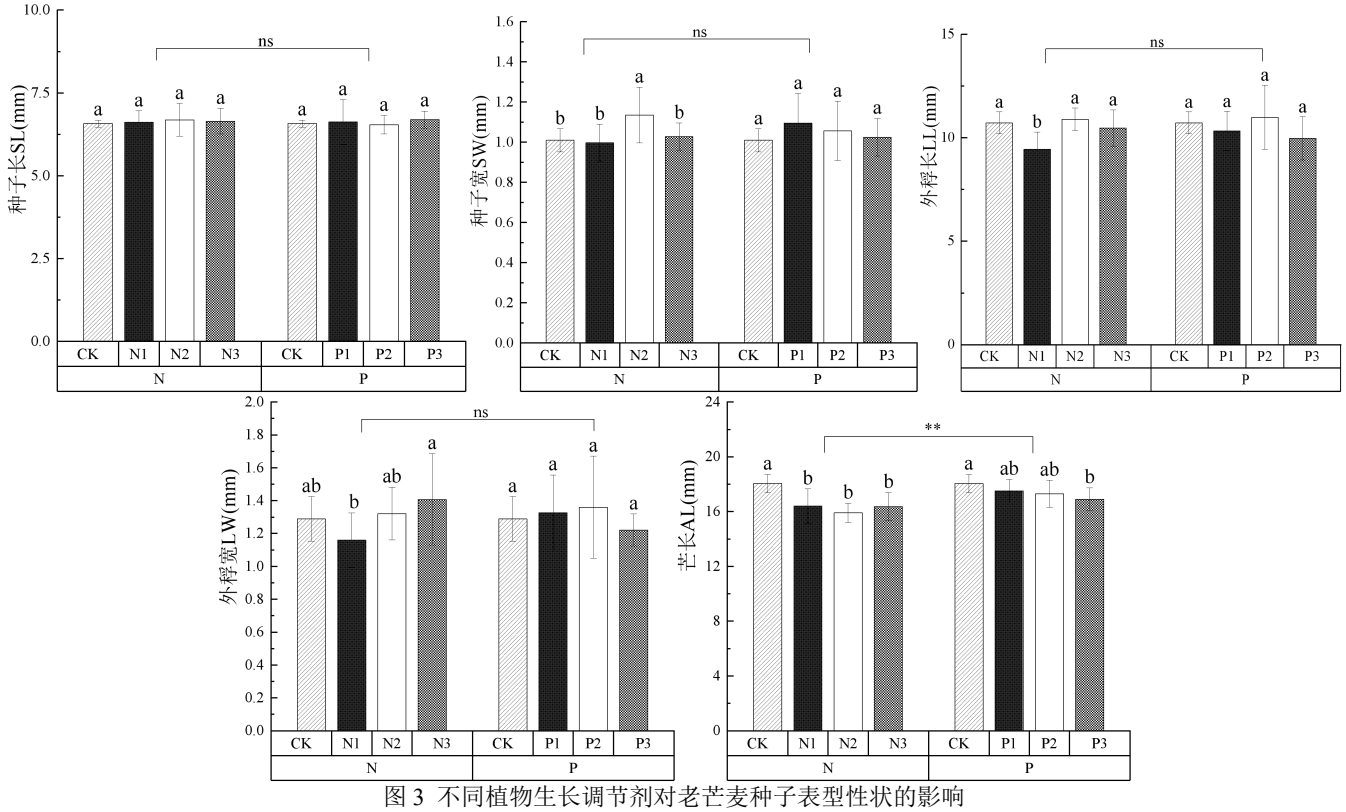



图 3 不同植物生长调节剂对老芒麦种子表型性状的影响

Fig. 3 Effect of different PGRs on phenotypic traits of *Elymus sibiricus* seeds

### 2.3.2 不同植物生长调节剂对老芒麦穗部表型性状的影响

不同植物生长调节剂处理下单序籽粒数、花序长和小穗长具有显著（$P>0.05$）或极显著差异（$P>0.01$），花序宽、小穗宽和穗轴节数未见显著差异（图 4）。单序籽粒数随着植物生长调节剂浓度增高呈上升趋势，均显著高于 CK。花序长在 N3 和 P3 处理下显著高于其他处理（$P>0.05$）；花序宽在萘乙酸处理下在 N1 水平达到最低，其他水平未见显著差异；多效唑处理下花序宽在 P3 水平下显著高于 P1 和 P2，与 CK 不具有显著差异。小穗长随着植物生长调节剂浓度的增加而减小，不同梯度萘乙酸处理下小穗长呈显著变化，多效唑处理下，P1 和 CK 显著低于其他处理（$P>0.05$）。小穗宽在萘乙酸处理下呈先上升后下降的趋势，在多效唑处理下呈上升趋势且显著高于 CK。穗轴节数在萘乙酸处理下无显著差异，多效唑处理下在 P2 水平下显著高于 P1 和 CK。

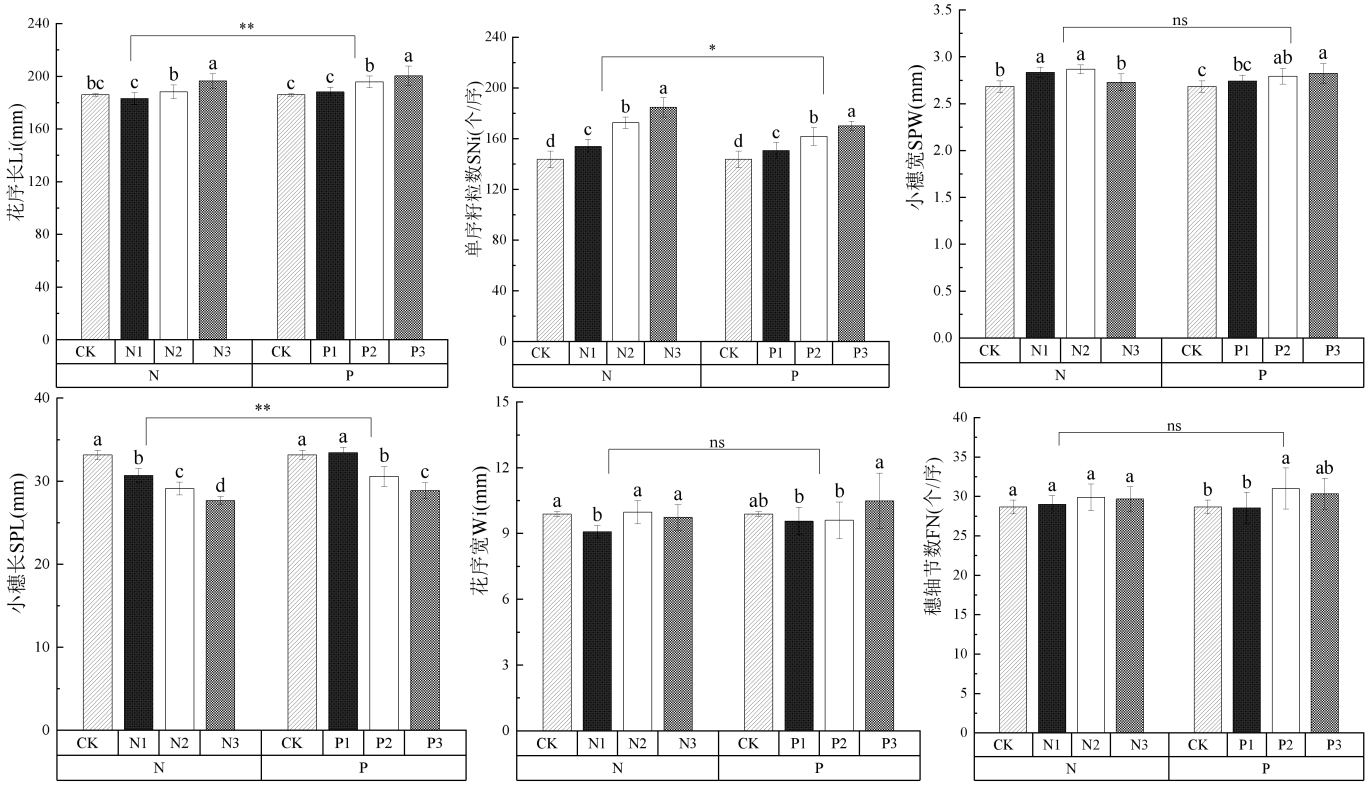
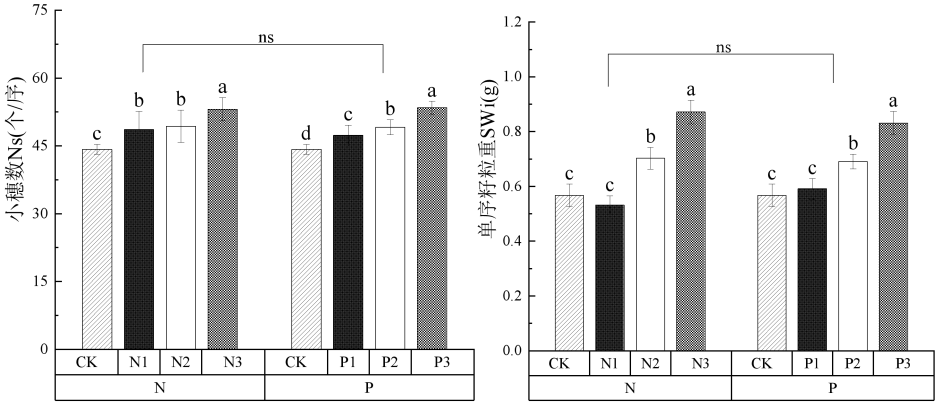



图 4 不同植物生长调节剂对老芒麦穗部性状的影响

Fig. 4 Effect of different PGRs on spike spike traits of *Elymus sibiricus*

### 2.3.3 不同植物生长调节剂对老芒麦产量性状的影响

由图 5 可知，不同植物生长调节剂处理下老芒麦产量性状无显著差异（$P>0.05$）。萘乙酸和多效唑处理下小穗数均显著增加，在萘乙酸处理下显著高于 CK，分别较 CK 高 10.6%、11.56%和 20.10%；小穗数在多效唑下显著高于 CK，分别较 CK 高 7.04%、11.06%和 20.85%。不同浓度萘乙酸和多效唑处理下单序籽粒重和千粒重逐渐增高，在 N3、P3 水平下达到最高，分别达到 0.87、0.83 和 5.50、4.45g。单序籽粒重在多效唑处理下下较 CK 显著提高 4.16%、21.80%和 46.48%，P1 水平与 CK 无显著差，N1 水平下老芒麦千粒重与 CK 显著低于其他处理。



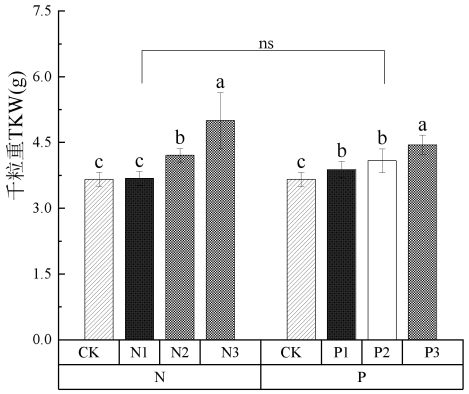



图 5 不同植物生长调节剂对老芒麦产量性状的影响

Fig. 5 Effect of different PGRs on yield traits of *Elymus sibiricusX*

## 2.5 不同植物生长调节剂对老芒麦离区生理性状影响

### 2.5.1 纤维素酶

随着生育时期的推移，老芒麦离区纤维素酶含量均呈逐渐上升的趋势，喷施植物生长调节剂提高了老芒麦离区纤维素酶（表 5）。完熟期老芒麦添加不同植物生长调节剂离区多纤维素酶含量具有极显著影响（$P<0.01$），其他时期未见明显差异。萘乙酸处理对不同生育时期纤维素酶含量影响极显著（$P<0.05$），成熟期均显著高于其他时期，分别较 CK 提高了 152.91%、87.85%、24.26%和 53.23%。蜡熟期 N3 水平下纤维素酶含量与 N1、N2 无显著差异，而显著高于 CK，其他生育时期纤维素酶变化趋势为 CK＜N1＜N2＜N3。多效唑处理 P1 水平下，蜡熟期和成熟期纤维素酶含量不存在显著差异，显著高于其他时期（$P<0.05$）；其他处理下纤维素酶不同时期差异显著。当老芒麦处于开花期和成熟期，随着多效唑浓度升高，纤维素酶含量也逐渐升高，P1、CK 间未见显著差异，显著的低于其他水平。蜡熟期纤维素酶含量在 P2 水平下达到最高，其次为 P1，分别较 CK 提高了 61.62%和 42.65%。P1 水平下老芒麦离区纤维素酶含量在成熟期与 CK 无显著差异，但与 P2、P3 存在显著差异。

表 3 不同植物生长调节剂添加对老芒麦离区纤维素酶含量的影响

Table 3 Effect of different PGRs additions on cellulase content in the abscission zone of *Elymus sibiricus L.*

| 处理<br>Treatment | 开花期<br>Flowering stage | 乳熟期<br>Flowering stage | 蜡熟期<br>Dough stage | 完熟期<br>Ripe stage |
|---|---|---|---|---|
| CK | 204.73±15.98Dd | 204.73±15.99Dd | 587.34±34.57Bc | 955.09±41.39Ac |
| N1 | 357.03±42.65Dc | 357.03±42.66Dc | 693.21±10.08Bb | 782.89±31.46Ad |
| N2 | 435.57±24.86Db | 435.57±24.87Db | 766.71±33.88Ba | 1269.51±20.02Ab |
| N3 | 517.03±9.23Da | 517.03±9.24Da | 729.83±14.98Bab | 1463.47±45.48Aa |
| *F* | 76.493** | 118.623** | 26.891** | 217.417** |
| CK | 204.73±15.98Dc | 204.73±15.99Dc | 587.34±34.57Bd | 955.09±41.39Ac |
| P1 | 206.85±15.40Cc | 206.85±15.41Cc | 837.82±33.05Ab | 911.58±81.45Ac |
| P2 | 336.87±14.15Db | 336.87±14.16Db | 949.26±19.57Ba | 1394.75±169.4Ab |
| P3 | 419.65±21.20Da | 419.65±21.21Da | 773.61±25.58Bc | 1701.21±139.29Aa |
| *F* | 116.196** | 142.462** | 82.955** | 30.166** |
| *F* | 0.228ns | 0.209ns | 0.880ns | 4.852** |

注：不同小写字母表示相同植物生长调节剂不同梯度处理间差异显著;不同大写字母表示同一植物生长调节剂处理下不同时期下差异显著。下同。

Note: Different lowercase letters indicate significant differences among different gradient treatments of the same plant growth regulators; different uppercase letters indicate significant differences among different periods under the same plant growth regulators treatment. The same as below.

### 2.5.2 多聚半乳糖醛酸酶

添加不同植物生长调节剂对老芒麦离区多聚半乳糖醛酸酶含量具有明显的提升，随着老芒麦生育时期的变化，离区多聚半乳糖醛酸酶发生动态的变化，变化趋势与纤维素酶一致，酶含量均随着生育期推进而增长（表 4）。完熟期老芒麦添加不同植物生长调节剂离区多聚半乳糖醛酸酶含量具有极显著影响（$P<0.01$），其他时期未见明显差异。萘乙酸处理下，除了 N1 水平下开花期、乳熟期和蜡熟期无显著性差异，其他水平下多聚半乳糖醛酸酶含量均差异显著（$P<0.05$）。N1、N2 水平下老芒麦离区多聚半乳糖醛酸酶含量在成熟期没有显著差异且显著高于 CK，分别较 CK 高 21.77%和 37.09%；开花期老芒麦离区多聚半乳糖醛酸酶含量在 N1 和 CK 水平下无明显差异。CK 和 P2 浓度多效唑添加对老芒麦离区多聚半乳糖醛酸酶含量有显著的影响（$P<0.05$），P1 水平下成熟期离区多聚半乳糖醛酸酶含量显著高于其他时期，分别较其他时期高 556.67%、422.65%和 431.33%，而其他各时

期无明显差异。与此相同的是 P3 水平下开花期和乳熟期离区多聚半乳糖醛酸酶含量显著低于其他时期。开花期和成熟期，随着多效唑浓度升高老芒麦离区多聚半乳糖醛酸酶含量呈逐渐增加的趋势；老芒麦处于乳熟期时，P2 水平下多聚半乳糖醛酸酶含量显著高于其他水平，分别较其他高 78.55%、56.33%和 20.16%；P2 和 P3 水平在老芒麦蜡熟期离区多聚半乳糖醛酸酶含量显著高于 P1 和 CK。

表 4 不同植物生长调节剂添加对老芒麦离区多聚半乳糖醛酸酶含量的影响

Table 4 Effect of different PGRs additions on polygalacturonase activity in the abscission zone of *Elymus sibiricus*

| 处理 Treatment | 开花期 Flowering stage | 乳熟期 Milking stage | 蜡熟期 Dough stage | 完熟期 Ripe stage |
|---|---|---|---|---|
| CK | 5.13±0.71Dc | 5.58±0.39Cd | 13.77±1.02Bc | 21.54±1.44Ac |
| N1 | 5.55±0.44Cc | 8.77±0.58Cc | 19.89±1.54Bab | 26.23±2.55Ab |
| N2 | 7.15±0.25Db | 11.69±0.68Cb | 16.06±3.86Bbc | 29.53±1.92Ab |
| N3 | 9.06±0.53Da | 16.38±0.13Ca | 22.1±1.05Ba | 52.22±1.54Aa |
| *F* | 36.716** | 254.516** | 8.642** | 152.470** |
| CK | 5.13±0.71Dc | 8.58±0.39Cc | 13.77±1.02Bb | 21.54±1.44Ad |
| P1 | 7.80±0.16Bb | 9.80±0.41Bc | 9.64±0.86Bc | 51.22±3.99Aa |
| P2 | 8.59±0.6Db | 15.32±1Ca | 18.18±1.59Ba | 45.64±1.97Ab |
| P3 | 10.68±0.34Ca | 12.75±1.15Cb | 19.84±0.63Ba | 37.15±1.94Ac |
| *F* | 63.280** | 41.547** | 53.753** | 78.301** |
| *F* | 2.135ns | 1.469ns | 0.293ns | 0.067** |

## 2.6 落粒调控效应研究和植物生长调节剂筛选

### 2.6.1 随机森林重要因子筛选和主成分分析

不同植物生长调节剂处理下对老芒麦落粒率和农艺性状、离区酶活性变化重要因子筛选结果如图 6 所示。萘乙酸处理下种子产量、多聚半乳糖醛酸酶、小穗长、单序籽粒数、千粒重和纤维素酶对落粒率重要性呈显著（$P$＜0.015）或极显著（$P$＜0.01）。不同浓度萘乙酸处理下，单序籽粒重、小穗数、小穗宽、种子产量、花序长、种子长、单序籽粒重、千粒重、纤维素酶是导致老芒麦落粒的重要因子，其中小穗数、千粒重、多聚半乳糖醛酸酶、种子产量、单序籽粒呈极显著相关（$P$＜0.01），小穗宽、花序长、种子长和纤维素酶和落粒率存在显著相关关系（$P$＜0.05）。

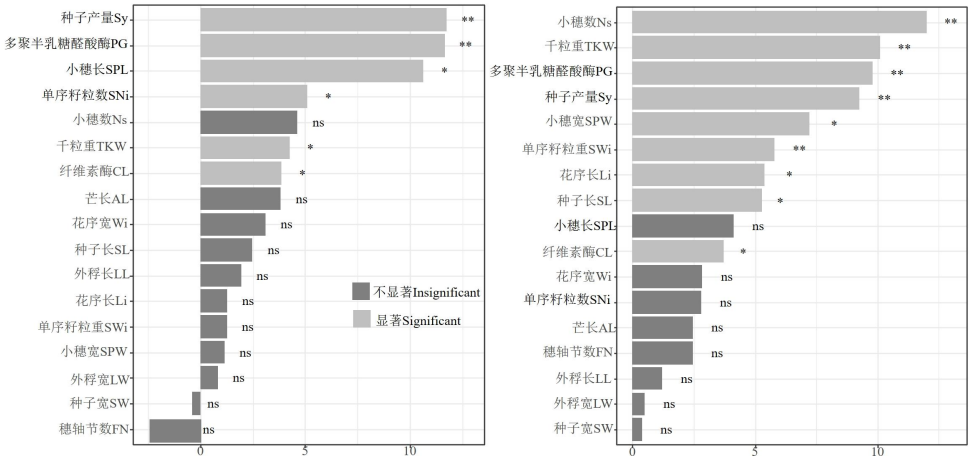



图 6 不同植物生长调节剂处理下老芒麦落粒率和农艺性状、离区酶活性变化随机森林模型

Fig. 4 Random forest model of changes in grain yield and agronomic traits, and enzyme activities of the abscission zone in *Elymus sibiricus* under different PGRs treatments

根据随机森林模型老芒麦落粒重要因子挑选（图 6），将不同植物生长调节剂处理下老芒麦落粒率相关的重要因子进行 PCA 分析，其结果在图 7 中清晰地显示出来。从添加萘乙酸对老芒麦落粒性影响的主成分分析结果来看（图 7-b）,前两个主成分累积贡献率达到 90.00%，表明其可以代表老芒麦落粒相关性状大部分的信息，其中小穗长、单序籽粒数、种子产量、多聚半乳糖醛酸酶具有较高的特征根。第一主成分中，小穗长和落粒率载荷值为负值且在 CK 水平下达到最高，其他性状均在 N3 水平下趋向最高。不同浓度多效唑处理对老芒麦落粒相关性状主成分分析结果表明，前两个主成分累计贡献率达到 72.00%，种子产量、纤维素酶、单序籽粒重、小穗数特征根较高，与其随机森林模型分析结果一致（图 7-b）。

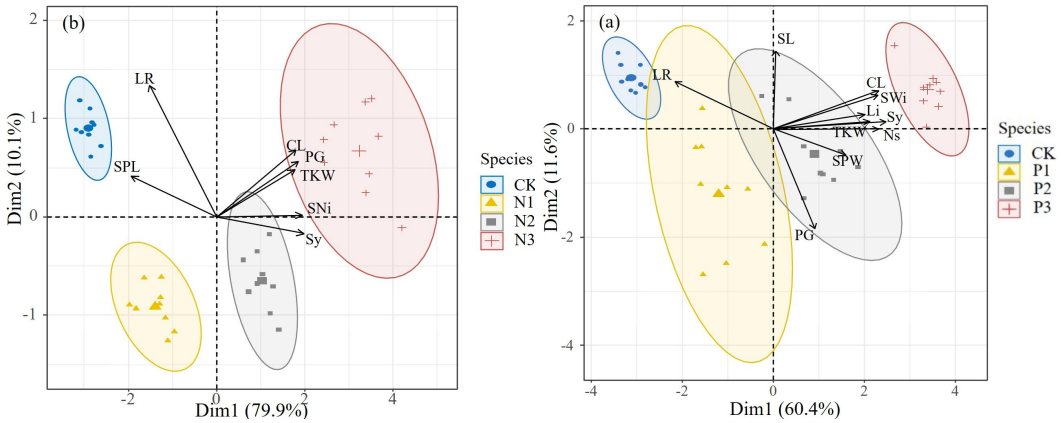



图 7 不同植物生长调节剂处理下老芒麦落粒相关性状主成分分析

Fig. 5 Principal component analysis of changes in shattering rate related traits in *Elymus sibiricus* under different PGRs treatments

### 2.6.2 通径分析

根据老芒麦落粒相关性状主成分分析结果（图 7），筛选出单序籽粒数、小穗数、小穗长等 8 个性状进入通径分析（表 5）。在这 8 个性状中，小穗长对种子落粒性的影响为正效应，其他性状对落粒性的影响均为负效应。种子产量对落粒率直接作用最大，达到-1.150；单序籽粒数、多聚半乳糖醛酸酶对落粒性直接效应较小，分别为 0.02 和 0.040。种子产量通过影响单序籽粒重进而影响落粒率的间接效应较大，达到-1.006，种子产量也通过间接影响单序籽粒数和纤维素酶进而影响种子落粒率的间接效应较高（-0.906 和-1.005）。种子产量、单序籽粒数具有较高的影响种子落粒率积累的负效应(-1.354 和-1.103)，小穗长具有较高的影响种子落粒率积累的负效应(1.213)。

表 5 老芒麦落粒相关性状通径分析

Table 5 Path analysis of traits associated with *Elymus sibiricus* shattering rate

| 因子 Factor | 相关系数 Correlation coefficient | 直接作用 Direct action | 间接作用 Indirect action | | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| | | | 单序籽粒数 SNi | 小穗数 Ns | 小穗长 SPL | 单序籽粒重 SWi | 千粒重 TKW | 种子产量 Sy | 多聚半乳糖醛酸酶 PG | 纤维素酶 CL | 总和 Total |
| 单序籽粒数 SNi | -0.551 | 0.022 | | 0.041 | -0.125 | 0.388 | -0.204 | -0.906 | 0.016 | 0.215 | -1.103 |
| 小穗数 Ns | -0.543 | 0.063 | 0.014 | | -0.103 | 0.321 | -0.152 | -0.889 | 0.015 | 0.189 | -1.009 |
| 小穗长 SPL | 0.606 | 0.154 | -0.018 | 0.042 | | -0.356 | 0.184 | 0.910 | -0.008 | -0.218 | 1.213 |
| 单序籽粒重 SWi | -0.491 | 0.488 | 0.018 | 0.041 | -0.112 | | -0.219 | -1.006 | 0.019 | 0.280 | -0.984 |
| 千粒重 TKW | -0.51 | -0.279 | 0.016 | 0.034 | -0.102 | 0.384 | | -0.793 | 0.019 | 0.211 | -1.020 |
| 种子产量 Sy | -0.677 | -1.150 | 0.017 | 0.049 | -0.122 | 0.427 | -0.193 | | 0.018 | 0.276 | -1.354 |
| 多聚半乳糖醛酸酶 PG | -0.269 | 0.040 | 0.009 | 0.023 | -0.029 | 0.228 | -0.136 | -0.519 | | 0.115 | -0.538 |
| 纤维素酶 CL | -0.481 | 0.316 | 0.015 | 0.038 | -0.106 | 0.432 | -0.186 | -1.005 | 0.015 | | -0.963 |

### 2.6.3 植物生长调节剂筛选

TOPSIS 综合评价模型分析表明（图 8），不同植物生长调节剂水平贴合度大小顺序为：N3＞P3＞P2＞P1＞N2＞N1＞CK。N3 贴合度最高，达到 0.76；CK 贴合度最低，为 0.13。因此，对老芒麦进行喷施 80mg.L$^{-1}$ 的萘乙酸可以有效缓解种子落粒率，提高种子产量。

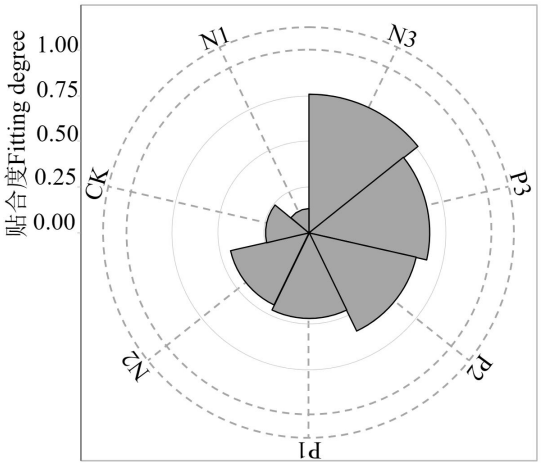


图 8 植物生长调节剂筛选多准则决策模型 TOPSIS 评价

Fig. 8 Topsis evaluation of multi-criteria decision making model for plant growth regulator selection

# 3 讨论

## 3.1 植物生长调节剂对老芒麦产量的影响

植物生长调节剂通过调控赤霉素对作物农艺性状及产量产生影响[26]，赤霉素通过调节细胞分裂和伸长从而促进植株生长[27]。多效唑和萘乙酸通过调节老芒麦内源激素，使赤霉素水平逐步降低，诱导植株表型改变[28]。目前，植物生长调节剂广泛应用于小麦、水稻、玉米等农作物，牧草中较多应用于黑麦草、高羊茅和剪股颖等多年生牧草[29-33]。有研究表明,多效唑增加了小麦小穗数、穗粒数及千粒重，有良好增产效果[34]。与本研究结果一致，老芒麦单序籽粒重和种子产量随着多效唑浓度增加而逐渐增高。Kalita 等[35]研究发现，萘乙酸和磷配施显著提高了亚麻的种子产量；魏小星等[36]发现萘乙酸通过增加了紫花苜蓿平均种子单粒质量而实现增产；本研究中萘乙酸显著提高了老芒麦单序籽粒重、千粒重，随着萘乙酸浓度的增加老芒麦种子产量显著提高。

## 3.2 植物生长调节剂对老芒麦落粒及表型性状的影响

多效唑和萘乙酸对植物具有延缓果实脱落的作用，李浩天等[37]研究发现于初花期喷施 250 mg.L$^{-1}$ 多效唑可有效降低紫花苜蓿花荚脱落，郭忠贤等[22]研究发现萘乙酸能明显减轻苦荞的落粒性，兰海波[38]的研究也表明萘乙酸可以抑制离层的形成，减缓植株衰老。在本研究中，老芒麦落粒率随着多效唑浓度的增加逐渐降低，60mg.L$^{-1}$ 萘乙酸处理下较其他水平下落粒率达到最低。这表明多效唑和萘乙酸具有延缓老芒麦种子落粒的效果。有学者研究发现，叶面喷施多效唑对发草穗长、穗宽、小穗数具有极显著影响[39]，杨志鑫[30]通过研究多效唑对水稻抗倒伏能力的影响，发现施用多效唑降低了水稻穗长，与本研究结果相似，老芒麦花序长在低浓度萘乙酸处理下呈现降低的趋势，在高浓度处理下与对照组不具有显著差异。

## 3.3 植物生长调节剂对老芒麦离区酶活性的影响

种子脱落不仅与其表型性状有关联，细胞壁水解酶对离区结构的降解对种子脱落也具有重要影响。纤维素酶和多聚半乳糖醛酸酶的主要功能是降解细胞壁中的纤维素和胞间层的果胶成分，这两种酶可以引起老芒麦离区细胞壁降解[40-41]。有研究发现不同落粒率的拟南芥离区细胞壁水解酶活性存在差异[42]，吴瑞[43]研究发现纤维素酶和多聚半乳糖醛酸酶的活性与离区降解呈显著正相关相关。李浩天[37]等对紫花苜蓿施用多效唑发现纤维素酶和多聚半乳糖醛酸酶活性在多效唑调控下活性增高，在本研究中得到了同样的结果，多效唑和萘乙酸处理提高了老芒麦种子水解酶活性 。植物离区水解酶与离区激素变化紧密相关，乙烯处理后的植物细胞壁水解酶活性增强，而生长素处理后可抑制细胞壁水解酶的活性[42]。乙烯、脱落酸和细胞分裂素对于植物落粒的过程具有促进作用，而生长素和赤霉素在植物落粒过程中表现为抑制作用[41]。Roberts 等[44]研究发现脱落酸在促进植物落粒的过程中并不直接发挥作用，而是基于生长素和乙烯对脱落酸的相互作用。因此，植物种子脱落是多种激素和水解酶相互作用的结果，多效唑和萘乙酸处理下老芒麦离区水解酶活性和激素水平变化还需进一步探究。

# 4 结论

1）萘乙酸和多效唑处理下老芒麦落粒率具有显著影响，萘乙酸处理下落粒率显著低于 CK（$P$＜0.05），分别较 CK 降低 24.01%、33.31%和 27.94%，多效唑处理下老芒麦落粒率显著较 CK 较低，分别降低 26.75%、23.33%和 32.44%。

2）综合随机森林模型和主成分分析结果，单序籽粒数、小穗数、小穗长、单序籽粒重、千粒重、种子产量、纤维素酶、多聚半乳糖醛酸酶是调控老芒麦落粒的重要因子。

3）通过多准则决策模型 TOPSIS 评价，80mg.L$^{-1}$ 的萘乙酸可以有效缓解种子落粒率，提高种子产量。

**参考文献 References：**


[1] Liu Y. National Grassland Monitoring Report in 2016. China Animal Industry, 2017(8): 18-35
刘源. 2016 年全国草原监测报告. 中国畜牧业, 2017, (8): 18-35.

[2] Xie G D, Lu C X, Leng Y F, *et al*. Ecological assets valuation of the Tibetan Plateau. Journal of Natural Resources,2003,18（2）:189-196
谢高地,鲁春霞,冷允法,等. 青藏高原生态资产的价值评估. 自然资源学报, 2003, (2): 189-196

[3] Zhao G Q, Shi S L. The current situation of oat research and production, problems and strategy in Tibetan Plateau. Pratacultural Science, 2004(11): 17-21
赵桂琴,师尚礼. 青藏高原饲用燕麦研究与生产现状、存在问题与对策. 草业科学, 2004, (11): 17-21

[4] Zhang Y S, Zhou X M, Wang Q J. A Preliminary Analysis of Production Performance of OAT(*Avena sativa*) at Alpine Meadow Pasture.Acta Agrestia Sinica, 1998, (2): 115-123
张耀生,周兴民,王启基. 高寒牧区燕麦生产性能的初步分析. 草地学报, 1998, (2): 115-123

[5] Jia Z Y, Mi F G, Zhang Y H, *et al*. Evaluation of Biological Characteristics and Agronomic Traits in Elymus species. Grassland and Prataculture, 2021, 33(4): 8-21
贾振宇,米福贵,张跃华,等. 披碱草属牧草生物学特性及农艺性状评价. 草原与草业, 2021, 33(4): 6

[6] Li Y, Sui X Q, Hao Y, *et al*. Germination Characteristics and Drought Ｒesistance Evaluation of Seven Wild Elymus L. Germplasms in Xinjiang under Drought Stress. Xinjiang Agricultural Sciences, 2020, 57(5): 958-966
李瑶,隋晓青,郝裕辉,等. 干旱胁迫下新疆 7 份野生披碱草属种质材料萌发特性与抗旱性评价. 新疆农业科学, 2020, 57(5): 958-966

[7] Charles F. Crane,John G. Carman. Mechanisms of Apomixis in Elymus rectisetus from Eastern Australia and New Zealand. American Journal of Botany, 1987, 74(4): 477-496

[8] Lawrence,T. INHERITANCE OF A DWARF CHARACTER IN RUSSIAN WILD RYEGRASS, ELYMUS JUNCEUS. Canadian Journal of Genetics and Cytology, 2011, 9(1): 126-128

[9] Deng Z J, Miao J M, Zhang X Q, *et al*. Study on Genetic Diversity of Elymus nutans Griseb. in Northwest Plateau of Sichuan Province. Journal of Grassland and Forage Science, 2010, (12): 17-21
邓竹佳,苗佳敏,张新全,等. 川西北高原野生垂穗披碱草 RAPD 变异研究. 草业与畜牧, 2010, (12): 5

[10] Zuo H W．Origin and reticulate evolutionary process of wheatgrass Elymus trachycaulus(Triticeae:Poaceae).Anhui Agricultural University,2015
左红伟. 小麦族披碱草 *Elymus trachycaulus* 的起源和进化研究. 安徽农业大学, 2015

[11] Leandro H Estornell,Javier Agustí,Paz Merelo, et al. Elucidating mechanisms underlying organ abscission. Plant Science, 2013, 199: 48-60.

[12] Zhao X H，Jiang X，Zhao K，*et al*. Screening of germplasm with low seed shattering rate and evaluation on agronomic traits in *Elymus sibiricus* L. Journal of Plant Genetic Resources，2015，16（4）：691-699
赵旭红,姜旭,赵凯,等. 低落粒老芒麦种质筛选及农艺性状综合评价. 植物遗传资源学报, 2015, 16(4): 691-699

[13] You M H. Study on key technologies of seed production of Elymus sibiricus L. in the Sichuan northwestern plateau. Sichuan Agricultural University，2011
游明鸿. 川西北高原老芒麦种子丰产关键技术研究. 四川农业大学, 2011

[14] Zhang M Q. Seed shattering and its related MADS-box genes in Elymus nutans. Lanzhou：Lanzhou University，2011.
张妙青. 垂穗披碱草种子落粒性及其相关 MADS-box 基因研究. 兰州大学, 2011

[15] Xue J T. Effect of Chemical Regulation on High Yield Properties of Maize. Chinese Academy of Agricultural Sciences (CASA) , 2008.
薛金涛. 化学调控对高产性状的调控效应研究. 中国农业科学院, 2008

[16] Cao Q J, Yang F T, Wang Y M, *et al*. Advances in Research of Plant Growth Regulator Application on Crops. Journal of Northeast Agricultural Sciences, 2015, 40(5): 26-30
曹庆军,杨粉团,王一鸣,等. 植物生长调节剂及其在大田作物上的应用分析. 东北农业科学, 2015, 40(5): 26-30

[17] Fan Y P, Yu R C. GROWTH RESPONSES OF Calcelaria crenatlflora TO PACLOBUTRAZO. Journal of South China Agricultural University, 1996, 17(2): 79-82.
范燕萍,余让才. 多效唑对蒲苞花株型控制及生理效应的研究. 华南农业大学学报, 1996, 17(2): 4

[18] Gao F J, Tang Z M. Application of polyazole in plant tissue culture. Life World, 2002, (3): 36-37
高凤菊,汤忠梅. 多效唑在植物组织培养中的应用. 生命世界, 2002, (3): 36-37

[19] Liu G. Studies on the regulatory effects of polyazole on Fagus sylvatica. Sichuan University, 2007
刘果. 多效唑对高羊茅的调控效应研究[D]. 四川大学, 2007

[20] XingY, Chang L, Wang Q F, *et al*. Application of plant growth regulators in vegetable production[J]. Shanghai Vegetables, 2008, (4): 98-99.
邢燕,常磊,王庆芬,等. 植物生长调节剂在蔬菜生产中的应用. 上海蔬菜, 2008, (4): 2

[21] Zhu J L. MOLECULAR MECHANISM OF NAA REGULATING THE YIELD AND QUALITY OF REHMANNIA GLUTINOSA. Henan Normal University, 2022
朱佳琳. 萘乙酸调控怀地黄产量与质量的分子机理研究. 河南师范大学, 2022

[22] Guo Z X, Yang M J, Chen Y Q. Effects of polyconazole and naphthalene acetic acid on buckwheat's resistance to buckthorn and seed shattering resistance. Journal of Northern Agriculture, 2006, (5): 44-45
郭忠贤,杨明君,陈有清. 多效唑和萘乙酸对苦荞抗倒伏性和抗落粒性的影响. 北方农业学报, 2006, (5): 44-45

[23] Li S Z, Xie Y Z, Xu K. Research Progress on Seed Production of Gramineous Forages at Home and Abroad. China Seed Industry, 2005, (7): 17-19
李世忠,谢应忠,徐坤. 国内外禾本科牧草种子生产的研究进展. 中国种业, 2005, (7): 17-19
[24] Zhang J C. Identification and functional analysis of candidate genes for seed shattering in *Elymus sibiricus* based on transcriptome sequencing. Lanzhou University, 2020
张俊超. 基于转录组测序挖掘老芒麦落粒候选基因及其功能分析. 兰州大学, 2020
[25] Wu R. Identification and functional analysis of candidate genes for seed shattering in Elymus sibiricus based on transcriptome sequencing. Qinghai University, 2021
吴瑞. 青藏高原高寒地区老芒麦低落粒种质筛选及落粒主控因素确定. 青海大学, 2021
[26] Jorge Hernández-García,Asier Briones-Moreno,Miguel A. Blázquez. Origin and evolution of gibberellin signaling and metabolism in plants. Seminars in Cell & Developmental Biology, 2021, 109: 46-54
[27] Annalisa Rizza,Alexander M Jones. The makings of a gradient: spatiotemporal distribution of gibberellins in plant development. Current Opinion in Plant Biology, 2019, 47: 9-15
[28] Huang C M, Jiang W, Wu J M, *et al*. Floral Bud Formation and Endogenous Hormone Changes of *Jasminum sambac* L. with NAA or PP333 Treatments. Acta Botanica Boreali-Occidentalia Sinica, 2009, 29(4): 742-748
黄诚梅,江文,吴建明,等. 萘乙酸与多效唑对茉莉成花及新梢内源激素含量的影响. 西北植物学报, 2009, 29(4): 742-748
[29] Cao C L, Yang L, Hu J J. Promotion of drought tolerance in corn seedling by Paclobutrazol. Agricultural Research in the Arid Areas, 2009, 27(2): 153-158
曹翠玲,杨力,胡景江. 多效唑提高玉米幼苗抗旱性的生理机制研究. 干旱地区农业研究, 2009, 27(2): 153-158
[30] Yang Z X. Effects of Paclobutrazol Application on Lodging Resistance and Yield of Rice. Jilin Agricultural University, 2023.
杨志鑫. 多效唑施用方式对水稻抗倒伏能力及产量的影响. 吉林农业大学, 2023
[31] Zhang X X, Liu L, Lu N, *et al*. Effect of foliar application with plant growth retardant on the growth and physiology of perennial ryegrass. Grassland and Turf, 2020, 40(4): 47-53
张馨馨,刘璐,陆妮,等. 叶面喷施生长延缓剂对多年生黑麦草生长及生理的影响. 草原与草坪, 2020, 40(4): 47-53
[32] Bai X M, Xiang F, Luo R F, *et al*. Regulation effects of PP333on extension of tall fescue（Festuca arundinacea）. Pratacultural Science, 2009, 26(10): 171-176
白小明,相斐,罗仁峰,等. 多效唑对高羊茅扩展性和根系特性的调控效应. 草业科学, 2009, 26(10): 171-176
[33] Li Y N. Study on influence of using plant growth retardant for three species of cold-seasonal grass. Northeast Forestry University, 2002
李雅娜. 植物生长延缓剂对三种冷季型草坪植物生长及生理特性影响的研究. 东北林业大学, 2002
[34] Zhang X, Li H R, Bo D N, *et al*. Effect of Spring Application of Nitrogen and Paclobutrazol on Growth and Development and Yield of Winter Wheat. Journal of Triticeae Crops, 2017, 37(6): 769-776
张晓,李浩然,卜冬宁,等. 春季氮肥和多效唑调控对小麦生育和产量的影响. 麦类作物学报, 2017, 37(6): 769-776
[35] P Kalita,SCChandra K Dey. Influence of foliar application of phosphorus and naphthalene acetic acid on nitrogen, dry matter accumulation and yield of green gram (Vigna radiata L. Wilczek cv. AAU-34). Indian Journal of Plant Physiology, 1995, 38(3): 197-202
[36] Wei X X, Guo W S, Sun Y. Effect of growth regulator on seed yield and yield components of alfalfa. Pratacultural Science , 2009, 26(6): 121-125
魏小星,郭文山,孙彦. 生长调节剂对紫花苜蓿种子产量及产量构成要素的影响. 草业科学, 2009, 26(6): 121-125
[37] Li H T, Sui X Q, Ma X Y, *et al*. Effect of Spraying Plant Growth Regulators on Alfalfa Pods Abscission. Chinese Journal of Grassland, 2022, 44(10): 47-57
李浩天,隋晓青,马雪瑶,等. 喷施植物生长调节剂对紫花苜蓿花荚脱落的影响. 中国草地学报, 2022, 44(10): 47-57
[38] Lan H B. The Effects of NAA on Senescence of Potted Malus spectabilis. Hebei Agricultural University, 2006
兰海波. 萘乙酸（NAA）对盆栽冬红果衰老的影响. 河北农业大学, 2006
[39] He B, Liu Y, Ma Y S. Effects of Plant Growth Regulators on Seed Yield and Yield Components of *Deschampsia cespitosa.* Acta Agrestia Sinica, 2023, 31(5): 1588-1598
何斌,刘颖,马玉寿. 植物生长调节剂对发草种子产量及产量构成因素的影响. 草地学报, 2023, 31(5): 1588-1598
[40] R. Sexton,J. A. Roberts. Cell Biology of Abscission. Annual Review of Plant Physiology, 2003, 33(1): 133-162
[41] M. L Tucker,R Sexton,E. Del Campillo, et al. Bean abscission cellulase : characterization of a cDNA clone and regulation of gene expression by ethylene and auxin. Plant Physiology, 1988, 88(4): 1257-1262
[42] Patterson,E. S.. Cutting Loose. Abscission and Dehiscence in Arabidopsis. Plant Physiology, 2001, 126(2): 494-500
[43] Wu R, Liu W H, Zhang Y C *et al*. Differences in morphological and physiological characteristics in the abscission zone of shattering-prone and shattering-resistant genotypes of *Elymus sibiricus.* Acta Prataculturae Sinica, 2022, 31(4): 81-92
吴瑞,刘文辉,张永超,等. 老芒麦离区形态特征及生理特性差异研究. 草业学报, 2022, 31(4): 81-92
[44] Ja. Roberts,Ka. Elliott,Zh. Gonzalez-Carranza. Abscission, dehiscence, and other cell separation processes. Annual Review of Plant Biology, 2002, 53: 131-58

