

直接饲喂微生物 DFMs: 事实, 设想和未来 (第二部分)

DFMs: Fact, fiction and future (Part 2)

作者: Nicola D. Walker

译自: Feedstuffs, July 9, 2007

译者: 祁贤

越来越多的资料表明DFM对瘤胃发酵和动物全面的健康、福利以及生产性能等都有积极的影响。

真菌DFMs。除了酵母直接饲喂微生物(DFMs)外,还有一些其它的真菌类产品。虽然一些非商品化的真菌,如黑曲霉、青霉菌、哈栖木霉和厌氧真菌等对瘤胃发酵的影响也已经进行了试验研究(Tapia et al., 1989; Campos-Montiel et al., 1990, 1991; Theodorou et al., 1993),但特性了解最清楚、研究最深入的是米曲霉(AO)。

AO是一种需氧微生物,有广泛的多聚糖酶和酯酶活性(Varel et al., 1993),据信对瘤胃中纤维的降解有重要辅助作用。用AO进行体外发酵试验,结果表明能够产生纤维降解能力提高现象(Varel et al., 1993),但这可能是草料依赖性的(Beharka and Nagaraja, 1993)。

与大多数的酵母制备物不同,虽然在体外试验中添加AO提取物会产生与添加酵母一样的相似效果,但AO不含有任何可繁殖的真菌细胞。但是,由于AO是不能繁殖的,这与酵母不同,因此它不能利用氧,对瘤胃发酵的主要影响可能是由于AO提供了刺激其它微生物生长的必需宿主因子。添加酵母或AO提取物都可以刺激细菌数量的增加,特别是可分解纤维和可利用乳糖的那些微生物(Beharka and Nagaraja, 1993; 1998; Nisbet and Martin, 1990; Waldrip and Martin, 1993)。

体外试验中,添加AO提取物也能增强瘤胃厌氧真菌在纯培养物中生长状态(Chang et al., 1999),但是在体内(Oellermann et al., 1990; Newbold et al., 1992)或者混合瘤胃体外发酵试验中(Beharka and Nagaraja, 1993),均没有发现真菌数量的增加。

在添加AO的体外发酵实验中,甲烷产量显著降低(Frumholtz et al., 1989),这跟原生动物的减少直接相关。由于原生动物与产甲烷微生物存在密切共生关系,原生动物的减少将会导致甲烷产量的降低。然而,在体内研究中,我们并没有观察到这种影响甲烷产量的相似现象。

体内实验中,在某些情况下,添加AO会改善微生物蛋白质的合成以及动物瘤胃中氮的流动(Gomez-Alarcon, 1990)。有报道说添加AO后,可以观察到动物对干物质的消化能力、酸性洗涤纤维和瘤胃纤维的消化速率都有所改善。(Weidmeier et al., 1987; Fondevila et al., 1990)。然而,也有研究认为AO对蛋白质代谢或者纤维的降解均无作用(Firkins et al., 1990; Sievert and Shaver, 1993; Varel and Kreikemeier, 1994)。

在体内实验中，观察到的饲喂AO对动物的其它方面的积极影响包括了早期瘤胃中微生物的繁殖，这一结果已经在饲喂AO提取物的小牛中得到证实(Beharka et al., 1991)；在某些情况下，饲喂AO提取物会降低热应激对动物的影响(Huber et al., 1994)。与酵母DFMs一样，在饲喂AO时也观察到了对瘤胃发酵以及生产性能相似的影响效果。

DFMs: 设想

也许最具设想的看法就是相似的DFMs菌株将会对瘤胃发酵产生相同的有益作用。然而，事实并非如此。

不同的酵母菌株也许对瘤胃发酵及微生物数量有显著不同的刺激效果(Newbold et al., 1995; N.D. Walker, personal observation)。有些可能会促进能分解纤维素和能利用乳酸的微生物生长；有些可能甚至对这些有益微生物具有损害作用。

有些菌株可能会通过竞争营养物质而将有害微生物去除掉，如微链球菌，或者象大肠杆菌这样的病原微生物。

有些菌株会影响几种不同的重要微生物的生长，而且能够刺激瘤胃发酵和细菌的数量，从而达到一个更加平衡的菌群系统。不同的酵母菌株对瘤胃发酵的刺激程度也有显著差异。与此相似，这种效能上的差异性在不同的乳酸菌对致病性大肠杆菌的作用能力上也发现过(Brashears et al., 2003)，这充分说明菌株选择对于获得有效的DFM来说是极为重要的。

