

不同种植地全株青贮玉米蛋白质营养价值及瘤胃降解特性与其分子结构之间的关系

么恩悦 郑 健 房新鹏 辛杭书* 张永根*

(东北农业大学动物科学技术学院,哈尔滨 150030)

摘要: 本试验旨在探究不同种植地对全株青贮玉米蛋白质分子结构的影响及其与蛋白质营养价值、瘤胃降解特性之间的相关关系。本试验采用常规化学分析方法、美国康奈尔大学净碳水化合物-净蛋白质体系(CNCPS)、尼龙袋技术对不同种植地的全株青贮玉米营养价值进行评定,并结合傅里叶变换红外光谱(FTIR)技术对青贮玉米蛋白质分子结构进行研究,进而探求蛋白质分子结构与蛋白质营养价值之间的相关关系。结果表明:1)不同种植地全株青贮玉米蛋白质化学成分存在显著差异($P<0.05$);CNCPS蛋白质组分中非蛋白氮、中速降解蛋白、慢速降解蛋白、不可利用蛋白含量存在显著差异($P<0.05$);干物质及粗蛋白质有效降解率也存在显著差异($P<0.05$)。2)通过FTIR扫描后发现,不同种植地对全株青贮玉米蛋白质分子结构中酰胺I带的峰高、峰面积,酰胺II带的峰高、峰面积,酰胺I带与II带的总峰面积、峰面积比、峰高比, α -螺旋、 β -折叠峰高均有显著影响($P<0.05$)。3)酰胺I带峰高、峰面积,酰胺II带峰高、峰面积,酰胺I带与II带峰高比、峰面积比以及 α -螺旋峰高均可以作为预测因子对全株青贮玉米蛋白质营养价值及瘤胃降解参数进行预测。其中,青贮玉米蛋白质分子结构对粗蛋白质($R^2=0.81$)、酸性洗涤不溶蛋白($R^2=0.88$)、不可利用蛋白($R^2=0.85$)及粗蛋白质快速降解部分($R^2=0.69$)拟合最好。综上所述,不同种植地对全株青贮玉米蛋白质成分、CNCPS组分、干物质和粗蛋白质瘤胃降解参数及蛋白质分子结构均有影响。并且,蛋白质分子结构与蛋白质营养价值之间存在明显的相关关系,可以借助青贮玉米蛋白质红外光谱参数对其蛋白质营养价值进行预测。

关键词: 不同种植地;全株青贮玉米;蛋白质分子结构;相关关系

中图分类号:S816

文献标识码:A

文章编号:1006-267X(2020)02-0815-12

粗饲料是反刍动物重要的营养来源,占反刍动物饲料的40%~80%^[1]。全株青贮玉米能量高、纤维含量低、单位面积上干物质产量高、对反刍动物瘤胃环境及肠道健康起着重要的作用,是优质的粗饲料资源。随着“中央一号文件”中“粮改饲”政策的推行,青贮玉米等饲用作物展开大面积种植。但目前,我国对青贮玉米的研究仍停留于对其营养成分或某些单一指标的测定。如张万祥

等^[2]、吴欣明等^[3]对青贮玉米各营养成分进行了探究;殷满财等^[4]借助美国康奈尔大学净碳水化合物-净蛋白质体系(CNCPS)评价包括青贮玉米秸秆在内6种常见粗饲料的营养价值;陈晓琳等^[5]研究了青贮玉米秸在肉牛体内的瘤胃降解特性。传统的湿化学分析方法在测定样品时耗时长、费用高,并且测定过程中往往会发生剧烈的化学反应,采取将物质同质化或提取的方法以达到

收稿日期:2019-08-05

基金项目:国家奶牛产业技术体系(CARS-36);黑龙江省留学归国人员科学基金(LC2017011)

作者简介:么恩悦(1995—),女,黑龙江哈尔滨人,硕士研究生,从事反刍动物营养与生产研究。E-mail: 2754337783@qq.com

*通信作者:辛杭书,教授,硕士生导师,E-mail: xinhangshu@163.com;张永根,教授,博士生导师,E-mail: zhangyonggen@sina.com

分析的目的。傅里叶变换红外光谱(FTIR)技术能弥补湿化学分析方法在测定样品过程中的不足之处,且能揭露饲料的结构信息^[6]。酰胺 I 带和酰胺 II 带是蛋白质红外光谱的 2 个重要的特征区域,与蛋白质相关的官能团变化会直接体现在二者的峰高及峰面积的数值上。蛋白质二级结构主要包括 α -螺旋和 β -折叠,饲料的蛋白质二级结构会影响饲料蛋白质的质量、营养利用及消化率^[7]。本试验旨在探究不同种植地对全株青贮玉米蛋白质营养价值、干物质(DM)和粗蛋白质(CP)的瘤胃降解参数的影响,同时利用 FTIR 技术对不同种植地青贮玉米进行扫描,探求不同种植地是否明显改变青贮玉米中蛋白质分子结构,最后进行相关性分析,证明借助光谱参数对其蛋白质营养价值进行预测的可行性,在分子结构层面对不同种植地全株青贮玉米的蛋白质效价进行更深入地了解。