# 舍饲藏羊瘤胃微生物及代谢产物对不同粗饲料的响应

王正文

（甘肃农业大学草业学院，甘肃 兰州 730070）

**摘要：**藏羊（*Ovis aries*）可以很好的利用高纤维饲料，然而舍饲环境下藏羊瘤胃微生物群和代谢产物对不同粗饲料的响应机制仍不清楚。因此我们使用 3 种不同粗饲料的日粮；100%全株玉米青贮组（TS）、100%麦草组（TW）和混合组（TM，全株玉米青贮：麦草=50：50）饲喂藏羊。并进行了肉质性状检测、瘤胃内容物 16S rRNA 和代谢组学研究。结果表明藏羊饲喂小麦秸秆后瘤胃内 *Ruminococcus* 和 *Succiniclasticum* 等细菌丰度显著提高，这些微生物对提高 beta-Alanyl-L-lysine，Butanoic acid 和 Prostaglandin E2 等代谢产物具有重要作用。最终通过改变瘤胃中的氨基酸、脂质和碳水化合物代谢提高了胴体重和 Intramuscular fat 等生产性能，并改善了色泽和嫩度等肉品质指标。本研究结果揭示了饮食如何通过瘤胃微生物影响藏羊生产性能，表明藏羊在舍饲条件下可以很好的利用小麦秸秆等粗饲料。

关键词：藏羊；舍饲；肉品质

## 1 引言：

冬季牧场牧草供给满足不了家畜营养需求，过度放牧仍不饱食的季节性草畜矛盾是草原生态系统的根本矛盾。为保护草原生态环境和提高冷季藏羊生产效率，藏羊在冷季进行集约化舍饲或补饲是一种可行性方案。藏羊由于长期生活在高寒草原形成了更容易分解粗纤维的瘤胃菌群，我们猜测藏羊可以更好的利用小麦秸秆提高生长能力。为此分析了小麦秸秆和全株玉米青贮两种粗饲料对藏羊瘤胃细菌组成，发酵参数和瘤胃代谢产物的影响和互作关系。本研究为冷季舍饲条件下藏羊粗饲料选择提供了基础信息，对促进青藏高原生产与生态平衡具有积极影响。

## 2 材料与方法：

本试验选择年龄相近、体况良好的 3 月龄藏羊（22.3±3Kg）60 只，随机分为 3 组，每组 20 只，分别为麦草组（TW，粗饲料含 50%麦草）、全株玉米青贮组（TS，粗饲料含 50%全株玉米青贮）和混合组（TM，粗饲料含全株玉米青贮和麦草各 25%）。饲喂试验共 143 天，其中预饲期 15 天，正试期 128 天。饲养试验结束后，每组试验羊随机选取 6 只进行屠宰，采集每只羊左侧半胴体第 12～13 肋间的背最长肌样本。现场立即测定肉品质。屠宰后立即采集瘤胃液于无菌冻存管置于液氮罐中，并带回实验室在-80℃下储存，用来瘤胃发酵参数、16S rRNA 测序和代谢组学测定。

## 3 结果：

肉 TM 组和 TW 组的日增重，胴体重，眼肌面积，IMF 含量，肉色，嫩度和持水能力优于 TS 组。TM 组和 TW 组的 NH3-N 含量，TVFA 和 Propionate 含量显著高于 TS 组。TS 组中 *Rikenellaceae_RC9_gut_group* 的相对丰度显著高于 TW 组（$P<0.01$）；而 TW 组中 *Succiniclasticum*、*Ruminococcus* 和 *Candidatus_Saccharimonas* 的相对丰度显著高于 TS 组（$P<0.01$）（图 1）。差异代谢物主要参与氨基酸（beta-Alanyl-L-lysine）、碳水化合物（D-Ribose、Butanoic acid）和脂质代谢物（Stearidonic acid、Prostaglandin E2）等途径（图 2）。通过 Spearman 相关系数模型分析了属水平差异微生物与差异代谢物的相关性（$P<0.05$ 和 $R>0.60$），发现 *Ruminococcus*、*Succiniclasticum*、*Rikenellaceae_RC9_gut_group*、*Succinivibrionaceae_UCG_001* 和 beta-Alanyl-L-lysine、Prostaglandin E2、N-Acetyl-L-glutamate 5-phosphate 等代谢产物具有很强的相关性（$P<0.05$）。也发现差异微生物和肉品质存在一定联系，如 *Ruminococcus*、*Succiniclasticum* 与 IMF，眼肌面积和 L 值等显著正相关（$P < 0.05$），而 *Rikenellaceae_RC9_gut_group* 和 *NK4A214_group* 等细菌与滴水损失呈显著正相关（$P<0.05$）。进一步对瘤胃差异代谢产物与肉品质和瘤胃发酵参数进行分析发现 Stearidonic acid，6-Hydroxypseudooxynicotine，Icosanoic acid，beta-Alanyl-L-lysine，Prostaglandin E2，Indoxyl 等代谢产物与 TVFA 和丙酸以及 ADG，IMF 和剪切力等肉质性状呈显著正相关（$P<0.05$）（图 3）。

## 4 结论：

本研究表明，藏羊饲喂小麦秸秆通过提高 Ruminococcus 和 Succiniclasticum 等瘤胃细菌群正向调节氨基酸（如 beta-Alanyl-L-lysine）、碳水化合物（如 D-Ribose、Butanoic acid）和脂质代谢物（如 Stearidonic acid、Prostaglandin E2）提高了藏羊的生产性能（日增重，胴体重， 眼肌面积和 IMF 含量等），并改善了肉品质指标（Marble pattern，a 值，剪切力值，drip loss 等）。研究结果为饮食如何通过瘤胃微生物影响藏羊生产性能提供了更全面的理解。

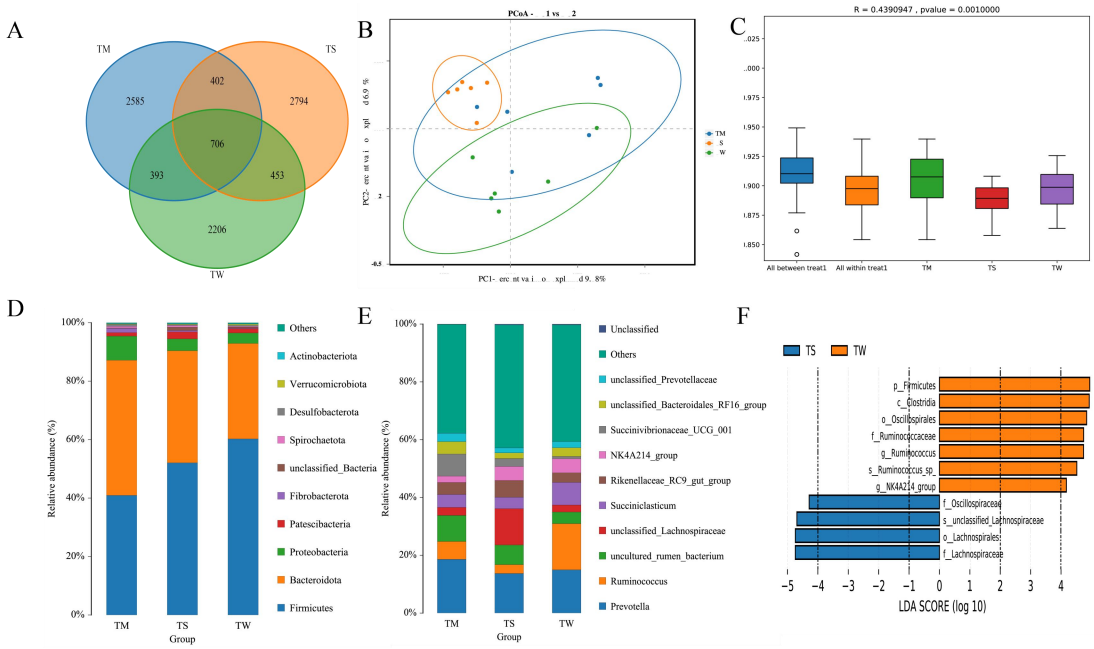



图 1. 瘤胃微生物组成. （A） OUT 韦恩图；（B） PCoA 图；（C） Anosim 分析；（D, E） 门和属水平物种相对丰度；（F） LEfSe 分析.

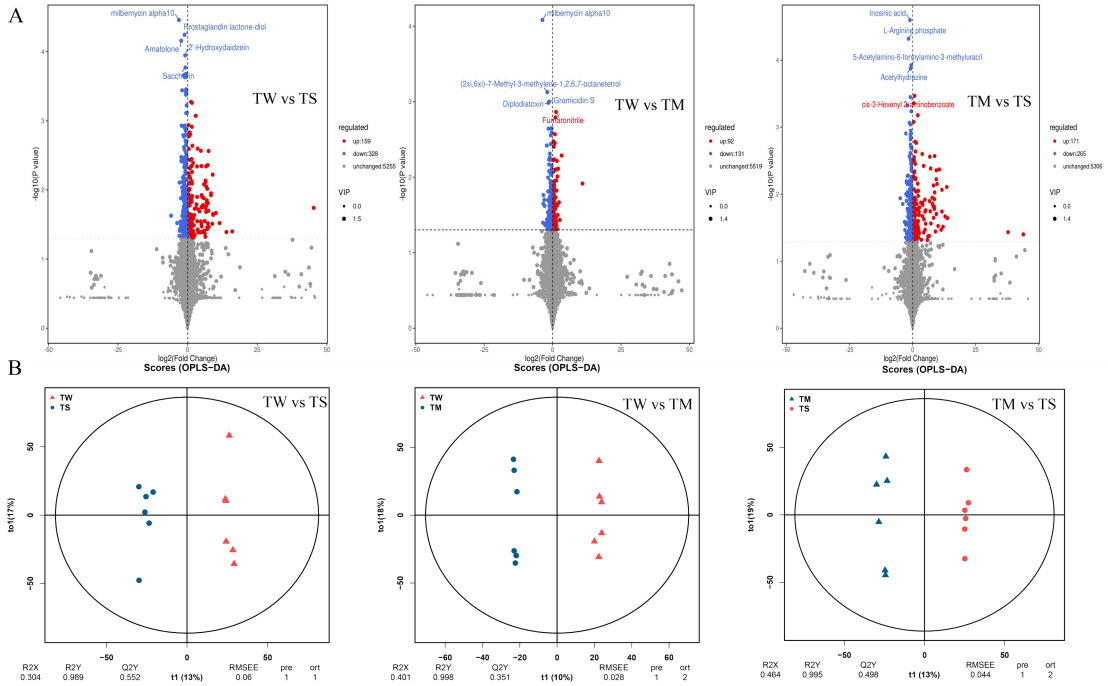



图 2. 代谢谱差异. （A） 差异火山图；（B） OPLS-DA 模型.

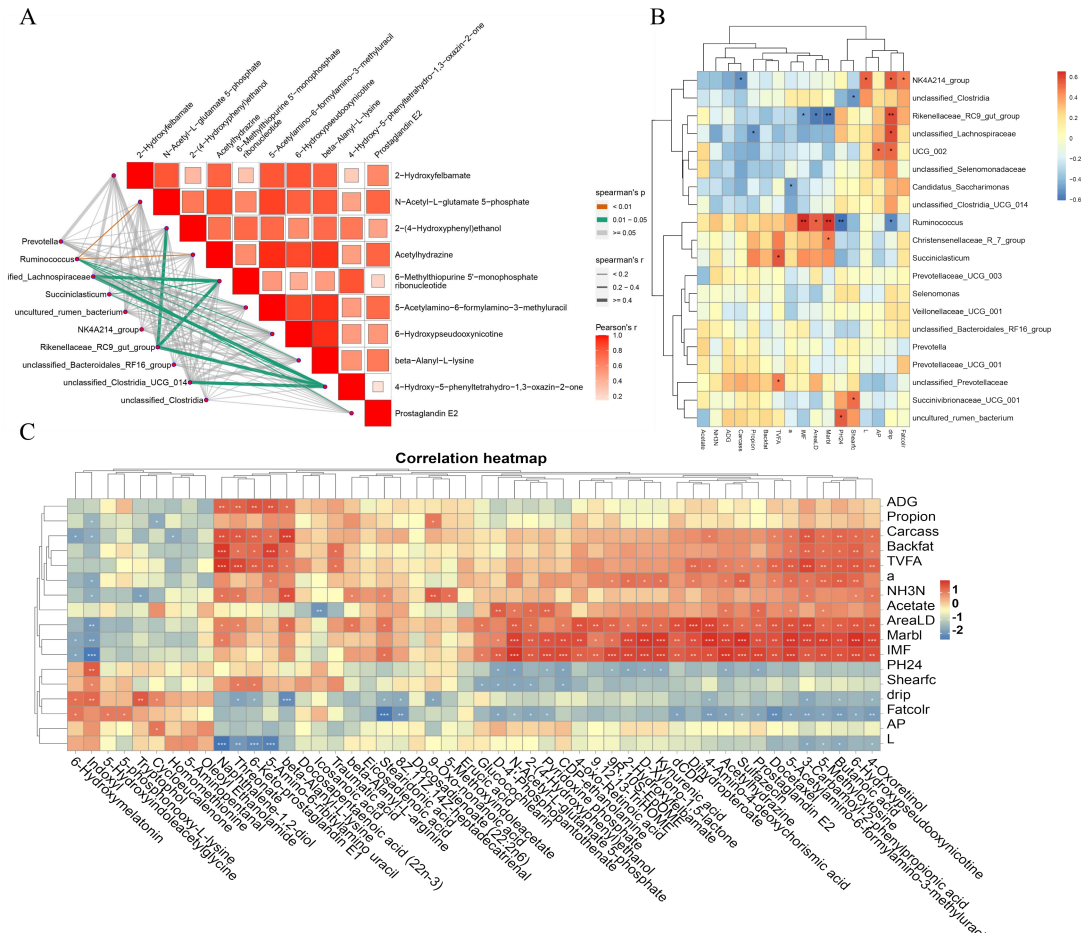



图 3. 微生物-代谢物-表型性状关联分析

# 干旱胁迫下不同紫花苜蓿生长及生理生化综合响应评价

汪洋[a], 龙思思[a], 张继元[a], 王普昶[b], 赵丽丽[a*]

a 贵州大学动物科学学院, 贵阳 550025,中国

b 贵州师范大学生命科学学院,, 贵阳 550001, 中国

**摘要：**紫花苜蓿( *Medicago sativa* )营养丰富、产量高、适口性好，是一种重要的豆科牧草。值得注意的是，其表现出显著的抗旱特性。然而，在中国西南喀斯特地区苜蓿抗旱育种方面的研究尚显不足。本研究采用盆栽试验方法，利用 7 个不同的紫花苜蓿品种，即迪特( V1 )、皇冠 ( V2 )、角斗士 ( V3 )、巨能 801 ( V4 )、PANGO ( V5 )、维多利亚( V6 )和' WL525 ' ( V7 )。作为实验材料。我们研究了这些品种在持续 14 天和 21 天干旱条件下生长和生理参数的变化。主要观测指标包括株高和地上生物量的降低，以及根长、表面积和根尖数等根系形态指标的增加。除植株含水量外，大部分生理指标均呈上升趋势。这些发现共同表明了供试苜蓿品种对干旱胁迫的适应性反应。为了综合评价 7 个品种的抗旱性，采用主成分分析和隶属函数值相结合的方法。由评价结果可知，按抗旱能力由大到小排序如下：皇冠> Wl525 >角斗士> 维多利亚 > PANGO >巨人 801 >迪特。

**关键词：**紫花苜蓿；干旱胁迫；主成分分析；隶属函数值；生理生化指标。

## 1 引言

干旱被公认为是最重要的环境胁迫因子之一，深刻影响着世界范围内的作物产量和农业生产力(Lipiec et al., 2013;Valliyodan and Nguyen, 2006)。由于植物的新鲜生物量通常由大约 80 %到 95 %的水组成，因此水在植物的各种生理生化过程中起着至关重要的作用 (Abbasi and Abbasi, 2010;Brodersen et al., 2019)。因此，干旱是一个艰巨的挑战，特别是在严重缺水的地区 (Waseem, Liu and Aslam, 2023)。近年来，随着水资源的枯竭和全球人口的急剧膨胀，对农产品的需求激增，加剧了干旱对农业的影响(O Connell, 2017)。

紫花苜蓿( *Medicago sativa* )，俗称紫花苜蓿，是一种多年生豆科牧草作物，常被誉为"牧草之王"。两千多年来，它主要在中国北方的 14 个省份发展起来(Sun, Ma and Mao, 2023)。然而，中国北方地区面临着严重的挑战，包括有限的降水和频繁的干旱，这极大地阻碍了紫花苜蓿产业的发展 (Zhang et al., 2018)。因此，研究紫花苜蓿( M. sativa )对干旱胁迫的响应机制，对于培育抗旱性强的紫花苜蓿品种，促进我国苜蓿产业和畜牧业的发展具有重要意义。紫花苜蓿的抗旱性研究一直是国内外科学界研究的热点。前期研究表明，紫花苜蓿具有一定的耐旱性 (Kang et al., 2023)。已经注意到，在干旱胁迫下，紫花苜蓿的株高、生物量、根长和根表面积等因素发生了变化 (Haddoudi et al., 2021)。此外，在干旱条件下，抗旱性强的苜蓿品种表现出渗透调节物质水平的增加和抗氧化酶活性的增强 (Zhanget al., 2018)。

在干旱条件下苜蓿生产力和干旱胁迫期间转录组分析的研究方面取得了重大进展 (Ao et al., 2022;Inostroza et al., 2021)。尽管取得了这些进展，但在全面了解抗旱性的生理反应机制和耐旱苜蓿品种的开发方面仍然存在差距，特别是在中国西南地区。针对这一差距，本研究考察了在中国西南地区成功引种栽培的 7 个苜蓿品种- - WL525、皇冠、迪特、PANGO、角斗士、巨能 801 和维多利亚。

本研究详细调查了植物的形态变化，包括株高、地上生物量、根长、根表面积和根体积。在干旱胁迫和正常供水条件下，测定了这 7 个紫花苜蓿品种的含水量、超氧化物歧化酶( SOD )、过氧化氢酶( CAT )、过氧化物酶( POD )、丙二醛( MDA )和过氧化氢( $H_2O_2$ )水平等生理反应。通过对这些苜蓿品种所表现出的抗旱特性进行综合分析，本研究旨在为鉴定和选育适合干旱栽培环境的抗旱性增强的苜蓿品种提供理论框架。

## 2 材料与方法

### 2.1 试验品种及育苗栽培

7 个苜蓿品种(迪特、皇冠、角斗士、巨能 801、PANGO、维多利亚、WL525)分别命名为 V1、V2、V3、V4、V5、V6 和 V7。这些品种在贵州省引种栽培获得成功。初步筛选羽衣甘蓝种子，用 0.1 %次氯酸钠溶液浸泡 3 ~ 5 min。随后用清水冲洗 3 ~ 5 次，直至无次氯酸钠残留。然后将种子播种在塑料花盆(尺寸: L : 45cm , W : 25cm , H : 20cm)中，每个品种有 6 个重复。样品分为 2 组：干旱处理组和正常浇水组。采用贵州省农业科学院提供的营养土，每 5 天浇水一次。培养 6 周后开始实验。

*通讯作者 电话: +86 851 88298005.

电子邮箱: zhaolili_0508@163.com.

### 2.2 试验设计

培养 6 周后，每组处理选取长势一致的幼苗 45 株，每组 3 个重复。干旱处理组进行彻底浇水，然后暴露在干旱条件下，在干旱处理期间不进一步浇水。正常饮水组作为对照，接受常规饮水。在干旱胁迫 14 和 21 天后对对照和干旱胁迫的紫花苜蓿进行测量。

#### 2.2.1 形态指标的测定

用直尺测量株高，精度可达 0.1 cm。每个处理测量 15 株植株。用电子天平测量地上生物量。地上部分先在 80℃烘箱中烘干至恒重，称量干重。根长、根表面积、根体积、根分支数、根尖数和根直径使用 Win - FOLIA 软件在 Epson Perfection V800 图像扫描仪上进行扫描。

#### 2.2.2 生理指标的测定

根据鲜重和干重测量值计算植物叶片中的含水量。最初记录鲜重，然后在 105 ° C 烘箱中热烫 30 分钟，并在 80 ° C 下干燥至恒重。使用的水分含量( WC )公式为：

$$WC = (wf - wd) / wf \quad (1)$$

其中 wf 为鲜重，wd 为干重。

测定了超氧化物歧化酶( SOD )、过氧化物酶( POD )、过氧化氢酶( CAT )、过氧化氢( $H_2O_2$ )、丙二醛( MDA )等生理指标。SOD 采用羟胺法测定，POD、CAT 和 H2O2 采用分光光度法测定(Loretoand Velikova,2001,Ozden et al.,2009)。采用硫酸巴比妥酸法测定 MDA 含量(Janero et al.,1990)。所有这些指标均使用索莱宝生物有限公司提供的试剂盒，遵循试剂盒说明书进行测定。

### 2.3 数据处理与分析

使用 Microsoft Excel 2019 对数据进行整理。采用 SPSS 26.0 软件进行显著性分析，Origin19.0 软件进行图形表示。

### 2.4 隶属度函数计算方法

通过以下步骤实现对不同苜蓿品种抗旱性的综合评价(Gao et al., 2024):

利用公式计算各苜蓿品种在干旱胁迫下的抗旱系数：

抗旱系数=干旱/对照 (2)

通过主成分分析计算综合抗旱指数。利用隶属函数法对综合抗旱指数进行综合分析。利用公式计算各指标( j )的隶属函数值 R ( Xj )：

$$R(Xj) = (Xi - Xmin) / (Xmax - Xmin) \quad (3)$$

其中 R ( Xj )为第 j 项指标的隶属函数值，Xj 为第 j 项指标的实测值，Xmin 和 Xmax 分别为所有供试材料中第 j 项指标的最小值和最大值。运用权重( Wj )计算各综合指标的权重：$W_j = V_j \div \sum_{j=1}^{m} V_j$ (4)

Wj 表示第 j 个指标在所有指标中的权重，Vj 表示第 j 个综合指标的贡献率。

利用公式计算不同苜蓿品种的抗旱性综合评价：

$$D = \sum_{j=1}^{n} [R(x) \times W_j], j = 1,2,\cdots,n \quad (5)$$

其中 D 代表抗旱性的综合评价值。

## 3 结果和分析

### 3.1 干旱胁迫对 7 个品种株高和地上部生物量的影响

干旱胁迫对 7 个紫花苜蓿品种株高和地上部生物量的影响不同。值得注意的是，在 V4 中，植株高度和地上生物量在干旱胁迫下没有显著变化。相反，在干旱条件下，V7 的株高和地上生物量显著高于其他品种。干旱胁迫 14 天后，7 个品种株高均显著降低($P < 0.05$)，除了 V4 和 V5。其中，V2 和 V6 显示出最明显的减少，植株高度分别是对照的 0.46 和 0.57 倍。此外，在干旱胁迫 14 天后，V6 的地上生物量显著下降到对照的 0.35 倍，而其他品种的地上生物量没有显著变化。在 21 天的干旱胁迫下，V1 中的所有试验材料都死亡了。与对照的比较分析表明，V2 和 V5 的株高下降幅度最大，分别是对照的 0.57 和 0.61 倍。在 21 天干旱胁迫下，V6 与对照相比有显著差异，其值仅为对照的 0.31 倍(表 1)。这些结果突出表明，苜蓿品种对干旱胁迫的反应存在相当大的差异，其中一些品种表明，在不利条件下，在植株高度和地上生物量维持方面具有更大的恢复能力。

**Table 1 Effects of drought stress on plant height and aboveground biomass of seven alfalfa varieties**

| Index | | V1 | V2 | V3 | V4 | V5 | V6 | V7 |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| | 14-day control | 10.74±1.85$^{Ba}$ | 20.96±3.22$^{Ab}$ | 18.27±3.21$^{Aa}$ | 10.8±2.21$^{Ba}$ | 11.8±2.39$^{Bab}$ | 17.65±3.73$^{Aa}$ | 19.7±3.45$^{Ab}$ |
| | 14 days of drought | 9.23±2.02$^{Bb}$ | 9.76±1.88$^{Bd}$ | 14.2±1.58$^{Ab}$ | 9.92±2.18$^{Ba}$ | 9.85±2.21$^{Bb}$ | 10.21±1.29$^{Bb}$ | 13.84±1.55$^{Ac}$ |
| | 21-day | 11.97±1.6 | 25.38±3.8 | 21.57±3. | 11±1.76$^{C}$ | 12.62±3. | 18.31±3. | 26.19±3.5 |

| | | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| Plant height（cm） | control | 9$^{Ca}$ | 5$^{Aa}$ | 79$^{Ba}$ | a | 52$^{Ca}$ | 12$^{Ba}$ | 4$^{Aa}$ |
| | 21 days of drought | 0 | 14.58±3.02$^{Cc}$ | 13.69±3.55$^{Cb}$ | 9.84±2.67$^{Da}$ | 7.69±2.71$^{Dc}$ | 17.61±3.5$^{Ba}$ | 24.79±3.68$^{Aa}$ |
| Above ground biomass（g） | 14-day control | 0.026±0.008$^{Ba}$ | 0.143±0.006$^{Aab}$ | 0.057±0.007$^{Aab}$ | 0.039±0.007$^{Ba}$ | 0.039±0.005$^{Ba}$ | 0.065±0.007$^{Ba}$ | 0.097±0.003$^{ABb}$ |
| | 14 days of drought | 0.0294±0.004$^{Aa}$ | 0.047±0.003$^{Ab}$ | 0.043±0.007$^{Aa}$ | 0.032±0.006$^{Aa}$ | 0.027±0.006$^{Aa}$ | 0.0225±0.006$^{Ab}$ | 0.061±0.002$^{Ab}$ |
| | 21-day control | 0.03±0.002$^{Da}$ | 0.236±0.007$^{Ba}$ | 0.26±0.005$^{Ba}$ | 0.042±0.004$^{CDa}$ | 0.18±0.003$^{BCa}$ | 0.09±0.006$^{CDa}$ | 0.29±0.005$^{Aa}$ |
| | 21 days of drought | 0 | 0.13±0.008$^{Bab}$ | 0.11±0.003$^{Bab}$ | 0.038±0.007$^{Ca}$ | 0.17±0.007$^{Ba}$ | 0.0283±0.001$^{Cb}$ | 0.17±0.005$^{Aa}$ |

Significant differences between varieties are indicated by different capital letters ( P < 0.05 ). Significant differences between treatments are indicated by different lowercase letters( P < 0.05 ). Values are the mean ± standard error (SE).

### 3.2 干旱胁迫对 7 个品种根长、根表面积和根体积的影响

图 1 所示。值得注意的是，在干旱胁迫下，七个品种的根长都比对照显著增加。经过 21 天的干旱处理，V7 显示出最大的根长，为 47.74 cm，与对照相比有显著差异(P < 0.05) ，显著增加了 45.15% 。与对照相比，干旱处理下所有品种的根表面积均有所增加。干旱处理 21 天后，V7 的根表面积显著高于对照(P < 0.05) ，显著高于对照(34.8%)。干旱胁迫下 7 个品种的根系体积变化也很显著，V2 和 V7 在干旱条件下表现出比对照更高的根系体积。经过 14 天的干旱处理，V2 的最大根系体积达到 0.023 cm3。相比之下，V5 的最小根体积为 0.007 cm3。V1 增加最显著，与对照组相比差异显著，为对照组的 2.29 倍。在 21 天的对照条件下，V1 表现出最低的根体积为 0.003 cm3。经过 21 天的干旱，V3 下降幅度最大，根系体积仅为对照的 0.5 倍。这三个形态指标的不同变化强调了它们反映不同苜蓿品种抗旱性的能力。这些发现突出了根系形态对干旱胁迫反应的变异性，为研究这些苜蓿品种的干旱适应机制提供了有价值。

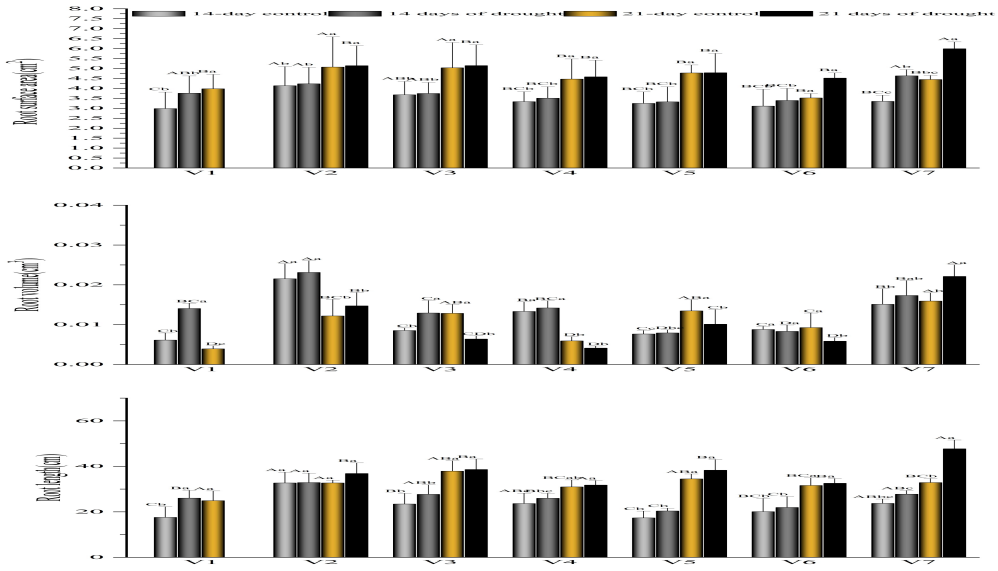


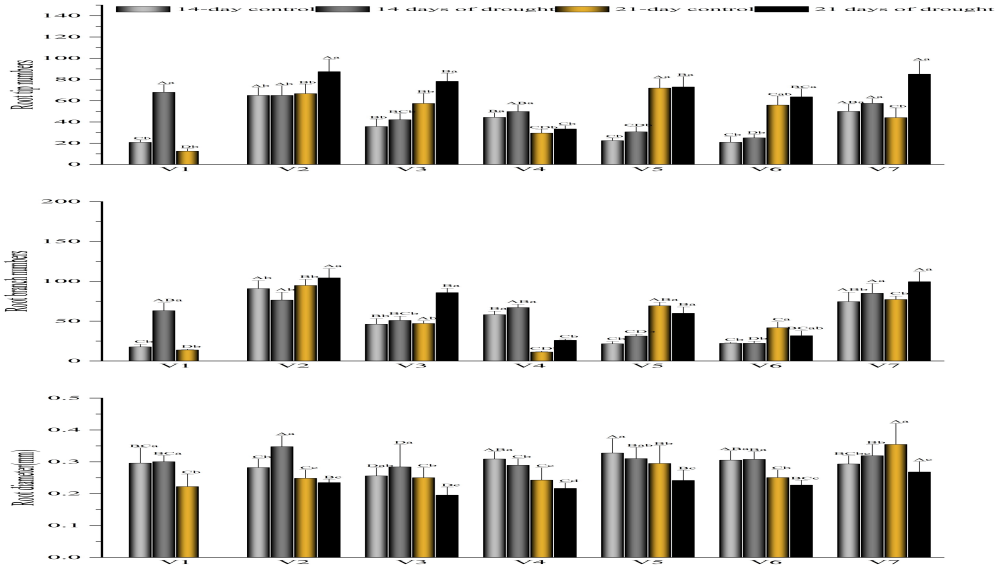

**图 1 干旱胁迫对 7 个紫花苜蓿品种根长、根表面积和根体积的影响**

不同大写字母表示品种间差异显著(P< 0.05)。不同小写字母表示处理间差异显著(P<0.05)。数值是平均值 ± 标准误差(SE)。误差线表示平均值的标准误

差。图 3-5 也是如此。

### 3.3 干旱胁迫对 7 个品种根尖数、根分枝数和根径的影响

如图 2 所示。7 个紫花苜蓿品种根尖数、根粗、根分枝数对干旱胁迫的响应差异显著($P< 0.05$)。根尖数量方面，除 21 天外，V1、 V2、 V3、 V4、 V5、 V6、 V7 在干旱处理下均表现出高于对照的数量。干旱 14 天后，V1 增幅最大，达到对照的 3.26 倍，而 V2 与对照相比没有变化。干旱 21 天后，V7 增幅最大，为对照的 1.9 倍，而 V5 增幅最小，为对照的 1.014 倍。在对照条件下 21 天，V5 记录的最高值为 87.4，其次是 V2 的 85。在干旱胁迫下，根系分枝数也表现出不同的变化。干旱 14 天后，除 V2 外，大多数品种的根系分枝数均比对照增加。V1 经历了最显著的增长，达到 3.57 倍的控制。然而，经过 21 天的干旱，V5 和 V6 受到不利影响，表明减少了根分枝的数量。相反，在干旱胁迫下 21 天，V2、 V3、 V4 和 V7 的根系分枝数量增加。在干旱胁迫 14 天后，除 V4 和 V5 外，大多数品种的根直径都比对照增大。V2 的增长幅度最大，最大直径为 0.347 mm，是对照的 1.23 倍。干旱 21 天后，V7 根系直径显著减小，仅达对照值的 76% 。这些观察结果强调了苜蓿品种对干旱胁迫的根




系形态反应的多样性，进一步突出了它们在不利条件下适应机制的复杂和多方面性质。

**图 2 干旱胁迫对 7 个紫花苜蓿品种根尖数、根分枝数和根径的影响**

### 3.4 干旱胁迫对 7 个品种抗氧化酶活性的影响

如图 3 所示，在干旱胁迫下抗氧化酶活性的变化，以及胁迫持续时间对这些酶活性的影响。如图所示。4、干旱处理后，SOD 和 POD 活性均有所提高，POD 活性最大提高 130% ，最小降低 1% 。超氧化物歧化酶(SOD)最大提高了 580% ，最小提高了 6% 。在 14 天的干旱期间，v6 的超氧化物歧化酶(SOD)活性最高，而 v1 的过氧化物酶(POD)活性最高。经过 21 天的干旱胁迫后，V6 记录了最高的 SOD 和 POD 活性。SOD 和

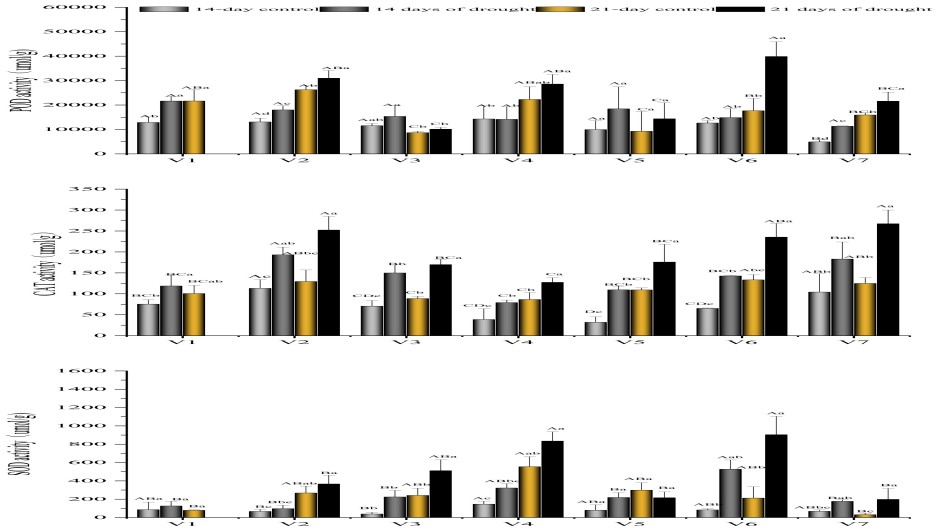


**图 3 干旱胁迫对七个紫花苜蓿品种抗氧化酶的影响**

POD 协同清除细胞内的自由基，增强植物的活性。过氧化氢酶(CAT)是一种清除自由基、促进 H2O2 分解为 H2O 和 O2、减轻细胞毒性的酶。因此，在干旱胁迫下，CAT 活性显著增加。与对照相比，7 个品种(V1 不存活)在干旱处理下表现出较高的抗氧化酶活性。经过 14 天的干旱胁迫后，V2 的 CAT 活性最高，而 V5 的 CAT 活性增加幅度最大，为对照的 3.41 倍。干旱胁迫 21 天后，V7 的 CAT 活性最高，是对照的 2.17 倍。这些发现表明，干旱胁迫促使抗氧化酶活性的上调，展示了这些苜蓿品种在不利条件下抵抗氧化应激和维持细胞功能的适应性反应机制。

### 3.5 干旱胁迫对 7 个品种过氧化氢、丙二醛和碳氢化合物含量的影响

如图 4 所示，在干旱胁迫下，7 个紫花苜蓿品种的 H2O2 和丙二醛(MDA)含量普遍高于对照品种。但值得注意的是，在干旱 14 天时，V4 和 V7 的 MDA 含量低于对照。这种变化可以归因于压力的持续时间。干旱胁迫 14 天后，V1 代表了 MDA 含量的最高增幅，达到对照的 2.21 倍，而 V7 代表了 MDA 含量的最低水平。在 21 天干旱胁迫下，V1 不能存活，其中 V3 的 MDA 含量最高，V7 最低。在 H2O2 含量方面，V5 在干旱 14 天和 21 天时表现出最高的水平，而 V7 在 7 个紫花苜蓿品种中表现出最低的水平。在含水量方面，7 个品种在干旱胁迫 14 天后均未观察到显著的影响。然而，随着长期的压力，显著的差异开始出现。在 21 天对照条件下，V1 表现出最高的 WC，而在 21 天的干旱条件下，V3 表现出最低的 WC。

### 3.6 干旱胁迫下 7 个品种不同指标的相关分析

实验包括 14 个综合评价指标(形态学和生理学)进行相关分析(图 5)。结果表明，这些指标具有一定的相关性。地上部生物量与大多数其他指标(根长、 MDA、 H2O2、 POD、 SOD、 WC 除外)呈正相关。根长与大多数其他指标呈负相关(除 WC、 MDA 和根径外)。株高与大多数其他指标(根长和 WC 除外)呈显著正相关。MDA 与多数其他指标呈显著负相关(P < 0.01)。这些发现突出了各种生理和形态参数之间的相互联系和关系，为深入研究苜蓿品种对干旱胁迫的复杂反应提供了依据。

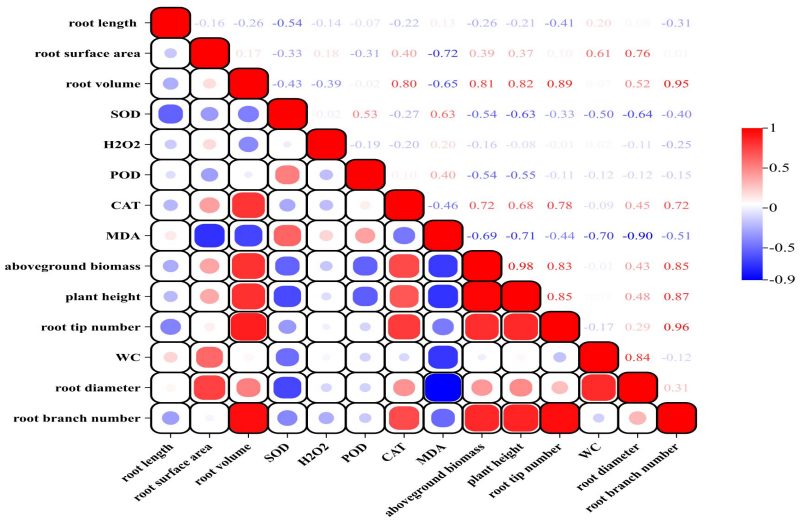
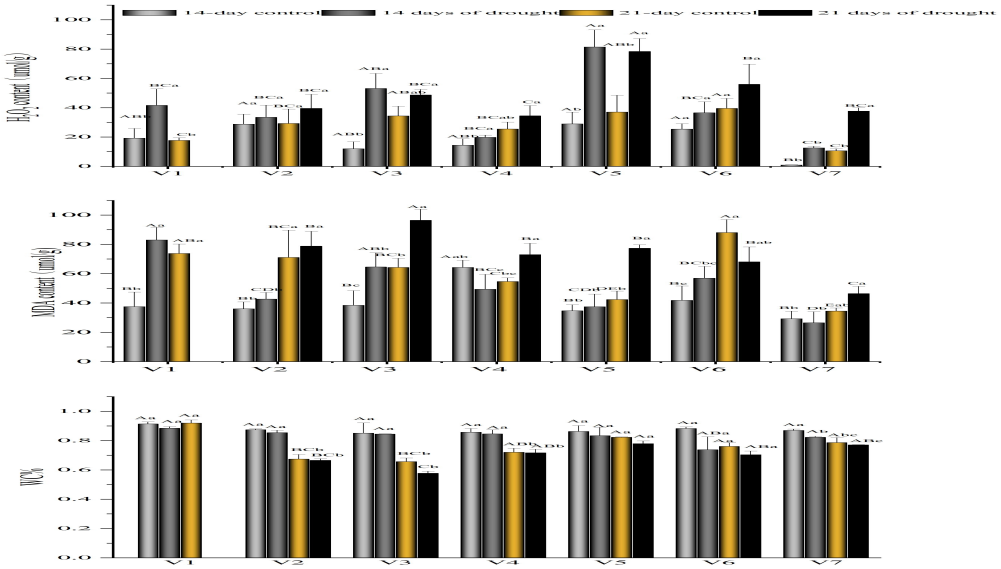



图 5 不同指标的相关性分析

**图 4 干旱胁迫对 7 个紫花苜蓿品种过氧化氢、丙二醛和碳化钨含量的影响**




### 3.7 主成分分析

利用公式(2)计算了 14 个指标的抗旱系数，并根据这些系数进行了主成分分析。通过分析，确定 14 个指标可以转化为 4 个主成分: 主成分 1(47.97%)、主成分 2(21.114%)、主成分 3(10.977%)和主成分 4(10.375%)。这四个组成部分的累积贡献率为 90.436% 。主成分 1，主成分 2，主成分 3 和主成分 4 的特征值分别为 6.716,2.956,1.537 和 1.453，均超过 1(表 2)。

**Table 2 Analysis of principal components**

| | principal components | | | |
|---|---|---|---|---|
| | 1 | 2 | 3 | 4 |
| characteristic value | 6.716 | 2.956 | 1.537 | 1.453 |
| Contribution rate （%） | 47.97 | 21.114 | 10.977 | 10.375 |
| Cumulative contribution rate （%） | 47.97 | 69.084 | 80.061 | 90.436 |