一旦确定了DFMs的确切作用模式，就有可能确定那些表型在实际应用中是重要的，也就有可能选择一种特定的菌株作为一种DFM。

DFMs: 未来

虽然观察到应用DFMs对动物健康和生产性能有积极的效果，但需要对涉及到的作用模式进行深入了解；进一步搞清楚不同日粮是如何影响这种作用模式，这样就可以针对瘤胃发酵和重要微生物的生长进行更好地菌株选择了。

很显然，菌株选择非常重要，不同的DFMs菌株（无论是细菌、酵母或真菌）对肠道微生物数量会产生不同的作用，进而对宿主动物的生产性能也会产生不同的作用。

不同的菌株会产生不同的观察结果，而日粮也会对选择的菌株效能产生影响。在上述认识的基础上，加拿大Lallemand公司动物营养部实施了一个计划，该计划对许多不同的酵母菌株进行了筛选，希望获得新一代的DFMs，其作用目标将定位在瘤胃发酵、动物健康和动物福利等一些特定领域。

在普遍认为安全(Generally recognized as safe, GRAS)的微生物这一概念的基础上，目前已筛选了将近200种不同的酵母菌株。这些菌株都属于酿酒酵母家族的成员，已经在面包和酿造业得到应用。随后对这些菌株进行试验，以了解它们对可分解纤维和可利用乳酸的微生物的生长和代谢活性的刺激作用。现在已经

明确酵母DFMs对对可分解纤维和可利用乳酸的微生物的生长和代谢活动有明显的增强作用, 这些微生物在纤维分解和瘤胃PH稳定中起着重要作用。

使用不同的酵母菌株对上述微生物的生长和代谢活动有明显的差异, 刺激作用最强的菌株是通过模拟瘤胃酸中毒的体外模型来筛选的。

随着对影响日粮利用效率的因素, 以及针对不同的刺激方法微生物生态系统是如何改变的等问题的深入了解, 将来的研究目标将定位在鉴定新的微生物种群, 开发新的第二代DFMs。不同的刺激方法方面的研究, 范围包括不同日粮添加剂、不同日粮、不同的泌乳时期以及瘤胃微生物生态系统的不同生长和发育期等方面。

在不同的动物中, 微生物种群数量也可以进行比较。分子生物学技术的发展使这样的工作可以完成, 目前已经将分子生物学技术作为一种辅助技术, 甚至取代了传统的微生物技术。这些新技术的发展和应用, 正在使瘤胃微生物生态系统的研究发生革命性的变化。

对于这些挑剔的厌氧性瘤胃微生物的计数, 现在已经无需了解它们确切的生长条件了。已经不需要为了计数对它们进行培养。现在可以通过定量聚合酶链反应来对细菌、真菌和原生动物, 甚至主要微生物中的一些特定的种和株等的种群密度进行估算(Tajima et al., 2001b; Klieve et al., 2003; Skillman et al., 2006)。

以前不可培养的的微生物, 现在可以通过已建立的克隆文库和进化的关系来进行鉴定(An et al., 2005; Tajima et al., 2001a)。通过DNA指纹技术, 微生物数量和多样性在不同刺激方法作用下的变化可以很形象地得以展示(DGGE, TGGE, TTGE; Edwards et al., 2005; McEwan et al., 2005; Regensbogenova et al., 2004)。

在获得的微生物图谱中, 每条带都对应着一个特定的微生物, 条带图谱的变化与微生物数量和多样性的变化有相关性。可以通过相应条带的切胶和序列测定来对发生变化了的微生物进行鉴定。

使用荧光标记探针 (Fluorescently labeled probes ,FISH) 可以在时间和空间上对细菌的特定种属进行分析, 因此, 不同种属、不同细菌或它们与饲料颗粒的可能相互作用可以很形象地展示出来(McCartney, 2002)。在分析不同刺激方法下微生物生态系统的变化情况方面, 目前有很多方法可资利用。

在不同的刺激方法下, 微生物是如何发生可能的改变或增强作用的; DFMs又是如何影响微生物生态系统的, 相信对这些问题的深入了解将会产生新的第二代DFMs。

现在越来越多的资料表明, DFMs对瘤胃发酵以及整个动物健康、福利以及生产性能都有积极影响。DFMs在动物生产和健康方面将有光明而充满希望的未来。