1 材料与方法

1.1 试验样品采集与处理

本试验选取气候环境差异较大,且玉米种植普及的 5 个地区的全株青贮玉米,分别为:北京、天津、河北沧州、新疆乌鲁木齐、吉林东丰,品种为丰垦白糯。各地区地理气候条件如下。

北京:典型的暖温带半湿润大陆性季风气候,夏季高温多雨,冬季寒冷干燥,春秋短促。年平均气温约为 14.0 °C,年无霜期 180~200 d,年平均降水量 483.9 mL,降水季节分配很不均匀。

天津:暖温带半湿润大陆性季风气候,四季分明。年平均气温约为 14.0 °C,年无霜期 196~246 d,年平均降水量 360~970 mL。

河北沧州:温带大陆性季风气候,四季分明。年平均气温约为 14.2 °C,年无霜期 81~204 d,年平均降水量 484.5 mL。

新疆乌鲁木齐:中温带大陆性干燥气候,春秋两季较短,冬夏两季较长,昼夜温差大。年平均气温约为 7 °C,年无霜期 150~220 d,年平均降水量 294 mL。

吉林东丰:温带大陆性季风气候,四季分明,雨热同季。年平均气温约为 4.5 °C,年无霜期 100~160 d,年平均降水量 400~600 mL。

收割时间均为乳熟后期至蜡熟前期,每个种植地使用五点取样法各刈割 20 株,留茬高度约

10 cm。将采集的样品切段后放入烘箱,65 °C 烘干至恒重,制成风干样品,将烘干后的样品混合均匀,用粉碎机粉碎后,一部分样品过 1 mm 孔筛,用于常规营养成分测定和瘤胃降解试验,一部分样品过 0.25 mm 孔筛,用于中红外光谱信息的采集。

1.2 试验动物及饲料

在东北农业大学阿城试验基地选取 3 头体况良好、装有永久性瘤胃瘘管的干奶期健康荷斯坦奶牛(体重 550~600 kg)作为试验动物。每天饲喂 2 次,分别在 07:00 和 21:00,自由饮水。试验饲料组成及营养水平参照李昕等^[8]的试验。

1.3 测定指标及方法

1.3.1 常规养分分析

饲料样品 DM 含量按照 AOAC(1990)^[9]方法进行分析;使用 FOSS 8400 全自动凯氏定氮仪对饲料 CP、中性洗涤不溶蛋白(NDICP)和酸性洗涤不溶蛋白(ADICP)含量进行测定;可溶性蛋白(SCP)含量按照 Krishnamoorthy 等^[10]方法分析;非蛋白氮(NPN)含量采用三氯乙酸法进行测定。根据 CNCPS 公式^[11]求出蛋白质各组分含量。

$$\text{非蛋白氮(PA, \% CP)} = \text{NPN} \\ (\% \text{ SCP}) \times 0.01 \times \text{SCP} (\% \text{ CP});$$

$$\text{快速降解蛋白(PB}_1\text{, \% CP)} = \text{SCP} \\ (\% \text{ CP}) - \text{PA} (\% \text{ CP});$$

$$\text{中速降解蛋白(PB}_2\text{, \% CP)} = 100 - \text{PA} (\% \text{ CP}) - \\ \text{PB}_1 (\% \text{ CP}) - \text{PB}_3 (\% \text{ CP}) - \text{PC} (\% \text{ CP});$$

$$\text{慢速降解蛋白(PB}_3\text{, \% CP)} =$$

$$\text{NDICP} (\% \text{ CP}) - \text{ADICP} (\% \text{ CP});$$

$$\text{不可利用蛋白(PC, \% CP)} =$$

$$\text{ADICP} (\% \text{ CP})。$$

1.3.2 尼龙袋法

试验采用体内尼龙袋法^[12]进行测定,选用大小为 10 cm×20 cm、孔径为 40 μm 的尼龙袋,提前称重并标号,再向已称重的尼龙袋内准确称取 7 g 的待测样品。尼龙袋采取逐步放入,统一取出的方法,在瘤胃内的滞留时间分别设为 0、4、8、12、24、36、48 和 72 h,每个时间点放入 3 个尼龙袋。取出后的尼龙袋(连同 0 h)一起放入冷水中终止发酵,反复冲洗至流水澄清为止。然后 65 °C 烘干至恒重,将尼龙袋内剩余的饲料取出,粉碎,并测定瘤胃降解后不同时间点剩余饲料的 CP 含量。

待测饲料在瘤胃中不同时间点的消失率计算公式如下:

饲料中某成分的瘤胃消失率(%) =
 $100 \times (\text{饲料中该成分含量} - \text{瘤胃降解残渣中该成分含量}) / \text{饲料中该成分含量}$ 。