### 3.8 不同苜蓿品种抗旱性的隶属函数分析

根据主成分分析结果，这 14 项指标分为四个独立及不相关的综合指标。采用隶属函数法，根据综合指标得分，利用公式(3)计算各综合指标的隶属函数值。此外，使用公式(4)计算每个主成分的权重，主成分 1 的权重为 0.4992，主成分 2 的权重为 0.2197，主成分 3 的权重为 0.1142，主成分 4 的权重为 0.1080。最后，根据公式(5) ，对 7 个品种在干旱胁迫下的综合抗旱性(D)值进行了计算和排序(表 3)。分析表明，V2 的 D 值最高，为 0.7013，表明其综合抗旱性最强。

**Table3 D values and comprehensive evaluation of different alfalfa varieties**

| Variety | D | Overall Merit |
|---|---|---|
| V2 | 0.7013 | 1 |
| V7 | 0.6987 | 2 |
| V3 | 0.4117 | 3 |
| V6 | 0.3804 | 4 |
| V5 | 0.3701 | 5 |
| V4 | 0.3132 | 6 |
| V1 | 0.1090 | 7 |

## 4 讨论

### 4.1 干旱胁迫下不同苜蓿品种生长参数的变化

干旱胁迫是影响植物萌发、幼苗发育、生长和总体存活的重要环境因子，从而影响植物生物量和生产力(Abdelhakim et al., 2021)。干旱胁迫严重影响植物生产物质的分配，这已被广泛记载 (Wu et al., 2008)。为了缓解干旱的影响，植物可以从叶片和茎中分配更多的生物量到根部，从而增加根的长度和表面积，最终提高植物的活力。因此，生物量分配到地上部分和根生物量在植物抵抗干旱胁迫的能力中起着关键的作用 (Tavakol and Pakniyat, 2007;Xu et al., 2015)。以往的研究报道了苜蓿品种的抗旱性(Hosseini Boldaji et al., 2012;Mouradi et al., 2016;Tani et al., 2019;Tavakol and Pakniyat, 2007)。这些研究突出了不同苜蓿品种对干旱胁迫的反应，特别侧重于根系形态，

如根长、表面积和体积，以及其他相关指标。这些研究的结果与这里提出的结果是一致的。结果表明，在干旱胁迫下，7 个苜蓿品种的株高和地上部生物量在 21 天内普遍下降。相反，根长、根表面积和根尖数量显著增加。这种根长、表面积和尖端数量的增加有利于植物获得更深的土壤水源，最终提高它们的耐旱性(Gao and Lynch, 2016)。值得注意的是，苜蓿品种对干旱胁迫的适应能力在 7 个供试品种中表现出差异。其中，WL525(V7)在干旱胁迫 21 天后表现出更为有效的适应机制，其根表面积、根体积、根长、根尖数和根分枝数均显著高于正常灌水组。另一方面，Dimitra (V1)在 21 天干旱胁迫下不能存活，表明其在 7 个品种中抗旱性较差，对干旱胁迫敏感。冠(V2)和 WL525(V7)在株高、地上部生物量和根系形态等方面表现出较高的抗旱性。同样，V6 和 V3 在干旱胁迫下表现出较高的株高和地上部生物量，但根表面积和根长等根系形态指标在干旱胁迫下没有显著变化，说明它们具有抗旱性。相比之下，V4 和 V5 植株株高和地上生物量较小，根长和根尖数增加较少，表明它们对干旱胁迫的敏感性较高。先前的研究也报道了根系通过增强根系活力和抵抗环境压力来响应干旱胁迫(Pandey 等，2018; Xiaet al。 ，2021)。本研究还需要进一步的实验验证，以确定苜蓿品种是否也能增强根系活力，作为应对干旱胁迫的适应机制。

### 4.2 干旱胁迫下不同苜蓿品种生理参数的变化

研究结果表明，7 个紫花苜蓿品种的生理指标均有不同程度的提高，表明 7 个紫花苜蓿品种均具有一定的抗旱性。植物的抗旱能力与其自身的抗氧化反应密切相关。耐旱植物通常具有优越的抗氧化能力，以维持正常的生理过程(Ayub et al., 2021;Hediye Sekmen, Türkan and Takio, 2007)。植物抗氧化系统中的关键酶包括超氧化物歧化酶(SOD)、过氧化氢酶(CAT)和过氧化物酶(POD) (Wang et al., 2023)。在抗逆植物中上调这些酶有助于降低氧毒性，维持膜的稳定性，增强抗旱性 (Xu et al., 2022)。较高的酶活性对应于较强的自由基清除能力，表明抗旱性增强。在干旱胁迫下，7 个紫花苜蓿品种的 SOD、 CAT 和 POD 活性均有所提高，且各品种酶活性提高的方式不同。冠(V2)主要依靠过氧化物酶和过氧化氢酶的抗氧化保护作用。维多利亚(V6)主要利用过氧化物酶和超氧化物歧化酶的抗氧化保护。另一方面，巨人 801(V4)和 WL525(V7)主要利用 SOD 和 CAT 酶进行抗氧化保护。这些品种在干旱胁迫 21 天后表现出最高的酶活性，有效地减少了氧化损伤。

脂质过氧化水平是细胞膜自由基在压力条件下受损的指标。丙二醛(MDA)和过氧化氢(H2O2)是膜脂质过氧化的重要产物，而 h2o2 是植物新陈代谢的产物，过量积累可能对植物有害(Liao et al., 2005）。干旱胁迫下，紫花苜蓿 H2O2 含量呈递增趋势，干旱胁迫 21 天后达到峰值。与其他品种相比，皇冠(V2)、巨能 801(V4)和 WL525(V7)的 H2O2 含量增加相对较少。这一观察结果与这三个品种在干旱条件下表现出的酶活性的显著增加相一致。类似的研究结果已经报告在白刺花（ *S. davidii*）的研究中(Zhao et al., 2022)。丙二醛(MDA)是磷脂中不饱和脂肪的过氧化产物，反映了脂质过氧化的程度。紫花苜蓿 MDA 含量的变化与 H2O2 不同。干旱胁迫 14 天后，大多数品种 MDA 含量增加幅度较小，V4 和 V7 品种 MDA 含量降低。保护酶活性的提高有助于降低丙二醛的积累。值得注意的是，由于酶的显著保护作用，WL525(V7)表现出明显的膜过氧化减少。

植物的水分状况对干旱胁迫高度敏感，水分是研究植物抗旱性的关键因素(Penella et al., 2014)。试验中 7 个紫花苜蓿品种的含水量受干旱影响较轻，但总体呈下降趋势。这与先前的研究结果一致，即苜蓿叶子在干旱条件下失去水分 (Luo et al., 2022;Prince et al., 2022)。植物生理反应机制的研究，*Paspalum wettsteinii* 和 *Hordeum vulgare* L 在干旱胁迫下，植物相对含水量也呈下降趋势 (Huang et al., 2023;Jampoh et al., 2023)。不同苜蓿品种对干旱胁迫的适应机制不同。冠(V2)主要积累 POD 和 CAT 活性，导致 H2O2 积累减少。巨大的 801(V4)积累了过氧化物酶和超氧化物歧化酶活性，导致 MDA 积累减少。维多利亚(V6)主要积累 SOD 活性，导致 H2O2 积累减少。最后，WL525(V7)品种主要积累了 CAT 活性，有效地降低了 H2O2 和 MDA 的积累。

### 4.3 干旱胁迫下不同苜蓿品种的综合评价

植物抗旱性是一个受多基因影响的复杂性状，是多种指标相互作用的结果 (Wei et al., 2024)。基于单一指标评估各种植物品种的抗旱性是具有挑战性的，可能不能准确地反映它们的整体表现。为了解决这个问题，常常采用统计方法和模型来提高测试结果的准确性。主成分分析是一种常用的方法，用来透过线性映射识别基本变数，从而减少因素的数目 (An et al., 2022)。加权隶属函数法也是抗旱性综合评价中常用的方法 (Zhang et al., 2022)。在这项研究中，采用了这些方法的组合。抗旱系数用于标准化指标和解决单位相关问题。另外，对不同苜蓿品种在干旱胁迫下的综合评价考虑了各指标的权重，最终得出以 D 值为代表的综合指标。结果表明，7 个品种的抗旱性由高到低依次为: V2 ，V7 ，V3 ， V6， V5 ，V4， V1。根据综合评价得到的抗性指数和形态指数，将 7 个品种分为 4 个类型: 抗旱类型(V2，V7)、较抗旱类型(V6，V3)、较敏感类型(V4，V5)和敏感类型(V1)。这一综合评价为研究这些苜蓿品种的抗旱性提供了有价值的见解，可以为不同环境条件下的育种和栽培策略提供信息。

## 5 结论

本研究旨在探讨不同苜蓿品种对干旱胁迫的生长和生理反应。选择 7 个紫花苜蓿品种，在 14 天和 21 天干旱条件下测定了 8 项形态指标和 6 项生理指标。不同苜蓿品种间抗旱性存在显著差异。根据主成分分析和隶属函数分析的结果，抗旱性由高到低的顺序如下:V2 > V7 > V3 > V6 > V5 > V4 > V1。根据 7 个紫花苜蓿品种的抗旱特

性，将其分为 4 个类型：抗旱类型(V2，V7)、较抗旱类型(V6，V3)、较敏感类型(V4，V5)和敏感类型(V1)。

## 参考文献


【1】 Abbasi, T. , S. A. Abbasi (2010): "Biomass energy and the environmental impacts associated with its production and utilization." Renewable and Sustainable Energy Reviews 14 (3): 919-937.

【2】 Abdelhakim, L. O. A., C. F. F. Palma, et al. (2021):"The effect of individual and combined drought and heat stress under elevated CO2 on physiological responses in spring wheat genotypes." Plant Physiology and Biochemistry 162: 301-314.

【3】 An, X., Y. Liang, et al. (2022): "Health-promoting bioactive compounds and related enzymes of grape (Vitis Vinifera L.) in response to regulated deficit irrigation under greenhouse and rain-shelter." The Journal of Horticultural Science and Biotechnology 97 (3): 385-402.

【4】 Ao, B., Y. Han, et al. (2022): "Genome-Wide Analysis and Profile of UDP-Glycosyltransferases Family in Alfalfa (Medicago sativa L.) under Drought Stress." International journal of molecular sciences 23 (13): 7243.

【5】 Ayub, M., M. Y. Ashraf, et al. (2021): "Growth and physio-biochemical responses of maize (Zea mays L.) to drought and heat stresses." Plant Biosystems - An International Journal Dealing with all Aspects of Plant Biology 155 (3): 535-542.

【6】 Brodersen, C. R. , A. B. Roddy, et al. (2019): "Functional Status of Xylem Through Time." Annu Rev Plant Biol 70: 407-433.

【7】 Gao, H. , Z. Jia, et al. (2024): "Comprehensive evaluation of the resistance to shoot shriveling before and after sprouting in different varieties of Ping'ou hybrid hazelnut." Frontiers in Forests and Global Change 6.

【8】 Gao, Y. , J. P. Lynch (2016): "Reduced crown root number improves water acquisition under water deficit stress in maize (Zea mays L.)." Journal of Experimental Botany 67 (15): 4545-4557.

【9】 Haddoudi, L. , S. Hdira, et al. (2021): Evaluation of the Morpho-Physiological, Biochemical and Molecular Responses of Contrasting Medicago truncatula Lines under Water Deficit Stress. Plants. 10.

【10】 Hediye Sekmen, A. , İ. Türkan, et al. (2007): "Differential responses of antioxidative enzymes and lipid peroxidation to salt stress in salt-tolerant Plantago maritima and salt-sensitive Plantago media." Physiologia Plantarum 131 (3): 399-411.

【11】 Hosseini Boldaji, S. A., R. A. Khavari-Nejad, et al. (2012): "Water availability effects on antioxidant enzyme activities, lipid peroxidation, and reducing sugar contents of alfalfa (Medicago sativa L.)." Acta physiologiae plantarum 34 (3): 1177-1186.

【12】 Huang, L. , L. Ding, et al. (2023): "Effects of simulated drought stress on the growth and physiological and biochemical parameters of Paspalum wettsteinii." Acta physiologiae plantarum 45 (6).

【13】 Inostroza, L. , S. Espinoza, et al. (2021): "Phenotypic Diversity and Productivity of Medicago sativa Subspecies from Drought-Prone Environments in Mediterranean Type Climates." Plants (Basel) 10 (5).

【14】 Jampoh, E. A. , E. Sáfrán, et al. (2023): "Morpho-Anatomical, Physiological and Biochemical Adjustments in Response to Heat and Drought Co-Stress in Winter Barley." Plants (Basel) 12 (22): 3907.

【15】 Janero, D. R. (1990): "Malondialdehyde and thiobarbituric acid-reactivity as diagnostic indices of lipid peroxidation and peroxidative tissue injury." Free Radical Biology and Medicine 9 (6): 515-540.

【16】 Kang, Y. , A. Seminario, et al. (2023): "Physiological and biochemical adaptive traits support the specific breeding of alfalfa (Medicago sativa) for severely drought-stressed or moisture-favourable environments." Journal of Agronomy and Crop Science 209 (1): 132-143.

【17】 Liao, B., H. Liu, et al. (2005): "Complex toxic effects of Cd2+, Zn2+, and acid rain on growth of kidney bean (Phaseolus vulgaris L)." Environment International 31 (6): 891-895.

【18】 Lipiec, J. , C. Doussan, et al. (2013): "Effect of drought and heat stresses on plant growth and yield: a review." International Agrophysics 27 (4): 463-477.

【19】 Loreto, F. , V. Velikova (2001): "Isoprene Produced by Leaves Protects the Photosynthetic Apparatus against Ozone Damage, Quenches Ozone Products, and Reduces Lipid Peroxidation of Cellular Membranes." Plant PhysiologyPlant Physiology 127 (4): 1781-1787.

【20】 Luo, D. , J. Liu, et al. (2022): "NUCLEAR TRANSPORT FACTOR 2-LIKE improves drought tolerance by modulating leaf water loss in alfalfa (Medicago sativa L.)." The Plant journal : for cell and molecular biology 112 (2): 429-450.

【21】 Mouradi, M., A. Bouizgaren, et al. (2016): "Seed osmopriming improves plant growth, nodulation, chlorophyll fluorescence and nutrient uptake in alfalfa ( Medicago sativa L.) – rhizobia symbiosis under drought stress." Scientia Horticulturae 213: 232-242.

- Connell, E. (2017): "Towards Adaptation of Water Resource Systems to Climatic and Socio-Economic Change." Water resources management 31 (10): 2965-2984.

【22】 Ozden, M., U. Demirel, et al. (2009): "Effects of proline on antioxidant system in leaves of grapevine (Vitis vinifera L.) exposed to oxidative stress by H2O2." Scientia Horticulturae 119 (2): 163-168.

【23】 Penella, C. , S. G. Nebauer, et al. (2014): "Rootstock alleviates PEG-induced water stress in grafted pepper seedlings: Physiological responses." Journal of Plant Physiology 171 (10): 842-851.

【24】 Prince, S. , M. R. Anower, et al. (2022): "Intraspecific Variation for Leaf Physiological and Root Morphological Adaptation to Drought Stress in Alfalfa ( Medicago sativa L.)." Frontiers in plant science 13: 795011-795011.

【25】 Sun, S. , W. Ma, et al. (2023): "Analysis of MsTERT Gene Expression Profile in Alfalfa (Medicago sativa) Indicates Their Response to Abiotic Stress and Seed Aging." Plants (Basel) 12 (10).

【26】 Tani, E. , E. Chronopoulou, et al. (2019): "Growth, Physiological, Biochemical, and Transcriptional Responses to Drought Stress in Seedlings of Medicago sativa L., Medicago arborea L. and Their Hybrid (Alborea)." Agronomy 9 (1): 38.

【27】 Tavakol, E. , H. Pakniyat (2007): "Evaluation of some drought resistance criteria at seedling stage in wheat (Triticum aestivum L.) cultivars." Pakistan journal of biological sciences 10 (7): 1113.

【28】 Valliyodan, B. , H. T. Nguyen (2006): "Understanding regulatory networks and engineering for enhanced drought tolerance in plants." Current Opinion in Plant Biology 9 (2): 189-195.

【29】 Wang, L. , Z. Jian, et al. (2023): "Combined physiological responses and differential expression of drought-responsive genes preliminarily explain the drought resistance mechanism of Lotus corniculatus." Functional Plant Biology 50 (1): 46-57.

【30】 Waseem, M. , P. Liu, et al. (2023): "Editorial: Salinity and drought stress in plants: understanding physiological, biochemical and molecular responses." Frontiers in Plant Science 14.
【31】 Wei, F. , J. Shi, et al. (2024): "Comprehensive evaluation of resistance of different strawberry varieties to Xanthomonas fragariae." Scientia Horticulturae 325: 112647.
【32】 Wu, F. , W. Bao, et al. (2008): "Effects of drought stress and N supply on the growth, biomass partitioning and water-use efficiency of Sophora davidii seedlings." Environmental and Experimental Botany 63 (1-3): 248-255.
【33】 Xu, J. , M. Cai, et al. (2022): "Physiological, biochemical and metabolomic mechanisms of mitigation of drought stress-induced tobacco growth inhibition by spermidine." Industrial Crops and Products 181: 114844.
【34】 Xu, W. , K. Cui, et al. (2015): "Drought stress condition increases root to shoot ratio via alteration of carbohydrate partitioning and enzymatic activity in rice seedlings." Acta physiologiae plantarum 37 (2): 1.
【35】 Zhang, C. , S. Shi, et al. (2018): "Physiological and biochemical changes in different drought-tolerant alfalfa (Medicago sativa L.) varieties under PEG-induced drought stress." Acta Physiologiae Plantarum 40 (2).
【36】 Zhang, X. , J. Wang, et al. (2022): "Morphological and physiological responses of Dianthus spiculifolius high wax mutant to low-temperature stress." Journal of Plant Physiology 275: 153762.
【37】 Zhao, X. , L. J. Huang, et al. (2022): "Transcriptomic and Metabolomic Analyses Reveal Key Metabolites, Pathways and Candidate Genes in Sophora davidii (Franch.) Skeels Seedlings Under Drought Stress." Front Plant Sci 13: 785702.

# 基于可见光影像的木里矿区排土场植被覆盖度提取研究

把熠晨，李希来*，王克钰，柴瑜，高佩，
（青海大学农牧学院，青海 西宁 810016）

**摘要：**为了快速准确提取木里矿区排土场植被覆盖度，本文基于无人机可见光影像，选择过绿指数、过绿减过红指数、可见光波段差异植被指数、归一化绿红差异指数，利用植被指数时序图交点法和样本统计法相结合的方法进行阈值分割，提取植被覆盖度，并对提取结果精度进行验证。结果表明：可见光植被指数 VDVI 的提取精度最高，达到 95.83%，Kappa 系数为 0.92。由此可见，利用可见光植被指数 VDVI 与植被指数时序图交点法和样本统计法相结合的方法适用于提取木里矿区排土场的植被覆盖度，且精度较高。研究结果可为高寒矿区排土场植被重建区覆盖度的精确提取提供一定的参考。

**关键词：**可见光影像；木里矿区；植被覆盖度；植被指数

植被覆盖度(fractional vegetation cover, FVC)是指植被（包括枝、茎、叶）的垂直投影面积与土壤总面积之间的比例，是描述地表植被分布的指标[1]。当前，常用的植被覆盖度监测方法有实地测量法和遥感影像提取法[2-3]。然而，实地测量法会耗费大量成本和时间，并且难以在大范围内展开监测。无人机作为一种新兴手段，具有机动灵活、影像分辨率高、成本低廉等优点，适用于区域性尺度的高精度植被覆盖度提取。在使用无人机影像开展植被覆盖度的研究中，汪小钦等[4]构建了可见光波段差异植被指数（visible-band difference vegetation index, VDVI），与其他可见光植被指数相比，VDVI 对健康绿色植被信息的提取精度更高。陈向东等[5]采用植被指数阈值法与直方图相结合的方法，提取夏季玉米四个生长期的植被覆盖度，发现过绿指数（excessgreen, EXG）的提取效果最佳。于惠等[6]采用监督分类与植被指数直方图相结合的阈值法提取植被信息，发现归一化绿红差异指数（normalized green-red difference index, NGRDI）对荒漠草地植被覆盖度的提取效果最好。

目前，基于可见光植被指数对植被覆盖度提取的研究主要集中在植物种类丰富且长势较好的中低海拔地区，对高海拔地区的研究相对较少。青海木里矿区海拔高，生态环境恶劣，植被恢复缓慢，因此，人工干预是一种有效的生态修复方法。目前，木里矿区主要采用渣土、有机肥和羊板粪等材料重构土壤，提高保水、固土和保肥能力，同时利用人工种草等手段加速矿区生态环境的修复[7]。植被覆盖度作为评价高寒矿区人工建植植被生长状况的重要指标[8]，对评价矿区排土场植被重建区的恢复效果具有重要意义。因此，本研究以青海木里矿区排土场植被重建区为研究对象，选择 4 种可见光植被指数，采用植被指数时序图交点法和样本统计法相结合的方法确定阈值，提取植被覆盖度，并对提取效果的精度进行评价，从而验证可见光植被指数与阈值确定法在高寒矿区排土场植被覆盖度监测中的适用性，以期为高寒矿区排土场植被重建区覆盖度的精确提取提供一定的借鉴。

## 1 材料与方法

### 1.1 研究区概况

研究地点位于青海省海北藏族自治州刚察县木里矿区东部的江仓矿区五号井（99°27′E~99°35′E，38°02′N~38°03′N），海拔 3 800～4 200m，属于高原草甸低位沼泽地，地势起伏不大，构成木里断陷盆地的一部分，盆地两侧的山脉走向大致呈北西西向延伸。井田地势中部为北西西向的山梁，两侧逐步低洼，北侧直至娘姆吞河，南侧到江仓河地势较为平坦。年平均气温-2.8℃，最低气温-35.6℃，最高气温 19.8℃，气候严寒。由于长时间、大规模露天开采煤矿，矿区堆放了两座由岩石、煤矸石与冻土等构成面积约 $130\times10^4$ m$^3$ 的排土场，草地生态被严重破坏。从 2020 年开始对排土场地貌进行重构，以保证边坡稳定。2021 年利用机械配合人工的方式将 2505m$^3$ · hm$^{-2}$ 渣土与 495m$^3$ · hm$^{-2}$ 羊板粪充分混合形成厚度大于 30 cm 的改良土，再分别将 2 000、1 500 kg 颗粒有机肥均匀铺设至坡地与平地改良土表面，浅翻 5 cm，形成种草绿面，为种草复绿创造条件。人工种植的草种主要有同德短芒披碱草(*Elymus breviaristatus Keng cv.*Tongde)、青海草地早熟禾(*Poa Pratensis cv.*Qinghai)、青海冷地早熟禾(*Poa crymophila cv.*Qinghai)和青海中华羊茅(*Festuca sinersis Keng cv.*Qinghai)，分别于 2021 年 5 月将播种比例(1:1:1:1)的草种混合撒播，排土场坡地播种量为 240kg · hm$^{-2}$，平地播种量为 180kg · hm$^{-2}$，播种后用无纺布覆盖。

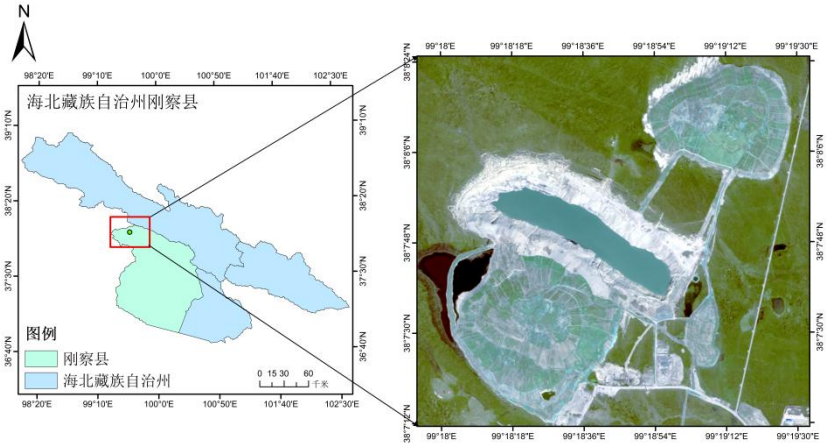



图 1 研究区概况

Fig.1 Overview of the study area

### 1.2 航拍影像的获取

本研究使用 Phantom4 RTK 无人机，无人机搭载 1 英寸有效像素 2000 万的 CMOS 传感器，影像包含红、绿、蓝三个波段。于 2021 年 9 月选择晴朗无风、云量较少的天气拍摄，以减少天气对影像质量产生的影响，飞行高度 160 m，属于低空拍摄，相机镜头垂直向下，航向重叠率为 80%，旁向重叠率为 70%，运用软件自动规划航线覆盖整个研究区。共采集 641 张可见光照片，每张照片对应的实地面积为 3.3 hm²，通过重叠区域排除的计算后，总拍摄面积与研究区域面积相符。利用 Pix4Dmapper 软件对获取的无人机影像进行拼接处理，生成正射影像图，空间分辨率可达 4.5 cm。

### 1.3 可见光植被指数

可见光植被指数利用多个波长范围内的地物反射率实行波段组合计算，突出植被的某一特征来强化植被信息，抑制非植被信息，从而达到将植被与非植被分离的目的[9]。目前遥感领域常用的可见光植被指数包括过绿指数[10]、过绿减过红指数(excess green-excess red, EXG-EXR)[11]、可见光波段差异植被指数[4]及归一化绿红差异指数[12]，利用 ENVI5.3 软件的波段运算工具计算可见光植被指数，计算方式如式（1）~（4）所示：

$$EXG = 2 \times G - R - B \quad (1)$$

$$EXG - EXR = 3 \times G - 2.4 \times R - B \quad (2)$$

$$VDVI = \frac{2 \times G - R - B}{2 \times G + R + B} \quad (3)$$

$$NGRDI = \frac{G - R}{G + R} \quad (4)$$

式中：G、R、B 分别表示红、绿、蓝 3 个可见光波段的反射率。

### 1.4 植被覆盖度提取及精度评价

目前，可见光植被覆盖度的提取方法主要包括样本统计法[16]、双峰直方图法[17]、指数时序图交点法[18]和 Otsu 法[19]等。经研究发现，植被指数时序图交点法和样本统计法相结合的方法对植被覆盖度提取效果较好，因此本研究使用该方法提取植被覆盖度。在研究区影像中，采用目视判别的方法选取植被和非植被各 50 个样点，绘制其各自的植被指数统计直方图，将植被与非植被统计直方图曲线交点处作为分割阈值，利用阈值提取矿区排土场的植被覆盖度。

由于无人机影像具有高精度的特点，目前以监督分类支持向量机（SVM）提取结果作为真实值，在植被覆盖度提取精度评价方面取得了良好的效果[15]。本研究以混淆矩阵精度高于 98%、Kappa 系数高于 0.95 的监督分类结果作为植被提取精度评价的参考值，利用混淆矩阵对各植被指数提取的植被覆盖度结果进行精度评价。

根据阈值法提取的植被覆盖度，大于阈值的像元作为植被像元，小于阈值的像元作为非植被像元。将提取的植被与非植被像元运用式(5)计算植被覆盖度。

$$FVC = \frac{N_{veg}}{N_{veg} + N_{n-veg}} \quad (5)$$

式中：$N_{veg}$ 表示植被像元个数，$N_{n-veg}$ 表示非植被像元个数。

## 2 结果与分析

### 2.1 可见光植被指数计算

为了快速提取排土场的植被信息，首先对植被的光谱特征进行分析，健康绿色植被在绿光波段呈较强的反射

作用，在蓝光和红光波段呈吸收作用。为了统计各典型地物的光谱信息，利用高分辨率影像容易目视识别的特点，对各典型地物的选择 100 个样点，统计在红、绿、蓝波段上的像元特征值，分析各典型地物在不同波段的像元值差异和像元波段范围。统计结果如表 1 所示，植被的像元值呈绿波段>红波段>蓝波段，符合健康绿色植被的光谱特性。裸地的像元值同样呈绿波段>红波段>蓝波段，在红光和蓝光波段，裸地与植被像元值有轻微重合，但基本可以忽略；在绿光波段，裸地与植被像元值出现较大重合，表明裸地与植被在绿光波段容易发生混淆从而造成误提、漏提现象，因此在运用植被指数提取植被覆盖度时，应优先考虑综合利用可见光 3 个波段的植被指数，只采用蓝光波段与红光波段构建的可见光植被指数提取植被信息可能导致效果不佳。

**表 1 典型地物在红、绿、蓝波段的像元统计特征值**

Tab.1The pixel statistical characteristic values of typical ground features in the red, green, and blue bands

| 地物类型 | 红波段 | | 绿波段 | | 蓝波段 | |
|---|---|---|---|---|---|---|
| | 均值 | 标准差 | 均值 | 标准差 | 均值 | 标准差 |
| 裸地 | 141.02 | 28.13 | 148.54 | 28.37 | 126.60 | 30.48 |
| 植被 | 97.26 | 26.15 | 120.53 | 27.87 | 69.92 | 24.85 |

利用（1）~（4）式计算各可见光植被指数，计算结果如图 2 所示。图 2 中，各植被指数分布图越亮的区域代表植被指数越大，越暗的区域代表植被指数越小。其中 EXG、EXG-EXR 和 VDVI 的植被与非植被区域有明显的灰度值差异，植被区域显示为亮白色，非植被区域显示为暗黑色。而 NGRDI 部分植被和裸地灰度值较为接近，容易发生混淆，造成误提。

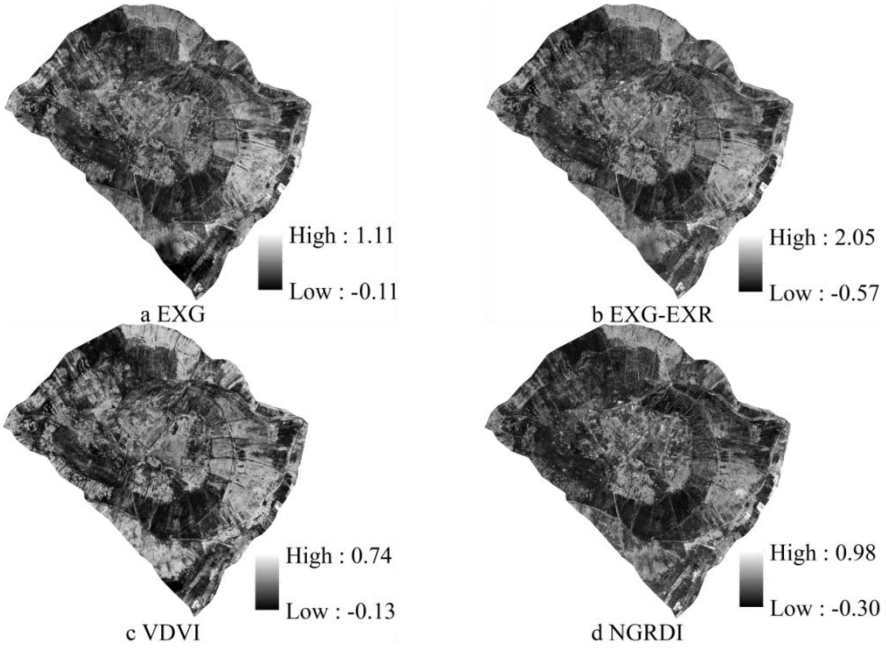



**图 2 各植被指数分布图**

Fig.2 Distribution map of vegetation index

为了更好地对比几种可见光植被指数，在各植被指数分布图中，对典型地物分别选取 100 个样点，统计典型地物在各可见光植被指数中的像元值差异和像元波段范围，统计结果见表 2。通过表 2 可知，EXG、EXG-EXR 和 VDVI 植被与裸地的均值均存在明显差异，无交叉现象，这表明可以较好地将植被与裸地进行区分。NGRDI 植被与裸地的均值则出现明显交叉现象，容易造成植被与裸地的混淆，不利于植被信息的提取，这说明仅由蓝光波段与红光波段构建的植被指数对矿区排土场植被信息提取效果不佳。通过对比不同可见光植被指数分布图中各典型地物的像元特征，初步判断相较于 NGRDI，EXG、EXG-EXR 和 VDVI 更适用于提取植被信息。

**表 2 EXG、EXG-EXR、VDVI 和 NGRDI 的像元统计特征值**

Tab.2 Pixel statistical eigenvalues of EXG, EXG-EXR, VDVI, and NGRDI

| 地物类型 | EXG | | EXG-EXR | | VDVI | | NGRDI | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| | 均值 | 标准差 | 均值 | 标准差 | 均值 | 标准差 | 均值 | 标准差 |
| 裸地 | 0.12 | 0.05 | -0.08 | 0.11 | 0.06 | 0.03 | 0.03 | 0.05 |
| 植被 | 0.25 | 0.09 | 0.14 | 0.17 | 0.16 | 0.05 | 0.06 | 0.08 |

## 2.2 植被信息提取与精度评价

图 3 为各指数植被与非植被统计直方图。由图 3 可知，EXG 的交点值为 0.113539，EXG-EXR 的交点值为 -0.053345，VDVI 和 NGRDI 的交点值分别为 0.053965、0.021514。直方图以植被指数 DN 值为横坐标，总像元个数为纵坐标，交点值越大，DN 值越大，则该植被指数分布图下交点的亮度越高。因此植被指数 EXG 交点处的 DN 值最大，亮度最高，VDVI 其次，EXG-EXR 交点处的 DN 值最小，亮度最低。

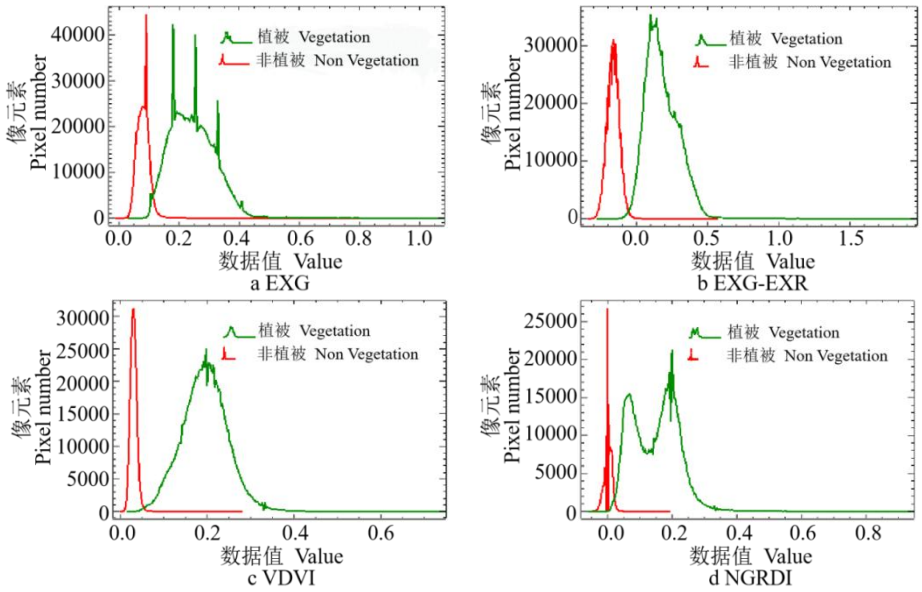



**图 3 各指数植被与非植被统计直方图**

Fig.3 Statistical histogram of vegetation indices and non vegetation indices

利用上述阈值提取植被覆盖度，提取结果如图4所示。为评价提取效果，通过野外实地调查与目视判读方法，在无人机可见光影像上分别选取130个植被与非植被区域，进行支持向量机（SVM）监督分类，监督分类结果如图4a所示。运用混淆矩阵对监督分类结果进行精度验证，总体分类精度为98.43%，Kappa系数为0.97。由验证结果可知，监督分类提取植被信息的精度较高，可以作为植被提取精度评价的参考值。对各植被指数提取结果进行精度评价，评价结果如表3所示。结合图4a与表3可知，NGRDI提取结果总正确率最低，仅对高植被覆盖区的植被信息提取效果好，在植被稀疏区和枯黄区出现与裸地错分现象，这表明仅由红光波段和绿光波段构建的植被指数在排土场植被信息提取方面表现较差。EXG提取结果总正确率较高，但在植被稀疏区出现了少量裸地与植被错分现象。而VDVI对于植被提取结果总正确率最高，植被与非植被交界处细节清晰，且与监督分类真实值最为接近，更适用于提取矿区排土场植被信息。

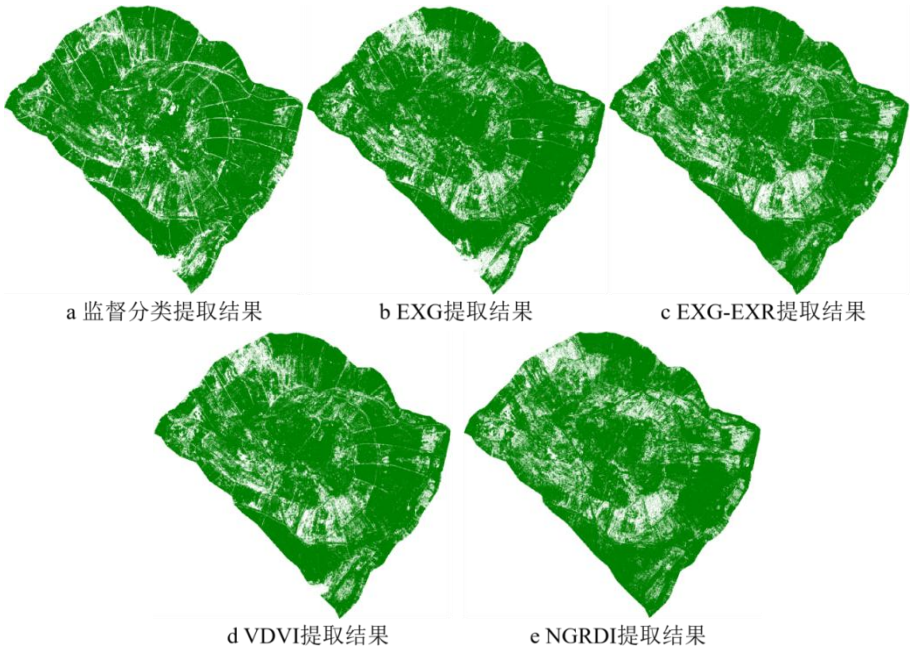



**图 4 不同植被指数的植被覆盖度提取结果**

Fig.4 Extraction results of vegetation coverage with different vegetation indices

**表 3 各植被指数提取精度评价**

Tab.3 Evaluation of extraction accuracy for various vegetation indices

| 植被指数 | 正确率/% | | | Kappa 系数 |
|---|---|---|---|---|
| | 植被 | 非植被 | 总正确率 | |
| EXG | 88.08 | 96.67 | 92.11 | 0.84 |
| EXG-EXR | 83.11 | 98.80 | 90.46 | 0.81 |
| VDVI | 92.64 | 99.45 | 95.83 | 0.92 |
| NGRDI | 74.35 | 81.02 | 77.48 | 0.55 |

### 2.3 植被覆盖度计算

植被与非植被像元数统计结果如表4所示。运用式(5)进行计算可得，EXG、EXG-EXR、VDVI、NGRDI和监督分类的植被覆盖度分别为81.10%、78.10%、81.65%、79.31%、81.45%。结果表明，各植被指数提取的植被覆盖度与监督分类真实值较为接近，其中VDVI最为接近，植被覆盖度的提取最为准确。

**表 4 植被与非植被像元数统计结果**

Tab.4 Statistics of vegetation and non-vegetation pixel counts

| 类型 | EXG | EXG-EXR | VDVI | NGRDI | 监督分类 |
|---|---|---|---|---|---|
| 非植被 | 47686486 | 55233864 | 46296083 | 52191349 | 46794452 |
| 植被 | 204563963 | 197015696 | 205954112 | 200058055 | 205455927 |

### 2.4 方法验证

为验证植被覆盖度提取方法的适用性与可靠性，本研究对同一时间段拍摄的研究区部分影像，利用上述提取方法提取植被覆盖度，以监督分类真实值为基准，对各植被指数的提取结果进行精度评价，评价结果如表 5 所示。由表 5 可知，相较于其他植被指数，VDVI 的提取精度最高，总正确率可达到 97.33%，Kappa 系数为 0.95。

**表 5 验证试验各植被指数提取精度评价**

Tab.5Accuracy assessment of various vegetation indices in validation experiment

| 植被指数 | 总正确率/% | Kappa 系数 |
|---|---|---|
| EXG | 94.05 | 0.88 |
| EXG-EXR | 92.38 | 0.84 |
| VDVI | 97.33 | 0.95 |
| NGRDI | 80.55 | 0.62 |

植被与非植被像元数统计如表 6 所示。运用式(5)进行计算可得，EXG、EXG-EXR、VDVI、NGRDI 和监督分类的植被覆盖度分别为 81.43%、78.77%、81.96%、80.65%和 82.35%，VDVI 的植被覆盖度提取结果与监督分类真实值最为接近。以上验证结果表明，采用时序图交点法与样本统计法相结合的方法选取植被指数 VDVI 可用于提取高寒矿区排土场重建区的植被覆盖度，且精度较高。

**表 6 验证试验植被与非植被像元数统计结果**

Tab.4 Statistics of vegetation and non-vegetation pixel counts in validation experiment

| 类型 | EXG | EXG-EXR | VDVI | NGRDI | 监督分类 |
|---|---|---|---|---|---|
| 非植被 | 4424658 | 5058453 | 4298375 | 4610507 | 4205450 |
| 植被 | 19402254 | 18768459 | 19528537 | 19216405 | 19621462 |

## 3 讨论

与传统的实地调查法相比，无人机具有低成本、高精度、监测范围广、灵活易操作等优点，利用无人机所获取的高分辨影像提取植被覆盖度（FVC）可以节省大量时间和成本。目前利用无人机提取植被覆盖度的研究主要应用于低海拔平坦区域，对于高寒矿区的研究相对较少。从现有的研究结果来看，可见光植被指数在不同地区和不同环境的适宜程度不同。于惠等[6]的研究结果表明，石羊河流域 NGRDI 荒漠植被覆盖度估算方法的精度要优于其他可见光植被指数。另外，有研究表明 VDVI 能更好地区分沙坡头地区荒漠植被与非植被。本研究结果显示，可见光植被指数可用于高寒矿区排土场植被重建区，且结合阈值确定方法对植被覆盖度的提取具有较高精度，从而证明了该方法的可行性。通过对比 4 种可见光植被指数的提取效果，发现 VDVI 在高寒矿区排土场植被覆盖度的提取中表现最佳。这一结果与其他学者在矿区生态修复后应用无人机提取植被覆盖度时选择的最优可见光植被指数一致[13-14]。

本文基于无人机可见光影像，采用植被指数时序图交点法和样本统计法相结合的方法确定阈值，计算可见光植被指数 EXG、EXG-EXR、VDVI、NGRDI，提取矿区排土场植被覆盖度，并得到以下结论：（1）相较于 EXG、EXG-EXR 和 NGRDI，植被指数 VDVI 的提取精度最高，总体正确率达到 95.83%，Kappa 系数为 0.92，VDVI 与监督分类提取的真实值最为接近。（2）以红光波段和绿光波段构建的植被指数 NGRDI 在提取结果中存在大量植被与裸地像元特征值重叠现象，导致植被与裸地混淆，造成提取误差，因此，NGRDI 不适用于矿区排土场植被覆盖度的提取。

**参考文献：**


[1] 陈平男, 王瑞燕, 刘洪义, 等. 基于卫星-无人机遥感数据的麦田植被覆盖度估算[J]. 河南科技学院学报(自然科学版), 2022, 50(4): 79-84.
[2] 万红梅, 李霞, 董道瑞. 基于多源遥感数据的荒漠植被覆盖度估测[J]. 应用生态学报, 2012, 23(12): 3331-3337.
[3] 杨琴, 蒲红梅, 赵学春, 等. 3 种人工草地不同植被覆盖度实地测量方法比较[J]. 应用与环境生物学报, 2021, 27(1): 220-227.
[4] 汪小钦, 王苗苗, 王绍强, 等. 基于可见光波段无人机遥感的植被信息提取[J]. 农业工程学报, 2015, 31(5): 152-157, 159, 158.
[5] 陈向东, 邓江洪. 基于可见光影像的夏季玉米植被覆盖度提取方法研究[J]. 实验技术与管理, 2019, 36(12): 131-136.
[6] 于惠, 吴玉锋, 牛莉婷. 基于无人机可见光图像的荒漠草地覆盖度估算[J]. 草业科学, 2021, 38(8): 1432-1438.
[7] 王佟, 蔡杏兰, 李飞, 等. 高原高寒矿区生态地质层修复中的土壤层构建与成分变化差异[J]. 煤炭学报, 2022, 47(6): 2407-2419.
[8] 刘德玉. 青海省木里煤田江仓矿区地质生态环境风险评价[D]. 北京：中国地质科学院, 2013: 42-43.
[9] 周涛, 胡振琪, 韩佳政, 等. 基于无人机可见光影像的绿色植被提取[J]. 中国环境科学, 2021, 41(5): 2380-2390.
[10] WOEBBECKE D M, MEYER G E, VON BARGEN K, et al. Color indices for weed identification under various soil, residue, and lighting conditions[J]. Transactions of the ASAE, 1995, 38(1): 259-269.
[11] HUNT E R, CAVIGELLI M, DAUGHTRY C S T, et al. Evaluation of digital photography from model aircraft for remote sensing of crop biomass and nitrogen status[J]. Precision Agriculture, 2005, 6(4): 359-378.
[12] GITELSON A A, KAUFMAN Y J, STARK R, et al. Novel algorithms for remote estimation of vegetation fraction[J]. Remote Sensing of Environment, 2002, 80(1): 76-87.
[13] 徐云飞, 张世文, 夏可, 等. 无人机复垦区植被覆盖度提取方法优选[J]. 安徽理工大学学报(自然科学版), 2021, 41(3): 49-57.
[14] 李鹏飞, 郭小平, 顾清敏, 等. 基于可见光植被指数的乌海市矿山排土场坡面植被覆盖信息提取研究[J]. 北京林业大学学报, 2020, 42(6): 102-112.
[15] 韩文霆, 张立元, 张海鑫, 等. 基于无人机遥感与面向对象法的田间渠系分布信息提取[J]. 农业机械学报, 2017, 48(3): 205-214.
[16] 田振坤, 傅莺莺, 刘素红, 等. 基于无人机低空遥感的农作物快速分类方法[J]. 农业工程学报, 2013, 29(7): 109-116, 295.
[17] 梁华为. 直接从双峰直方图确定二值化阈值[J]. 模式识别与人工智能, 2002, 15(2): 253-256.
[18] 李冰, 刘镕源, 刘素红, 等. 基于低空无人机遥感的冬小麦覆盖度变化监测[J]. 农业工程学报, 2012, 28(13): 160-165.
[19] Otsu N. A threshold selection method from gray-level histograms[J]. IEEE Transactions on Systems, Man, and Cybernetics, 1979, 9(1): 62－66.