瘤胃降解参数根据 Ørskov 等^[13]提出的数学指数模型进行计算:

$$y = a + b(1 - e^{-ct});$$

$$ED = a + [(b \times c) / (c + k)]。$$

式中: y 为某物质 t 时间点的瘤胃消失率; t 为瘤胃滞留时间; a 为某物质在瘤胃内的快速降解部分(%); b 为某物质在瘤胃内的慢速降解部分(%); c 为慢速降解部分的降解速率(%/h); ED 为某物质的有效降解率; k 为瘤胃外流速度, 本试验中取 $k = 0.025 \text{ h}^{-1}$ ^[14]。

1.3.3 FTIR 数据的采集及分析

光谱信息的采集于东北农业大学化学馆实验室进行。准确称取干燥的待测样品 2 mg, 溴化钾 200 mg 放入玛瑙研钵中, 混合均匀, 并充分研磨直至样品成粉末状, 整个过程在红外烤灯下进行, 防止溴化钾吸水。用红外专用压片机(型号: 769YP-15A) 压成半透明的薄片, 然后利用 FTIR 仪(型号: 岛津 FTIR-8400S) 对样品薄片进行扫描, 扫描波段 $4\ 000 \sim 400 \text{ cm}^{-1}$, 分辨率 4 cm^{-1} , 扫描次数 128 次, 每个样品重复采集 5 个图谱, 读取并记录饲料样品红外光谱图。

扫描得到的饲料红外光谱图利用 OMNIC 8.2 软件进行分析, 对蛋白质酰胺带进行基线校正。蛋白质相关官能团的分子结构主要包括: 蛋白质一级结构中酰胺 I 带区域(光谱区域和基线: ca. $1\ 712 \sim 1\ 565 \text{ cm}^{-1}$; 峰高位置: ca. $1\ 639 \text{ cm}^{-1}$) 和酰胺 II 带区域(光谱区域和基线: ca. $1\ 565 \sim 1\ 489 \text{ cm}^{-1}$; 峰高位置: ca. $1\ 545 \text{ cm}^{-1}$)。再利用软件中的傅里叶自动去卷积功能在酰胺 I 带峰区确定蛋白质二级结构中 α -螺旋(峰高位置: ca. $1\ 656 \text{ cm}^{-1}$) 和 β -折叠(峰高位置: ca. $1\ 634 \text{ cm}^{-1}$) 的位置。读取相应的峰高和峰面积数值, 进而对光谱特征参数进行分析。

1.4 统计分析

通过 Excel 2016 软件进行初步统计整理, 利用 SAS 9.4 软件中的 PROC GLM 模块对不同种植地全株青贮玉米蛋白质营养价值和瘤胃降解参数进行分析($P < 0.05$ 表示差异显著, $0.05 \leq P < 0.10$ 表示差异趋于显著); 利用 PROC CORR 模块进行相关性分析($P < 0.01$ 表示极显著相关, $P < 0.05$ 表

示显著相关); 并利用 PROC REG 模块对数据进行多元回归分析, 建立多元回归方程。

2 结果

2.1 不同种植地对全株青贮玉米蛋白质成分和 CNCPS 蛋白质组分的影响

由表 1 可知, 不同种植地全株青贮玉米的 CP、NPN、SCP、NDICP 和 ADICP 含量均存在显著差异($P < 0.05$)。在试验调查的 3 个地区中, 天津的青贮玉米 CP、NPN 和 SCP 含量均为最高(分别为 8.91%、2.06% 和 2.72%); 吉林的青贮玉米 NPN、SCP、NDICP 和 ADICP 含量均为最低(分别为 0.89%、1.39%、1.46% 和 0.35%)。吉林的青贮玉米 NPN 含量显著低于其他 4 个地区($P < 0.05$); 北京的青贮玉米 ADICP 含量显著高于其他 4 个地区($P < 0.05$)。

从 CNCPS 蛋白质组分来看, 不同种植地青贮玉米的 PA、PB₂、PB₃ 和 PC 含量均存在显著差异($P < 0.05$)。其中北京的青贮玉米 PA 含量显著高于新疆($P < 0.05$); 而新疆的青贮玉米 PB₃ 含量显著高于北京($P < 0.05$); 天津的青贮玉米 PC 含量显著低于其他 4 个地区($P < 0.05$)。

2.2 不同种植地对全株青贮玉米瘤胃降解参数的影响

由表 2 可知, 除 DM 慢速降解部分的降解速率(DMc)外, 不同种植地青贮玉米的 DM 瘤胃降解参数之间均存在显著差异($P < 0.05$)。天津的青贮玉米 DM 快速降解部分(DM_a) 含量最高, 为 28.22%, 北京、新疆其次; 各地区青贮玉米 DM 慢速降解部分(DM_b) 含量的排列顺序由高到低依次为河北 > 北京 > 吉林 > 新疆 > 天津; 河北的青贮玉米 DM 有效降解率(DM_{ED}) 最高, 北京其次, 但二者均显著高于天津和吉林($P < 0.05$)。

不同种植地青贮玉米 CP 瘤胃降解参数之间存在显著差异($P < 0.05$)。天津的青贮玉米 CP 快速降解部分(CP_a) 含量最高, 北京其次, 二者均显著高于其他 3 个地区($P < 0.05$); 天津的青贮玉米 CP 慢速降解部分(CP_b) 含量显著低于其他 4 个地区($P < 0.05$); 新疆和河北的青贮玉米 CP 慢速降解部分的降解速率(CP_c) 显著高于其他 3 个地区($P < 0.05$); 吉林和河北的青贮玉米 CP 有效降解率(CP_{ED}) 显著低于其他 3 个地区($P < 0.05$)。

表1 不同种植地对全株青贮玉米蛋白质成分和 CNCPS 蛋白质组分的影响

Table 1 Effects of different producing areas on protein components and CNCPS protein components in whole silage corn

项目 Items	北京 <i>Beijing</i>	新疆 <i>Xinjiang</i>	河北 <i>Hebei</i>	天津 <i>Tianjin</i>	吉林 <i>Jilin</i>	SEM	P 值 P-value
蛋白质成分 Protein components/% DM							
粗蛋白质 CP	8.75 ^a	6.95 ^c	8.21 ^b	8.91 ^a	7.07 ^c	0.106	<0.000 1
非蛋白氮 NPN	1.85 ^a	1.02 ^b	1.26 ^b	2.06 ^a	0.89 ^b	0.118	<0.000 1
可溶性蛋白 SCP	2.22 ^b	1.66 ^{cd}	1.89 ^{bc}	2.72 ^a	1.39 ^d	0.114	<0.000 1
中性洗涤不溶蛋白 NDICP	1.80 ^{ab}	1.65 ^{bc}	2.01 ^a	1.70 ^{bc}	1.46 ^c	0.083	<0.000 1
酸性洗涤不溶蛋白 ADICP	0.70 ^a	0.37 ^c	0.61 ^b	0.38 ^c	0.35 ^c	0.020	<0.000 1
CNCPS 蛋白质组分 CNCPS protein components/% CP							
非蛋白氮 PA	21.18 ^a	14.66 ^b	12.57 ^b	23.06 ^a	15.29 ^b	1.383	0.001 2
快速降解蛋白 PB ₁	4.20 ^b	9.27 ^a	7.66 ^{ab}	7.40 ^{ab}	7.05 ^{ab}	1.272	0.157 7
中速降解蛋白 PB ₂	54.01 ^{ab}	52.36 ^b	52.57 ^b	50.52 ^b	59.74 ^a	1.837	0.043 1
慢速降解蛋白 PB ₃	12.62 ^c	18.33 ^a	17.03 ^{ab}	14.78 ^{bc}	15.68 ^{ab}	0.891	0.010 0
不可利用蛋白 PC	7.99 ^a	5.39 ^b	7.46 ^a	4.24 ^c	4.96 ^b	0.197	<0.000 1

同行数据肩标不同字母表示差异显著 ($P<0.05$), 相同或无字母表示差异不显著 ($P>0.05$)。下表同。

In the same row, values with different letter superscripts mean significant difference ($P<0.05$), while with the same or no letter superscripts mean no significant difference ($P>0.05$). The same as below.

表2 不同种植地对全株青贮玉米瘤胃降解参数的影响

Table 2 Effects of different producing areas on rumen degradation parameters in whole silage corn

项目 Items	北京 <i>Beijing</i>	新疆 <i>Xinjiang</i>	河北 <i>Hebei</i>	天津 <i>Tianjin</i>	吉林 <i>Jilin</i>	SEM	P 值 P-value
干物质瘤胃降解参数 DM rumen degradation parameters							
快速降解部分 DM _a /%	26.77 ^{ab}	25.69 ^{ab}	22.24 ^c	28.22 ^a	25.29 ^b	0.827	0.002 0
慢速降解部分 DM _b /%	65.74 ^{ab}	59.50 ^{bc}	67.06 ^a	57.20 ^c	60.06 ^{abc}	2.254	0.030 7
慢速降解部分的降解速率 DM _c /(%/h)	1.70 ^{ab}	1.98 ^a	1.98 ^a	1.54 ^b	1.60 ^{ab}	0.129	0.075 0
干物质有效降解率 DM _{ED} /%	53.02 ^a	51.87 ^{ab}	53.36 ^a	49.76 ^{bc}	48.73 ^c	0.994	0.018 0
粗蛋白质瘤胃降解参数 CP rumen degradation parameters							
快速降解部分 CP _a /%	45.52 ^a	37.44 ^b	33.51 ^b	50.62 ^a	36.70 ^b	2.149	0.001 2
慢速降解部分 CP _b /%	42.90 ^a	42.10 ^a	39.61 ^a	25.43 ^b	40.21 ^a	1.950	0.000 5
慢速降解部分的降解速率 CP _c /(%/h)	0.64 ^b	1.58 ^a	1.50 ^a	0.67 ^b	0.76 ^b	0.125	0.000 4
粗蛋白质有效降解率 CP _{ED} /%	54.19 ^a	48.69 ^a	34.96 ^b	51.26 ^a	37.44 ^b	1.800	<0.000 1