# 皮燕麦籽粒颜色对籽粒营养的影响

胡泽龙，梁国玲*，刘文辉，琚泽亮，李文

（1.青海大学（青海省）畜牧兽医科学院，青海 西宁 810016；2.青海省青藏高原优良牧草种质资源利用重点实验室，青海 西宁 810016）

**摘要：**为明确不同粒色皮燕麦籽粒的营养特性，本研究选择 8 个不同粒色的皮燕麦品种，分别对其籽粒内总酚、类黄酮、花色苷、β-葡聚糖、氨基酸、可溶性蛋白、维生素 E、锰和锌含量进行测定分析。结果表明：黑色籽粒燕麦的总酚、类黄酮、花色苷、维生素 E 和锰含量分别较黄色籽粒燕麦高 22.97%、52.51%、24.59%、16.17%和 16.45%，而β-葡聚糖含量较黄色籽粒燕麦低 25.05%。随着燕麦籽粒颜色灰色度值的降低和色差值的增加籽粒中的多酚类化合物和锰含量显著增加，反之则籽粒中的β-葡聚糖含量显著增加（P＜0.05）。研究结果有助于更好的了解与利用不同粒色皮燕麦品种营养品质与特性，并为皮燕麦籽粒加工利用提供参考。

**关键词：**籽粒颜色；皮燕麦；籽粒营养；黄色燕麦；黑色燕麦

# Effect of grain color on grain nutrition of oats

HU Zelong，LIANG Guoling*，LIU Wenhui，JU Zeliang，LI Wen

(1. College of Animal Husbandry and Veterinary Medicine, Qinghai University (Qinghai Province), Qinghai, Xining 810016，China；2. Key Laboratory of Superior Forage Germplasm in the Qinghai-Tibetan Plateau, Qinghai, Xining 810016，China）

**Abstract:** Eight covered oats with different grain color were selected to study the nutritional characteristics of covered oats with different grain color, the contents of total phenolics, flavonoids, anthocyanins, β-glucan, amino acids, soluble protein, vitamin E, manganese and zinc were determined and analyzed. The contents of total phenolics, flavonoids, anthocyanins, vitamin E and manganese in black oats were 22.97%, 52.51%, 24.59%, 16.17% and 16.45% higher than those in yellow oats, respectively, the content of β-glucan was 25.05% lower than that of yellow oat. The content of polyphenols and manganese in oat grain increased significantly with the decrease of gray value and the increase of color difference value, On the contrary, β-glucan content in grains increased significantly（P＜0.05）. The results are helpful to understand and utilize the nutritional quality and characteristics of covered oats with different grain color, and provide reference for processing and utilization of covered oats grain.

**Key words:** Seed color; Covered Oat; Grain Nutrition; Yellow Oat; Black Oat

基金项目： 草种创新及其在草地农业系统中的作用（2023-NK-147）；国家牧草产业技术体系海北综合试验站（CARS-34）；
作者简介： 胡泽龙 (1998-)，男，汉族，江西新余人，在读硕士生，主要从事牧草栽培育种方面的研究，E-mail: 2452234055@qq.com；
*梁国玲 Author for correspondence，E-mail: qhliangguoling@163.com；

燕麦（*Avena sativa*）是世界上重要谷物之一，具有重要的经济和营养价值，是科研工作者重要的研究对象和研究热点[1]。燕麦籽粒富含高可溶性蛋白、有益氨基酸、膳食纤维、油脂以及β-葡聚糖和微量元素等[2]；同时，燕麦籽粒比其他谷物具有更高的抗氧化活性，尤其是籽粒内多酚类化合物等抗氧化物质含量丰富[3]，具有减缓衰老、预防慢性疾病等作用[4]。青藏高原是我国皮燕麦的主产区和优势产区，其独特的气候条件，极其有利于皮燕麦的生长和发育[5]，进而影响其籽粒营养成分含量[6]。目前关于籽粒颜色与营养成分间的关系研究也较多，在小麦（*Triticum aestivum*）[7-8]、水稻（*Oryza sativa*）[9]等不同粒色的谷物显示出的粒色与籽粒营养成分的强相关性，皮燕麦籽粒颜色是区分品种的重要农艺性状，也是评估燕麦籽粒营养品质的关键指标[10-12]；其籽粒颜色主要有白色、黄色、褐色、灰色和黑色，其中以黄色和黑色为主[13-14]。Mónika Varga 等[15]对黑色籽粒燕麦、黄色籽粒燕麦和红色籽粒燕麦的抗氧化能力比较发现黑色籽粒燕麦的抗氧化能力几乎是黄色籽粒燕麦的两倍，而黄色籽粒和红色籽粒之间没有显著差异；Brindzová L 等[16]在基于 ABTS 和 DPPH 的抗氧化活性测试中发现，黑色籽粒皮燕麦的抗氧化活性显著高于黄色籽粒皮燕麦和裸燕麦。但关于不同皮燕麦粒色与籽粒营养特性间的关系尚不明晰。因此，本研究选取在青海省广泛推广应用的 8 个皮燕麦品种，研究其籽粒内多酚类化合物（总酚、类黄酮、花色苷），重要营养成分（β-葡聚糖、氨基酸、可溶性蛋白）和微量营养素（维生素 E、锰、锌）含量，探讨不同粒色皮燕麦籽粒的营养特性，以更好地了解不同粒色皮燕麦的营养价值和保健功能，不仅对高寒地区皮燕麦种质资源合理选择和利用具有重要意义，也可为高寒地区皮燕麦育种、籽粒生产及利用等提供科学依据。

# 1.材料与方法

## 1.1 试验材料

供试材料为 4 个黄色籽粒品种：‘林纳’（*A.sativa* ‘LENA’）、 ‘青引 2 号’（*A.sativa* ‘QingyinNo.2’）、‘青海甜燕麦’（*A.sativa* ‘Qinghai’）、‘青燕 3 号’（*A.sativa* ‘QingyanNo.3’）；4 个黑色籽粒品种：‘青海 444’（*A.sativa* ‘Qinghai444’）、‘青燕 1 号’（*A.sativa* ‘QingyanNo.1’）、‘青燕 2 号’（*A.sativa* ‘QingyanNo.2’）、‘青燕 6 号’（*A.sativa* ‘QingyanNo.6’）。上述材料均由青海省畜牧兽医科学院草原研究所提供。

## 1.2 试验方法

总酚含量的测定参照 Folin－Ciocalteus 法[17] ，以没食子酸为标准品；锰和锌矿物元素含量的测定参照 GB 5009.268—2016《食品中多元素的测定》[18]；类黄酮、花色苷、β-葡聚糖、氨基酸、维生素 E 含量的测定使用陕西佰瑞斯生物科技有限公司试剂盒；可溶性蛋白含量测定使用苏州梦犀生物医药科技有限公司试剂盒。

籽粒颜色测定参照张毅等[19]方法并加以修改。使用体式显微镜扫描籽粒 RGB 值（R 红色、G 绿色、B 蓝色），通过 RGB 值计算 Y、U 值， Y 表示灰色度，值越大则越亮(白)，值越小越暗(黑)；U 表示色差(浓度)。根据公式（1）计算灰色度 Y；根据公式（2）计算色差 U。

$$Y=0.299R+0.587G+0.114B \quad （1）$$

$$U=-0.148R-0.291G+0.439B+128 \quad （2）$$

# 2.结果与分析

## 2.1 不同粒色皮燕麦籽粒色值差异分析

不同粒色 8 个皮燕麦品种籽粒的灰色度值方差分析表明，各品种间除‘林纳’与‘青引 2 号’、‘青海甜燕麦’与‘青燕 3 号’、‘青燕 1 号’与‘青燕 2 号’外，其他品种间均存在极显著差异（$P<0.01$）；不同粒色组间比较表明，黄色籽粒组与黑色籽粒组灰色度值存在极显著差异（图 1a，$P<0.01$），且黄色较黑色籽粒组平均高 83.34%。色差值方差分析表明，各品种间均存在极显著差异（$P<0.01$），其中‘青海 444’色差值最高；不同粒色组间比较表明，黑色籽粒组与黄色籽粒组色差值存在极显著差异（图 1b，$P<0.01$），且黑色较黄色籽粒组平均高 8.06%。

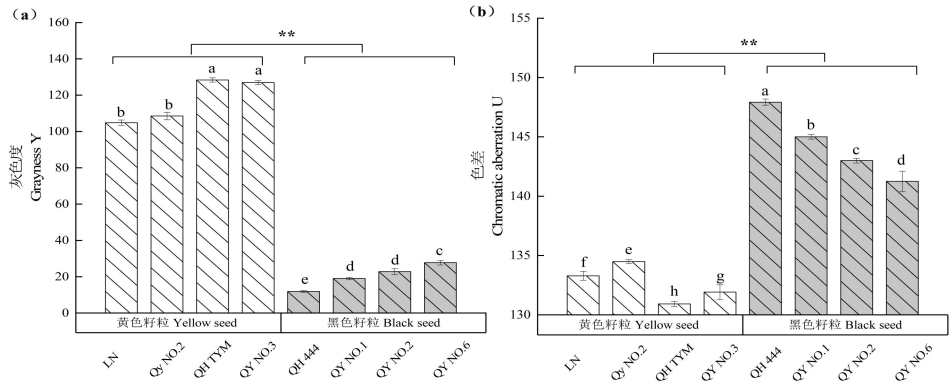



**图 1 不同粒色燕麦籽粒色值差异分析**

**Fig. 1 Difference analysis of grain color value of oat with different grain color**

注：LN 表示‘林纳’；Qy NO.2 表示‘青引 2 号’；QH TYM 表示‘青海甜燕麦’；QY NO.3 表示‘青燕 3 号’；QH 444 表示‘青海 444’；QY NO.1 表示‘青燕 1 号’；QY NO.2 表示‘青燕 2 号’；QY NO.6 表示‘青燕 6 号’；不同小写字母表示品种间差异显著（$P$< 0.05）；**表示差异极显著（$P$<0.01）。下同。

Note: LN means ‘LENA’; Qy NO.2 means ‘QingyinNo.2’; QH TYM means ‘Qinghai’; QY NO.3 means ‘QingyanNo.3’; QH 444 means ‘Qinghai444’; QY NO.1 means ‘QingyanNo.1’; QY NO.2 means ‘QingyanNo.2’; QY NO.6 means ‘QingyanNo.6’; Different lowercase letters indicate significant differences among varieties ($P$< 0.05);* * Indicates a significant difference ($P$< 0.01).The same below.

## 2.2 不同粒色皮燕麦籽粒多酚类化合物差异分析

不同粒色 8 个皮燕麦品种籽粒的总酚含量方差分析表明，各品种间除‘林纳’与‘青燕 1 号’外，其他品种间均存在极显著差异（$P$＜0.01）；不同粒色组间比较表明，黑色籽粒组与黄色籽粒组总酚含量存在极显著差异（图 2a，$P$＜0.01），且黑色较黄色籽粒组平均高 22.97%。类黄酮含量方差分析表明，各品种间除‘青引 2 号’、‘青海甜燕麦’与‘青燕 3 号’外均存在极显著差异（$P$＜0.01）；不同粒色组间比较表明，黑色籽粒组与黄色籽粒组类黄酮含量存在极显著差异（图 2b，$P$＜0.01），且黑色较黄色籽粒组平均高 52.51%。花色苷含量方差分析表明，各品种间除‘青引 2 号’、‘青燕 2 号’与‘青燕 6 号’外均存在极显著差异（$P$＜0.01）；不同粒色组间比较表明，黑色籽粒组与黄色籽粒组花色苷含量存在极显著差异（图 2c，$P$＜0.01），且黑色较黄色籽粒组平均高 24.59%。

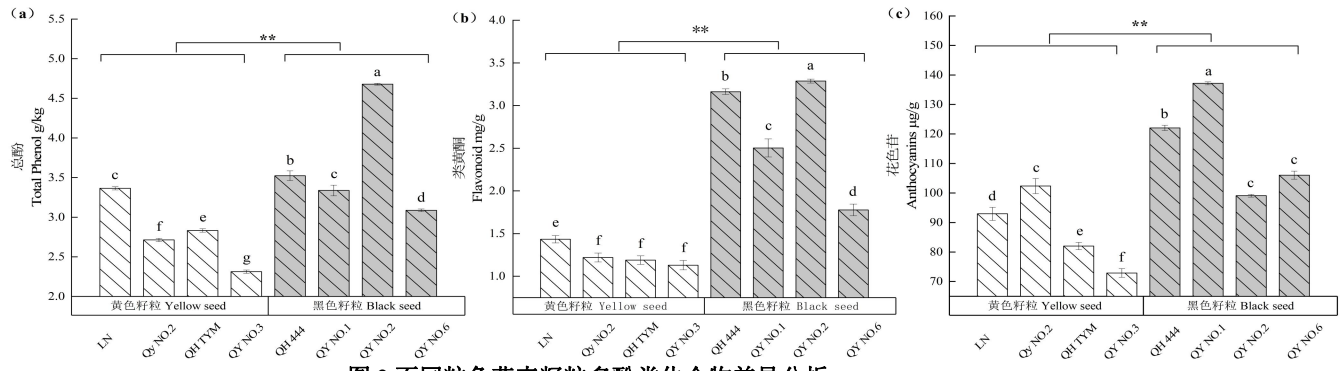



**图 2 不同粒色燕麦籽粒多酚类化合物差异分析**

**Fig. 2 Difference analysis of polyphenols in different color oats**

## 2.3 不同粒色皮燕麦籽粒重要营养成分差异分析

不同粒色 8 个皮燕麦品种籽粒的β-葡聚糖含量方差分析表明，各品种间除‘青海甜燕麦’、‘青燕 1 号’与‘青燕 6 号’外，其他品种间均存在极显著差异（$P$＜0.01）；不同粒色组间比较表明，黄色籽粒组与黑色籽粒组β-葡聚糖含量存在极显著差异（图 3a，$P$＜0.01），且黄色较黑色籽粒组平均高 25.05%。氨基酸含量方差分析表明，各品种间除‘林纳’与‘青燕 3 号’、‘青燕 1 号’与‘青燕 2 号’、‘青燕 2 号’与‘青引 2 号’外均存在极显著差异（$P$＜0.01）；不同粒色组间比较表明， 氨基酸含量在两组粒色间不存在显著差异（图 3b，$P$＞0. 05），为此，氨基酸含量不能作为粒色对燕麦营养特性影响的重要指标。可溶性蛋白含量方差分析表明，各品种间除‘青海甜燕麦’与‘青燕 6 号’、‘青引 2 号’、‘青燕 1 号’与‘青燕 2 号’外均存在极显著差异（$P$＜0.01）；不同粒色组间比较表明， 可溶性蛋白含量在两组粒色间不存在显著差异（图 3c，$P$＞0. 05），为此，可溶性蛋白含量不能作为粒色对燕麦营养特性影响的重要指标。

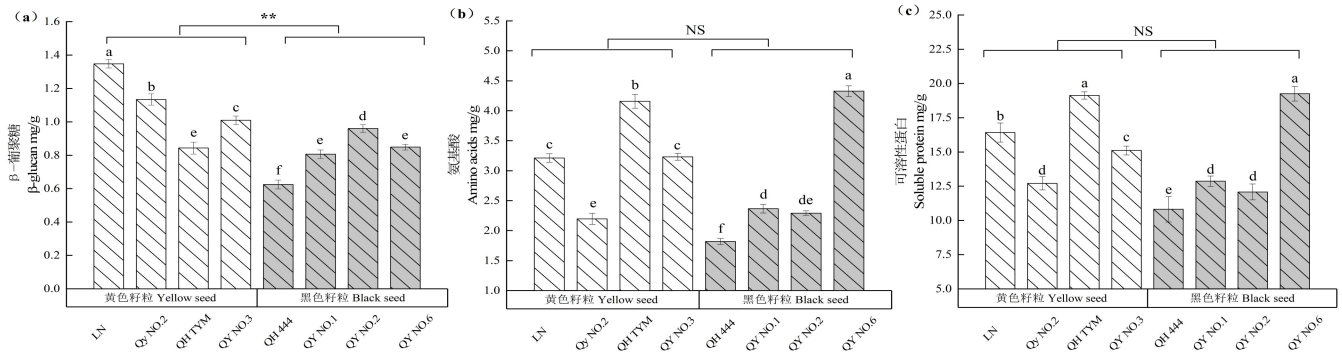



**图 3 不同粒色燕麦籽粒重要营养成分差异分析**

**Fig. 3 Analysis on the difference of important nutritional components in different grain color oats**

注：NS 表示差异不显著（*P*>0. 05）。下同。

Note: NS Indicates no significant difference（*P*>0. 05）.The same below.

## 2.4 不同粒色皮燕麦籽粒微量营养素含量差异分析

不同粒色 8 个皮燕麦品种籽粒的维生素 E 含量方差分析表明，各品种间除‘林纳’与‘青引 2 号’、‘青引 2 号’与‘青海甜燕麦’、‘青燕 3 号’、‘青海 444’与‘青燕 2 号’、‘青燕 3 号’、‘青燕 1 号’与‘青燕 2 号’外，其他品种间均存在极显著差异（$P<0.01$）；不同粒色组间比较表明，黑色籽粒组与黄色籽粒组维生素 E 含量存在极显著差异（图 4a，$P<0.01$），且黑色较黄色籽粒组平均高 16.17%。锰含量方差分析表明，各品种间除‘青海甜燕麦’与‘青燕 3 号’外均存在极显著差异（$P<0.01$）；不同粒色组间比较表明，黑色籽粒组与黄色籽粒组锰含量存在极显著差异（图 4b，$P<0.01$），且黑色较黄色籽粒组平均高 16.45%。锌含量方差分析表明，各品种间除‘林纳’与‘青燕 1 号’、‘青海甜燕麦’与 ‘青燕 3 号’、‘青海 444’与‘青燕 6 号’外均存在极显著差异（$P<0.01$）；不同粒色组间比较表明， 锌含量在两组粒色间不存在显著差异（图 4c，$P>0. 05$），为此，锌含量不能作为粒色对燕麦营养特性影响的重要指标。

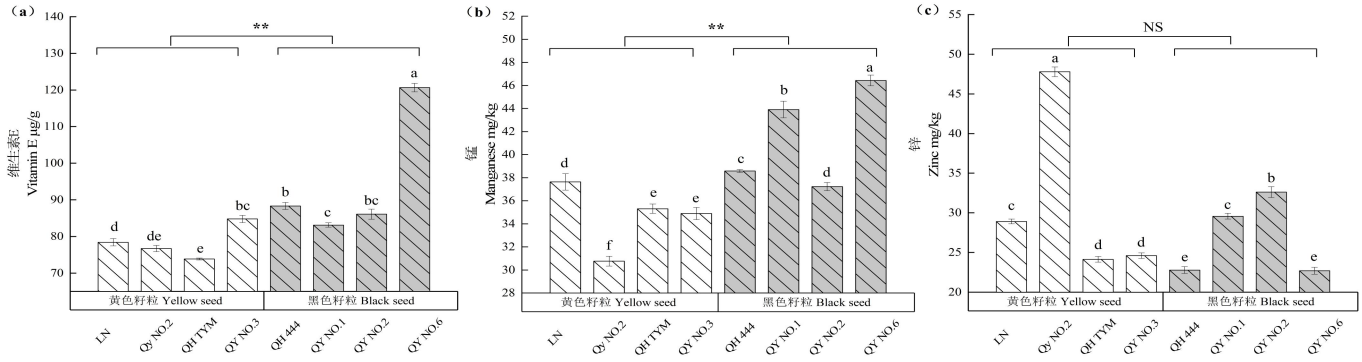



**图 4 不同粒色燕麦籽粒微量营养素差异分析**

**Fig. 4 Differences of vitamin E and micronutrient in oats with different grain colors**

## 2.5 皮燕麦籽粒颜色与营养成分间的关系

将 8 个不同粒色皮燕麦的籽粒营养成分含量与灰色度值和色差值进行相关性分析和线性回归分析表明，在 3 种多酚类化合物中，灰色度与多酚类化合物呈极显著负相关关系，色差与多酚类化合物呈极显著正相关关系（表 1，$P<0.01$）；随着燕麦籽粒颜色灰色度值的降低和色差值的增加，籽粒中 3 种多酚类化合物含量显著增加（图 5，$P<0.05$）。

**表 1 粒色与营养成分相关性分析**

**Table 1 correlation analysis of grain color and nutrient components**

| 籽粒颜色 Seed color | | 多酚类化合物 Polyphenols | | | 重要营养成分 Important nutrients | | | 微量营养素 Micronutrients | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| | | TP | FL | ACY | β-Gul | AA | SP | VE | Mn | Zn |
| 不同粒色组 Different color groups | Y | -0.674** | -0.881** | -0.769** | 0.586** | 0.391 | 0.432* | -0.523** | -0.689** | 0.2 |
| | U | 0.614** | 0.901** | 0.819** | -0.643** | -0.532** | -0.565** | 0.403 | 0.582** | -0.169 |

注：TP 表示总酚；FL 表示类黄酮；ACY 表示花色苷；Gul 表示β-葡聚糖； AA 表示氨基酸；SP 表示可溶性蛋白；VE 表示维生素 E；Mn 表示锰；Zn 表示锌；Y 表示灰色度；U 表示色差； *表示 *P*<0.05。下同。

Note: TP for total phenol; FL for flavonoid; ACY for anthocyanin; Gul for β-glucan; AA for amino acid; SP for Soluble protein; VE for vitamin E;

Mn for manganese; Zn for zinc; Y for Gray scale; and U indicates chromatic aberration; * indicates $P<0.05$. The same below.

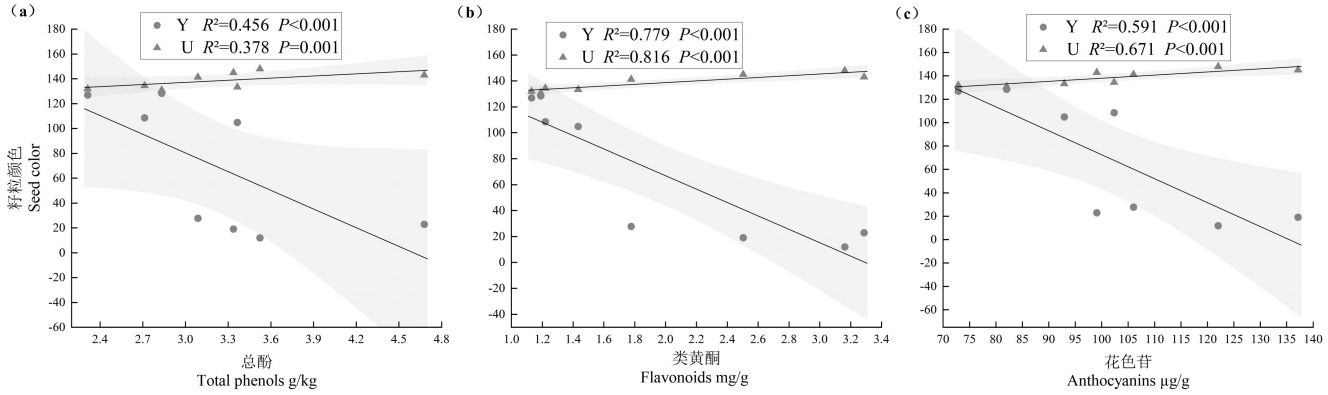



**图 5 粒色对燕麦籽粒多酚类化合物含量的影响**

**Fig. 5 Effect of grain color on content of polyphenols in oat grain**

注：浅灰色阴影区域是 95% 置信区间。下同。

Note: The light gray shaded area is the 95% confidence interval. The same below.

在 3 种重要营养成分中，灰色度除与氨基酸含量不存在显著相关关系外（$P>0.05$），与其他重要营养成分均存在显著（$P<0.05$）或极显著（$P<0.01$）正相关关系，色差与重要营养成分呈极显著负相关关系（表 1，$P<0.01$）；随着燕麦籽粒颜色灰色度值的增加和色差值的降低，籽粒中β-葡聚糖和可溶性蛋白含量显著增加（图 6a、b，$P<0.05$）。

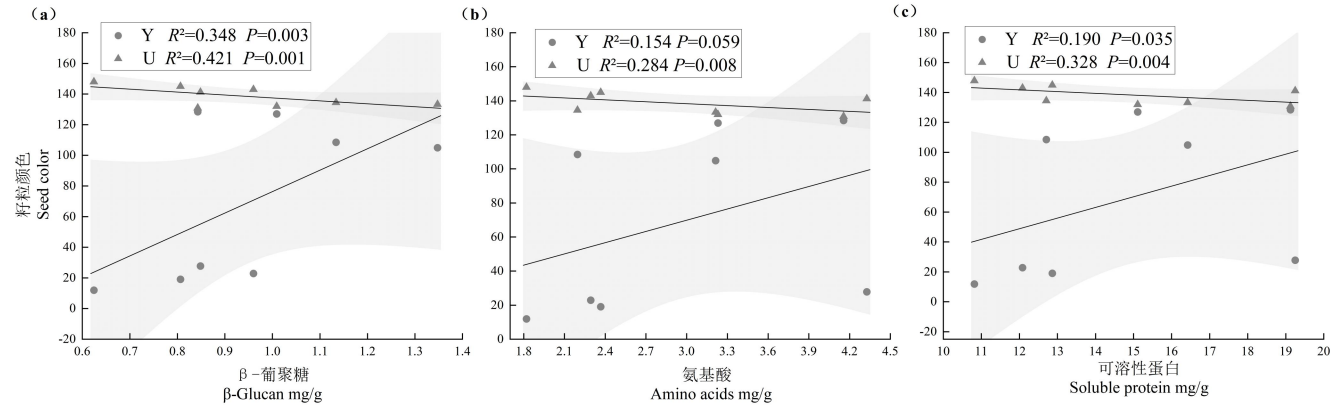



**图 6 粒色对燕麦籽粒重要营养成分含量的影响**

**Fig. 6 Effect of grain color on the content of important nutrient components in oat grain**

在 3 种微量营养素中，灰色度除与锌含量不存在显著相关关系外（$P>0.05$），与其他微量营养素含量均存在极显著（$P<0.01$）负相关关系，色差除与锰含量存在极显著（$P<0.01$）正相关关系外，与维生素 E 和锌含量均不存在显著相关关系（表 1，$P>0.05$）；随着燕麦籽粒颜色灰色度值的降低和色差值的增加，籽粒中锰含量显著增加（图 7b，$P<0.05$）。

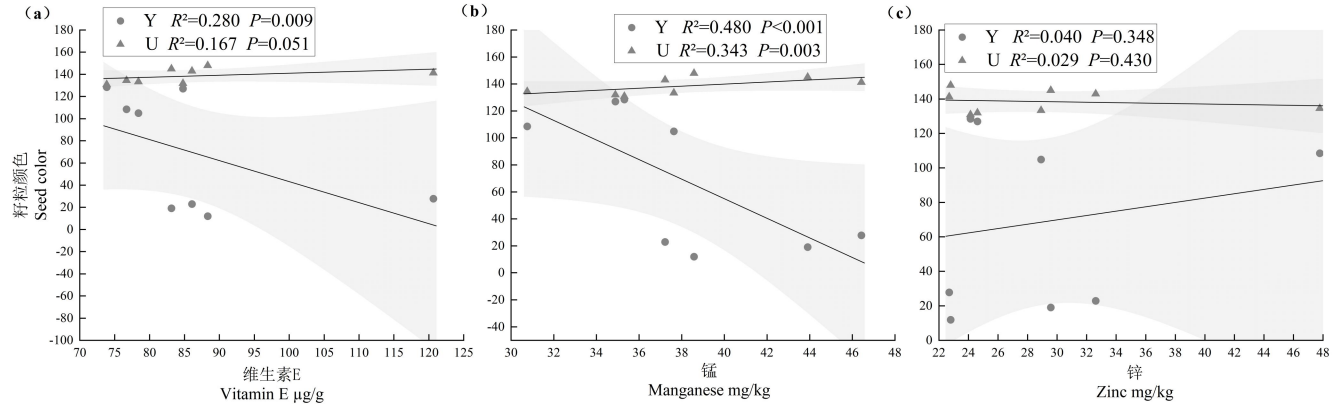



**图 7 粒色对燕麦籽粒微量营养素含量的影响**

**Fig. 7 Effect of grain color on micronutrient content of oat grain**

## 3.讨论

多酚类化合物是一类广泛存在于植物界的抗氧化活性物质[20]，含有更多多酚类抗氧化物的谷物对于降低慢性病风险[21]和抗氧化保护皮肤[22]等方面可能具有更好的效果。在相关研究中发现一般深色籽粒在多酚类化合物含量上高于浅色籽粒[23]。Li Li 等[24]对不同粒色小麦研究发现类黄酮与籽粒颜色的形成密切相关，浅色小麦中的黄酮类化合物少于深色小麦；杨丽娟等[25]对不同粒色小麦花青素含量研究发现黑、紫色小麦花青素含量均显著高于白色小麦。本研究发现不同粒色组中黑色燕麦籽粒总酚、类黄酮、花色苷含量上平均分别较黄色燕麦籽粒极显著高 22.97%、52.51%、24.59%，并且与灰色度呈极显著负向关系（$P<0.01$），与色差呈极显著正向关系（$P<0.01$），即籽粒颜色越暗越黑的燕麦多酚类化合物含量越高。因此在选择燕麦产品时可以根据黑色籽粒燕麦多酚类化合物含量高的特性进行更有针对性的选择利用。

β-葡聚糖、氨基酸、可溶性蛋白质等是燕麦籽粒的重要营养成分[26]。本研究发现黄色籽粒燕麦在β-葡聚糖含量上平均极显著高于黑色籽粒燕麦 25.05%，与籽粒颜色呈极显著正向关系（$P<0.01$）。Bin Dang 等对不同粒色大麦营养物质含量分析发现黑色籽粒组大麦蛋白质含量最高；本研究发现不同粒色燕麦籽粒氨基酸含量与蛋白质含量组间比较发现黄色燕麦籽粒组与黑色燕麦籽粒组组间差异不显著。其原因可能是遗传因素导致品种间的籽粒颜色差异，籽粒颜色的合成途径可能与氨基酸和可溶性蛋白合成途径无直接联系[27]，因此，尽管在不同燕麦品种间氨基酸和可溶性蛋白含量有显著差异，但由于遗传变异的存在， 籽粒颜色与其不存在相关性。

燕麦籽粒与其他谷物相比存在显著高浓度的维生素 E，这些维生素 E 可为燕麦油脂提供氧化稳定性[28]。修妤[29]发现籽粒色素含量与总维生素含量呈极显著正相关（$P<0.01$）；郝志等[30]对不同粒色小麦籽粒内锰和锌含量与种皮色素含量分析发现锰含量越高籽粒颜色越深，锰含量与色素含量显著正相关（$P<0.05$），锌含量与种皮色素含量无显著相关关系（$P>0.05$）。本研究发现黑色籽粒燕麦在维生素 E 和锰含量上分别平均极显著（$P<0.01$）高于黄色籽粒燕麦 16.17%、16.45%，粒色对维生素 E 和锰含量具有极显著负影响（$P<0.01$）。8 个燕麦品种中黄色籽粒‘青引 2 号’锌含量最高，较其他品种高 31.74~52.50%，不同粒色回归分析表明粒色对锌含量无显著影响（$P>0.05$）。由此可见，锌含量的高低与粒色相关性不大，可能受品种特性或环境等其他因素影响[31]。

## 4.结论

综合分析表明，皮燕麦黄色和黑色籽粒在多酚类化合物、重要营养成分、微量营养素上存在差异，其中黄色籽粒燕麦的β-葡聚糖含量极显著高于黑色籽粒燕麦；黑色籽粒燕麦在总酚、类黄酮、花色苷、维生素 E、锰含量极显著高于黄色籽粒燕麦。随着燕麦籽粒颜色灰色度值的降低和色差值的增加籽粒中的多酚类化合物和锰含量显著增加，反之则籽粒中的β-葡聚糖含量显著增加。

**参考文献**


[1]梁国玲. I-D 品系燕麦生态适应性及其遗传学特性研究[D], 2017.

[2]Masood Sadiq Butt,Muhammad Tahir-Nadeem,Muhammad Kashif Iqbal Khan, et al. Oat: unique among the cereals[J]. European Journal of Nutrition, 2008, 47: 68-79.

[3]Alison M Lee-Manion,Ruth K Price,JJ Strain, et al. In vitro antioxidant activity and antigenotoxic effects of avenanthramides and related compounds[J]. Journal of Agricultural and Food Chemistry, 2009, 57(22): 10619-10624.

[4]Ana Belén Martín-Diana,María Jesús García-Casas,Cristina Martínez-Villaluenga, et al. Wheat and oat brans as sources of polyphenol compounds for development of antioxidant nutraceutical ingredients[J]. Foods, 2021, 10(1): 115.

[5]梁国玲,秦燕,魏小星,等. 青藏高原高寒区 I-D 燕麦品系饲草生产性能及品质评价[J]. 草地学报, 2018, 26(4): 917-927.

[6]Özge Doğanay Erbaş Köse. Multi-environment analysis of grain yield and quality traits in oat (Avena sativa L.)[J]. Journal of Agricultural Sciences, 2022: 15-15.

[7]赵善仓. 不同品种的彩色小麦天然抗氧化活性物质的分析研究[D], 2009.

[8]Qin Liu,Yang Qiu,Trust Beta. Comparison of antioxidant activities of different colored wheat grains and analysis of phenolic compounds[J]. Journal of Agricultural and Food Chemistry, 2010, 58(16): 9235-9241.

[9]Jae Kwang Kim,Si Young Lee,Sang Mi Chu, et al. Variation and correlation analysis of flavonoids and carotenoids in Korean pigmented rice (Oryza sativa L.) cultivars[J]. Journal of Agricultural and Food Chemistry, 2010, 58(24): 12804-12809.

[10]邹红梅. 特殊粒色小麦种子籽粒营养成分分析与评价[D]. 四川农业大学, 2015.

[11]王康君,樊继伟,张广旭,等. 不同粒色小麦籽粒色素与功能营养成分积累的分析[J]. 江西农业学报, 2021, 33(4): 17-21.

[12]刘文进. 特殊粒色小麦的研究进展及应用[J]. 安徽农学通报, 2019, 25(20): 44-45, 123.

[13]梁国玲,刘文辉,马祥. 590 份皮燕麦种质资源穗部性状遗传多样性分析[J]. 草地学报, 2021, 29(3): 495-503.

[14]张向前,刘景辉,齐冰洁,等. 燕麦种质资源主要农艺性状的遗传多样性分析[J]. 植物遗传资源学报, 2010, 11(2):

168-174.
[15]Mónika Varga,Rebeka Jójárt,Péter Fónad, et al. Phenolic composition and antioxidant activity of colored oats[J]. Food Chemistry, 2018, 268: 153-161.
[16]Lucia Brindzová,Milan Čertík,Peter Rapta, et al. Antioxidant activity, β-glucan and lipid contents of oat varieties[J]. Czech Journal of Food Sciences, 2008, 26(3): 163.
[17]吴晓敏,韩利文,王希敏,等. 不同产地新鲜紫色马铃薯中花色苷及总酚的含量测定[J]. 中国食物与营养, 2014, 20(5): 24-26.
[18]中华人民共和国国家卫生和计划生育委员会,国家食品药品监督管理总局. 食品安全国家标准 食品中多元素的测定: . [S], 2016.
[19]张毅,东强,冯西博,等. 不同粒色大麦花青素含量与籽粒颜色关系的研究[J]. 高原农业, 2022, 6(3): 213-219.
[20]Danila Cianciosi,Tamara Y Forbes-Hernández,Lucia Regolo, et al. The reciprocal interaction between polyphenols and other dietary compounds: Impact on bioavailability, antioxidant capacity and other physico-chemical and nutritional parameters[J]. Food Chemistry, 2022, 375: 131904.
[21]周爽,黄莉,王彦美,等. 植物多酚的生物利用度及其降血糖活性研究进展[J]. 食品研究与开发, 2023, 44(6): 211-217.
[22]马雪颖,朱毅. 植物多酚在化妆品领域中的应用[J]. 日用化学品科学, 2018, 41(9): 40-43, 46.
[23]孙玲,陈俊秋,张名位,等. 稻米种皮颜色与其生物抗氧化性的关系[J]. 中国粮油学报, 2002, (4): 25-27.
[24]Li Li,Zhiyou Kong,Xiuju Huan, et al. Transcriptomics integrated with widely targeted metabolomics reveals the mechanism underlying grain color formation in wheat at the grain-filling stage[J]. Frontiers in Plant Science, 2021, 12: 757750.
[25]杨丽娟,付亮,任星旭,等. 15 份黑、紫色小麦种质资源的遗传差异及籽粒花青素含量[J]. 河南农业科学, 2022, 51(12): 28-36.
[26]Danuta Leszczyńska,Anna Wirkijowska,Alan Gasiński, et al. Oat and Oat Processed Products—Technology, Composition, Nutritional Value, and Health[J]. Applied Sciences, 2023, 13(20): 11267.
[27]Wenjun Wang,Xianjin Qiu,Ziqi Wang, et al. Deciphering the Genetic Architecture of Color Variation in Whole Grain Rice by Genome-Wide Association[J]. Plants, 2023, 12(4): 927.
[28]DA White,ID Fisk,DA Gray. Characterisation of oat (Avena sativa L.) oil bodies and intrinsically associated E-vitamers[J]. Journal of Cereal Science, 2006, 43(2): 244-249.
[29]修妤. 不同粒色小麦籽粒维生素 B 和维生素 E 含量及其与籽粒色素含量的相关性[D]. 山东农业大学, 2009.
[30]郝志,田纪春,孙玉,等. 不同粒色小麦籽粒中铁锌铜锰含量及其与种皮色素的相关分析[J]. 中国粮油学报, 2008, (3): 12-16.
[31]Sarayu Lakshmi,Giridhar Goudar,Mohar Singh, et al. Variability in resistant starch, vitamins, carotenoids, phytochemicals and in-vitro antioxidant properties among diverse pigmented grains[J]. Journal of Food Measurement and Characterization, 2021, 15: 2774-2789.

# 不同放牧强度对蝗虫生态位的影响

沈婷婷，李颖，韩国栋*

（1. 内蒙古农业大学草原与资源环境学院，内蒙古 呼和浩特 010010；2. 内蒙古农业大学草地资源教育部重点实验室，内蒙古 呼和浩特 010010）

**摘要：**全球草地的主要土地用途之一是牲畜放牧，这可以作为一种重要的管理工具，但也可能导致生境退化。蝗虫是草地生态系统的重要组成部分，是草地生态系统功能和服务的良好指标。本文利用内蒙古长期放牧试验，研究了不同放牧强度对蝗虫生态位的影响。结果表明，放牧强度的增大显著增加了宽须蚁蝗与亚洲小车蝗的生态位宽度，显著降低短星翅蝗的生态位宽度，且生态位重叠对数随放牧强度增大降低，表明放牧强度的增大降低了蝗虫的种间竞争关系。我们的研究将从蝗虫空间生态位角度为荒漠草原制定合理有效的放牧制度提供一定的理论支持。

**关键词：**放牧强度；蝗虫；生态位宽度；生态位重叠

# Effects of different grazing intensity on grsshopper ecological niche

SHEN Ting-ting, LI Yin, HAN Guo-dong*

(1. College of Grassland, Resources and Environment, Inner Mongolia Agricultural University, Hohhot, Inner Mongolia 010010, China; 2. Key Laboratory of Grassland Resources, Ministry of Education P.R of China, Hohhot, Inner Mongolia 010010, China.)

**Abstract：**Grasslands worldwide play a significant role in land use, primarily through livestock grazing, which can serve as an essential management tool but may also lead to habitat degradation. Grasshoppers are integral components of grassland ecosystems and serve as robust indicators of their functions and services. This study utilizes a long-term grazing experiment in Inner Mongolia to investigate the impact of different grazing intensities on the ecological niches of grasshoppers. The results indicate that an increase in grazing intensity significantly broadens the ecological niche widths of *Myrmeleotettix palpalis* and *Oedaleus asiaticus*, while markedly narrowing the niche width of *Calliptamus abbreviates*. Additionally, the niche overlap decreases with increased grazing intensity, suggesting a reduction in interspecific competition among grasshoppers. Our research provides theoretical support for the development of rational and effective grazing systems in desert steppes from the perspective of grasshopper spatial ecological niches.

**Key words:** grazing intensity; Locusts; Niche width; Niche overlap

陆地生态系统的构建与维持，离不开植物与食草动物间的复杂相互作用，其中资源的分配与利用是构建这一系统的核心要素[1]。昆虫，作为生态系统服务的重要提供者[2]，与植物之间的相互作用在全球生态系统中占据着基础且至关重要的地位，尤其在养分循环与能量流动中发挥着不可或缺的作用[3]。在地球上众多的物种中，约四分之一的昆虫以植物为食[4, 5]，而蝗虫就属这一类生物中比较大的一个类群，成为了重要的生物群落研究对象之一。

放牧活动作为一种全球性的土地利用形式，对草原生态系统的稳定性和生物多样性产生了深远的影响[6]。昆虫群落的结构与动态，受放牧强度的调节，直接影响着草地生态系统的健康与功能[7]。随着全球土地利用模式的变化，放牧强度的加剧对昆虫群落产生了显著的影响[8]，这不仅对生态系统的稳定性构成威胁，也对人类福祉产生了影响。

生态位是研究动植物种群和群落生态的重要理论依据，它不仅能够反映种群对资源的利用能力、物种在生物群落中的功能位置，还能反映生物物种多样性和群落的稳定性[9]。物种生态位可能是环境变化和地理范围大小响应的共同驱动因素[10]。研究以内蒙古短花针茅荒漠草原为研究对象，通过探索经过长期不同放牧强度下蝗虫的生态位宽度、生态位重叠以及它们的种间联结关系，研究结果旨在重新认识放牧强度下的蝗虫响应方式，为制定科学的放牧管理策略和保护草地生物多样性提供理论依据，以期为荒漠草原的昆虫多样性保护和稳定性的维持提供依据。此外，这些发现也将为全球变化背景下的生态系统管理和生物多样性保护提供重要的参考信息。

## 1 材料与方法

### 1.1 研究区概况

我们的研究是在中国内蒙古农牧科学院四子王旗基地进行（E111°53′46″，N41°47′17″）。该地区是荒漠草原的典型代表性区域。多年平均降水量 220mm,无霜期为 90-120d。短花针茅（*Stipa breviflora*）为研究区的建群种，冷蒿（*Artemisia frigida*）和无芒隐子草（*Cleistogenes songorica*）为优势种，伴生银灰旋花(*Convolvulus ammannii*)、木地肤(*Bassia prostrata*)等为非优势种。

本研究区的放牧试验开始于 2004 年，放牧时间为每年的 6-9 月。每日清晨 6 点绵羊出圈，傍晚 6 点绵羊回圈。试验采用完全随机区组设计，设置有 3 个载畜率梯度的放牧处理，以禁牧区作为对照，每个处理 3 个重复。载畜率设定分别为对照（CK）0、轻度放牧（LG）0.91、中度放牧（MG）1.82、重度放牧（HG）2.71 羊单位（hm2•0.5a）-1，折合放牧绵羊（Ovis aries）头数分别为 0、4 头、8 头、12 头。

### 1.2 蝗虫取样和生态位计算

2021-2022 年 6-9 月在样地的典型地段采用扫网法对蝗虫进行取样，网的直径为 40cm, 沿直线扫网数为 100 复网，重复 3 次取样。生态位测度指标包括生态位宽度和生态位重叠。采用 Levins 指数(Levins, 1968)计算优势种宽度(Bi)，采用 Pianka (Pianka, 1973)生态位重叠指数计算优势种之间的生态位重叠。

### 1.3 数据分析

应用 R 语言（R4.0.3）软件中'Vegan'包中的 Diversity 函数计算植物的多样性指数；'spaa'包中的 niche.overlap 函数和 niche.width 函数计算蝗虫的生态位重叠指数和生态位宽度指数。采用单因素方差分析法（SAS 9.0（Statistical Analysis System，USA））分析不同放牧强度蝗虫生态位宽度的差异，Duncan 法（α=0.05）进行差异性检验。数据使用 Origin 2023（OriginLab Corporation，USA）软件作图。

## 2 结果与分析

### 2.1 不同载畜率下蝗虫生态位宽度

不同载畜率下蝗虫的生态位宽度值如图 1 所示。9 种常见蝗虫的生态位宽度变化范围为[1.00,4.64]。其中，宽须蚁蝗的生态位在禁牧区以及 3 个载畜率水平下均最宽。短星翅蝗的生态位在 HG 生态位最窄。放牧仅对亚洲小车蝗、宽须蚁蝗、短星翅蝗的生态位宽度有显著影响（P＜0.05）。载畜率的增加显著增加了宽须蚁蝗和亚洲小车蝗的生态位宽度，而短星翅蝗的生态位宽度随载畜率的增大显著降低（图 1）。

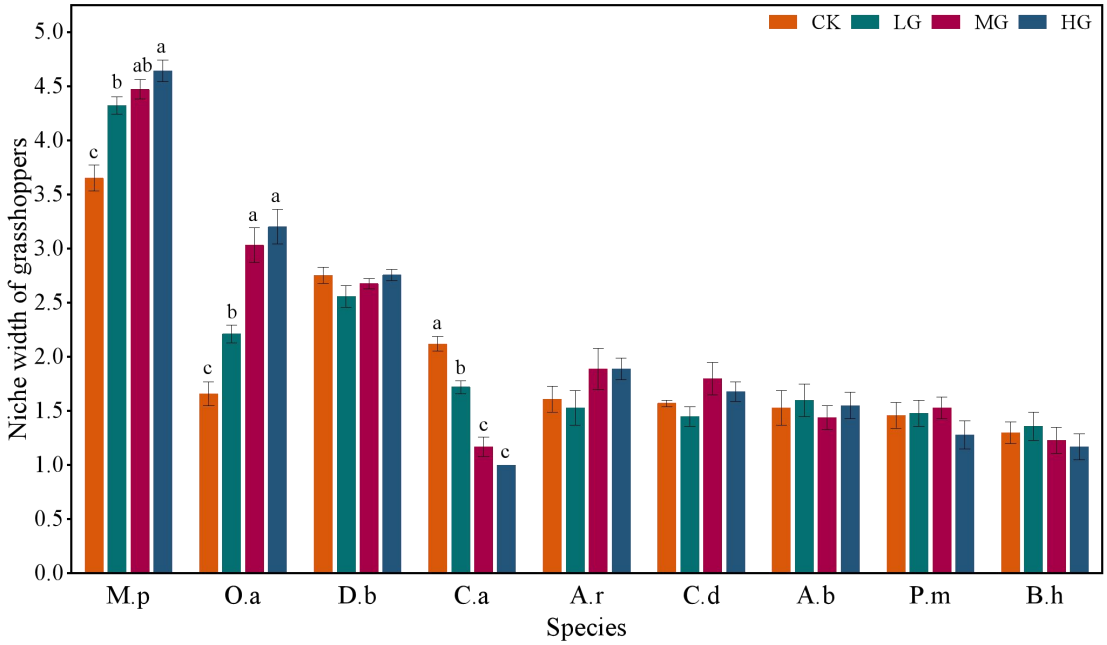



图 1 不同载畜率对蝗虫生态位宽度的影响。

Fig.1. Effects of different stocking rates on niche breadth of grasshoppers.

注：M.p: *Myrmeleotettix palpalis*, O.a: *Oedaleus asiaticus*, D.b: *Dasynippus barbipes*, C.a: *Calliptamus abbreviates*, A.r: *Angaracris rhodopa*, C.d: *Chorthippus dubius*, A.b: *Angaracris barabensis*, P.m: *Pararcyptera meridionalis*, B.h: *Btrodemella holdereri*.

### 2.2 不同载畜率下蝗虫生态位重叠

荒漠草原不同载畜率下蝗虫的生态位重叠值如图 2 所示，不同载畜率下蝗虫种对数均有 36

对，CK 处理的生态位重叠值在 0-0.71 之间。Wathne 等认为生态位重叠值大于 0.6 时，表示生态位重叠较显著[11]。其中 CK 区 Oik 值＞0.6 的种对有 8 对，占比 22.22%；LG 处理的生态位重叠值在 0-0.78 之间，Oik 值＞0.6 的种对有 7 对，占比 19.44%；MG 处理的生态位重叠值在 0-0.83 之间，Oik＞0.6 的种对有 4 对，占比 11.11%；HG 处理的生态位重叠值在 0-0.80 之间，Oik＞0.6 的种对有 3 对，占比 8.33%。生态位重叠值为 CK＞LG＞MG＞HG（图 2）。

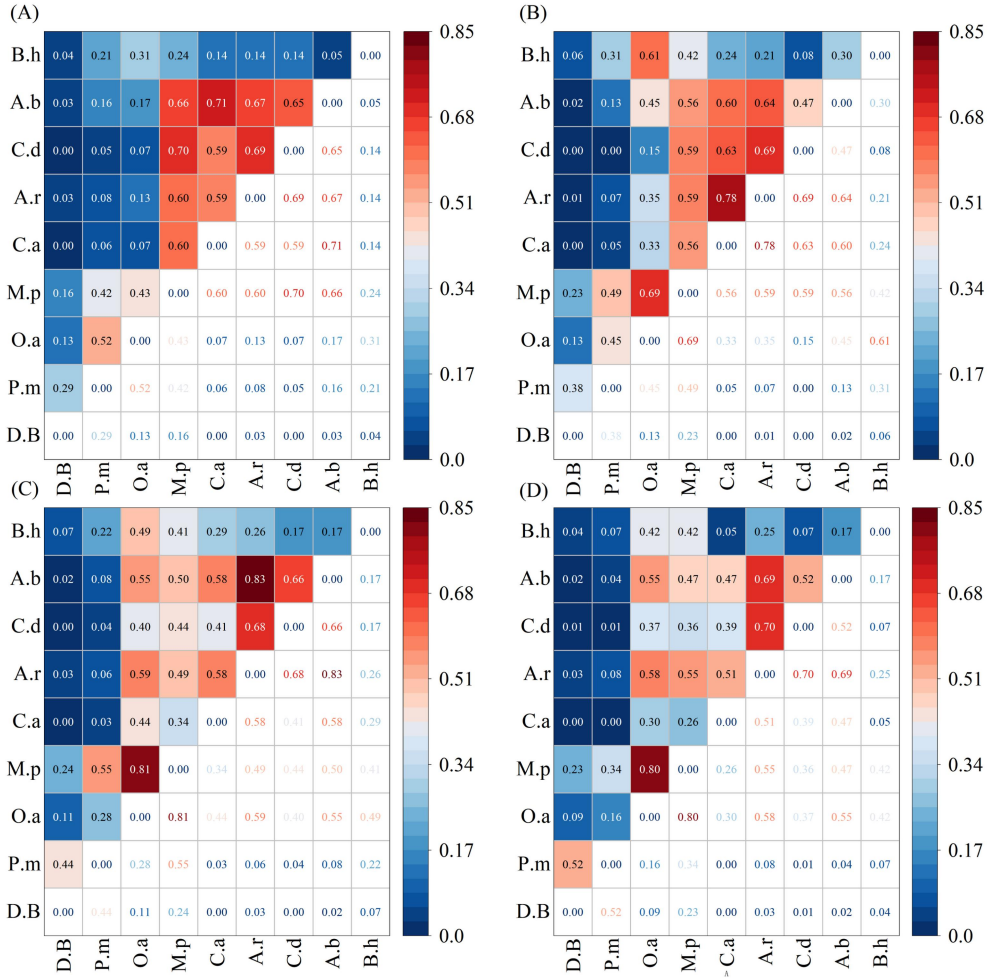



图 2 不同载畜率下蝗虫生态位重叠指数

Fig.2. Niche overlap index of grasshoppers under different stocking rates.

注：(A) CK: no grazing, (B) LG: light grazing, (C) MG: moderate grazing, (D) HG: heavy grazing. D.b: Dasyhippus barbipes, P.m: Pararcyptera meridionalis), O.a: *Oedaleus asiaticus*, M.p: *Myrmeleotettix palpalis*, C.a: *Calliptamus abbreviatus*, A.r: *Angaracris rhodopa*, C.d: *Chorthippus dubius*, A.b: *Angaracris barabensis*, B.h: *Btrodemella holdereri*.

## 3 讨论

生态位测度指标是影响物种群落结构及多样性的重要因素，生态位重叠可体现物种间潜在的竞争关系。生态位宽度是种群利用资源多样性的指标，大小则反映了种群的环境适应性和对资源利用能力。宽须蚁蝗、亚洲小车蝗、短星翅蝗的生态位宽度均较大，且载畜率对其生态位宽度有显著影响。优势物种反映物种在群落中的数量优势以及对栖息地的占有范围，生态位宽度反映了物种在群落中的分布状态。本研究中，作为群落优势种的宽须蚁蝗、亚洲小车蝗、毛足棒角蝗与短星翅蝗的生态位宽度均位居前列，是占据资源点位较多的优势物种类群。随着放牧强度的增大，宽须蚁蝗、亚洲小车蝗虫的生态位宽度逐渐升高，表明放牧强度的加剧增加了宽须蚁蝗和亚洲小车蝗对环境及资源的适应性和资源利用能力，同时其分布幅度也变广。而短星翅蝗的生态位宽度在放牧强度增大时变小，生态位宽度发生特化，这可能是由于短星翅蝗受放牧的影响较大，对由放牧强度引起的环境变化的适应性差，导致其分布幅度变小[12]。本研究中，短星翅蝗的生态位宽度主要受到植物多样性，生物量，覆盖度以及枯落物生物量的调控作用，这是因为由放牧引起的植物指标的变化导致短星翅蝗所需生存环境发生改变，其适应能力变差，进而导致其分布幅度变小。

生态位重叠即两个或更多物种共享生态位空间的现象，主要取决于物种的资源需求和生态条件耐受限的相似性[13]，在一定程度上反映物种间的竞争情况以及群落的稳定性[14]。Wathne 等[11]将生态位重叠值大于 0.6 的种对判定为生态位重叠显著。生态位重叠反映了不同物种间资源利用的相似性和潜在的竞争关系，同域种间的生态位重叠可以反映种间竞争的程度[15]。在本研究中，放牧强度的增加导致环境中植物的生物量以及供给蝗虫饮食的植物的碳氮含量以及提供产卵等生存的土壤微环境发生变化，从而导致不同放牧强度放牧环境中蝗虫对资源利用的状态不同。本研究不分析荒漠草原不同放牧强度的 9 种常见种蝗虫间的生态位重叠情况，发现生态位重叠值＞0.6 的蝗虫对数随载畜率的增大逐渐减小，表明放牧强度的增大降低了蝗虫的种间竞争关系。其中可能的原因是，放牧强度增大导致部分植物被绵羊采食导致生物量减少甚至消失，导致支持且供给蝗虫的生境及食物资源受限，竞争能力弱的蝗虫由于不适应导致其密度降低，因此种间的生态位重叠降低。因为大多数种类的食草昆虫只以环境中的一小部分植物作为寄主[16]。

# 4 结论

放牧强度的增大显著增加了宽须蚁蝗与亚洲小车蝗的生态位宽度，显著降低短星翅蝗的生态位宽度。生态位重叠对数随放牧强度增大降低，表明放牧强度的增大降低了蝗虫的种间竞争关系。

**References**


[1] SITTERS J, SITTERS J, SITTERS J, et al. The Stoichiometry of Nutrient Release by Terrestrial Herbivores and Its Ecosystem Consequences [J Frontiers in Earth Science, 2017, 5.

[2] BASSET Y, LAMARRE G P A. Toward a world that values insects [J]. Science, 2019, 364(6447): 1230.

[3] CURRANO E D, JACOBS B F. Bug-bitten leaves from the early Miocene of Ethiopia elucidate the impacts of plant nutrient concentrations and climate on insect herbivore communities [J]. Global & Planetary Change, 2021, 207: 103655.

[4] NYMAN T. To speciate, or not to speciate? Resource heterogeneity, the subjectivity of similarity, and the macroevolutionary consequences of niche-width shifts in plant-feeding insects [J]. Biological Reviews, 2010, 85(2): 393-411.

[5] NOVOTNY V, BASSET Y, MILLER S E, et al. Low host specificity of herbivorous insects in a tropical forest [J]. Nature, 2002, 416(6883): 841.

[6] MINNA ZHANG M D-B, GUANGYIN LI, FOREST ISBELL, YUE WANG, YANN HAUTIER, YAO WANG, YINGLI XIAO, JINTING CAI, XIAOBIN PAN, LING WANG. Experimental impacts of grazing on grassland biodiversity and function are explained by aridity [J]. Nature communications, 2023, 14(1): 5040.

[7] TSAFACK N, FANG W, WANG X, et al. Influence of grazing and solar panel installation on tenebrionid beetles (Coleoptera Tenebrionidae) of a central Asian steppe [J]. Journal of environmental management, 2022, 320: 115791.

[8] BERMAN T S, BEN-ARI M, HENKIN Z, et al. Immediate and long-term facilitative effects of cattle grazing on a polyphagous caterpillar [J]. Agriculture, Ecosystems and Environment 2018, 261: 45-53.

[9] VENJAKOB C, KLEIN A-M, EBELING A, et al. Plant diversity increases spatio-temporal niche complementarity in plant-pollinator interactions [J]. Ecology and evolution, 2016, 6(8): 2249-2261.

[10] STAUDE I R, WALLER D M, BERNHARDT-RöMERMANN M, et al. Replacements of small- by large-ranged species scale up to diversity loss in Europe's temperate forest biome [J]. Nature Ecology & Evolution, 2020, 4(6): 802-808.

[11] J. A. WATHNE T H, C. LYDERSEN. Prey preference and niche overlap of ringed seals Phoca hispida and harp seals P. groenlandica in the Barents Sea [J]. Marine Ecology Progress Series, 2000, 194: 233-239.

[12] BALZANI P, GOZLAN R E, HAUBROCK P J. Overlapping niches between two co-occurring invasive fish: the topmouth gudgeon Pseudorasbora parva and the common bleak Alburnus alburnus [J]. Journal of Fish Biology, 2020, 97(5): 1385-1392.

[13] MICHALSKA-SMITH M, SONG Z, SPAWN-LEE S A, et al. Correction to: Network structure of resource use and niche overlap within the endophytic microbiome [J]. The ISME Journal, 2021, 16(2): 613.

[14] BAI X H, ZHANG J T. Niche analysis of dominant species of forest community in Xiaowutai Mountain, China [J]. The journal of applied ecology, 2017, 28(12): 3815-3826.

[15] FALCAO J, DATTILO W, IZZO T. Efficiency of different planted forests in recovering biodiversity and ecological interactions in Brazilian Amazon [J]. Forest Ecology and Management, 2015, 339: 105-111.

[16] FORISTER M L, NOVOTNY V, PANORSKA A K, et al. The global distribution of diet breadth in insect herbivores [J]. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 2015, 112(2): 442-447.

# 氮添加对草甸草原退化割草地植物群落结构的影响

冯彩霞，张晓严，胡努斯吐，崔海鹏，王雅茹，张健，张海宁，陈翔*
蒙草生态环境（集团）股份有限公司 内蒙古 呼和浩特 010030；内蒙古蒙草贺斯格乌拉草牧业科技服务有限公司 内蒙古 乌拉盖 027299

**摘要：**内蒙古草地在我国北方生态安全和畜牧业生产中具有举足轻重的地位，其中放牧和刈割是重要的草地利用方式。尤其天然割草地是半干旱牧区重要的战略资源，因其较高的生产力，成为解决草畜季节不平衡、确保家畜安全越冬、缓解灾后应急救援的主要饲草来源，亦是半干旱牧区畜牧业安全发展和转型的重要支撑。然而，由于天然割草地长期连续打草，出现了严重退化，植物群落物种数量减少、生产力降低、土壤养分贫瘠等问题。施肥是退化草地修复的重要技术措施，特别是施加氮肥被认为是提高天然草地生态系统生产力效果最好的措施，同时也会对植物群落结构产生不同程度的影响。本研究在内蒙古锡林郭勒盟乌拉盖管理区退化割草地进行了氮添加控制试验，该试验设置了 2 个施氮方式（撒施、条施）和 4 个施氮水平（6、12、20、32 $gNm^{-2}yr^{-1}$）。取得如下主要结果：

（1）不同氮添加处理下，无论撒施和条施方式，总体上均对植物群落产生显著的积极影响，显著提高了群落的高度，盖度和密度（$P$<0.05）。氮添加对群落的影响主要来源于禾本科草的响应，因此氮添加也显著增加了禾本科草的高度，盖度和密度（$P$<0.05）。

（2）在植物群落结构中氮添加方式的不同主要体现在对杂类草和植物群落物种多样性的影响。与条施方式添加氮相比，撒施方式对杂类草生长有明显的抑制作用，显著降低了杂类草的盖度，密度和物种丰富度（$P$<0.05）。

（3）撒施方式添加氮显著降低了植物群落的物种丰富度和多样性指数，条施方式添加氮显著增加植物群落物种丰富度和多样性指数（$P$<0.05）。

**关键词：** 氮添加；退化割草地；群落结构

# Effects of nitrogen addition on plant community structure in meadow grassland degraded mowing land

**Abstract:** Inner Mongolia grassland plays a pivotal role in the ecological security and animal husbandry production in northern China, and grazing and mowing are important grassland use methods. In particular, natural mowing land is an important strategic resource in semi-arid pastoral areas, and because of its high productivity, it has become the main forage source to solve the imbalance of grass and livestock seasons, ensure the safe wintering of livestock, and alleviate post-disaster emergency rescue, and is also an important support for the safe development and transformation of animal husbandry in semi-arid pastoral areas. However, due to the long-term continuous grass harvesting of natural mowing land, there are serious degradation problems, such as the reduction of the number of plant community species, the reduction of productivity, and the poverty of soil nutrients. Fertilization is an important technical measure for the restoration of degraded grassland, especially the application of nitrogen fertilizer is considered to be the best measure to improve the productivity of natural grassland ecosystem, and it will also have different degrees of impact on plant community structure. In this study, nitrogen addition control experiments were carried out in the degraded mowing grassland of Wulagai

资助项目：内蒙古自治区重大专项“荒漠化土地防治技术示范”(2021SZD0025-03)；内蒙古自治区科技计划项目“锡林郭勒盟草地多功能兼用型乡土草高效繁育与加工利用技术集成”(2022YFDZ0083)。
作者简介：冯彩霞（1995-），女，乌兰察布市人，E-mail:1979685904@qq.com；
*通讯作者：陈翔 E-mail:531740713@qq.com

Management Area of Xilin Gol League, Inner Mongolia, and two nitrogen application methods (scattering and strip application) and four nitrogen application levels (6, 12, 20 and 32 $gNm^{-2}yr^{-1}$) were set up. The main results were as follows:

(1) Under different nitrogen addition treatments, regardless of the spreading and strip application methods, the plant community had a significant positive effect, and the height, coverage and density of the community were significantly increased ($P$<0.05). The effect of nitrogen addition on the community was mainly due to the response of grasses, so nitrogen addition also significantly increased the height, coverage and density of grasses ($P$<0.05).

(2) The differences in nitrogen addition patterns in plant community structure were mainly reflected in the effects on species diversity of weeds and plant communities. Compared with strip application with nitrogen addition, the spreading method had a significant inhibitory effect on the growth of weeds, and significantly reduced the coverage, density and species richness of weeds ($P$<0.05).

The addition of nitrogen by scattering significantly reduced the species richness and diversity index of plant communities, and the addition of nitrogen by strip application significantly increased the species richness and diversity index of plant communities ($P$<0.05).

**Key words:** Nitrogen addition; degraded mowing of grassland; community structure

草地是陆地生态系统的重要组成部分，也是最大的陆地生态系统[1]。草地具有调节气候、涵养水源、防风固沙、碳固持、促进生态平衡、养育和维系多民族文化等重要的服务功能[2]，我国天然割草地主要分布在内蒙古东北部、农牧交错带、松嫩平原和新疆北部等水热条件较好的地段[3]。刈割是内蒙古重要的草原利用方式，在合理利用下割草地养分循环良好，可以自我维持，天然草地能积累较多凋落物，可以把养分全部返还到草地上[4]。但是，随着刈割干扰的加剧（刈割强度、刈割频次、刈割时间、连续刈割），大量的干物质从系统中移出，带走了大量的养分[5]，特别是近几十年来，过度刈割导致草原生态系统的养分循环严重失调，割草地开始大面积退化，由于连年高强度的刈割利用，刈割对于天然草地生态系统的各组分产生一定的影响，国内外学者对割草地研究表明，长期连年刈割对草地生产力和植物群落组成均产生显著影响

草地施肥是草地恢复的重要措施。施肥可以改良草地土壤中有机质和营养元素结构，增加因刈割流失的营养元素，起到养分回流的作用，是一种有效的割草地改良方式[6]。在陆地生态系统中，氮是植物生长的最主要的限制因素，氮素添加对植物地上生物量表现出一致的促进作用[7]。我国草地施肥尚处于试验示范阶段，目前有些实验认为雨季草地施肥效果较好[8]，但也有试验表明过量施肥会导致多样性下降[9]。目前，草地施肥因草地类型、肥料种类、施肥量和施肥时间而存在较大争议。

氮添加对草地生产力和维持草地生态系统养分平衡具有重要作用，而氮素增加对植物群落物种多样性的影响存在诸多争议，成为科学家需要探讨的热点和难点问题[10]。诸多学者在草地开展氮添加实验，发现氮添加不仅能够有效增加地上生物量、促进植物地上部分生长[11]，而且氮添加对植物生物多样性有显著的影响[12]。有研究表明，贫瘠、退化的草地生态系统施氮能缓解生态系统的氮限制，并导致多样性增加；相反，水热条件和养分充足的生态系统施氮可能破坏群落共存的机制，导致多样性减少[13]。大量试验表明氮添加会减少草地生态系统生物多样性[14]。也有研究表明氮添加对草原植物群落多样性没有影响[15]，甚至促进草原植物群落多样性。不同研究结果的差异与氮输入的多少、施氮年限、水热等气候因素以及草地的健康状况有很大的关系[16]。

氮素增加不仅对生物多样性产生严重威胁，还能够改变植物群落组成，包括优势种的多度、物种的演替和稀有种的丧失，而且对不同功能群的相对多度产生不同的影响，进而对生态系统的功能产生显著的影响[17]。总之，氮素增加对土壤性质的影响在很大程度上决定着其对植物群落结构和物种组成的影响，如有机碳含量、有效氮，微生物活性与组成及 PH 等[18]。其原因可能是：（1）改变了植物与土壤微生物之间的相互作用；（2）不同植物对养分添加的吸收利用程度不同，使得植物群落结构发生不同的变化。

# 1 材料与方法

## 1.1 研究区概况

试验区位于乌拉盖管理区色也勒吉河上游贺斯格乌拉牧场阿尔善宝力格分场蒙草草原生态系统研究院基地范围内，该地区属温带草甸草原区。气候属于半干旱半湿润大陆性气候，植被处于由森林向草原过渡地带。年平均降水量为 278 mm，主要集中 6、7、8 三个月，平均 187 mm 以

上，占全年降水量近 70%。乌拉盖地区气温较低，10 月上旬入冬，每年 4 月下旬回春，冬季长达 200 天以上。年均温 0.3 ℃，最热月为 7 月，平均气温 20.9 ℃，极端最高温 39.1 ℃；最冷月为 1 月，平均气温－22.1 ℃，极端最低温－41.8 ℃；全年≥10 ℃的有效积温 1900 ℃-2100 ℃，无霜期 90-110 天。日照总时数较长，平均 3171.1 h。乌拉盖地区野生植物有 62 科 256 属 801 种，优势种群是菊科、禾本科和豆科。土壤处于大兴安岭的黑钙土区向栗钙土区过渡的地带，以黑钙土和栗钙土、草甸土为主，厚度为 40-100 cm，土壤肥力好，质地疏松，团粒结构好，腐殖质层深。

### 1.2 试验设计

试验地为长期连年刈割重度退化半干旱贝加尔针茅、羊草割草地，刈割在每年 8 月 15 日之后，连续刈割长达 10 年。2018 年 9 月对整体样地进行围封，2019 年 6 月开始进行氮添加试验，试验使用纯度为＞99%的 $CaNH_4NO_3$，以后每年在 6 月初下雨之前一次性将氮肥按试验方案施入试验地。整个试验采用完全随机区组设计。本试验共设置了 5 个氮素添加水平（0、6、12、20、32 $gNm^{-2}yr^{-1}$）：每年添加一次，同时做条施氮肥和撒施氮肥两种处理，分别模拟草原退化草地修复用免耕机和撒施机施肥。因此，本试验一共设置了两个大类（撒施和条施）共 10 个处理，每一类下采用单因素完全随机区组试验设计，区组数为 5，即 5 次重复。试验小区面积为 5m×5m 的正方形。基于试验开始前对植物多样性的调查，共计 50 个试验小区。类内试验小区之间间隔 1m，各区组之间有 2m 过道隔开。氮添加后除固定监测样方外，不再进行整体的刈割。

### 1.3 数据采集

在 2019-2021 年间，于每年 6-8 月中旬（15 日左右）在每一个试验小区用 1 m×1 m 的样方框调查样方框内的植物物种数目，分别测定每种植物种群高度（cm）、密度（株/$m^2$）和盖度（%）。每一样方内用直尺分种测量物种自然高度，并记入相应的表格。

### 1.4 数据分析

采用 Excel 2010 对数据进行整理，使用 origin10.0 绘图，用 SPSS16.0 分析软件进行方差分析。

## 2 结果与分析

### 2.1 氮添加对植物群落结构的影响

#### 2.1.1 氮添加对植物群落和功能群高度的影响

由三因素方差分析结果显示，施氮方式和年份两个因素对植物群落高度均有显著影响，而施氮量对禾本科草和杂类草无显著影响，除施氮方式和年份间，其它因素交互作用均对植物群落高度有显著影响，而禾本科草和杂类草的交互作用不显著（$P$<0.05，表 1）。

如图 1 所示，对于植物群落高度，在 2019 年撒施方式下，各处理的植物群落高度均无显著差异；而在条施方式下，CK 处理的植物群落高度显著高于 N3 和 N4 处理（$P$<0.05）。在 2020 年撒施方式下，N1、N2、N3 处理的植物群落高度显著高于 CK 和 N4 处理；在条施方式下，N2 处理的植物群落高度显著低于其他处理（$P$<0.05）。在 2021 年撒施方式下，CK 处理的植物群落高度与其他处理间无显著差异，N1 处理的植物群落高度显著低于 N4 处理（$P$<0.05），条施处理下，CK 处理显著低于其它处理，N3 处理最高，N1 和 N2 处理间无显著差异。对于禾本科草高度，在 2019 和 2020 年，不管是撒施方式还是条施方式下，各处理间均无显著差异。在 2021 年撒施方式下，N1 处理的禾本科草高度显著低于 N4 处理，其他处理间差异不显著（$P$>0.05）；而在条施方式下，CK 和 N1 处理的禾本科草高度都显著低于 N3 和 N4 处理（$P$<0.05）。对于杂类草，在 2019 和 2021 年，无论撒施还是条施方式，各处理间杂类草高度均无显著差异（$P$>0.05）。在 2020 年撒施方式下，各处理间杂类草高度均无显著差异（$P$>0.05）；而在条施方式下，CK 处理的杂类草高度显著低于 N3 处理（$P$<0.05）。

对于两种不同施氮方式，总的来说，撒施方式处理的植物群落，禾本科草，杂类草高度显著高于条施方式（$P$<0.05）。不论年份和施氮量，撒施方式下植物群落总高度，禾本科草高度和杂类草高度分别高于条施方式下 10.73%，9.51%和 10.34%。

表 1 施氮量，方式，年份及其交互作用对植物群落和功能群高度的影响

Table.1 Effects of nitrogen application rates, patterns, years and their interactions on plant community and functional group height

| | | 群落高度 Community height | | 禾本科高度 Gramineae height | | 杂类草高度 Forb height | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|
| | *df* | *F* | *P* | *F* | *P* | *F* | *P* |
| 年份 Year | 2 | 819.43 | 0.00 | 69.00 | 0.00 | 125.20 | 0.00 |
| 施氮方式 Way of N addition | 1 | 57.20 | 0.00 | 5.65 | 0.02 | 8.94 | 0.00 |
| 施氮量 Amountof N addition | 4 | 5.90 | 0.00 | 1.28 | 0.28 | 2.19 | 0.08 |
| 年份×方式 Y×W | 2 | 2.78 | 0.07 | 0.79 | 0.46 | 1.87 | 0.16 |
| 年份×量 Y×A | 8 | 5.93 | 0.00 | 1.41 | 0.20 | 0.47 | 0.88 |
| 方式×量 W×A | 4 | 7.41 | 0.00 | 0.72 | 0.58 | 1.69 | 0.16 |
| 年份×方式×量 Y×W×A | 8 | 8.46 | 0.000 | 0.53 | 0.83 | 0.72 | 0.68 |

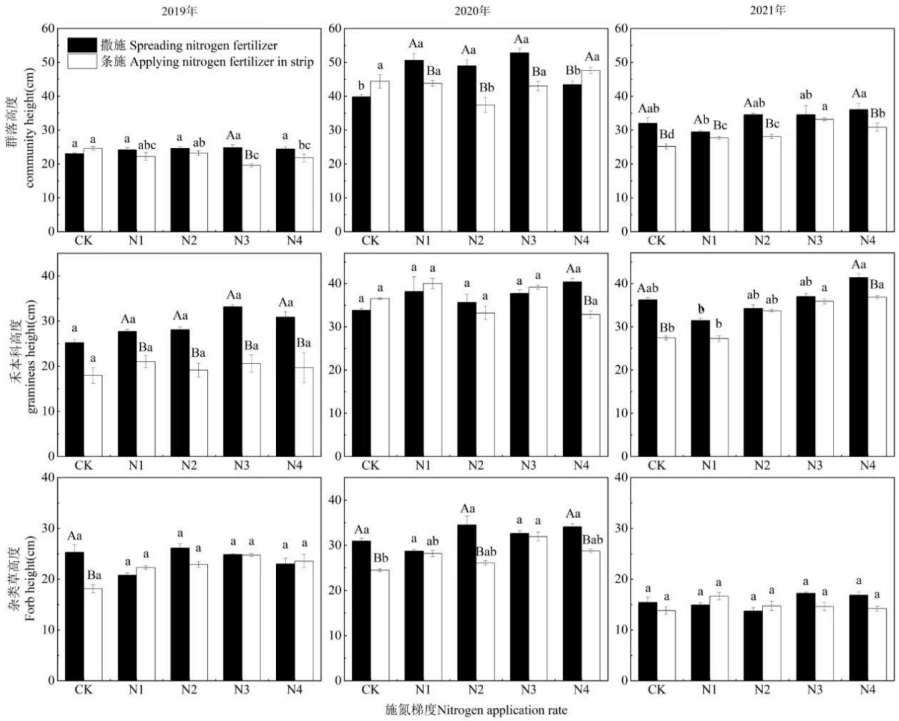



**图 1　2019-2021 氮添加对植物群落高度及各功能群高度的影响**

Fig.1　Effects of nitrogen addition on height of plant community and each functional group from 2019 to 2021

**注：**图中不同小写字母表示同一施氮方式下不同施氮水平差异显著，不同大写字母表示同一施氮水平下不同施氮方式差异显著，下同。

Note: Different lowercase letters in the figure indicate significant differences in different nitrogen application gradients under the same nitrogen application method, and different uppercase letters indicate significant differences in different nitrogen application methods under the same nitrogen application gradient,The same applies hereinafter.

### 2.1.2 氮添加对植物群落和功能群盖度的影响

由三因素方差分析结果显示，施氮量和年份都对植物群落、禾本科草和杂类草的盖度均有显著影响（$P<0.05$），而施氮方式对盖度影响不显著（$P>0.05$）。除了施氮量、施氮方式、年份三因素的交互作用对植物群落总盖度影响不显著外，其他交互作用均有显著影响（表 3）。

**表 2　施氮量，方式，年份及其交互作用对植物群落和功能群盖度的影响**

Table.2　Effects of nitrogen application rates, patterns, years and their interactions on the coverage of plant communities and functional groups

| | | 群落盖度 Community coverage | | 禾本科盖度 Gramineae coverage | | 杂类草盖度 Forb coverage | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|
| | *df* | *F* | *P* | *F* | *P* | *F* | *P* |
| 年份 Year | 2 | 369.27 | 0.00 | 1924.39 | 0.00 | 245.04 | 0.00 |
| 施氮方式 Way of N addition | 1 | 3.69 | 0.06 | 3.70 | 0.06 | 0.16 | 0.69 |
| 施氮量 Amount of　N addition | 4 | 14.17 | 0.00 | 26.16 | 0.00 | 19.67 | 0.00 |
| 年份×方式 Y×W | 2 | 10.14 | 0.00 | 39.24 | 0.00 | 30.77 | 0.00 |
| 年份×量 Y×A | 8 | 3.79 | 0.00 | 9.76 | 0.00 | 40.88 | 0.00 |
| 方式×量 W×A | 4 | 6.88 | 0.00 | 46.17 | 0.00 | 66.56 | 0.00 |
| 年份×方式×量 Y×W×A | 8 | 1.95 | 0.06 | 17.15 | 0.00 | 31.87 | 0.00 |

如图 2 所示，在 2019 年条施方式下，各施氮量处理下植物群落盖度之间无显著差异，而撒施方式下，N4 处理下植物群落盖度显著高于其他处理（$P$<0.05）。在 2020 年，撒施方式下，N2 和 N4 处理的植物群落盖度显著高于其他处理（$P$<0.05）；而条施方式下，N1、N2、N3 处理的植物群落盖度显著高于 CK 处理。在 2021 年，撒施方式下，N1、N2、N4 处理的植物群落盖度间均有显著差异，仅 N1 处理的植物群落盖度显著低于 CK 处理；而条施方式下，N3 处理的植物群落盖度显著高于其他处理，CK 处理的植物群落盖度显著低于 N2、N3、N4 处理（$P$<0.05）。对于禾本科草，在 2019 年撒施方式下，CK 处理的禾本科草盖度与其他处理间差异不显著（$P$>0.05），而条施方式下，CK 处理的禾本科草盖度显著低于 N1、N3、N4 处理（$P$<0.05）。在 2020 年撒施方式下，CK 处理的禾本科草盖度与其他处理间差异不显著（$P$>0.05），而条施方式下，仅 N3 处理的禾本科草盖度显著高于 CK 处理（$P$<0.05）。同样地，在 2021 年撒施方式下，CK 处理的禾本科草盖度与其他处理间差异不显著（$P$>0.05），而条施方式下，N3 处理的禾本科草盖度显著高于其他处理（$P$<0.05）。对于杂类草盖度，在 2019 年撒施方式下，CK 和 N2 处理的盖度显著高于其他处理（$P$<0.05），而在条施方式下，CK 处理的杂类草盖度显著低于其他处理，N2 处理的盖度显著高于其他施氮处理（$P$<0.05）。在 2020 年撒施方式下，CK 处理的杂类草盖度显著高于 N2、N3 处理（$P$<0.05）；而在条施方式下 N2、N3 处理的盖度显著高于 CK 和 N1 处理（$P$<0.05）。在 2021 年撒施方式下，CK 处理的杂类草盖度显著高于 N1 处理的，而与其他处理间无显著差异；在条施方式下 CK 处理的杂类草盖度显著高于 N3 处理。对于撒施和条施两种不同的施氮方式处理下的总植物群落、禾本科草和杂类草的盖度并没有表现出明显的规律，且两种施氮方式下盖度差异不大。

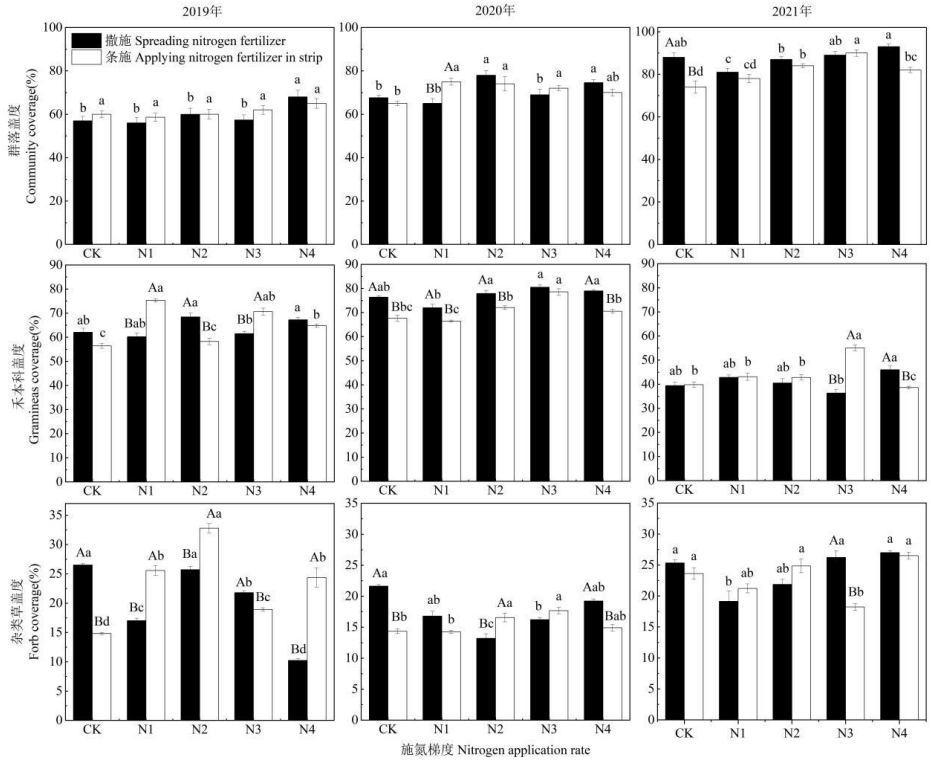



**图 2　2019-2021 氮添加对植物群落盖度及各功能群盖度的影响**

Fig.2　Effects of nitrogen addition on coverage of plant community and each functional group from 2019 to 2021

**注：**图中不同小写字母表示同一施氮方式下不同施氮水平差异显著，不同大写字母表示同一施氮水平下不同施氮方式差异显著。

Note: Different lowercase letters in the figure indicate significant differences in different nitrogen application gradients under the same nitrogen application method, and different uppercase letters indicate significant differences in different nitrogen application methods under the same nitrogen application gradient.