2.3 不同种植地对全株青贮玉米蛋白质分子结构的影响

由表3可知,不同种植地青贮玉米的蛋白质结构光谱特征参数之间存在显著差异 ($P<0.05$)。从蛋白质酰胺带来看,天津的青贮玉米酰胺 I 带和酰胺 II 带峰面积、酰胺 I 带和 II 带总面积、酰胺 I 带峰高以及酰胺 I 带与 II 带峰高比均为最大;河北的青贮玉米酰胺 I 带和酰胺 II 带峰面积、酰胺 I 带和 II 带总面积以及酰胺 I 带峰高数值上最小;新疆的青贮玉米酰胺 I 带和酰胺 II 带峰面积比最大,北京最小。从蛋白质二级结构来看,河北

的青贮玉米 α -螺旋、 β -折叠峰高均为最小;天津的青贮玉米 β -折叠峰高最大, α -螺旋与 β -折叠峰高比最小;吉林的青贮玉米 α -螺旋峰高最大。

2.4 不同种植地全株青贮玉米蛋白质分子结构与蛋白质营养价值之间的相关关系

由表4、表5可知,不同种植地青贮玉米的蛋白质分子光谱参数与蛋白质营养价值之间存在一定的关系。其中,CP 含量与酰胺 I 带和 II 带峰面积比存在极显著负相关 ($r=-0.83, P<0.01$)。SCP、NPN、PA 含量与酰胺 II 带峰面积存在显著正相关 ($r=0.60, P<0.05$); 与酰胺 I 带和 II 带峰面

积比存在显著负相关($r=-0.63\sim-0.77, P<0.05$)。NDICP 含量与 α -螺旋峰高存在显著负相关($r=-0.57, P<0.05$)。ADICP 含量与酰胺 I 带和 II 带峰面积比存在显著负相关($r=-0.63, P<0.05$)。PB₃ 含量与酰胺 II 带峰面积存在显著负相关($r=-$

$-0.53, P<0.05$), 与酰胺 I 带和 II 带峰面积比存在显著正相关($r=0.55, P<0.05$)。PC 含量与酰胺 I 带峰高和峰面积存在显著负相关($r=-0.58\sim-0.64, P<0.05$)。

表 3 不同种植地对全株青贮玉米蛋白质分子结构的影响

Table 3 Effects of different producing areas on protein molecular structure in whole silage corn

项目 Items	北京 Beijing	新疆 Xinjiang	河北 Hebei	天津 Tianjin	吉林 Jilin	SEM	P 值 P-value
酰胺 I 和 II 光谱峰面积特点 A_Amide I and A_Amide II characteristic							
酰胺 I 带峰面积 A_Amide I	4.79 ^b	3.84 ^b	2.58 ^b	8.84 ^a	7.68 ^a	0.706	0.000 4
酰胺 II 带峰面积 A_Amide II	0.61 ^b	0.33 ^c	0.26 ^c	0.97 ^a	0.68 ^b	0.058	<0.000 1
酰胺 I 带和 II 带总面积 A_Amide I and Amide II	6.18 ^{bc}	3.68 ^{cd}	2.70 ^d	9.02 ^a	8.31 ^{ab}	0.824	0.001 0
酰胺 I 带和 II 带峰面积比 A_Amide I /Amide II	7.87 ^d	11.63 ^a	9.97 ^{bc}	9.09 ^{cd}	11.33 ^{ab}	0.437	0.000 6
Amide I 和 II 光谱峰高特点 H_Amide I and H_Amide II characteristic							
酰胺 I 带峰高 H_Amide I	0.07 ^b	0.05 ^{bc}	0.03 ^c	0.12 ^a	0.10 ^a	0.010	0.000 8
酰胺 II 带峰高 H_Amide II	0.01 ^a	0.01 ^a	0.00 ^b	0.00 ^b	0.01 ^a	0.002	0.002 0
酰胺 I 带和 II 带峰高比 H_Amide I /Amide II	5.34 ^c	4.45 ^c	20.17 ^{ab}	28.83 ^a	10.31 ^{bc}	4.248	0.009 6
蛋白质二级结构光谱结构特点 Structure characteristics of protein secondary structure spectrum							
α -螺旋峰高 H_ α -helix	0.07 ^{bc}	0.05 ^{cd}	0.03 ^d	0.08 ^{ab}	0.10 ^a	0.008	0.000 8
β -折叠峰高 H_ β -sheet	0.06 ^b	0.04 ^b	0.03 ^b	0.12 ^a	0.10 ^a	0.011	0.001 2
α -螺旋和 β -折叠峰高比 H_ α -helix/ β -sheet	1.20 ^{ab}	1.38 ^a	0.85 ^{ab}	0.69 ^b	0.99 ^{ab}	0.177	0.118 8