### 2.1.3 氮添加对植物群落和功能群盖密度的影响

由方差分析结果显示，施氮量、施氮方式和年份均对植物群落和功能群密度有显著影响（$P$<0.05），并且除了年份与施氮方式之间的交互作用不显著，其他交互作用均有显著影响（$P$<0.05）（表 3）。

**表 3　施氮量，方式，年份及其交互作用对植物群落和功能群密度的影响**

Table.3　Effects of nitrogen application rates, patterns, years and their interactions on plant community and functional group density

| | | 群落密度 Community Density | | 禾本科密度 Gramineae Density | | 杂类草密度 Forb Density | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|
| | *df* | *F* | *P* | *F* | *P* | *F* | *P* |
| 年份 Year | 2 | 364.01 | 0.00 | 1928.21 | 0.00 | 27.92 | 0.00 |
| 施氮方式 Way of N addition | 1 | 17.54 | 0.00 | 94.29 | 0.00 | 44.75 | 0.00 |
| 施氮量 Amount of N addition | 4 | 14.85 | 0.00 | 52.67 | 0.00 | 54.29 | 0.00 |
| 年份×方式 Y×W | 2 | 1.80 | 0.17 | 8.26 | 0.00 | 1.43 | 0.24 |
| 年份×量 Y×A | 8 | 8.11 | 0.00 | 39.07 | 0.00 | 93.71 | 0.00 |
| 方式×量 W×A | 4 | 13.07 | 0.00 | 92.94 | 0.00 | 230.79 | 0.00 |
| 年份×方式×量 Y×W×A | 8 | 4.22 | 0.00 | 20.29 | 0.00 | 80.50 | 0.00 |

由图 3 所示，在 2019 年撒施方式下，N1 和 N3 处理的植物群落密度显著高于其他处理，N4 处理低于 CK 处理；在条施方式下，N3 处理的植物群落密度显著高于其他处理（$P$<0.05），CK 和 N4 处理的植物群落密度显著高于 N1 和 N2 处理。在 2020 年撒施方式下，CK 处理的植物群落密度显著低于 N1、N2、N3 处理（$P$<0.05），且 N1 处理的植物群落密度显著高于其他处理（$P$<0.05）；条施方式下，N3 处理的植物群落密度显著高于其他处理，CK 处理的植物群落密度与其他处理间差异不显著。在 2021 年撒施方式下，各处理的植物群落密度无显著差异，而条施方式下，CK 处理的植物群落密度与其他处理间差异不显著，而 N3 处理的植物群落密度显著高于 N1 和 N2 处理（$P$<0.05）。对于禾本科草密度，在 2019 年撒施方式下，N3 处理的禾本科草密度显著高于 CK 和 N4 处理（$P$<0.05），而条施方式下，N3 处理的禾本科草密度显著高于其他处理，CK 处理的禾本科草密度显著高于 N1、N2、N4 处理（$P$<0.05）。在 2020 年撒施方式下，CK 处理的禾本科草密度显著低于其他加氮处理，且 N1 处理的禾本科草密度显著高于其他氮添加量处理；在条施处理的情况下与撒施方式下相同，在 2021 年撒施方式下，CK 处理的禾本科草密度显著低于 N2、N4 处理，且 N2 和 N4 处理的密度显著高于 N1 和 N3 处理（$P$<0.05），在条施处理下，CK 处理高于 N1、N2 处理，N3 处理高于 CK 处理。对于杂类草密度，在 2019 年撒施条件下，CK 处理的杂类草密度显著高于 N2 和 N4 处理，且 N1 处理的杂类草密度显著高于其他处理（$P$<0.05）；条施方式下，CK 处理的杂类草密度显著高于 N3 处理，且 N4 处理的杂类草密度显著高于 N1 和 N3 处理（$P$<0.05）。在 2020 年撒施方式下，CK 处理的杂类草密度显著高于其他加氮处理，且各加氮处理间也差异显著（$P$<0.05）；在条施方式下，CK 处理的杂类草密度显著低于 N1、N2、N4 处理（$P$<0.05），且 N2 处理的密度显著高于加氮处理（$P$<0.05）。在 2021 年撒施方式下，CK 处理的杂类草密度显著高于其他加氮处理（$P$<0.05），且 N1、N2 处理的杂类草密度显著低于 N3 和 N4 处理（$P$<0.05）；而在条施方式下，CK 处理的杂类草密度显著低于 N1、N2、N3 处理（$P$<0.05），且 N2、N3 处理的杂类草密度显著高于 N1 和 N4 处理（$P$<0.05）。综上所述，大多数情况下，氮添加增加了植物群落总密度以及禾本科草密度，而降低了杂类草密度，但是氮添加水平间未显示明显规律。

对于两种不同的施氮方式，总的来说，撒施方式处理的植物群落，禾本科草，杂类草密度略高于条施方式。不论年份和施氮量，撒施方式下植物群落总密度，禾本科草密度和杂类草密度分别高于条施方式下 6.45%，7.68%和 5.46%。

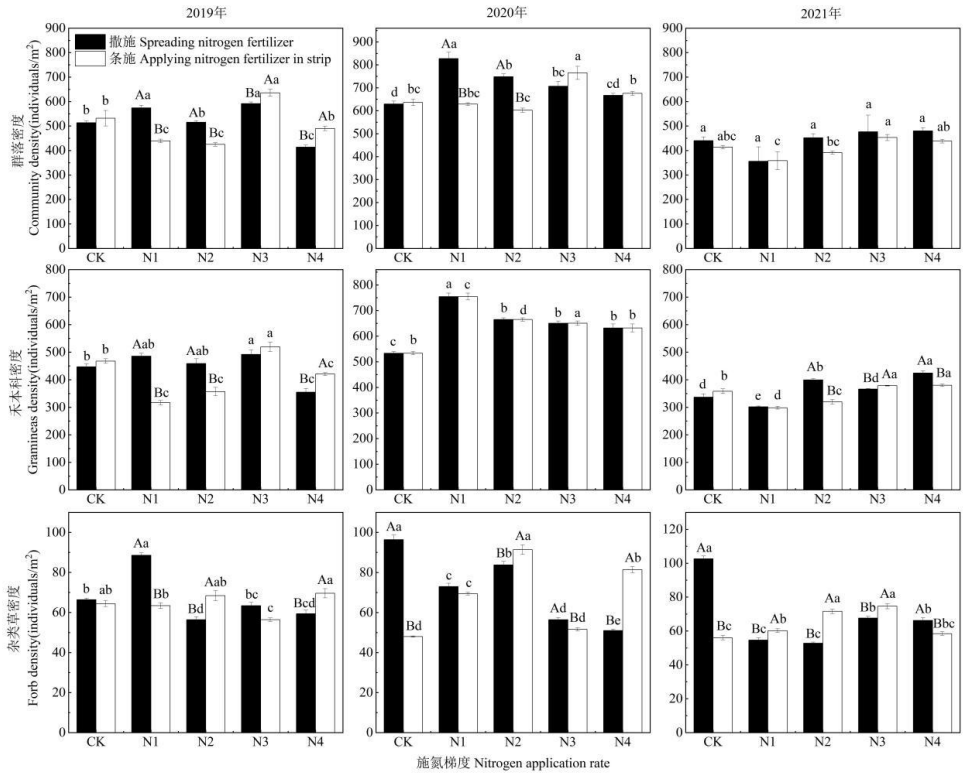



**图 3　2019-2021 氮添加对植物群落盖度及各功能群密度的影响**

Fig.3　Effects of nitrogen addition on density of plant community and each functional group from 2019 to 2021

## 2.2 氮添加对植物群落多样性的影响

### 2.2.1 氮添加对群落物种多样性的影响

由三因素方差分析结果显示，年份对 4 个群落多样性指数有显著影响。施氮方式和施氮量单独对植物群落多样性指数均无显著影响。在交互作用中，只有施氮方式和施氮量的交互作用对 Shannon-Wiener 指数有显著影响，同时年份和施氮方式对 Simpson 优势度指数有显著交互作用（表 4）。

**表 4　植物群落多样性指数的三因素方差分析**

Table.4　Three-factor variance analysis of community diversity indices

| | | Margalef 指数 | | Shannon-Wiener 指数 | | Pielou 指数 | | Simpson 指数 | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| | *df* | *F* | *P* | *F* | *P* | *F* | *P* | *F* | *P* |
| 年份 Year | 2 | 13.52 | 0.00 | 13.56 | 0.00 | 12.64 | 0.00 | 16.98 | 0.00 |
| 施氮方式 Way of N addition | 1 | 0.74 | 0.39 | 1.31 | 0.25 | 1.06 | 0.31 | 2.17 | 0.14 |
| 施氮量 Amount of N addition | 4 | 0.56 | 0.70 | 1.11 | 0.35 | 0.90 | 0.47 | 1.13 | 0.34 |
| 年份×方式 Y×W | 2 | 0.10 | 0.91 | 2.09 | 0.13 | 1.96 | 0.15 | 3.61 | 0.03 |
| 年份×量 Y×A | 8 | 0.65 | 0.73 | 1.44 | 0.19 | 1.50 | 0.17 | 1.25 | 0.27 |
| 方式×量 W×A | 4 | 1.88 | 0.12 | 2.47 | 0.05 | 1.48 | 0.21 | 2.44 | 0.05 |
| 年份×方式×量 Y×W×A | 8 | 1.54 | 0.15 | 0.08 | 0.59 | 0.65 | 0.74 | 0.78 | 0.62 |

如图 4 所示，2019 年，施氮方式和施氮水平各处理下的植物群落多样性指数间均无显著差异。

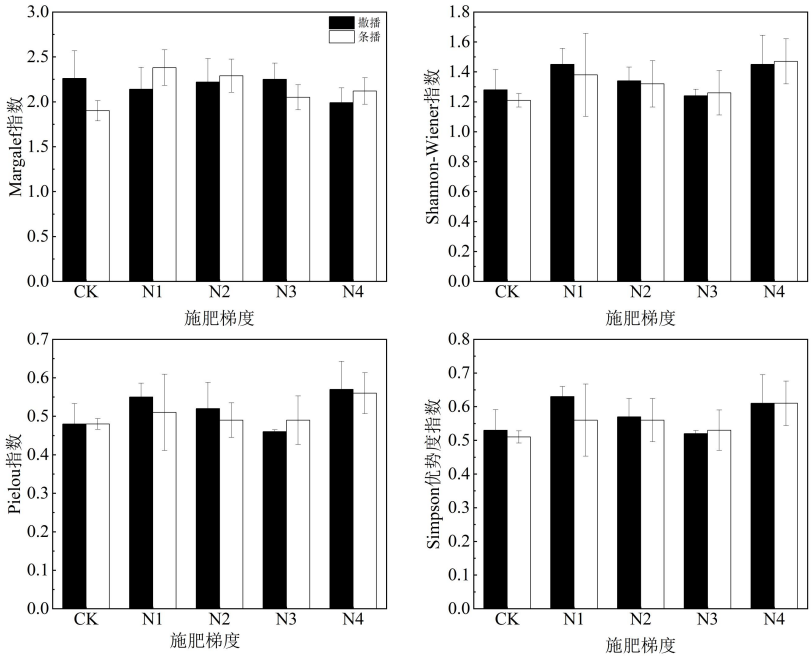



**图 4　2019 年不同氮处理下植物群落多样性指数变化**

Fig.4　Changes of community diversity indices under different nitrogen treatments in 2019

**注：**图中不同小写字母表示同一施氮方式下不同施氮水平差异显著，不同大写字母表示同一施氮水平下不同施氮方式差异显著。

Note: Different lowercase letters in the figure indicate significant differences in different nitrogen application gradients under the same nitrogen application method, and different uppercase letters indicate significant differences in different nitrogen application methods under the same nitrogen application gradient.

如图 5 所示，2020 年，CK 处理下，撒施的植物群落 Margalef 指数显著高于条施处理（$P$<0.05）；在条施方式处理中，N2 水平的 Margalef 指数显著高于 CK 和 N3 水平（$P$<0.05）。相似地，CK 处理下，撒施处理的植物群落 Shannon-Wiener 指数显著高于条施处理（$P$<0.05），同时显著高于其它撒施处理下施氮水平的 Shannon-Wiener 指数（$P$<0.05）；而在条施方式中，N2 水平的植物群落 Shannon-Wiener 指数显著高于 CK 和 N3 水平（$P$<0.05）。对于 Pielou 指数，撒施方式中在 CK 处理下显著高于条施方式（$P$<0.05），同时显著高于撒施方式中 N3 水平（$P$<0.05）；而条施方式中各水平处理的 Pielou 指数间无显著差异（$P$>0.05）。对于 Simpson 优势度指数，撒施方式中在 CK 处理下显著高于条施方式（$P$<0.05），同时显著高于撒施方式中 N3 水平（$P$<0.05）；在条施方式中 N2 水平处理的数值显著高于 CK 和 N3 水平（$P$<0.05）。

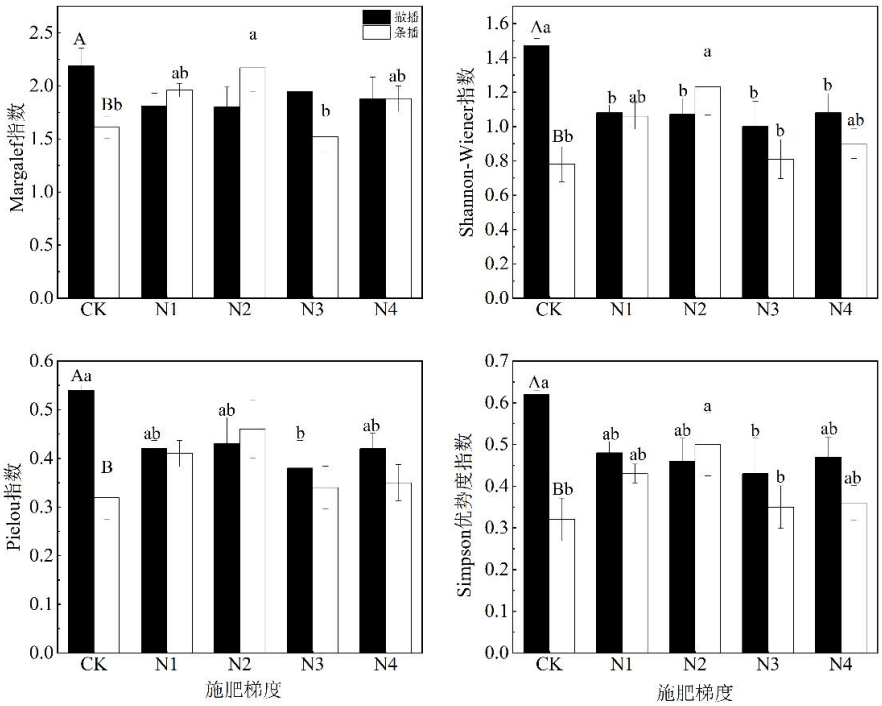



**图 5　2020 年不同氮处理下植物群落多样性指数变化**

Fig.5　Changes of community diversity indices under different nitrogen treatments in 2020

**注：**图中不同小写字母表示同一施氮方式下不同施氮水平差异显著，不同大写字母表示同一施氮水平下不同施氮方式差异显著。

Note: Different lowercase letters in the figure indicate significant differences in different nitrogen application gradients under the same nitrogen application method, and different uppercase letters indicate significant differences in different nitrogen application methods under the same nitrogen application gradient.

如图 6 所示，2021 年，施氮方式和施氮水平各处理下的 Margalef 指数无显著差异（$P$>0.05）。撒施方式中，CK 处理的 Shannon-Wiener 指数显著高于 N2 和 N4 水平处理（$P$<0.05）；条施方式中各水平处理的 Shannon-Wiener 指数无显著差异（$P$>0.05）。施氮方式和施氮水平各处理下的 Pielou 指数无显著差异（$P$>0.05）。撒施方式中，CK 处理的 Simpson 优势度指数显著高于 N2、N3、N4 处理（$P$<0.05）。

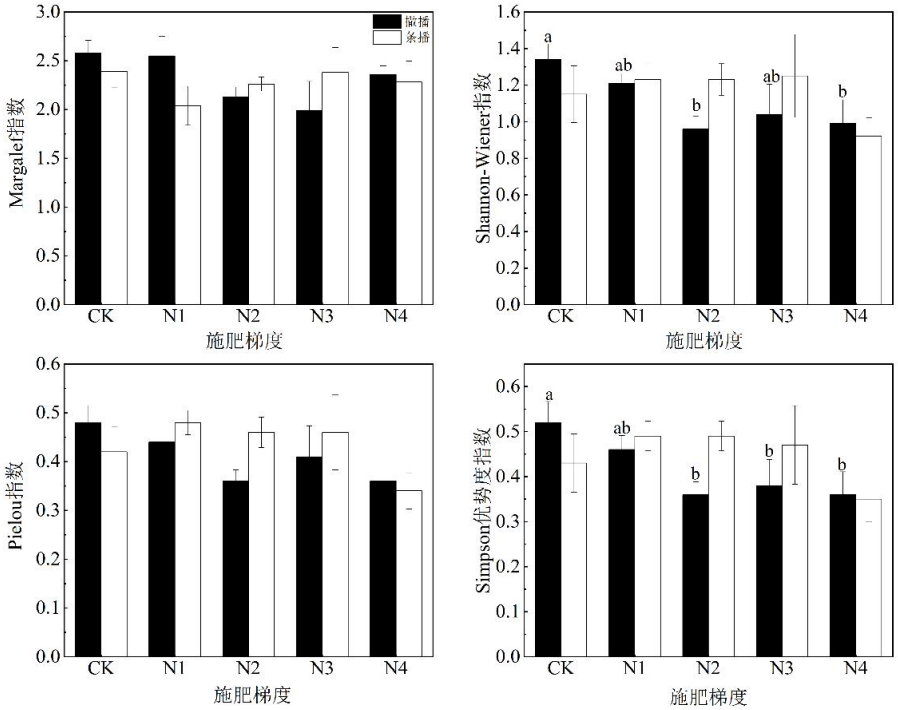



**图 6　2021 年不同氮处理下植物群落多样性指数变化**

Fig.6 Changes of community diversity indices under different nitrogen treatments in 2021

注：图中不同小写字母表示同一施氮方式下不同施氮水平差异显著，不同大写字母表示同一施氮水平下不同施氮方式差异显著。

Note: Different lowercase letters in the figure indicate significant differences in different nitrogen application gradients under the same nitrogen application method, and different uppercase letters indicate significant differences in different nitrogen application methods under the same nitrogen application gradient.

### 2.2.2 氮添加对植物群落和功能群物种丰富度的影响

由三因素方差分析结果表明，年份对总植物群落和杂类草物种丰富度产生显著影响，施氮方式对植物群落丰富度和禾本科草丰富度有显著影响（$P$<0.05），而施氮量对植物物种丰富度未产生显著影响（$P$>0.05），除年份和施氮方式之间对植物群落和功能群丰富度均无交互作用外，其它处理之间对植物群落和杂类草物种丰富度均产生交互作用（表 5）。

**表 5 施氮量，方式，年份及其交互作用对植物群落和功能群物种丰富度的影响**

**Table.5** Effects of nitrogen application rates, patterns, years and their interactions on species richness in plant communities and functional groups

| | | 群落物种丰富度 Community Species Richness | | 禾本科物种丰富度 Gramineae Species Richness | | 杂类草物种丰富度 Forb Species Richness | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|
| | *df* | *F* | *P* | *F* | *P* | *F* | *P* |
| 年份 Year | 2 | 16.87 | 0.00 | 0.010 | 0.99 | 33.33 | 0.00 |
| 施氮方式 Way of N addition | 1 | 9.19 | 0.00 | 9.376 | 0.00 | 1.60 | 0.21 |
| 施氮量 Amount of N addition | 4 | 1.25 | 0.30 | 0.546 | 0.70 | 0.87 | 0.49 |
| 年份×方式 Y×W | 2 | 0.19 | 0.83 | 1.473 | 0.23 | 0.83 | 0.44 |
| 年份×量 Y×A | 8 | 2.13 | 0.04 | 0.839 | 0.57 | 4.77 | 0.00 |
| 方式×量 W×A | 4 | 4.50 | 0.00 | 1.083 | 0.37 | 4.72 | 0.00 |
| 年份×方式×量 Y×W×A | 8 | 5.46 | 0.00 | 1.083 | 0.38 | 7.42 | 0.00 |

如图 7 所示，对于植物群落物种丰富度，在 2019 年无论撒施还是条施方式下，各处理的植物群落物种丰富度间均无显著差异（$P$>0.05）。在 2020 年撒施方式下，CK 处理的植物群落物种丰富度显著高于 N1、N2、N4 处理；而在条施方式下，CK 和 N3 处理的植物群落物种丰富度显著低于 N1、N2、N4 处理（$P$<0.05）。在 2021 年撒施方式下，CK、N1、N4 处理的植物群落物种丰富度显著高于 N2 和 N3 处理（$P$<0.05）；而在条施方式下，CK、N3、N4 处理的植物群落物种丰富度显著高于 N1 处理（$P$<0.05）。对于禾本科草物种丰富度，在 2019 和 2020 年无论哪种施氮方式，各处理的物种丰富度间均无显著差异（$P$>0.05）。在 2021 年条施方式下，仅 N3 处理下禾本科草物种丰富度显著高于 N4 处理，其他处理的物种丰富度间均无显著差异（$P$<0.05）。对于杂类草物种丰富度，在 2019 年撒施方式下，N4 处理的物种丰富度显著低于其他处理，其他处理的杂类草物种丰富度间无显著差异（$P$>0.05）；而在条施方式下各处理间差异不显著（$P$>0.05）。在 2020 年撒施方式下，CK 处理的杂类草物种丰富度显著高于 N2 处理（$P$<0.05），而在条施方式下，CK 和 N3 处理的杂类草物种丰富度显著低于 N1、N2、N4 处理（$P$<0.05）。在 2021 年撒施方式下，CK、N1、N4 处理的植物群落物种丰富度显著高于 N2 和 N3 处理（$P$<0.05），在条施方式下 N1 处理的杂类草物种丰富度显著低于其他处理（$P$<0.05）。

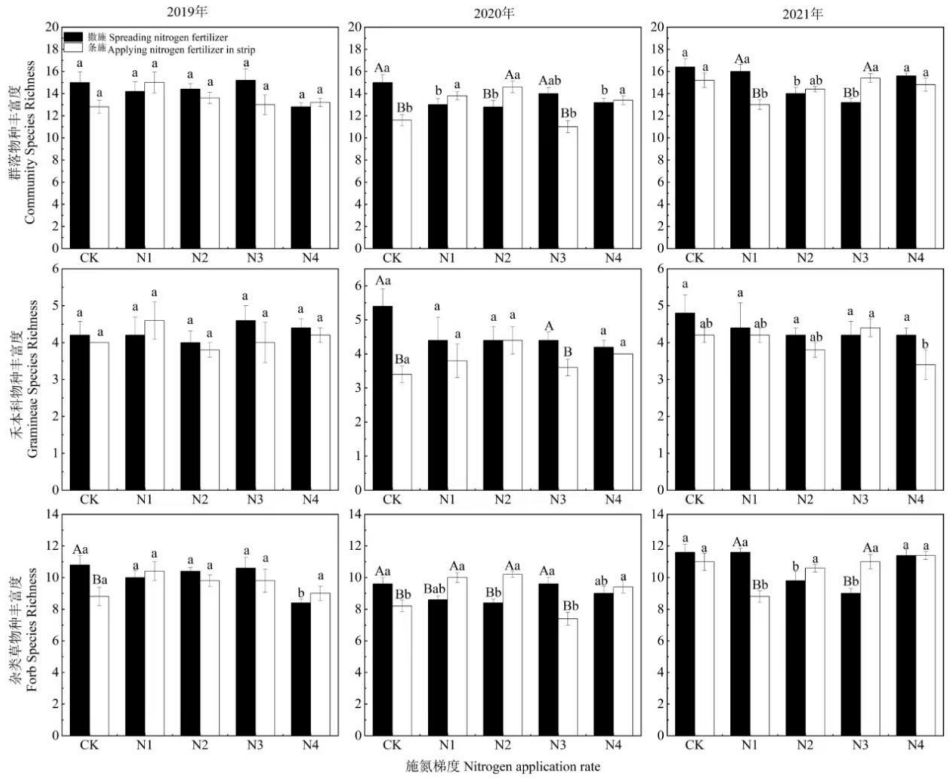



**图 14　2019-2021 氮添加对植物群落物种丰富度及各功能群丰富度的影响**

Fig.7　Effects of nitrogen addition on species richness of plant community and each functional group from 2019 to 2021

注：图中不同小写字母表示同一施氮方式下不同施氮水平差异显著，不同大写字母表示同一施氮水平下不同施氮方式差异显著。

Note: Different lowercase letters in the figure indicate significant differences in different nitrogen application gradients under the same nitrogen application method, and different uppercase letters indicate significant differences in different nitrogen application methods under the same nitrogen application gradient.

# 3　讨论

## 3.1 氮添加对植物群落结构的影响

氮素添加是影响草地生态系统植物群落特征的重要因素之一，不同氮添加试验表明，施氮能够维持土壤养分平衡，提高草地生产力，而植物高度、盖度和密度是反应植物功能性状与植物地上生物量的重要指标[19]，也是植物长期适应环境和自然选择形成的稳定功能性状指标[20]。本研究结果表明：氮添加增加了植物群落和禾本科草的盖度和密度，而对杂类草的盖度和密度的影响不尽一致，这与曹丰丰、蒯晓妍等人的研究结果一致[21]。这说明施肥增加了土壤中可利用性氮，提升了土壤肥力，促进了植物群落中植物对氮素的吸收，进而改变了各功能类群植物之间的竞争力及各功能群植物的空间分布与组成特征[22]。禾本科植物与其他科属的植物相比具有较高的氮素利用率，在养分竞争中处于优势地位，保证了其地上部分的快速生长，进而提高了优势植物的盖度和密度[23]。另一方面，因禾本科植物羊草、贝加尔针茅长势较快会遮蔽一些矮小的植物无法获取光照，导致一些杂类草在光竞争中处于劣势，最终导致其在植物群落中占据的比例减小[24]。而这种对杂类草的消极影响主要发生在撒施方式下，这可能与两种施氮方式的不同作用机制有关[23]。本研究的实验地中禾本科草为优势种和建群种，实验结果也表明植物群落的变化与禾本科草变化较一致，氮添加同时导致了两者的盖度和密度增加。因此，氮添加可能主要通过影响植物群落优势种的生长而使整个植物群落发生变化[25]。对于禾本科草和杂类草植物高度，氮添加也均有显著积极影响。杂类草以低矮植物为主，尽管氮添加也增加其高度，但与高大禾本科草相比其在养分和光竞争中仍处于劣势，因此氮添加对杂类草植物高度与密度、盖度的影响并不总是一致的[26]。

撒施氮肥是将肥料均匀的撒布在土壤中，而条施是等距离的划沟撒入。本实验结果表明，不同施氮方式对高度、密度均具有显著影响，从实验结果来看同一处理下撒施方式下植物高度要高于条施，而且植物群落和禾本科草密度撒施高于条施。这与一般条施肥料比撒施肥料对作物的生长效果更好的结果相反[27]。这可能与不同生境和植物类型有关。农业生态系统中农作物排列整齐，条施肥料有利于养分集中供应，提高作物养分利用率。而在草原上各种植物错综分布，尤其在以

羊草，贝加尔针茅等为优势种的草地上，植物地下匍匐茎多，分蘖芽多，广泛的撒施更有利于匍匐茎吸收养分，增加分蘖数，从而提高了植物群落株丛数，因此更适用于农业生态系统的条施方式在草地生态系统不一定适用。然而，本试验也显示杂类草密度在条施方式下大于撒施。这一结果与杨泽鹏等人的研究结果一致[28]，这可能是因为条施方式下的氮肥可以与外界的水分、空气隔绝，减少淋溶和挥发，而且条施与土壤充分接触，增加了固定潜力[29]。同时杂类草拥有与农作物相同的独立根系，因此显示出与农作物相似的实验结果。同时这也反应出不同植物类型对氮添加的响应之间的差异。植物特性，氮添加方式，当地土壤环境状况都会影响氮添加最终的实验效果。在实际应用中应得到综合考虑。此外，有研究认为如果初始土壤氮含量较低，且气候干燥，在条施方式下植株吸收氮的效果会更好[30]。这说明条施氮肥的效果对环境条件变化较敏感。本试验区土壤异质性较大，肥沃程度不均，这可能也潜在地影响了条施氮肥的效果。且我们的试验结果并没有在氮添加水平的效果上表现出一致的规律，可能也是由于土壤养分异质性造成的。

本试验中，各植物群落指标在 2019 年并未对氮素添加处理有太大响应，这可能是因为在该生态系统中群落植物对氮素添加措施的响应存在一定的滞后性。这与刘健在宁夏固原黄土高原半干旱区典型草原生态系统的研究结果一致[31]，而且三因素方差分析表明施氮量与年份之间存在交互作用，这可能和当年的降雨量有一定的关系。

### 3.2 氮添加对植物群落多样性的影响

物种多样性越来越多的被认为是提供生态系统服务和功能的基础[32]，因此物种多样性的变化及其诱因吸引了众多学者的高度关注。在氮沉降加剧的全球环境下，大量相关研究已经进行，尤其在草原生态系统。一般认为，氮添加与物种多样性丧失密切相关[33]，但是因草地类型、环境因子的不同，研究结果存在争议。陈奇乐通过试验发现，氮添加降低了草地群落多样性 Simpson 指数、Shannon-Wiener 指数、Pielou 指数，但是对物种丰富度指数无显著影响。还有学者在我国内蒙古草原的氮添加试验中表明物种多样性与氮素添加量呈显著负相关[34]。而且在我国北方退化恢复草原的氮素添加量的试验结果也发现随氮素添加量的增加，物种多样性显著降低[35]。这主要是因为氮添加补偿了土壤中可利用氮，尤其对于氮素利用率强的禾本科植物会获得更大的光和养分的竞争优势，从而导致对氮利用能力低的植物多样性在竞争中被排斥，从而使多样性降低[36]。然而，纪晓丹在内蒙古退化草地研究发现，氮添加对物种多样性没有产生显著影响[37]。杨倩等在内蒙古乌兰布统草原发现氮添加对极度退化草地的植物群落物种丰富度和多样性无显著性影响[38]。孙斌在高寒草地研究发现施氮增加了物种多样性[39]。

本试验结果显示，在 2019 年，施氮对多样性 Margalef 指数、Shannon-Wiener 指数、Pielou 指数、Simpson 指数均无显著差异；在 2020 和 2021 年，与 CK 相比施氮降低了 Shannon-Wiener 指数和 Simpson 指数，而对 Margalef 指数和 Pielou 指数无显著影响。总体来说，该研究中，植物多样性对氮添加的响应较小，仅中高氮添加水平降低了 Shannon-Wiener 指数和 Simpson 指数。这与 Harpole et al 和 Ceulemans et al 的研究结果一致，其主要原因可能是氮添加后物种之间对光资源的竞争不同从而导致植物多样性下降[40]。氮添加后，土壤中可利用氮元素增加，具有高氮素利用率的禾本科、莎草科植物快速生长，其高度、盖度不断增加，此时物种间开始争夺地上光资源的竞争，高个体物种对矮个体物种进行了遮蔽，最终导致矮小物种的数量减少或者丧失，进而使植物群落物种多样性降低[41]。而且这两个指数主要表征植物群落的均匀度，而氮添加降低了该指数说明该植物群落的均匀程度下降，物种趋向于单优种发展[37]。2020 和 2021 年，与 CK 处理相比，撒施氮显著降低了植物群落的 Shannon-Wiener 指数和 Simpson 指数，这说明氮添加处理增加了试验地植物群落物种间差异，降低了生物多样性。而在条施处理下，各氮添加处理下植物群落多样性指数与 CK 处理间差异不显著。这似乎从另一方面证明，条施方式削弱了肥效的发挥。在半干旱天然草原上条施氮肥可能产生资源浪费的结果。同时，2019 年不同水平的氮添加对植物多样性并未产生显著的影响，说明在该草地生态系统中植物多样性对水肥管理措施的响应存在一定的滞后性[29]。因此，我们需要开展长期的氮添加试验继续探索其中的科学问题。

通过在功能群水平对物种丰富度进行分析进一步探讨氮添加下物种多样性变化的原因。研究结果表明，2020 和 2021 年撒施氮降低了杂类草和植物群落的物种丰富度，而对禾本科物种丰富度无显著影响，这与 Willems 的研究结果一致，可能是因为该研究中，禾本科是植物群落中的优势植物，且占据主导地位，草甸草原植物群落结构多样性特征是由优势植物组成差异决定的，如果试验样地优势种是高大的禾草，那么丰富度会降低，因为施肥会抑制杂类草的生长，不利于维持物种的多样性[42]。

## 4 结论

（1）不同氮添加处理下，无论撒施和条施方式，总体上均对植物群落产生显著的积极影响，显著提高了植物群落的高度，盖度和密度（$P<0.05$）。氮添加对植物群落的影响主要来源于禾本科草的响应，因此氮添加也显著增加了禾本科草的高度，盖度和密度（$P<0.05$）。不同氮添加量对群落生长的影响尽管显著（$P<0.05$），但未表现出一致的规律。

（2）氮添加方式的不同主要体现在对杂类草和群落物种多样性的影响。与条施方式添加氮相比，撒施方式对杂类草生长有明显的抑制作用，显著降低了杂类草的盖度，密度和物种丰富度（$P<0.05$）。同时，撒施方式添加氮显著降低了植物群落的物种丰富度和多样性指数（$P<0.05$），条施方式添加氮显著增加植物群落物种丰富度和多样性指数。

参考文献


[1] 白永飞，赵玉金，王扬，等．中国北方草地生态系统服务评估和功能区划助力生态安全屏障建设[J]．中国科学院院刊，2020，35(6):675-689

[2] Lecain D R, Morgan J A, Schuman G E, et al. Carbon exchange and species composition of grazed pastures and exclosures in the short grass steppe of Colorado[J]. Agriculture, Ecosystems and Environment, 2002, 93(1):421-435

[3] 刘源．2014 年全国草原监测报告[J]．中国畜牧业，2015，23:18-31

[4] 石益丹．呼伦贝尔草地生态系统服务功能价值评价[D]．中国农业科学院，2007

[5] 王志瑞，杨山，马锐骜，等．内蒙古草甸草原土壤理化性质和微生物学特性对刈割与氮添加的响应[J]．应用生态学报，2019，30(9):3010-3018

[6] 张爽，吕世杰，丁莉君，等. 羊草草甸草原群落多样性对打孔和施肥的响应[J]. 中国草地学报，2019，41(4):80-86

[7] Li Y, Song X L, Zhao J N, et al. Responses of plant diversity and primary productivity to nutrient addition in a Stipa ba-icalensis grassland, China[J]. Journal of Integrative Agri-culture, 2015, 14(10): 2099-2108

[8] 陈佐忠，盛修武，杨宗贵，等．不同类型草原群落雨季施肥的生态效应[M]．中国草地，1985，31(9):225-231

[9] 李禄军，于占源，曾德慧，等．施肥对科尔沁沙质草地群落物种组成和多样性的影响[J]．草业学报，2010，19:109-115

[10] 李禄军，曾德慧，于占源，等．氮素添加对科尔沁沙质草地物种多样性和生产力的影响[J]．应用生态学报，2009，20:1838-1844

[11] 李春丽，李奇，赵亮，等．环青海湖地区天然草地和退耕恢复草地植物群落生物量对氮、磷添加的响应[J]．植物生态学报，2016，40:1015-1027

[12] Isbell F, Reich P B, Tilman D, et al. Nutrient enrichment, biodiversity loss and consequent declines in ecosystem productivity[J]. Natl Acad , 2013, 110:11911-11916

[13] Bai Y F, Wu J G, Clark C M, et al. Trade offs and thresholds in the effects of nitrogen addition on biodiversity and ecosystem functioning: evidence from inner Mongolia Grasslands[J]. Global Change Biology, 2010, 16(1):358-372

[14] Midolo G, Alkemade R, Schipper A M, et al. Impacts of nitrogen addition on plant species richness and abundance: A global meta-analysis[J]. Global Ecology and Biogeography, 2019, 28(3):398-413

[15] Li S, Dong S, Shen H, et al. Different responses of multifaceted plant diversities of alpine meadow and alpine steppe to nitrogen addition gradients on Qinghai-Tibetan plateau[J]. Science of the total environment, 2019, 688:1405-1412

[16] Humbert J Y, Dwyer J M, Andrey A, et al. Impacts of nitrogen addition on plant biodiversity in mountain grasslands depend on dose, application duration and climate: a systematic review[J]. Global Change Biology, 2016, 22(1):110-120
[17] Cleland E E, Harpole W S. Nitrogen enrichment and plant communities[J]. Acad Sci, 2010, 1195:46-61
[18] Treseder K K. A meta-analysis of mycorrhizal responses to nitrogen, phosphorus, and atmospheric $CO^2$ in field studies[J]. New phytologist, 2004, 164:347-355
[19] 张蔷，李家湘，樊晓亮，等．氮添加对中亚热带杜鹃灌丛凋落物生产和叶分解的影响[J]．生态学报，2021，41(6):2372-2383
[20] 张晶，左小安，吕朋，等.科尔沁沙地典型草地植物功能性状及其相互关系[J].干旱区研究，2018，35(1):137-143
[21] 曹丰丰，刘瑞雪，黄国柱，等．短期氮添加对祁连山亚高山草地生产力及植物多样性的影响[J]．生态学报，2021，41(12):5034-5044
[22] 蒯晓妍．不同水平氮添加对北方农牧交错带草地植物群落多样性和生产力的影响[D]．山西农业大学，2019
[23] 李海宁等．氮添加对甘肃马先蒿种群特征及土壤营养品质的影响[D]．新疆农业大学，2022
[24] Rajaniemi T K. Why does fertilization reduce plant species diversity? Testing three competition-based hypotheses[J]. Journal of Ecology, 2002, 90(2):316-324
[25] Li K, Liu X, Song L, et al. Response of alpine grassland to elevated nitrogen deposition and water supply in China[J]. Oecologia, 2015, 177(1):65-72
[26] Song L, Bao X, Liu X, et al. lmpact of nitrogen addition on plant community in a semiarid temperate steppe in China[J]. Journal of Arid Land, 2012, 4(1):3-10
[27] 柯健等．氮肥种类和施肥方式对水稻产量及氮素去向的影响[D]．南京农业大学，2017
[28] 宋彦涛，周道玮，李强，等．松嫩草地 80 种草本植物叶片氮磷化学计量特征[J]．植物生态学报，2012，36(3):222-230
[29] Fernandez F G, Schaefer D. Assessment of soil phosphorus and potassium following real time kinematic-guided broadcast and deep-band placement in strip-till and no-till [J]. soil Science Society of America Journal, 2012, 76:1090-1099
[30] Kallela M. Band placement of fertilizer on organic cauliflower[J]. Acta horticulturae, 2006, 700(700):213-215
[31] 刘健．半干旱黄土区草地植物多样性和生产力对封育和管理措施的响应[D]．西北农林科技大学，2020
[32] Li K, Liu X, Song L, et al. Response of alpine grassland to elevated nitrogen deposition and water supply in China[J]. Oecologia, 2015, 177(1):65-72
[33] Song L, Bao X, Liu X, et al. lmpact of nitrogen addition on plant community in a semiarid temperate steppe in China[J]. Journal of Arid Land, 2012, 4(1):3-10
[34] Xia J, Wan S. Global response patterns of terrestrial plant species to nitrogen addition[J]. New phytologist, 2008, 179(2):428-439
[35] 杨泽鹏，门胜男，刘定辉，等．耕作与施肥方式对成都平原冬油菜产量、干物质积累和品质的影响[J]．中国土壤与肥料，2022，21(4):1673-6257
[36] 宋彦涛，周道玮，李强，等．松嫩草地 80 种草本植物叶片氮磷化学计量特征[J]．植物生态学报，2012，36(3):222-230
[37] Cardinale B J, Duffy J E, Gonzalez A, et al. Biodiversity loss and its impact on humanity[J]. Nature, 2019, 29:59-67
[38] Gamfeldt L, Snall T, Bagchi R, et al. Higher levels of multiple ecosystem services are found in forests with more tree species[J]. Nat Commun, 2013, 4:13-40
[39] Chen Q, Hooper D U, Lin S. Shifts in species composition constrain restoration of overgrazed grassland using nitrogen fertilization in Inner Mongolian steppe[J]. PLoS ONE, 2011, 6(3): 169-179
[40] Bai Y F, Wu J G, Clark C M, et al. Trade offs and thresholds in the effects of nitrogen addition on biodiversity and ecosystem functioning: evidence from Inner Mongolia Grass lands[J]. Global Change Biology, 2010, 16:358-372
[41] David T. plant strategies and the dynamics and structure of plant communities[J]. Bulletin of Mathematical Biology, 1989, 4(1):28-29
[42] Willems J H. Growth form Spectra and Species Diversity in permanent Grassland plots with Different Management[J]. Journal of Southwest China Normal University, 1988, (03):62-76

# 氮添加对燕麦/豌豆间作体系碳氮磷化学计量特征的影响

冯晓云[1,2#]，侯统璐[1#]，鲍根生[2,3*]，张鹏[1,2]，李媛[1,2]，梁国玲[2,3]

（1. 青海大学，青海 西宁 810003;2. 青海省畜牧兽医科学院，青海 西宁 810016；

3. 青海省青藏高原优良牧草种质资源利用重点实验室，青海 西宁 810016）

**摘要：**为分析无机氮肥对燕麦（*Avena sativa*）/豌豆（*Pisum sativum*）间作体系主要营养元素吸收的影响，本研究以燕麦和豌豆为试验材料，设置单播、隔行间作、同行混合间作 3 种种植方式和对照（0 kg • ha$^{-1}$）、低氮（50 kg • ha$^{-1}$）、高氮（200 kg • ha$^{-1}$）3 个氮添加水平，探究不同间作种植方式和氮添加水平对燕麦、豌豆茎叶及根系碳（C）、氮（N）和磷（P）含量和 C/N、C/P、N/P 的影响。结果表明：1）豌豆和燕麦茎叶、根系碳、氮、磷含量及其化学计量比在不同种植方式和氮添加水平下均表现不同；2）不同种植方式和氮添加水平下，豌豆和燕麦生长受 N 和 P 共同限制；3）RDA 分析表明，间作种植方式和氮添加水平与两者茎叶、根系碳、氮、磷含量及其化学计量比存在正负相关。因此，可通过植物组织养分含量变化特征揭示其养分利用状况，进而为高寒区草地退化修复和畜牧业可持续发展提供理论基础。

**关键词：**间作种植；氮添加；茎叶；根系；化学计量特征

中图分类号：

# Effects of Nitrogen Addition on CNP Stoichiometric Traits of Oat-pea Intercropping System

FENG Xiao-yun[1,2#], HOU Tong-lu[1#], BAO Gen-sheng[2,3*], ZHANG Peng[1,2], LI Yuan[1,2], LIANG Guo-ling[2,3]

(1. Qinghai University, Xining 810003, China;2. Qinghai Academy of Animal Science and Veterinary Medicine, Xining 810016, China;3. Key Laboratory of Superior Forage Germplasm in the Qinghai-Tibetan Plateau, Xining 810016, China; )

**Abstract:**This study aimed to evaluate the effects of nitrogen addition on the absorption of major nutrients of oat (*Avena sativa*)/pea (*Pisum sativum*) intercropping system. Employing oats and peas as test subjects, three distinct planting methods (monoculture of oats and peas, alternate-row intercropping, and same-row mixed intercropping) were examined in conjunction with three nitrogen addition levels (control at 0 kg • ha$^{-1}$, low nitrogen at 50 kg • ha$^{-1}$, and high nitrogen at 200 kg • ha$^{-1}$). The analysis focused on how different intercropping techniques and nitrogen levels influenced the carbon (C), nitrogen (N), and phosphorus (P) contents and the ratios of C/N, C/P, and N/P in oat and pea stems, leaves, and roots. Key findings include: 1)The carbon, nitrogen and phosphorus content and stoichiometric ratios of pea and oat stems leaves and roots were different under different planting model

**基金项目：**青海省科技厅应用基础研究（2022-ZJ-715）；国家自然科学基金项目（32060398、U21A20239）资助

**作者简介：**冯晓云（1996-），女，汉族，甘肃金昌人，硕士研究生，主要从事豆科牧草栽培育种方面的研究，E-mail: fengxiaoyun0703@126.com；*通信作者 Author for correspondence，E-mail:baogensheng2008@hotmail.com

and nitrogen addition levels. 2)The growth of pea and oat was limited by both N and P under different planting model and nitrogen addition level. 3)Redundancy analysis (RDA) showed that intercropping planting model and nitrogen addition level has a positive and negative correlation with carbon, nitrogen ,phosphorus content and stoichiometric ratios of pea and oat stems leaves and roots.Therefore, the nutrient use status of plant tissues can be revealed through the change characteristics of nutrient content, and then provide a theoretical basis for grassland degradation restoration and sustainable development of animal husbandry in alpine regions.

**Keywords**: Intercropping; Nitrogen addition; Stems and leaves; Root; Stoichiometric traits

生态化学计量学，作为一种研究生物系统能量与各类化学元素（主要为碳（Carbon，C）、氮（Nitrogen，N）和磷（Phosphorus，P））动态平衡的科学方法，被广泛应用于生物化学循环、养分利用效率和资源比例竞争理论等领域[1]。近年来，生态化学计量学在水生生态系统和陆生生态系统的研究方面取得了重大突破[2-3]，特别是对 C:N:P 化学计量学的研究已贯穿到个体、种群、群落和生态系统等不同尺度，成为生态学与土壤化学研究领域的重要方向，同时也是研究植物-土壤-微生物系统物质循环和能量流动的必要思路，以此深入探究生物与环境之间的养分循环机制以及生态系统组分之间的联系[4-5]。其中，C 元素组成植物的生物量，N 元素在植物光合作用、蛋白质的合成以及凋落物的分解中起着不可替代的作用，而 P 元素则充当植物细胞结构和 DNA 以及 RNA 的主要组成成分[6-9]。

目前，草地生态畜牧业面临的重大问题仍是饲草供应不平衡，而燕麦（*Avena sativa*）因其适应性强、口感佳、可溶性碳水化合物含量高成为高寒区补饲草主要作物[10]。同时，有研究表明，禾本科和豆科的间作组合是一个优选系统，通过生态位互补或豆科植物的生物固氮作用增加作物营养元素含量和产量，同时改善作物品质[11-13]。在禾本科和豆科间作草地中，豌豆（*Pisum sativum*）、箭筈豌豆（*Vicia sativa*）和毛苕子（*Vicia villosa*）等一年生豆科牧草常被用于间作，其中，燕麦和豌豆间作是常用的一年生禾-豆间作措施，二者间作后有效利用土地资源，从而促进养分吸收，提高作物产量和品质[14]。例如，张丽睿等[15]对燕麦/豌豆间作系统研究发现，间作燕麦和豌豆地上生物量和籽粒产量均高于相应单作；刘慧[16]对燕麦与不同作物间混作生态效应研究发现，燕麦与豌豆间作群体鲜、干草单产最高，且分别较单作群体提高 28.8%和 27.8%。然而，关于禾本科和豆科间作的研究主要集中在系统作物产量、养分吸收和土壤微生物等方面，而忽略了不同营养元素在植物各组织器官中的分配情况[17-18]。同时，生态化学计量比可用于判断限制性元素和分析养分利用效率，而营养元素的变化会影响植物群落结构，养分利用率及生产力等[19]。碳（C）、氮（N）、磷（P）作为植物生长发育过程中不可或缺的营养元素，其含量分布及生态化学计量特征可以有效反映植物对不同器官营养元素的分配和相互作用关系，有利于判断养分利用情况和限制性营养元素，是当前生态学研究领域的热点问题之一[20-21]，但有关高寒区禾本科和豆科间作碳（C）、氮（N）、磷（P）化学计量特征影响的研究比较有限。

基于此，本研究以燕麦和豌豆为研究对象，对其单播、隔行间作和同行混合间作模式下采取不添加氮、低氮、高氮 3 个施氮梯度处理，比较燕麦、豌豆地上、地下生物量和茎叶、根系中的 C，N P 含量及其生态化学计量比，分析不同种植模式和氮添加水平下燕麦、豌豆茎叶、根系的养分含量、变化特征和分配规律，揭示其间作系统限制性营养元素，以期为高寒区禾本科和豆科间作人工草地建植和草地退化修复提供参考。

# 1 材料与方法

### 1.1 试验地概况

试验地点位于青海省西宁市湟中区土门关乡加汝尔村，海拔 2 668 m，属高原大陆性气候，冷凉半干旱类型。太阳辐射强，日照时间长，昼夜温差大，年均气温 2.9 ℃。年均日照时数 2588.3 h，年降水量 450~600 mm，无霜期 110~170 d。土壤类型为栗钙土，质地为壤土，地力水平呈中上等。耕作层有机质含量 28.67 g·kg$^{-1}$，碱解氮含量 122 mg·kg$^{-1}$，铵态氮含量 121 mg·kg$^{-1}$，全氮含量 2.20 g·kg$^{-1}$，全磷含量 2.44 g·kg$^{-1}$，速效磷含量 27.60 mg·kg$^{-1}$，有效磷含量 27.9 mg·kg$^{-1}$[22]。2021 年前茬作物为燕麦。

### 1.2 试验设计

供试材料选用青海省畜牧兽医科学院新培育的燕麦（*Avena sativa*，‘青永久 872’）和豌豆（*Pisum sativum*，‘青建 1 号’）为间作作物。研究设置 3 个氮水平和 3 种种植模式的裂区区组田间小区试验，每个区组包含 12 个处理，每个处理设 4 次重复，共计 48 个小区。种植模式分别是燕麦单播、豌豆单播、燕麦与豌豆隔行间作、燕麦与豌豆同行混合间作。根据前人对高寒区燕麦、豌豆种植制度的研究[23-26]，氮水平分别设为对照（0 kg • $ha^{-1}$）、低氮（50 kg • $ha^{-1}$）和高氮（200 kg • $ha^{-1}$），单播燕麦播量设为 225 kg • $ha^{-1}$，单播豌豆播量设为 112 kg • $ha^{-1}$；隔行间作燕麦、豌豆播量与单播一致，且依次交替种植 4 行；同行混合间作燕麦、豌豆播量各为其单播时的一半，田间试验于 2022 年 5—9 月进行。

试验小区面积为 10 $m^2$（2 m×5 m），相邻小区间隔 1.0 m，相邻区组间隔 2.0 m。行距为 25 cm，播种深度为 5 cm。在燕麦播种期和拔节期分两次施入尿素（N 含量为 46%），并一次性施入过磷酸钙（$P_2O_5$ 含量为 12%）充当基肥。同时，为防止尿素挥发损失，将表土和尿素按照 10 : 1 比例混匀后均匀撒施至沟内，于燕麦拔节期和开花期进行田间人工除杂两次。

### 1.3 测定指标及方法

#### 1.3.1 全碳含量测定

于燕麦乳熟期采集燕麦、豌豆全株包括地上和地下部分。燕麦和豌豆单播种植样方内的植物齐地面刈割并装入风干袋，隔行间作和同行混合间作种植样方内的豌豆和燕麦齐地面刈割，原地将燕麦和豌豆茎叶分离并装袋。由于燕麦和豌豆根系主要分布在 0~30 cm 土层[27]，故小区地上植株取样完成后，用铁锹挖取深度 30 cm 根土混合物置于直径 60 cm、高度 100 cm 圆桶内，桶内注满水并静置 24 h，待土壤松软后用水清洗并收集根系，依据燕麦、豌豆茎秆留茬和根系特征将根系分开[28]，并带回实验室，105℃杀青 20 min，80℃下烘干至恒重。随后将燕麦、豌豆分离后各部位（根、茎叶）称重并粉碎，过 0.4 mm 筛。利用总碳分析仪测定燕麦、豌豆植株各部位的含碳量。

#### 1.3.2 全氮、全磷含量及生物量的测定

将燕麦、豌豆植株不同部位（根、茎叶）鲜样放入 105℃烘箱杀青 30 min，再调至 70℃烘干至恒重， 并分别称其地上和地下样品干重，然后用粉碎机粉碎。称取 0.2 g 样品于 100 mL 消煮管中，采用 $H_2SO_4$-$H_2O_2$ 消解法消解[29]， 消解后的样品转移并用蒸馏水定容至 100 mL 容量瓶。同时做空白试验，该待测液可同时供磷含量的测定。后使用连续流动分析仪对燕麦、豌豆不同部位磷、氮含量进行测定[30]。

### 1.4 数据分析

采用 Excel 2021 对数据进行整理，并用 SPSS 27.0 进行双因素和单因素方差分析，分析不同种植方式和化肥氮添加及其交互作用对燕麦、豌豆茎叶和根系 C，N，P 含量及 C/N，C/P，N/P 的影响。采用 Duncan 法对上述指标进行多重比较，用 Canoco 5 软件进行 RDA 分析，并用 Origin 2022 进行绘图。所有数值均为“平均值±标准误”。

## 2 结果与分析

### 2.1 不同种植方式和氮添加对燕麦、豌豆地上和地下生物量的影响

在不同氮添加水平下，单播豌豆地上生物量明显高于间作，且在高氮添加时最高（图 1a，$P$ <0.05）；单播和隔行间作燕麦地上生物量优于同行混合间作，且在高氮隔行间作时最高（图 1b，$P$ <0.05）。同时，豌豆地下生物量与地上生物量变化趋同，但在低氮单播时最优（图 1c，$P$ <0.05）；而在未添加氮和低氮添加时，单播和隔行间作燕麦地下生物量明显高于同行混合间作，但在高氮添加时单播燕麦地下生物量低于间作（图 1d，$P$ <0.05）。

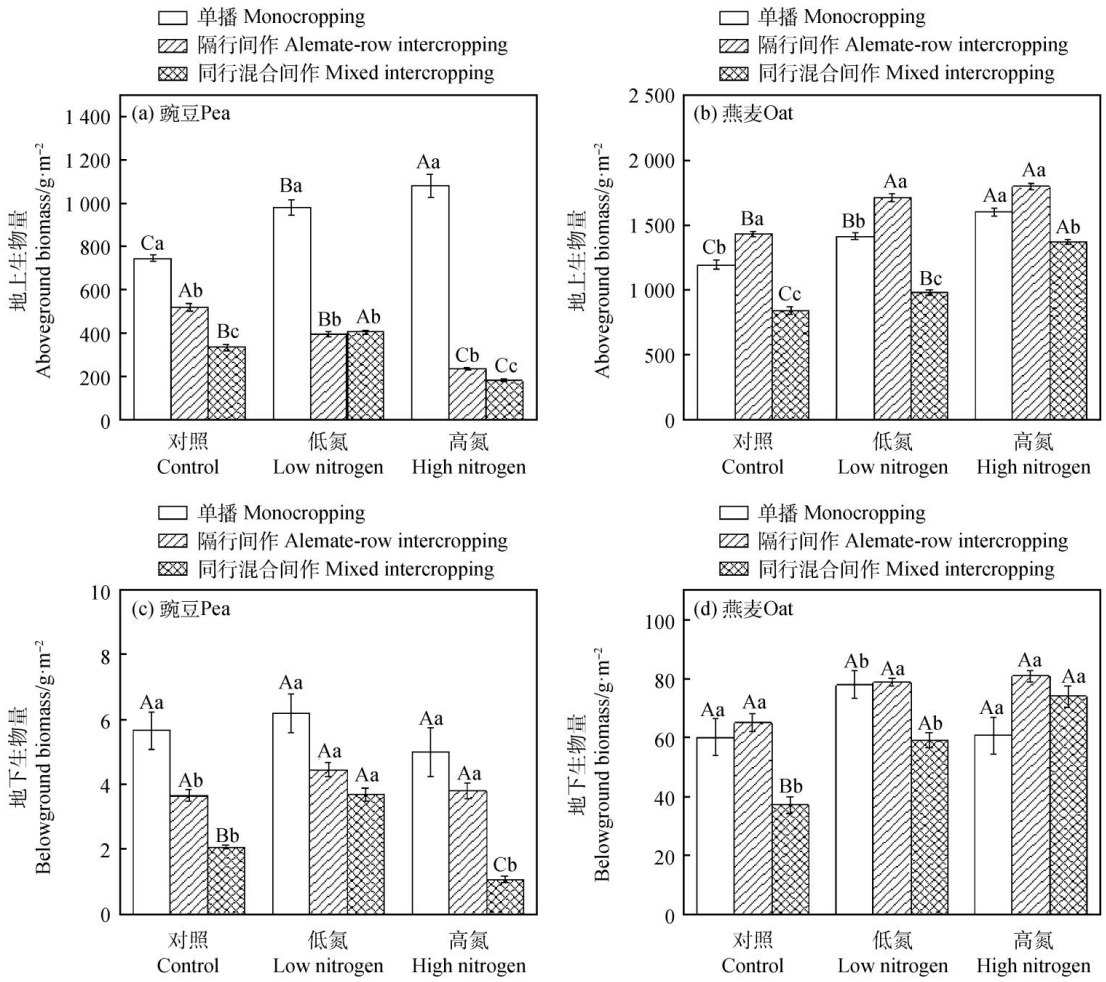



**图 1 不同种植方式和氮添加下豌豆、燕麦地上和地下生物量**

Fig. 1 Aboveground and belowground biomass of pea and oat under different planting model and nitrogen addition

注：大写字母表示相同种植方式下燕麦或豌豆茎叶 C、N、P 含量在不同 N 水平上差异显著（$P < 0.05$），小写字母表示不同种植模式下燕麦或豌豆茎叶 C、N、P 含量在相同 N 水平上差异显著（$P < 0.05$），下同

Note: Capital letters indicated that C, N and P content of stems and leaves of oat or pea for identical planting model were significant difference at 0.05 level under different N levels, in contrast, lowercase letters indicated that C, N and P content of stems and leaves of oat or pea in same N level were significant difference at 0.05 level for different planting model,the same as below

## 2.2 不同种植方式和氮添加水平对豌豆、燕麦茎叶 C、N、P 含量的影响

双因素方差分析表明，种植方式和氮添加水平以及其交互作用对豌豆和燕麦茎叶 C、N、P 含量存在不同影响（表 1）。在添加氮肥处理下，单播豌豆茎叶 C 含量最大且显著高于间作（图 2a，$P$ <0.05），隔行间作燕麦茎叶 C 含量最大且显著高于单播和同行混合间作（图 2b，$P$ <0.05）。未添加氮肥时，间作豌豆茎叶 N 含量显著高于单播（图 2c，$P$ <0.05）。相同氮水平下，间作燕麦茎叶 N 含量显著高于单播且低氮隔行间作时最高（图 2d，$P$ <0.05）。而与 N 变化相反，间作豌豆茎叶 P 含量显著低于单播（图 2e，$P$ <0.05），间作燕麦茎叶 P 含量高于单播（图 2f，$P$ <0.05）。

**表 1 不同种植方式和氮添加下豌豆、燕麦茎叶 C、N、P 含量的双因素方差分析**

Table 1 Two-way ANOVA of stems and leaves C, N and P content of pea and oat under different planting model and nitrogen addition

| 物种 Species | 因素 Factors | 自由度 DF | C | | N | | P | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| | | | *F* | *P* | *F* | *P* | *F* | *P* |
| 豌豆 Pea | 种植方式 Planting model, P | 2 | 5.64 | **<0.05** | 2.50 | 0.09 | 23.16 | **<0.01** |
| | 氮添加 Nitrogen addition, N | 2 | 8.57 | **<0.01** | 5.88 | **<0.05** | 5.88 | **<0.05** |

| | | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| | 种植方式×氮添加<br>P×N | 4 | 5.66 | **<0.01** | 2.26 | 0.07 | 2.26 | 0.07 |
| 燕麦<br>Oat | 种植方式<br>Planting model, P | 2 | 9.96 | **<0.01** | 49.81 | **<0.01** | 6.31 | 0.06 |
| | 氮添加<br>Nitrogen addition, N | 2 | 3.03 | 0.05 | 7.40 | **<0.01** | 0.14 | 0.87 |
| | 种植方式×氮添加<br>P×N | 4 | 5.00 | **<0.01** | 9.55 | **<0.01** | 0.49 | 0.74 |

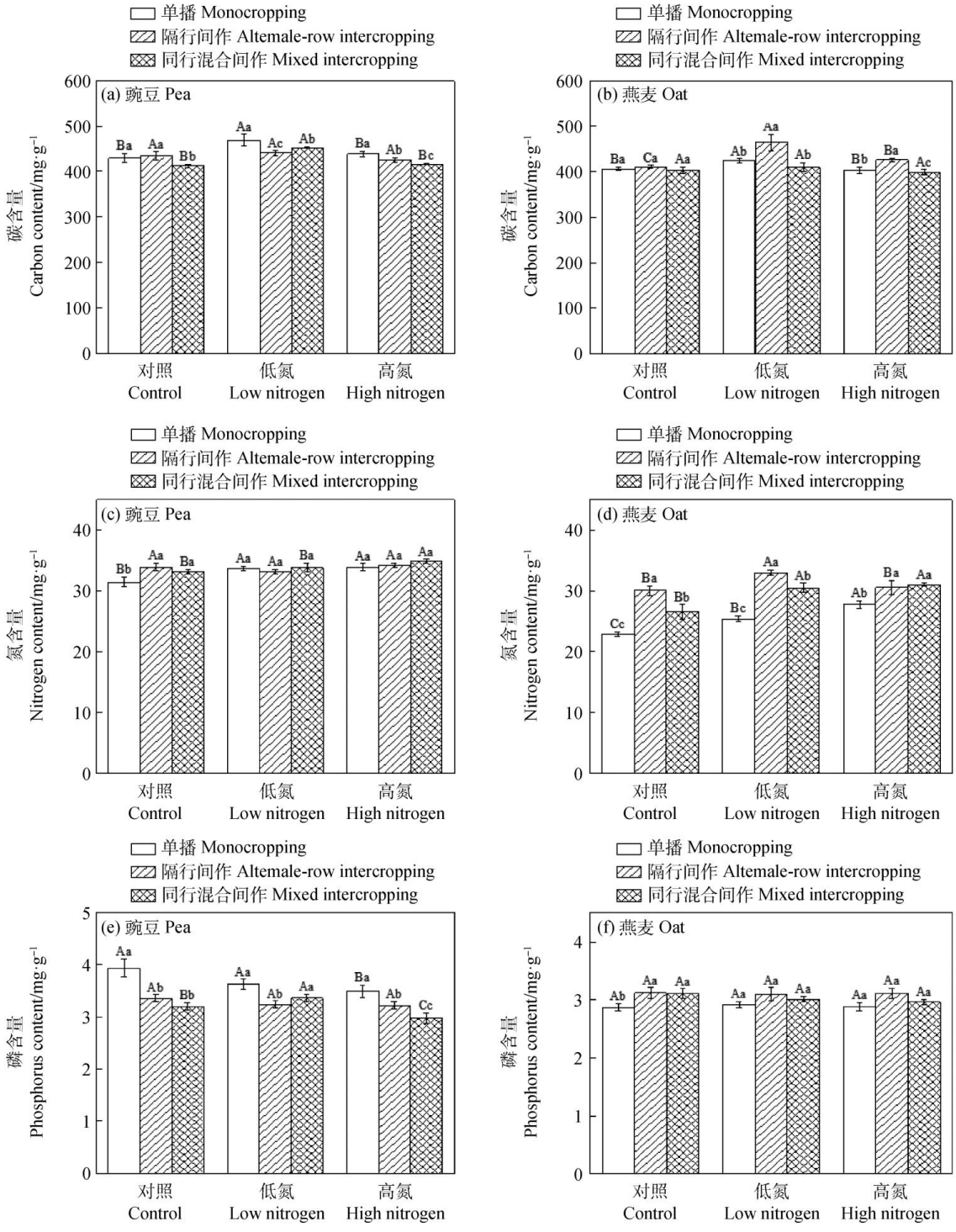



**图 2　不同种植方式和氮添加水平对豌豆、燕麦茎叶 C、N、P 含量的影响**

Fig. 2　Effects of different planting model and nitrogen addition levels on stems and leaves C, N and P contents of pea and oat

### 2.3 不同种植方式和氮添加水平对豌豆、燕麦根系 C、N、P 含量的影响

种植方式和氮添加水平以及其交互作用对豌豆、燕麦根系 C、N、P 含量的影响存在差异（表 2, $P$ <0.05）。在未添加氮肥时，单播豌豆和燕麦根系 C 含量显著高于间作（图 3a~3b，$P$ <0.05）；低氮添加下，同行混合间作豌豆根系 C 含量最高（图 3a，$P$ <0.05），而单播燕麦根系 C 在高氮添加时最大（图 3b，$P$ <0.05）。低氮隔行间作豌豆根系 N 含量高于高氮添加

和未添加（图 3c，$P$ <0.05），而在未添加氮和低氮添加下，间作燕麦根系 N 含量显著高于单播，高氮添加单播和隔行间作燕麦根系 N 含量显著高于低氮添加和未添加（图 3d，$P$ <0.05）。另外，高氮隔行间作豌豆根系 P 含量最高（图 3e，$P$ <0.05），而低氮添加隔行间作燕麦根系 P 含量显著高于单播与同行混合间作（图 3f，$P$ <0.05）。

**表 2　不同种植方式和氮添加下豌豆、燕麦根系 C、N、P 含量的双因素方差分析**

Table 2　Two-way ANOVA of root C, N, P content of pea and oat under different planting model and nitrogen addition

| 物种 Species | 因素 Factors | 自由度 DF | C | | N | | P | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| | | | *F* | *P* | *F* | *P* | *F* | *P* |
| 豌豆 Pea | 种植方式 Planting model, P | 2 | 0.37 | 0.70 | 202.04 | **<0.01** | 28.53 | **<0.01** |
| | 氮添加 Nitrogen addition, N | 2 | 12.33 | **<0.01** | 21.01 | **<0.01** | 9.98 | **<0.01** |
| | 种植方式×氮添加 P×N | 4 | 10.41 | **<0.01** | 10.41 | **<0.01** | 0.97 | 0.43 |
| 燕麦 Oat | 种植方式 Planting model, P | 2 | 24.43 | **<0.01** | 5.00 | **<0.05** | 3.09 | 0.05 |
| | 氮添加 Nitrogen addition, N | 2 | 115.85 | **<0.01** | 43.75 | **<0.01** | 18.70 | **<0.01** |
| | 种植方式×氮添加 P×N | 4 | 9.73 | **<0.01** | 8.08 | **<0.01** | 3.00 | **<0.05** |

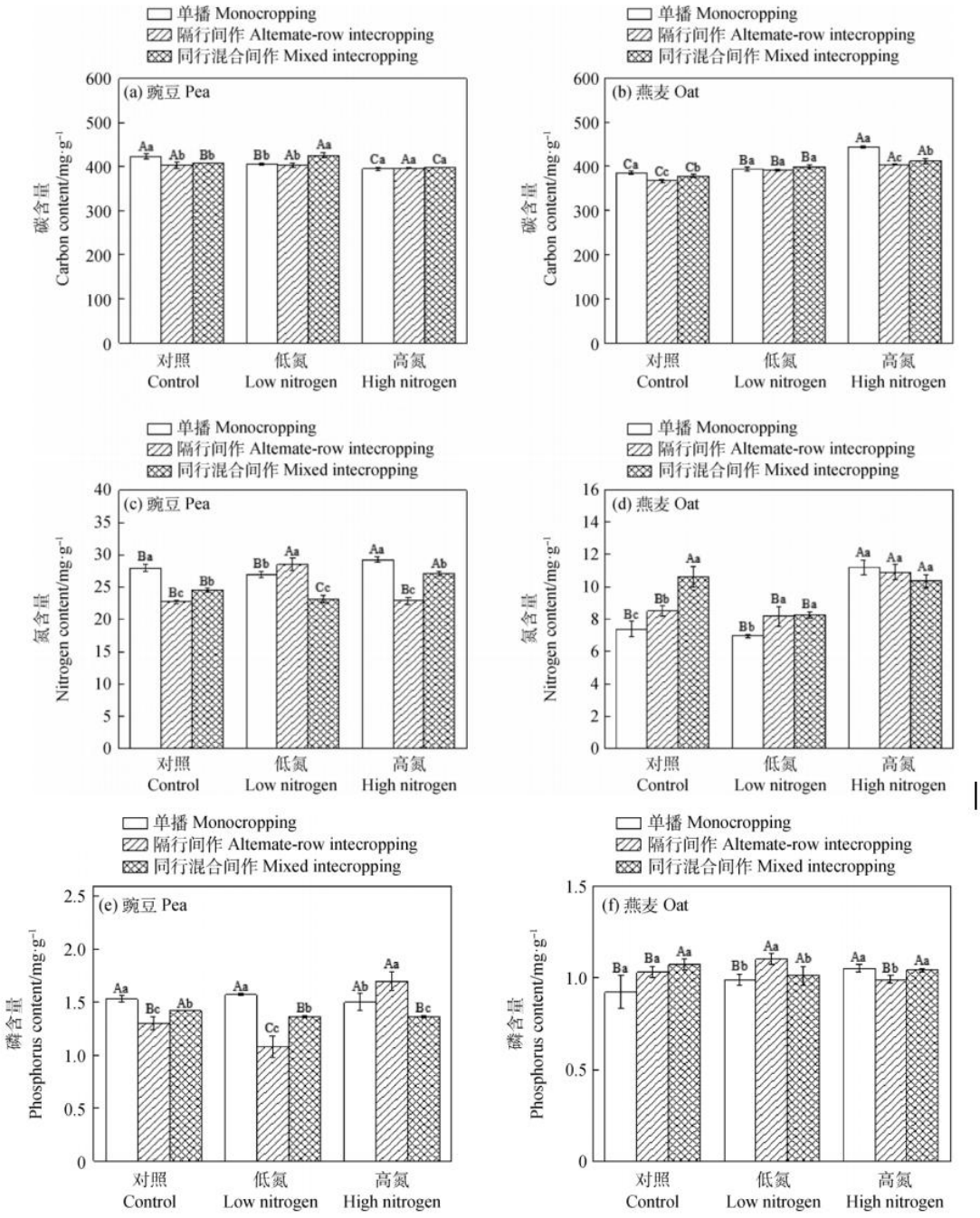



**图 3　不同种植方式和氮添加水平对豌豆、燕麦根系 C、N、P 含量的影响**

Fig. 3　Effects of different planting model and nitrogen addition levels on root C, N and P contents of pea and oat

## 2.4 不同种植方式和氮添加水平对燕麦、豌豆茎叶 C/N、C/P 和 N/P 的影响

种植方式和氮添加水平及其交互作用对豌豆和燕麦茎叶 C/N、C/P 和 N/P 存在显著影响（表 3）。高氮添加下，单播和间作豌豆、燕麦 C/N 显著低于低氮和未添加氮处理（图 4a~4b，$P < 0.05$）。在不同氮添加水平下，间作豌豆 C/P 显著高于单播（图 4c，$P < 0.05$），低氮隔行间作燕麦 C/P 显著高于未添加氮和高氮添加（图 4d，$P < 0.05$）。同时，间作豌豆 N/P 显著高于单播处理，高氮同行混合间作豌豆 N/P 最高（图 4e，$P < 0.05$），而未添加氮和低氮隔行间作燕麦 N/P 均显著高于单播燕麦（图 4f，$P < 0.05$）。

**表 3　不同种植方式和氮添加对豌豆、燕麦茎叶 C/N、C/P 和 N/P 的双因素方差分析**

Table 3　Two-way ANOVA analysis of stems and leaves C/N、C/P 和 N/P of pea and oat under different planting model and nitrogen addition

| 物种 Species | 因素 Factors | 自由度 DF | C/N | | C/P | | N/P | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| | | | *F* | *P* | *F* | *P* | *F* | *P* |
| 豌豆 Pea | 种植方式 Planting pattern, P | 2 | 7.91 | **<0.05** | 6.64 | **<0.05** | 24.05 | **<0.01** |
| | 氮添加 Nitrogen addition, N | 2 | 0.78 | 0.46 | 13.30 | **<0.01** | 11.92 | **<0.01** |
| | 种植方式×氮添加 P×N | 4 | 2.09 | 0.09 | 3.51 | **<0.05** | 1.55 | 0.19 |
| 燕麦 Oat | 种植方式 Planting pattern, P | 2 | 36.16 | **<0.01** | 3.98 | **<0.05** | 17.81 | **<0.01** |
| | 氮添加 Nitrogen addition, N | 2 | 13.01 | **<0.01** | 1.37 | 0.26 | 5.72 | **<0.05** |
| | 种植方式×氮添加 P×N | 4 | 3.45 | **<0.05** | 2.08 | 0.09 | 7.85 | **<0.01** |

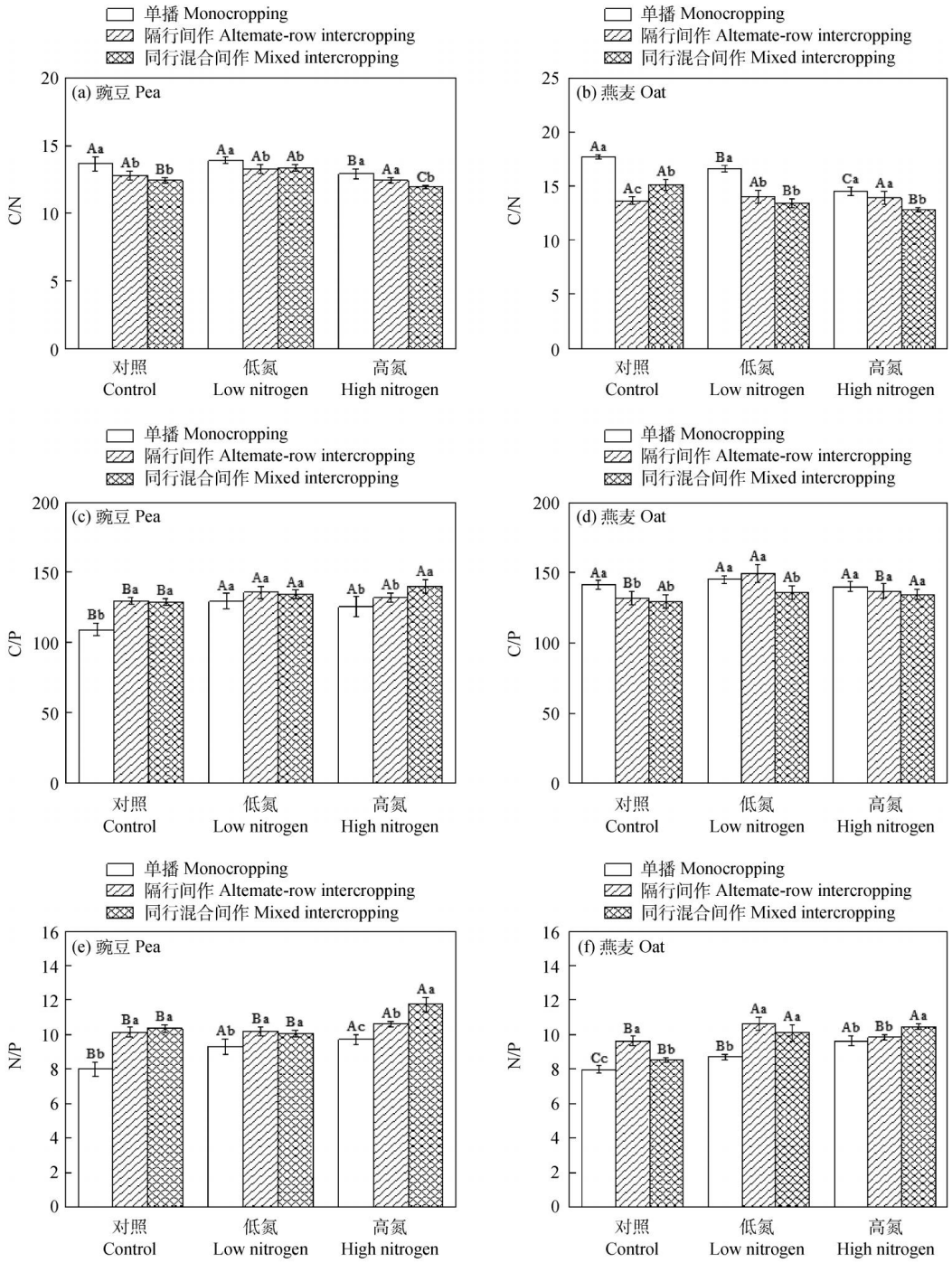



**图 4 不同种植方式和氮添加水平对豌豆、燕麦茎叶 C/N、C/P 和 N/P 的影响**

Fig. 4 Effects of different planting model and nitrogen addition levels on stems and leaves C/N、C/P 和 N/P of pea and oat

## 2.5 不同种植方式和氮添加水平对燕麦、豌豆根系 C/N、C/P 和 N/P 的影响

种植方式和氮添加水平及其交互作用对豌豆和燕麦根系 C/N、C/P 和 N/P 存在显著影响（表 4）。高氮添加下，单播和同行混合间作豌豆和燕麦根系 C/N 显著低于低氮和未添加氮处理，且单播燕麦根系 C/P 最高（图 5a~5d，$P$ <0.05）。同时，低氮添加下，隔行间作豌豆根系 N/P 显著高于单播与同行混合间作，而高氮添加下相反（图 5e，$P$ <0.05）；未添加氮和低氮添加下同行混合间作燕麦根系 N/P 显著高于单播与隔行间作，而在高氮添加下同行混合间作燕麦根系 N/P 最低（图 5f，$P$ <0.05）。

**表 4 不同种植方式和氮添加对豌豆、燕麦根系 C/N、C/P 和 N/P 的双因素方差分析**

Table 4 Two-way ANOVA analysis of root C/N、C/P 和 N/P of pea and oat under different planting model and nitrogen addition

| 物种 Species | 因素 Factors | 自由度 DF | C/N | | C/P | | N/P | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| | | | *F* | *P* | *F* | *P* | *F* | *P* |
| 豌豆 Pea | 种植方式 Planting pattern, P | 2 | 191.17 | **<0.01** | 24.67 | **<0.01** | 75.85 | **<0.01** |
| | 氮添加 Nitrogen addition, N | 2 | 27.31 | **<0.01** | 1.10 | 0.36 | 12.15 | **<0.01** |
| | 种植方式×氮添加 P×N | 4 | 30.97 | **<0.01** | 11.60 | **<0.01** | 11.33 | **<0.01** |
| 燕麦 Oat | 种植方式 Planting pattern, P | 2 | 11.79 | **<0.01** | 2.19 | 0.119 | 4.79 | **<0.05** |
| | 氮添加 Nitrogen addition, N | 2 | 18.69 | **<0.01** | 27.64 | **<0.01** | 32.84 | **<0.01** |
| | 种植方式×氮添加 P×N | 4 | 5.86 | **<0.01** | 1.54 | 0.20 | 5.63 | **<0.05** |

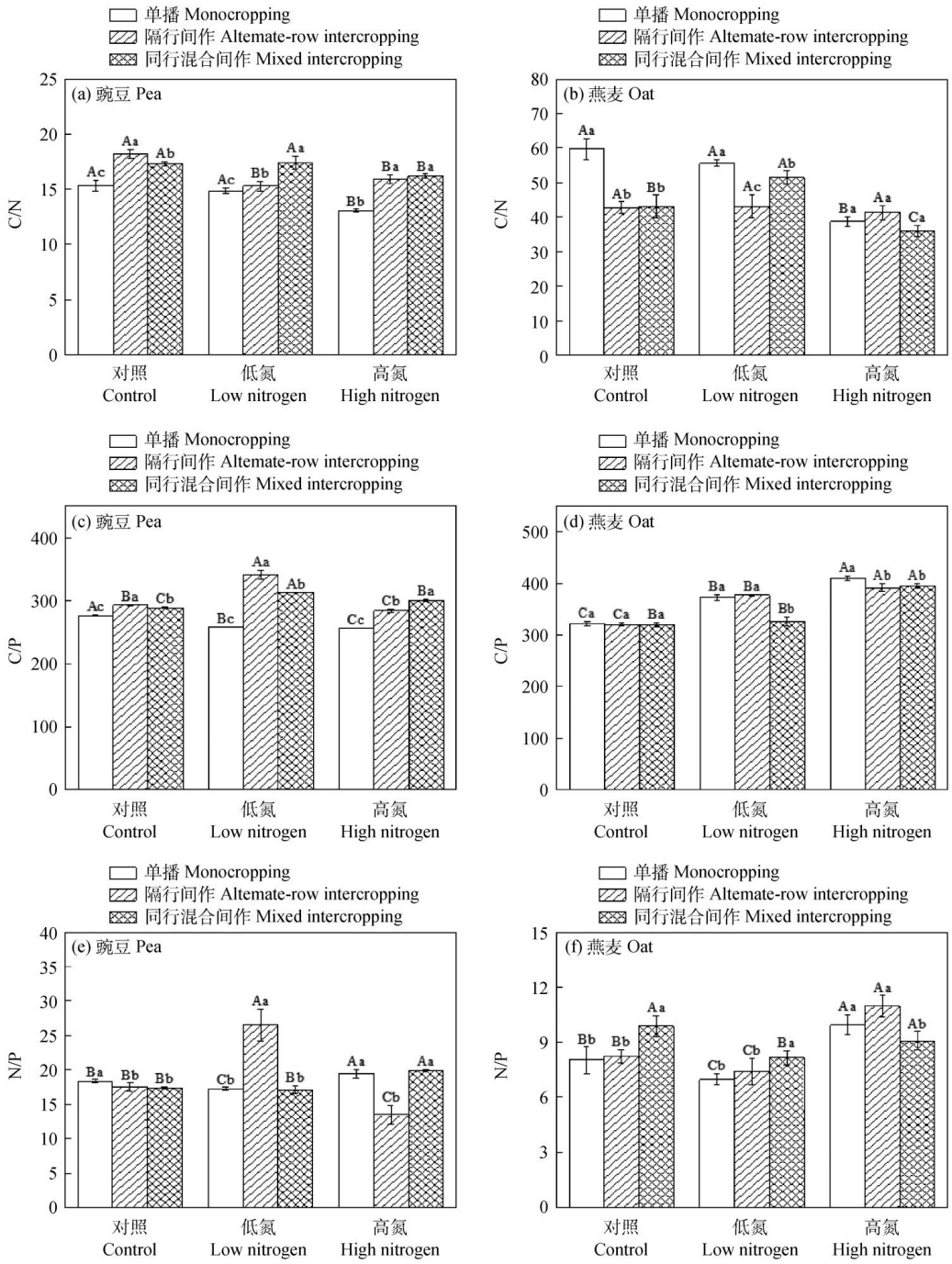



**图 5 不同种植方式和氮添加水平对豌豆、燕麦根系 C/N、C/P 和 N/P 的影响**

Fig. 5 Effects of different planting model and nitrogen addition levels on root C/N、C/P 和 N/P of pea and oat

## 2.6 不同种植方式和氮添加对燕麦、豌豆茎叶和根系 C、N、P 含量以及其化学计量比的相关性分析

种植方式与豌豆茎叶 N 含量、C/P、N/P 呈正相关，而与 C、P 含量、C/N 呈负相关；氮添加与豌豆茎叶 C、N、C/P 和 N/P 呈正相关，而与 P 含量、C/N 呈负相关（图 6a）。对于燕麦茎叶，种植方式与 C、N、P、N/P 呈正相关，而与 C/N、C/P 呈负相关；同样，氮添加与燕麦茎叶 C、N 含量、C/P 和 N/P 表现出正相关，而与 P 含量和 C/N 比值显示出负相关（图 6b）。对于豌豆根系，C/N、C/P、N/P 与种植方式呈正相关，而与 C、N、P 含量呈负相关；与此相反，氮添加与豌豆根系 C、P 含量显示出正相关，而与 C 含量和 C/N 比值呈现负相关（图 6c）。对于燕麦根系，种植方式与 N、P 含量和 N/P 呈正相关，而与其 C 含量

和 C/N 呈负相关；氮添加与燕麦根系 C、N、P、C/P 和 N/P 呈正相关，而与 C/N 成负相关（图 6d）。

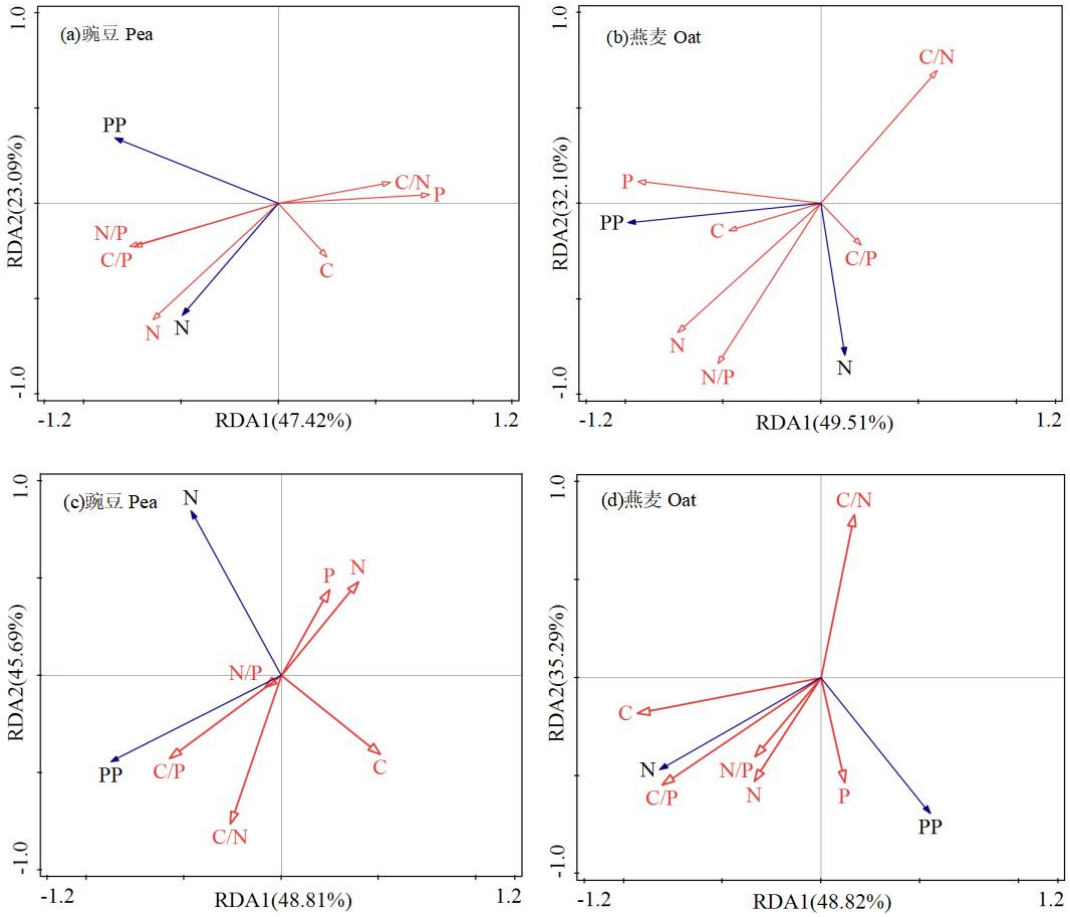



**图 6　不同种植方式和氮添加下豌豆、燕麦茎叶和根系 C、N、P 含量以及其化学计量比的 RDA 分析**

Fig. 6　RDA analysis of C, N and P content and stoichiometry ratios of pea and oat stems, leaves and roots under different planting model and nitrogen addition

注：图 a 和图 b 分别代表豌豆和燕麦茎叶，图 c 和图 d 分别代表豌豆和燕麦根系，图中字母 C、N、P 分别代表碳含量、氮含量和磷含量， C/N、C/P 和 N/P 分别代表碳氮比、碳磷比和氮磷比，PP 代表间作种植方式，N 代表氮添加水平

Note: Figure a and figure b represent pea and oat stems and leaves, respectively, and figure c and figure d represent pea and oat roots, respectively.The letters C, N and P represent carbon content, nitrogen content and phosphorus content, respectively, and C/N, C/P and N/P represent carbon-nitrogen ratio, carbon-phosphorus ratio and nitrogen-phosphorus ratio, respectively. PP represents intercropping planting model. N represents nitrogen addition level

## 3 讨论

化肥氮的添加和不同的种植方式影响土壤养分状况，使燕麦和豌豆不同器官养分含量和生长发育存在明显变化，C，N，P 是植物生长发育过程中必需的元素，在植物形态建成和代谢过程中扮演重要角色[31]。同一植物体中，作为结构性物质的 C 含量比作为功能性物质的 N、P 含量相对稳定，受外界环境的影响小[32]，本研究结果证明了这一点。添加化肥氮后，燕麦和豌豆的茎叶以及根系 C 含量在各处理间的变化程度均不大，而 N，P 含量变化较为明显，说明短期添加化肥氮后，土壤养分的变化并未影响燕麦和豌豆体内有机碳的积累[33]。另外，植物的营养状况及养分情况可通过植物根系、茎叶中的 N，P 含量判断[34]。本研究发现，豌豆茎叶 N 含量在不添加氮和高氮处理下间作高于单作，低氮处理下则相反；燕麦茎叶 N 含量在不添加氮和低氮处理下间作显著高于单作，而在高氮处理下间作略微高于单作。分析原因是由于豆科植物豌豆根瘤菌具有较强的固氮能力，在高氮处理下能够利用土壤中的