由表 5 可知,酰胺 I 带峰面积与 DM_a 含量存在显著正相关($r=0.54, P<0.05$),与 DM_c、DM_{ED}、CP_c 存在极显著负相关($r=-0.67\sim-0.75, P<0.01$)。酰胺 II 带峰面积、 α -螺旋峰高与 DM_a、CP_a 含量存在显著正相关($r=0.52\sim0.70, P<0.05$),与 DM_c、DM_{ED}、CP_c 存在显著负相关($r=-0.62\sim-0.78, P<0.05$)。酰胺 I 带峰高、 β -折叠峰高与 DM_c、DM_{ED}、CP_c 存在极显著负相关($r=-0.69\sim-0.77, P<0.01$)。CP_b 含量与酰胺 II 带峰高存在显著正相关($r=0.55, P<0.05$),与酰胺 I 带和 II 带峰高比存在极显著负相关($r=-0.75, P<0.01$)。CP_c 与 α -螺旋峰高存在极显著负相关($r=-0.74, P<0.01$)。

2.5 不同种植地全株青贮玉米蛋白质分子结构与蛋白质营养价值之间的回归方程

表 6 为不同种植地青贮玉米蛋白质分子结构

光谱参数与蛋白质化学成分、CNCPS 蛋白质组分之间建立的回归方程。通过方程可以看出,酰胺 I 带峰高、峰面积,酰胺 II 带峰高、峰面积,酰胺 I 带和 II 带峰高比、峰面积比以及 α -螺旋峰高均可作为预测因子。利用这些蛋白质分子结构光谱参数能够有效地预测 CP 含量($R^2=0.81, P<0.000 1$)、ADICP 含量($R^2=0.88, P<0.000 1$)、NPN 含量($R^2=0.84, P=0.000 1$)和 CNCPS 蛋白质组分中 PC 的含量($R^2=0.85, P<0.000 1$)。

由表 7 可得,青贮玉米蛋白质分子结构光谱参数可以对其瘤胃降解参数进行预测。其中酰胺 II 带峰面积、酰胺 I 带峰高以及 β -折叠峰高为最佳的预测因子。可以利用这些典型的光谱参数对 DM_{ED}($R^2=0.59, P=0.000 8$)、CP_a($R^2=0.69, P=0.000 9$)以及 CP_c($R^2=0.60, P=0.000 7$)进行预测。

表 4 不同种植地全株青贮玉米的蛋白质分子结构与其蛋白质成分和 CNCPS 蛋白质组分之间的相关关系
Table 4 Relationship between protein molecular structure and protein components, CNCPS protein components in whole silage corn from different producing areas

项目 Items	酰胺 I 带峰面积		酰胺 II 带峰面积		酰胺 I 带和 II 带峰面积比		酰胺 I 带峰高		酰胺 II 带峰高		酰胺 I 带和 II 带峰高比		α-螺旋峰高		β-折叠峰高		α-螺旋和 β-折叠峰高比	
	相关系数	P-值	相关系数	P-值	相关系数	P-值	相关系数	P-值	相关系数	P-值	相关系数	P-值	相关系数	P-值	相关系数	P-值	相关系数	P-值
	r	value	r	value	r	value	r	value	r	value	r	value	r	value	r	value	r	value
蛋白质成分	Protein components/% DM																	
粗蛋白质 CP	0.20	0.477	0.47	0.076	-0.83	<0.001	0.23	0.401	-0.22	0.423	0.46	0.084	0.03	0.914	0.25	0.363	-0.38	0.157
中性洗涤不溶蛋白 NDICP	-0.46	0.083	-0.33	0.230	-0.35	0.207	-0.45	0.095	-0.37	0.172	0.37	0.170	-0.57	0.026	-0.40	0.142	-0.19	0.505
酸性洗涤不溶蛋白 ADICP	-0.49	0.064	-0.28	0.309	-0.63	0.012	-0.42	0.117	0.11	0.707	-0.14	0.621	-0.35	0.194	-0.43	0.110	0.03	0.906
可溶性蛋白 SCP	0.37	0.169	0.60	0.018	-0.63	0.013	0.38	0.159	-0.22	0.422	0.58	0.022	0.11	0.701	0.39	0.151	-0.33	0.237
非蛋白氮 NPN	0.34	0.210	0.60	0.017	-0.77	0.001	0.37	0.177	-0.07	0.798	0.37	0.171	0.16	0.566	0.34	0.213	-0.17	0.544
CNCPS 蛋白质组分	CNCPS protein components/% CP																	
非蛋白氮 PA	0.36	0.193	0.60	0.019	-0.69	0.004	0.38	0.158	0.01	0.959	0.32	0.250	0.19	0.490	0.41	0.126	-0.47	0.076
快速降解蛋白 PB ₁	-0.10	0.726	-0.23	0.409	0.50	0.061	-0.16	0.576	-0.25	0.374	-0.06	0.840	-0.22	0.426	-0.19	0.495	0.49	0.066
中速降解蛋白 PB ₂	0.12	0.673	-0.03	0.903	0.31	0.260	0.13	0.639	0.21	0.446	-0.07	0.805	0.33	0.223	0.10	0.730	0.07	0.808
慢速降解蛋白 PB ₃	-0.38	0.158	-0.53	0.042	0.55	0.036	-0.44	0.102	-0.26	0.359	-0.24	0.396	-0.45	0.093	-0.39	0.147	0.18	0.510
不可利用蛋白 PC	-0.64	0.010	-0.50	0.059	-0.42	0.116	-0.58	0.024	0.18	0.532	-0.30	0.274	-0.44	0.103	-0.59	0.021	0.15	0.592

表 6 不同种植地全株青贮玉米的蛋白质分子结构与其蛋白质成分和 CNCPS 蛋白质组分之间的回归关系

Table 6 Regression relationship between protein molecular structure and protein component, CNCPS protein component in whole silage corn from different producing

预测变量 Predicted variables (y)	回归变量 Variable selection (x)	回归方程 Prediction equations	决定系数 R^2	残差 RSD	P 值 P-value
蛋白质成分 Protein component/% DM					
粗蛋白质 CP	$x_1 = A_Amide\ I / Amide\ II$, $x_2 = H_Amide\ I / Amide\ II$	$y = 11.86 - 0.43x_1 + 0.03x_2$	0.81	0.17	<0.000 1
中性洗涤不溶蛋白 NDICP	H_α-helix	$y = 2.03 - 4.78x$	0.33	0.04	0.026 1
酸性洗涤不溶蛋白 ADICP	$x_1 = A_Amide\ I$, $x_2 = H_Amide\ I$, $x_3 = H_Amide\ II$	$y = 0.69 - 0.64x_1 +$ $46.30x_2 - 12.97x_3$	0.88	0.00	<0.000 1
可溶性蛋白 SCP	$x_1 = A_Amide\ I / Amide\ II$, $x_2 = H_Amide\ I / Amide\ II$	$y = 3.45 - 0.18x_1 + 0.02x_2$	0.65	0.11	0.002 0
非蛋白氮 NPN	$x_1 = A_Amide\ II$, $x_2 = A_Amide\ I / Amide\ II$, $x_3 = H_α-helix$	$y = 2.57 + 1.83x_1 -$ $0.14x_2 - 12.04x_3$	0.84	0.05	0.000 1
CNCPS 蛋白质组分 CNCPS protein component/% CP					
非蛋白氮 PA	$x_1 = A_Amide\ I / Amide\ II$, $x_2 = H_β-sheet$	$y = 34.03 - 2.02x_1 +$ $50.82x_2$	0.64	8.94	0.002 0
慢速降解蛋白 PB ₃	$x_1 = A_Amide\ I / Amide\ II$, $x_2 = H_α-helix$	$y = 9.83 + 0.86x_1 - 42.45x_2$	0.52	3.24	0.012 3
不可利用蛋白 PC	$x_1 = A_Amide\ I$, $x_2 = H_Amide\ I$	$y = 7.77 - 4.61x_1 +$ $320.47x_2$	0.85	0.41	<0.000 1

A_Amide I: 酰胺 I 带峰面积; A_Amide II: 酰胺 II 带峰面积; A_Amide I/A_Amide II: 酰胺 I 带与酰胺 II 带峰面积比值; H_Amide I: 酰胺 I 带峰高; H_Amide II: 酰胺 II 带峰高; H_Amide I/H_Amide II: 酰胺 I 带和酰胺 II 带峰高比值; H_α-helix: α-螺旋的峰高; H_β-sheet: β-折叠的峰高; H_α-helix/H_β-sheet: α-螺旋和 β-折叠的峰高比值。表 6 同。A_Amide I: peak area intensity of Amide I; A_Amide II: peak area intensity of Amide II; A_Amide I/A_Amide II: peak area ratio of amide I to amide II; H_Amide I: peak height intensity of Amide I; H_Amide II: peak height intensity of Amide II; H_Amide I/H_Amide II: peak height ratio of amide I to amide II; H_α-helix: peak height intensity of α-helix; H_β-sheet: peak height intensity of β-sheet; H_α-helix/H_β-sheet: peak height ratio of α-helix to β-sheet. The same as Table 6.

表 7 不同种植地全株青贮玉米的蛋白质分子结构与其瘤胃动态降解参数之间的回归关系

Table 7 Regression relationship between protein molecular structure and rumen degradation parameters in whole silage corn from different producing

预测变量 Predicted variables (y)	回归变量 Variable selection (x)	回归方程 Prediction equations	决定系数 R^2	残差 RSD	P 值 P-value
干物质瘤胃降解参数 DM rumen degradation parameters					
快速降解部分 DM _a /%	A_Amide II	$y = 22.69 + 5.69x$	0.41	4.14	0.009 9
慢速降解部分的降解率 DM _c /(%/h)	A_Amide II	$y = 2.08 + 0.69x$	0.54	0.03	0.001 7
干物质有效降解率 DM _{ED} /%	H_β-sheet	$y = 55.37 - 53.61x$	0.59	2.92	0.000 8
粗蛋白质瘤胃降解参数 CP rumen degradation parameters					
快速降解部分 CP _a /%	$x_1 = A_Amide\ II$, $x_2 = H_Amide\ I$	$y = 31.94 + 55.33x_1 -$ $304.37x_2$	0.69	19.05	0.000 9