N 元素，导致植株体内的 N 含量增加[35]，Hogberg 等[36]研究也发现，豆科作物在间作系统中的生物固氮作用要比单作系统强。另外，燕麦是禾本科植物，因自身不具备固氮功能不能大量利用土壤中的氮肥，这与马心灵等[37]对不同氮水平下玉米间作马铃薯进行研究发现间作显著影响作物氮素吸收量，但这种影响因施氮量的不同而各异的结论一致。同时，本研究也发现，豌豆地上和地下生物量分别在高氮和低氮单播时最高，而燕麦地上和地下生物量均在高氮隔行间作时最高。由此可见，科学合理施氮是很有必要的。

有研究认为，当植物 N/P 小于 10 时，N 为限制因子；N/P 大于 14 时，P 为限制因子[38]。也有研究认为，当植物 N/P 小于 14 时，N 为植物生长的限制因素，N/P 大于 16 时，P 为植物生长的限制因素[39]。Güsewell 等[40]则认为，当植物 N/P 小于 10 时受 N 限制，大于 20 时受 P 限制，介于二者之间时受 N 和 P 共同限制。在本研究中，豌豆单播、隔行间作、同行混合间作和燕麦单播、隔行间作、同行混合间作的茎叶和根系在不同化肥氮添加水平下绝大部分数据表现为 N/P 大于 10 小于 20，说明豌豆和燕麦生长主要受 N 和 P 元素共同限制。因此，在高寒区豌豆和燕麦间作的人工草地建植中可适当增施氮肥和磷肥，但增施相应肥料是否有助于提高其草产量仍需进一步研究。另外，豌豆茎叶和根系的 N/P 也显著高于燕麦，表明在土壤 N 和 P 限制的处理下，其根系因根瘤菌的存在得以吸收大量的氮素。同时，生长速率假说也认为，为使核糖体合成大量蛋白质，生物体在快速生长阶段时 rRNA 中需要大量磷，因此其生长速率与 C/P，N/P 呈负相关[41]。本研究中，豌豆茎叶 C/P、N/P 均在未添加化肥氮单播时最低，到高氮同行混合间作时植株生长速率逐渐减慢，豌豆茎叶 C/P，N/P 相应缓慢增高，这符合生长速率假说理论。此外，RDA 分析也表明，间作种植方式和氮添加水平对豌豆和燕麦茎叶以及根系 C，N，P 含量和其化学计量比既存在正相关也存在负相关，说明两种因素均对该禾豆间作系统营养元素吸收存在影响。本研究发现，间作种植方式与豌豆茎叶、根系 C/P 和 N/P 以及燕麦茎叶 C，P 含量和根系 P 含量相关性较强，化肥氮添加与豌豆茎叶 N 含量和根系 P 含量以及燕麦茎叶和根系 C/P 相关性较强，这与 Gong 等[42]对高粱-小米/绿豆间作系统研究发现间作结合施氮对碳氮磷比有显著影响的结论一致。

另外，Chen 等[43]对来自 75 个研究的 845 个观测数据进行 Meta 分析以评估不同生态系统植物 N，P 含量以及 N/P 比对 N 添加的响应，发现 N 添加下植物中的 N 含量和 N/P 化学计量比增加，而植物 P 含量降低，这主要与 N 输入速率和实验持续时间有关。然而，本研究豌豆、燕麦茎叶和根系 N，P 含量以及 N/P 受化肥氮添加和种植方式双重影响而存在差异。同时，本研究仅侧重于植物 C，N，P 三个元素的生态化学计量，而未对其他微量元素如 K，S 等进行研究，在今后的研究中可做进一步探索。另外，本研究仅仅针对燕麦和豌豆在乳熟阶段的情况进行了探讨，而对于这些植物在其它生长阶段的情况，以及对于其他种类的植物，可能需要进行更多的研究来验证这些结果。

## 4 结论

本研究发现，化肥氮添加和种植方式显著影响高寒区燕麦和豌豆茎叶以及根系 C，N，P 含量及其生态化学计量比。其中，豌豆和燕麦茎叶 C 含量在低氮单播和隔行间作时最高，N 含量在高氮同行混合间作和低氮隔行间作时最高；在不同氮添加下，单播豌豆茎叶 P 含量均高于间作，间作燕麦茎叶 P 含量均高于单播。而豌豆和燕麦根系 C 含量分别在低氮同行混合间作和高氮单播时最高，N 含量均在高氮单播时最高，P 含量分别在高氮和低氮隔行间作时最高。同时，燕麦、豌豆茎叶和根系 C，N，P 化学计量比也表明，在化肥氮添加和种植方式双重作用下，燕麦和豌豆的生长受 N 元素和 P 元素共同限制，因此在高寒区燕麦和豌豆间作的人工草地建植中可适当增势氮肥和磷肥，进而增加草产量，为高寒区缓解草畜矛盾做出贡献。

**参考文献**

[1] 刘雪莲,朱俊义,关胜超,等. 长白山区不同海拔森林湿地土壤碳氮磷生态化学计量学特征[J]. 通化学院学报, 2023, 44(4):21-28
[2] 曾冬萍,蒋利玲,曾从盛,等. 生态化学计量学特征及其应用研究进展[J]. 生态学报, 2013, 33(18):5484-5492
[3] 孙龙,窦旭,胡同欣. 林火对森林生态系统碳氮磷生态化学计量特征影响研究进展[J]. 南京林业大学学报,2021,45(2):1-9
[4] ANDERSON T R,BOERSMA M,RAUBENHEIMER D. Stoichiometry: Linking elements to biochemicals[J]. Ecology,2004,85(5):1193-1202
[5] 王绍强,于贵瑞. 生态系统碳氮磷元素的生态化学计量学特征[J]. 生态学报,2008,28(9):3937-3947
[6] SCHADE J D,KYLE M,HOBBIE S E,et al. Stoichiometric tracking of soil nutrients by a desert insect her-bivore[J]. Ecology Letters,2003,6(2):96-101
[7] KLAUSMEIER C A,LITCHMAN E,DAUFRESNE T,et al. Optimal nitrogen-to-phosphorus stoichiometry of phytoplankton[J]. Nature,2004,429(6988):171-174
[8] YANG Y,LIU B R,AN S S. Ecological stoichiometry in leaves,roots,litters and soil among different plant communities in a desertified region of Northern China [J]. Catena,2018(166):328-338
[9] TILMAN D. Niche tradeoffs,neutrality and community structure: A stochastic theory of resource competition,invasion,and community assembly[J]. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America,2004,101(30):10854-10861
[10] 马晓东,孙金金,汪鹏斌,等. 青海三江源区燕麦与豆类混播对草产量和品质的影响[J]. 中国草地学报,2021,43(7):21-27
[11] 赵建华,孙建好,陈亮之. 三种豆科作物与玉米间作对玉米生产力和种间竞争的影响[J]. 草业学报,2020,29(1):86-94
[12] 柴继宽,赵桂琴,张丽睿,等. 施氮及间作对燕麦干物质积累、分配和氮素吸收利用的影响[J]. 中国草地学报,2023,45(1):88-98
[13] 王新宇,高英志. 禾本科/豆科间作促进豆科共生固氮机理研究进展[J]. 科学通报,2020,65(2-3):142-149
[14] 孙元伟,吕陇,王琦,等. 紫花苜蓿/豆科牧草间作的生态效益分析[J]. 草地学报,2023,31(3):884-892
[15] 张丽睿,柴继宽,赵桂琴,等. 施氮制度对燕麦‖豌豆间作体系产量及种间竞争力的影响[J]. 草原与草坪,2022,42(4):106-114
[16] 刘慧. 燕麦与不同作物间混作生态效应的研究[D]. 呼和浩特市:内蒙古农业大学,2008.
[17] 俞霞. 红壤旱地甜玉米‖大豆间作系统作物产量、碳氮吸收累积和土壤养分的变化特征研究[D]. 南昌:江西农业大学,2022
[18]俞霞,肖世豪,李淑娟,等. 禾本科-豆科间作模式中作物产量和氮素利用的研究进展[J]. 生态学杂志,2021,40(8):2601-2609
[19]马英,许志豪,曾巧红,等. 氮素添加对荒漠化草原草本植物养分化学计量特征的影响[J].草业学报,2021,30(6):64-72
[20] 盘金文,郭其强,孙学广,等. 不同林龄马尾松人工林碳、氮、磷、钾养分含量及其生态化学计量特征[J]. 植物营养与肥料学报,2020,26(4):746-756
[21] MENG W P,DAI Q H,REN Q Q,et al. Ecological stoi-chiometric characteristics of soil-moss C N,and P in res-toration stages of karst rocky desertification[J]. Publiclibrary of Science,2021,16(6):e0252838.
[22] 王晓宁. 青海省湟中县盐碱地调查初报[J]. 青海农技推广,2015(1):57-58
[23] 段连学,马祥,琚泽亮,等. 减氮配施有机肥对‘青海甜燕麦’光合特性和产量的影响[J]. 草地学报,2022,30(2):471-478
[24] 刘红梅,张海芳,赵建宁,等. 氮添加对贝加尔针茅草原土壤活性有机碳和碳库管理指数的影响[J]. 草业学报,2020,29(8):18-26

[25] 鲍根生,张鹏,马祥,等. 高寒区氮添加对禾豆间作系统牧草和种子产量的影响[J]. 草地学报,2023,31(7):2210-2219
[26] 刚永和,张海博,陈永珑,等. 青海东部农区小黑麦与豆科牧草的混播组合与混播比例[J].草业科学,2021,38(11):2274-2285
[27] 冯晓敏,杨永,臧华栋,等. 燕麦花生间作系统作物氮素累积与转移规律[J]. 植物营养与肥料学报,2018,24(3):617-624
[28] ANNETTE N, GREGOR H, ROLF R. Efficient discrimination of oat and pea roots by cluster analysis of fourier transform infrared spectra[J]. Field Crops Research,2010,119(1):78-84
[29] 鲍士旦. 土壤农化分析[M]. 北京:中国农业出版社,2000:263-274
[30] 黄莹,方界群,卢颖林,等. 连续流动分析仪快速测定甘蔗植株全氮、全磷含量[J]. 甘蔗糖业,2017(1):57-61
[31] YANG Y, LUO Y. Carbon: nitrogen stoichiometry in forest ecosystems during stand development[J]. Global Ecology and Biogeography, 2011,20(2): 354-361
[32] 高宗宝,王洪义,吕晓涛,等. 氮磷添加对呼伦贝尔草甸草原 4 种优势植物根系和叶片 C∶N∶ P 化学计量特征的影响[J]. 生态学杂志,2017,36(1):80-88
[33] 王洪义,丁睿,王智慧,等. 氮、磷添加对草地不同冠层植物叶片和根系生态化学计量特征的影响[J]. 草业学,2020,29(8):37-45
[34] 张永亮,于铁峰,郝凤. 豆禾混播牧草碳氮磷钾生态化学计量特征对施肥与混播比例的响应[J]. 草地学报 2020,28(5):1386-1394
[35] 段艳芳. 为什么豆科植物能与根瘤菌共生固氮[J].自然杂志,2020,42(6):504
[36] HOGBERG P. $^{15}$N natural abundance in soil-plant systems[J]. New Phytologist,1997(137):179-203
[37] 马心灵,朱启林,耿川雄,等. 不同氮水平下作物养分吸收与利用对玉米马铃薯间作产量优势的贡[J]. 应用生态学报,2017,28(4):1265-1273
[38] AERTS R,WALLEN B,MALMER N. Growth-limiting nutrients inSphagnum-dominated bogs subject to low and high atmosphericnitrogen supply[J]. Journal of Ecology,1992,80(1):131-140
[39] KOERSELMAN W,MEULEMAN A F M. The vegetation N:P ratio:A new tool to detect the nature of nutrient limitation[J]. Journal of Applied Ecology,1996,33(6):1441-1450
[40] GÜSEWELL S. N: P ratios in terrestrial plants: variation and functional significance[J]. New phytologist,2004,164(2):243-266
[41] AERTS R. Nutrient resorption from senescing leaves of perennials: arethere general patterns[J]. Journal of Ecology,1996,84(4):597-608
[42] GONG X W,DANG K ,LV S M,et al. Interspecific competition and nitrogen application alter soil ecoenzymatic stoichiometry, microbial nutrient status, and improve grain yield in broomcorn millet/mung bean intercropping systems[J]. Field Crops Research,2021,270:108227
[43] CHEN S, ZHANG W, GE X, et al. Response of plant and soil N, P, and N: P stoichiometry to N addition in China: A meta-analysis[J]. Plants,2023,12(11):2104

# 燕麦成熟胚组织培养体系的建立

于立霞[1]，王召明[1]，贾振宇[1*]，张跃华[1]，刘长涛[1]

（1.蒙草生态环境（集团）股份有限公司，内蒙古 呼和浩特 010070；）

**摘要：**以蒙饲燕 6 号(*Avena sativa L.* ‘Meng Si Yan No.6’)为试验材料，采用成熟胚诱导愈伤组织的方法，探索 3 种燕麦种子创伤方式与胚发芽率和愈伤组织诱导的关系，对不同激素浓度配置对愈伤组织分化和生根培养的影响进行研究，以期建立高效燕麦成熟胚无性繁殖体系。结果表明，切胚法出愈率最高为 63%，且胚发芽率最低为 4%，MS+1.2 mg·L$^{-1}$ NAA+1.2 mg·L$^{-1}$ KT+1.5 mg·L$^{-1}$ 6BA+500 mg·L$^{-1}$ CH 分化培养基对愈伤组织的分化效果最佳，添加 1.5 mg·L$^{-1}$ IBA 生根率最高为 61.67%。

**关键词：**燕麦；成熟胚；组织培养

# Establishment of a Tissue Culture System for Mature Embryos of Oats(*Avena sativa L.*)

YU Li-xia[1] , WANG Zhao-ming[1] , JIA Zhen-yu[1*] , ZHANG Yue-hua[1] , LIU Chang-tao[1]

(1.M.Grass Ecological Environment (Group) Co., Ltd, Hohhot 010070, Inner Mongolia Autonomous Region;)

**Abstract:** *Avena sativa L.* 'Meng Si Yan No.6' was used as the test material. *Avena sativa L.* 'Meng Si Yan No.6' was used as the test material. Using the method of healing tissue induction by mature embryo, we explored the relationship between three types of oat seed traumatization and embryo germination rate and healing tissue induction, and investigated the effects of different hormone concentrations on the differentiation and rooting culture of healing tissues with the aim of establishing a highly efficient system of asexual propagation of mature embryo in oat. The results showed that the highest healing rate of 63% and the lowest embryo germination rate of 4% were obtained by the embryo cutting method. MS+1.2 mg·L$^{-1}$ NAA+1.2 mg·L$^{-1}$ KT+1.5 mg·L$^{-1}$ 6BA+500 mg·L$^{-1}$ CH differentiation medium was the best for the differentiation of healing tissues. The addition of 1.5 mg·L$^{-1}$ IBA gave the highest rooting rate of 61.67%.

**Keywords:** oat(*Avena sativa* ); mature embryo; tissue culture

燕麦属禾本科(Gramineae)燕麦属(*Avena sativa L.*)，一年生草本植物，是重要的粮食作物和饲料作物。随着生物技术的发展，转基因和基因编辑技术广泛应用于植物品种改良，建立高频稳定的组织培养再生体系是燕麦转基因和遗传转化的基础[iii]。目前以燕麦叶片[iv]、花药[v-vi]、子房[vii]、幼穗[viii]、幼胚[ix]、成熟胚等作为外植体都已成功诱导愈伤组织，燕麦成熟胚具有取材方便、周期短、分裂能力强等优点，因此作为外植体诱导愈伤组织最为方便实用。

基金项目：国家重点研发计划项目（2023YFD1902500）资助

作者简介：于立霞，女，内蒙古乌兰察布市人，主要从事草业科学研究，
E-mail:1439432775@qq.com；*通信作者 贾振宇，E-mail:Jzhenyu0612@163.com

本研究以燕麦成熟胚为材料，通过对外植体不同创伤处理、不同培养基配比等方面的研究，探索燕麦成熟胚诱导愈伤组织的最佳处理方法，筛选适宜燕麦愈伤组织分化及生根的最适条件，建立燕麦高效率无性繁殖体系，为利用转基因技术改良饲用燕麦提供科学依据。

## 材料与方法

### 1.1 试验材料

选择蒙饲燕 6 号燕麦成熟种子为材料，剥去种皮备用。蒙饲燕 6 号燕麦种子由内蒙古农业大学提供。

### 1.2 预处理

将处理后的种子用洗洁精水清洗干净表皮油脂[x]，蒸馏水冲洗干净，置于超净工作台进行一次消毒[xi]。消毒步骤为 75%酒精处理 1 min，蒸馏水冲洗 3 次，10% NaClO 处理 15 min，再次用蒸馏水冲洗 3 次[xii]。将消毒后的种子整齐摆放于放有 2 层无菌滤纸的培养皿中，加 5 mL 无菌蒸馏水，室温、弱光下培养发芽。挑选露白种子进行二次消毒[xiii]，无菌水冲洗 3 次，0.1% HgCl 处理 3 min，蒸馏水冲洗 3 次，最后用无菌滤纸吸干水分备用。

#### 愈伤组织诱导方法

为了解决完整种子在诱导愈伤组织的过程中发芽严重的问题，对种子胚进行了一定程度切割创伤的试验。共设置 3 种切割方式，切胚法的操作方式为挑选萌发至有胚芽和胚根伸出的燕麦种子，切除胚芽和胚根，用解剖刀将胚部纵切两半后剥离胚；纵半切[xiv]的操作方式为挑选萌发至露白的燕麦种子，沿胚轴纵切约 2/3 后剥离胚；切胚带乳[xv]的操作方式为挑选萌发至露白的种子，沿胚轴纵切约 2/3 后，垂直于胚轴方向横切一刀，将带有受伤种子胚和部分胚乳的外植体剥离。

将上述经过切割的剥离成熟胚盾片朝上接种于诱导愈伤培养基中，培养基为 MS+5 $mg·L^{-1}$ 2,4-D+2 $mg·L^{-1}$ NAA+400 $mg·L^{-1}$ CH+500 $mg·L^{-1}$ por，暗培养[xvi]，培养温度 25℃，15 d 后统计出愈率。

将暗培养 15 d 后诱导出愈伤的成熟胚移至愈伤组织继代培养基中进行增殖培养，过程中将胚乳部分剥离，只保留愈伤组织部分。继代培养基为 MS+1 $mg·L^{-1}$ 2,4-D+1 $mg·L^{-1}$ NAA+200 $mg·L^{-1}$ CH+500 $mg·L^{-1}$ por，置于 25℃培养箱中暗培养 15 d 继代 1 次。

#### 分化培养

将继代 2 次后的愈伤组织转入分化培养基中进行不定芽诱导培养，分化培养基设置如表 1，置于 25℃光照 16 h 黑暗 8 h 的培养箱中进行培养，15 d 后统计分化率。

**表 1 不同激素浓度分化培养基**

**Table 1 Differentiation media with different hormone concentrations**

| 培养基编号 Medium No. | NAA/$mg·L^{-1}$ | KT/$mg·L^{-1}$ | 6BA/$mg·L^{-1}$ | CH/$mg·L^{-1}$ |
|---|---|---|---|---|
| F1 | 0.2 | 0.4 | 0 | 500 |
| F2 | 0.4 | 0.4 | 0.5 | 500 |
| F3 | 0.6 | 0.6 | 0.8 | 500 |
| F4 | 0.8 | 0.8 | 1 | 500 |
| F5 | 1.0 | 1.0 | 1.2 | 500 |
| F6 | 1.2 | 1.2 | 1.5 | 500 |
| F7 | 1.4 | 1.4 | 1.8 | 500 |

### 1.5 生根培养

将分化培养基中生长至 3 ~ 5 cm 的不定芽移至生根培养基中进行培养，生根培养基设置如表 2，置于 25℃光照 16 h 黑暗 8 h 的培养箱中进行培养，15 d 后统计生根率。

**表 2 不同 IBA 浓度生根培养基**

**Table 2 Rooting medium with different IBA concentrations**

| 培养基编号<br>Medium No. | IBA/mg·L$^{-1}$ |
|---|---|
| S1 | 0.5 |
| S2 | 1.0 |
| S3 | 1.5 |
| S4 | 2.0 |
| S5 | 3.0 |
| S6 | 4.0 |

### 1.6 移栽

将生根至 3 ~ 5 cm 的无菌苗移栽至温室花盆中，弱光培养 3 d 后正常光照培养。

### 1.7 数据统计分析

出愈率=诱导出愈伤组织数/处理胚数×100%；发芽率=发芽数/处理胚数×100%；分化率=分化芽数/愈伤组织数×100%；生根率=生根数/不定芽数×100%。试验数据用 Excel 和 SPSS 统计软件进行分析。

## 2 结果与分析

### 2.1 创伤处理方法的筛选

利用成熟胚进行愈伤组织诱导时，发芽率是影响出愈率的重要因素。不同胚切割方式对愈伤组织的诱导效果不同（表 3），其中切胚法出愈率最高为 63%，且发芽率最低为 4%；切胚带乳的出愈率仅次于切胚法（62%），但发芽率显著高于其他两个处理为 69%，该处理下的愈伤组织生长状况较差，整体呈现白色且较小；纵半切的切割方式出愈率最低，诱导效果最差。不同试验结果表明切胚法能够显著降低燕麦的发芽率，诱导燕麦愈伤组织效果最好。

**表 3 不同胚切割方式诱导愈伤组织情况**

**Table 3 Induction of healing tissue by different embryo cutting methods**

| 切割方式<br>Cutting method | 平均出愈率/%<br>Average healing rate/% | 平均发芽率/%<br>Average germination rate/% | 愈伤组织生长情况<br>Healing tissue growth |
|---|---|---|---|
| 切胚法 | 63±1.73$^{a}$ | 4±0.58$^{c}$ | 黄色较大 |
| 纵半切 | 21±1.00$^{b}$ | 27±1.53$^{b}$ | 白色较小 |
| 切胚带乳 | 62±1.52$^{a}$ | 69±2.52$^{a}$ | 白色较小 |

注：表中数据为均值±标准误差，数字后不同小写字母表示差异显著（$p<0.05$）

Note: The data in the table are means ± standard error, and different lowercase letters after the numbers indicate significant differences ($p<0.05$)

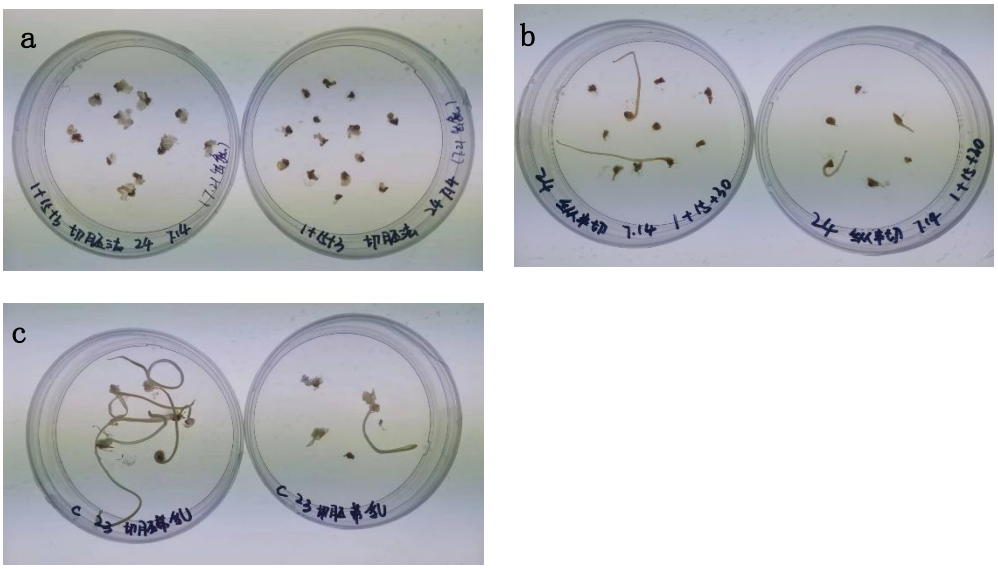



**图 1 不同胚切割方式诱导愈伤组织生长情况**

**Fig. 1 Healing tissue growth induced by different embryo cutting methods**

注：图 1-a 为切胚法处理燕麦种子的愈伤组织生长情况；图 1-b 为纵半切处理燕麦种子的愈伤组织生长情况；图 1-c 为切胚带乳处理燕麦种子的愈伤组织生长情况

Note: Fig. 1-a shows the healing tissue growth of oat seeds treated by the cut-embryo method; Fig. 1-b shows the healing tissue growth of oat seeds treated by longitudinal half-cut; Fig. 1-c shows the healing tissue growth of oat seeds treated by cut-embryo with milk

### 2.2 分化和生根培养基对成熟胚组织培养的影响

不同激素浓度配置对燕麦愈伤组织分化以及生根存在一定影响。由表 4 可知，F6 的分化率最高，达到 50.21%；F1 的分化率最低，仅为 16.67%。当各激素浓度水平大于 0.5 mg·L$^{-1}$ 时，分化率显著提高，表明较高的激素浓度有利于促进燕麦愈伤组织芽的分化。

**表 4 不同激素浓度组合对分化率的影响情况**

**Table 4 Effect of different combinations of hormone concentrations on the rate of differentiation**

| 培养基编号 Medium No. | NAA /mg·L$^{-1}$ | KT /mg·L$^{-1}$ | 6BA /mg·L$^{-1}$ | CH /mg·L$^{-1}$ | 平均分化率/% Differentiation rate/% |
|---|---|---|---|---|---|
| F1 | 0.2 | 0.4 | 0.0 | 500 | 16.67±0.09$^{b}$ |
| F2 | 0.4 | 0.4 | 0.5 | 500 | 22.14±0.05$^{ab}$ |
| F3 | 0.6 | 0.6 | 0.8 | 500 | 39.38±0.09$^{ab}$ |
| F4 | 0.8 | 0.8 | 1.0 | 500 | 38.43±0.08$^{ab}$ |
| F5 | 1.0 | 1.0 | 1.2 | 500 | 32.93±0.08$^{ab}$ |
| F6 | 1.2 | 1.2 | 1.5 | 500 | 50.21±0.12$^{a}$ |
| F7 | 1.4 | 1.4 | 1.8 | 500 | 32.78±0.09$^{ab}$ |

为了建立最佳的无性繁殖体系，将继代 1 次、2 次、3 次的愈伤组织放置在相同的分化培养基中进行培养，结果表明，继代 3 次的愈伤组织分化率显著高于继代 1 次的愈伤组织，多次继代能够提高愈伤组织的胚性，更适宜进一步的分化培养，而继代次数少的愈伤组织呈半透明状，水分含量较高，不适合进一步组织培养（图 2）。

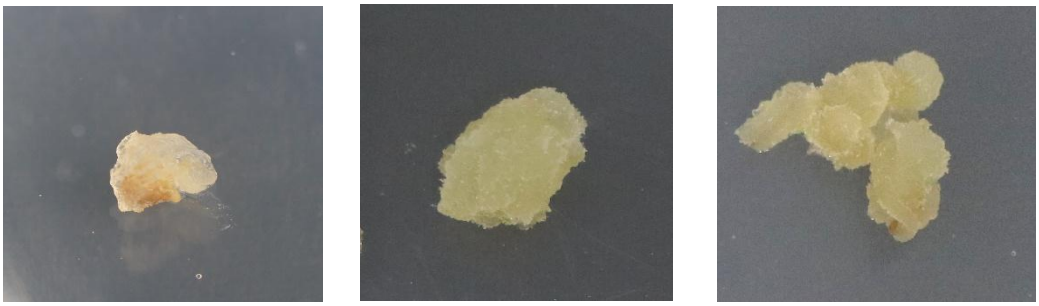


**图 2 不同继代次数的愈伤组织生长情况**

**Fig. 2 Growth of healing tissues with different number of successions**

注：图 2-a 为继代 1 次后的愈伤组织；图 2-b 为继代 2 次后的愈伤组织；图 2-c 为继代 3 次后的愈伤组织

Note: Figure 2-a shows the healing tissue after 1 succession; Figure 2-b shows the healing tissue after 2 successions; Figure 2-c shows the healing tissue after 3 successions

在 MS 培养基中添加不同浓度 IBA 筛选最适生根培养基，由表 5 可知，随着 IBA 浓度增加生根率呈现先增加后下降的趋势。当 IBA 浓度为 1.5 mg·L$^{-1}$时，生根率最高为 61.67%。IBA 浓度为 0.5 mg·L$^{-1}$时，生根率最低为 27.78%；当 IBA 浓度大于 1.5 mg·L$^{-1}$后，生根率逐渐降低，最低为 22.80%，表明高浓度的 IBA 对燕麦无菌苗生根具有抑制作用。

**表 5 不同 IBA 浓度对生根率的影响**

**Table 5 Effect of different IBA concentrations on rooting rate**

| 培养基编号<br>Medium No. | IBA<br>/mg·L$^{-1}$ | 平均生根率/%<br>Rooting rate/% |
|---|---|---|
| S1 | 0.5 | 27.78±0.28$^{a}$ |
| S2 | 1.0 | 30.74±0.05$^{a}$ |
| S3 | 1.5 | 61.67±0.07$^{a}$ |
| S4 | 2.0 | 58.00±0.12$^{a}$ |
| S5 | 3.0 | 30.00±0.15$^{a}$ |
| S6 | 4.0 | 22.80±0.10$^{a}$ |

## 2.3 无性繁殖体系的建立

蒙饲燕 6 号种子预处理后，将经过切胚法处理的种子接种于愈伤诱导培养基中（图 3-a），25℃暗培养 15 d 后（图 3-b），继代培养 2 次，直至愈伤组织成较大的淡黄色（图 3-c）。将上述胚性愈伤转接到分化培养基:MS+1.2 mg·L$^{-1}$ NAA+1.2 mg·L$^{-1}$ KT+1.5 mg·L$^{-1}$ 6BA+500 mg·L$^{-1}$ CH，25℃光照 16 h 黑暗 8 h 培养 15 d，继代培养 1 次。培养 15 d 时出现绿点（图 3-d），继代培养 1 次后长出绿芽（图 3-e 图 3-f），待绿芽长至 3 cm 左右时转入生根培养：MS+1.5 mg·L$^{-1}$ IBA，25℃光照 16h 黑暗 8h 培养，一周后出现大量根系（图 3-g），株高至 5 ~ 8 cm 时，移栽至营养土中培养（图 3-h）。

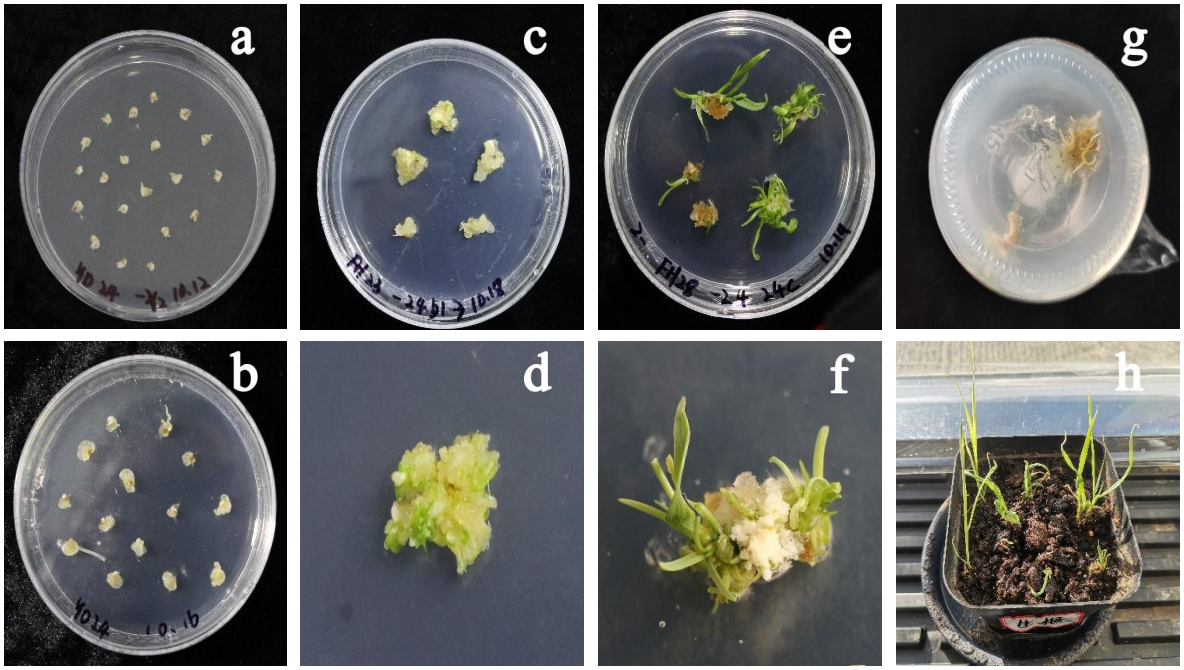



**图 3 燕麦无性繁殖体系**

**Fig. 3 Asexual reproduction system of oats**

注：图 3-a 为经切胚法处理接种到愈伤诱导培养基的创伤胚；图 3-b 为暗培养 15 d 后的诱导出的愈伤组织；图 3-c 为继代 2 次后的愈伤组织；图 3-d 为分化培养基中培养 15 d 后出现绿芽的愈伤组织；图 3-e、3-f 为 15 d 更换分化培养基后分化出绿芽的愈伤组织；图 3-g 为生根培养基中的生根情况；图 3-h 为无菌苗移栽至温室中生长情况

Note: Fig. 3-a shows the traumatized embryos inoculated into the healing induction medium by the embryo cutting method; Fig. 3-b shows the induced healing tissues after 15 d of dark culture; Fig. 3-c shows the healing tissues after 2 times of succeeding; Fig. 3-d shows the healing tissues with green buds appearing after 15 d of cultivation in differentiation medium; Figs. 3-e and 3-f show the healing tissues with green buds after 15 d of change of the differentiation medium; Fig. 3-g shows the rooting in the rooting medium; Fig. 3-h shows the growth of sterile seedlings transplanted to the greenhouse

# 3 讨论

## 3.1 成熟胚不同创伤方法的影响

本研究将两层滤纸湿润后，种子摆放在滤纸上，使种子在湿润弱光条件下发芽，并未采用传统的浸泡法[xvii]。此方法最短 20 h 可充分萌发，出芽整齐一致，胚乳也并未糊化，仍然呈现固态形式，容易下刀切割，而经传统浸泡方法萌发处理后的燕麦种子表现出整齐度差，胚乳糊化现象严重等问题，切割操作困难；这一过程保证了切割创伤的成功率，进一步确保了愈伤组织的成功诱导。

对于皮燕麦而言，不同的外植体类型对诱导愈伤组织的影响差异较大[xviii]。本研究采用改良切胚法处理燕麦种子，同纵半切和切胚带乳法相比，切胚法中首先切除胚芽和胚根，再将胚部纵切两半，过程中破坏了胚的完整性，有效抑制了胚芽的萌发，同时只保留伤口面积最大的一半胚轴，能够增加伤口与培养基接触面积，更有利于愈伤组织的形成。更重要的是，此方法最大程度的去掉了没有分化能力的胚乳，减少后期受胚乳代谢产物毒害的影响，加快了愈伤组织的诱导，与禾本科饲用植物冰草愈伤组织诱导[xix]相似。选择萌发的燕麦种子进行愈伤组织诱导过程中，相比于未萌发的完整种子来说，萌发的种子胚吸水膨胀变大，便于规范切割，保证了愈伤组织的生长。

### 3.2 不同激素配比对不定芽分化的影响

激素对燕麦组织培养再生有较大影响，很多研究表明在燕麦组织培养中分化培养基最佳激素配比存在较大差异[xx]。本研究结合前人基础，设置 6 种激素配比的分化培养基进行比较和筛选。结果表明，蒙饲燕 6 号分化培养基 NAA、6BA、KT 激素的组合有利于诱导不定芽，这一结果与胡晓旭[xxi]等人研究发现的不定芽诱导培养基（MS+0.4 mg·L$^{-1}$ NAA+1 mg·L$^{-1}$ 6BA）相似，可能是 NAA 与 6BA 的协同作用对不定芽的分化起促进影响。张丽君[xxii]等人研究发现品燕 1 号在 MS+3 mg·L$^{-1}$ 2，4-D+1 mg·L$^{-1}$ NAA+1 mg·L$^{-1}$ 6BA+500 mg·L$^{-1}$ CH+500 mg·L$^{-1}$ Pro 培养基上不定芽分化效果最佳，其中添加了激素 2，4-D，与本研究结果不同，其原因可能与外植体的基因型有关，基因型的差异决定了分化机制的不同，裸燕麦（品燕 1 号）和皮燕麦间（蒙饲燕 6 号）会有很大的差异，导致所运用激素配比不同，这与杨磊[xxiii]的结论类似。

本研究以蒙饲燕 6 号为试验材料，采用成熟胚诱导愈伤组织，对比获得切胚法可有效降低成熟胚发芽率，从而提高愈伤组织诱导率。此外对不同激素浓度配置对愈伤组织分化和生根培养的影响进行研究，结果表明，MS+1.2 mg·L$^{-1}$ NAA+1.2 mg·L$^{-1}$ KT+1.5 mg·L$^{-1}$ 6BA+500 mg·L$^{-1}$ CH 分化培养基对愈伤组织的分化率最高，为 50.21%，添加 1.5 mg·L$^{-1}$ IBA 诱导生根率最高为 61.67%，本研究建立了高效燕麦成熟胚无性繁殖体系。

## 参考文献

**基金项目：**国家重点研发计划项目“天然草原重要病虫害演替规律与全程绿色防控技术集成示范”(2022YFD1401103)；国家自然科学基金“国际（地区）合作与交流项目 NSFC-NSF Dimensions”(No.32061123004)；国家林业与草原局应急科技揭榜挂帅项目“草种优良品种选育”(20220104)；财政部和农业农村部“国家现代农业产业技术体系” (CARS-34)赞助。
**作者简介：**张梨梨（1995-），女，甘肃武威人，在读博士。E-mail：zhanglili21@lzu.edu.cn
*通讯作者 Corresponding author. E-mail: liyzh@lzu.edu.cn
基金项目：国家自然科学基金青年项目(32001387)；“双一流”引导专项-队伍建设经费-科研启动费(561119208)资助。
作者简介：沈锦慧(2001-)，女，安徽宣城人，在读硕士，主要从事禾草内生真菌研究，E-mail: shjinhui2023@lzu.edu.cn
*通信作者, E-mail: xiac@lzu.edu.cn

**基金项目：**青海省帅才科学家负责制项目“草种创新及其在草地农业生态系统中的作用”（2023-NK-147）
**作者简介：**王家庭（1998-），男，福建宁德人，在读硕士。E-mail：wangjt21@163.com
*通讯作者，E-mail: zhibiao@lzu.edu.cn
**基金项目：**国家重点研发计划项目“天然草原病虫害演替规律与全程绿色防控技术集成示范”(2022YFD1401103)；国家自然科学基金“国际（地区）合作与交流项目 NSFC-NSF Dimensions”(No.32061123004)；国家林业与草原局应急科技揭榜挂帅项目“草种优良品种选育”(20220104)；财政部和农业农村部“国家现代农业产业技术体系”(CARS-34)赞助
**作者简介：**徐茜（2000-），女，四川宜宾人，在读硕士。E-mail：220220902380@lzu.edu.cn
*通讯作者 Corresponding author. E-mail: liyzh@lzu.edu.cn
**基金项目：**国家重点研发计划项目“天然草原病虫害演替规律与全程绿色防控技术集成示范”(2022YFD1401103)；国家自然科学基金“国际（地区）合作与交流项目 NSFC-NSF Dimensions”(No.32061123004)；国家林业与草原局应急科技揭榜挂帅项目“草种优良品种选育”(20220104)；财政部和农业农村部“国家现代农业产业技术体系”(CARS-34)赞助
**作者简介：**王彤彤（1994-），女，山西吕梁人，在读博士。E-mail：wangtt2023@lzu.edu.cn
*通讯作者 Corresponding author. E-mail: liyzh@lzu.edu.cn

【1】 包英华. 植物组织培养技术的应用[J]. 韶关学院学报(自然科学版), 2002(12):26-29

【2】 郝林, 奚惕. 裸燕麦(Avena nuda L.)叶片愈伤组织的诱导和植株再生[J]. 东北师大学报(自然科学版), 1992(01):117-122

【3】 田娟, 张曼, 孙墨可等. 不同基因型及培养基在燕麦花药组织培养中的应用[J]. 江苏农业科学,2021,49(09):49-53

【4】 Kiviharju, E., Puolimatka, M. & Pehu, E. Regeneration of anther-derived plants of Avena sterilis. Plant Cell, Tissue and Organ Culture,1997(48):147-152

【5】 梁守义, 黄守印. 未授粉的莜表幼嫩子房培养中再生植株的诱导[J]. 植物生理学通讯, 1984(05):41-42

【6】 范银燕, 崔林. 裸燕麦幼穗愈伤组织诱导及植株再生技术[J]. 山西农业科学, 1996(01):14-17

【7】 郑伟. 燕麦幼胚组织培养及植株再生的研究[D]. 呼和浩特:内蒙古农业大学, 2008:10-12

【8】 刘占彬, 袁庆华. 多花黑麦草种子外植体组织培养灭菌方法研究[J]. 草地学报,2009,17(04):474-479

【9】 田娟, 孙墨可, 董玉迪, 郭来春, 王春龙, 张曼. 燕麦成熟胚愈伤组织诱导的优化[J]. 江苏农业科学, 2020,48(05):57-61

【10】 沈跃鹏, 赵国建, 赵鹏飞等. 不同干燥时长对小麦成熟胚愈伤组织再生进程的影响[J]. 农业科技通讯,2023(09):67-69+91

【11】 董鲁浩, 姚富泉, 詹悠等. 春小麦成熟胚愈伤组织诱导及再生体系的优化[J]. 分子植物育种, 2020,18(04):1244-1249

【12】 张东武, 刘辉, 赵惠贤. 小麦成熟胚组织培养再生体系的优化及高再生率基因型的筛选[J]. 麦类作物学报, 2011,31(05):847-852

【13】 张丽君, 刘龙龙, 马名川等. 燕麦成熟胚组织培养体系的优化及其影响因素[J]. 山西农业科学, 2015,43(03):269-272

【14】 于娜, 董宽虎. 白羊草成熟胚组织培养及植株再生体系的建立[J]. 草地学报, 2008(05):466-469

【15】 贾利敏, 傅晓峰, 刘俊清. 不同燕麦种成熟胚诱导条件的优化[J]. 杂粮作物, 2009,29(02):95-98

【16】 李建民, 李喜文. 皮燕麦胚性愈伤组织的形成及植株再生[J]. 青海师范大学学报(自然科学版), 1999(03):40-43+45

【17】 张辉, 魏建华, 霍秀文等. 蒙农杂种冰草成熟胚愈伤组织的诱导及植株再生[J]. 草地学报, 2005(01):30-33

【18】 REN J P,WANG X G,YIN J, Dicamba and Sugar Effects on Callus Induction and Plant Regeneration from Mature Embryo Culture of Wheat[J]. Agricultural Sciences in China,2010,9(01):31-37

【19】 胡晓旭. 燕麦成熟胚组织培养植株再生体系的建立与优化[D]. 福州:福建农林大学, 2018:34-36

【20】 张丽君, 刘龙龙, 马名川等. 燕麦成熟胚组织培养体系的优化及其影响因素[J]. 山西农业科学,2015,43(03):269-272

【21】 杨磊, 张莉, 武涛, 等. 裸燕麦胚性愈伤组织的诱导与植株再生体系的建立[J/OL]. 分子植物育种, 1-10[2024-04-06]