续表 7

预测变量 Predicted variables (y)	回归变量 Variable selection (x)	回归方程 Prediction equations	决定系数 R^2	残差 RSD	P 值 P-value
慢速降解部分 $CP_b/\%$	H_Amide I/ Amide II	$y = 44.57 - 0.47x$	0.56	24.61	0.001 3
慢速降解部分的降解率 $CP_c/(%/h)$	A_Amide II	$y = 1.79 + 1.33x$	0.60	0.10	0.000 7

3 讨 论

3.1 不同种植地对全株青贮玉米蛋白质成分和 CNCPS 蛋白质组分的影响

饲用作物的营养价值受气温、降雨、土壤、光照、温度、生长发育阶段等多种因素影响^[15]。本试验研究表明,不同地区的青贮玉米 CP 含量差异很大,其中含量最高的天津地区要比含量最低的新疆地区高出 1.96 个百分点,说明种植地的不同对青贮玉米蛋白质成分含量有显著影响。底姝霞等^[16]在研究不同种植密度对青贮玉米“农大 108”营养成分的影响时发现,增大种植密度会使 CP 含量表现出下降趋势。买尔亚木·玉苏甫等^[17]在研究覆盖材料对新疆哈密地区种植的青贮玉米生长和营养品质的影响时发现,秸秆覆盖可以显著提高青贮玉米 CP 含量。胡春华等^[18]也提出,青贮玉米 CP 含量随着氮肥水平提高呈极显著上升。由于各种种植区的种植环境有所差异,因此这些都可能是影响各种种植区青贮玉米 CP 含量的因素。

CNCPS 体系将饲料蛋白质分为 PA、PB₁、PB₂、PB₃、PC 5 部分,其中,PA 为瞬时降解部分;PB₁ 为快速降解蛋白;PB₂ 为中速降解蛋白;PB₃ 为慢速降解蛋白;PC 为不可降解蛋白,它含有与木质素、单宁等成分结合的蛋白部分或是其他高度抵抗微生物和酶类分解的成分,其含量越少,说明蛋白质利用率越高^[11]。本试验中青贮玉米 PA 和 PB₃ 含量与赵广永等^[19]报道的数据不一致,可能是由于饲料品种及收割时期不同等因素导致,也有可能是由于该试验选取的 4 个种植区与本试验并不吻合。试验发现,天津地区青贮玉米的 PA 含量最高,PC 含量最低,说明其 NPN 含量较高,PC 含量最少,相较于其他地区营养价值较高,但还需经瘤胃尼龙袋法进一步验证。

3.2 不同种植地对全株青贮玉米瘤胃动态降解参数的影响

DM 瘤胃降解率是影响干物质采食量 (DMI) 的一个重要因素,DM 瘤胃降解率越高,DMI 就越高^[20]。DM 瘤胃降解率受试验动物、饲料类型、饲料种类、收获时期等多种因素的影响,因此种植地的差异很可能对 DM 瘤胃降解率造成影响。粗饲料的蛋白质多存在于细胞内容物中,影响 CP 降解率的主要原因有饲料蛋白质的含量、组成及饲料在瘤胃内的滞留时间等^[21]。本试验结果显示,全株青贮玉米的 DM_{ED} 在 48.73%~53.36%,CP_{ED} 在 34.96%~54.19%,与颜欣超等^[22]的试验结果相似。梁稼焯^[23]的研究测得青贮玉米的 DM_{ED} 为 55.01%,与本试验相近;CP_{ED} 为 68.68%,略高于本试验,这可能是由于研究的样本品种不同导致。张颖等^[24]以肉牛为试验动物,测得 CP_{ED} 为 45.21%,与本试验相似;DM_{ED} 为 47.92%,略低于本试验,这可能是由于试验动物不同导致。

3.3 不同种植地对全株青贮玉米蛋白质分子结构的影响

酰胺 I 带 (1 700~1 600 cm⁻¹) 和酰胺 II 带 (1 560~1 500 cm⁻¹) 是蛋白质红外光谱的 2 个基本特征。酰胺 I 带主要产生于 C=O 和 C-N 的伸展振动,它对蛋白质二级结构的改变十分敏感。因此,可以将酰胺 I 带用于蛋白质二级结构的鉴定。酰胺 II 带是由包括 N-H 和 C-N 等在内的多个官能团振动产生。所以,一般不将酰胺 II 带用于蛋白质二级结构的鉴定^[25]。本试验得出,不同种植地全株青贮玉米酰胺 I 带峰高、峰面积存在极显著差异。其中,天津地区青贮玉米的 CP 含量最高,而其酰胺 I 带的峰高、峰面积也均为最高,这与其常规化学方法测定的结果一致。反刍动物饲料中蛋白质在瘤胃内的降解直接体现在蛋白质红外光谱区域酰胺 I 带的 α -螺旋和 β -折叠上。在酰胺 I 带中, α -螺旋的谱峰位于 1 658~

1 650 cm^{-1} , β -折叠的谱峰位于 1 640 ~ 1 610 cm^{-1} 。它们之间的比值受饲料中蛋白质的质量、可利用性及消化率的影响。Yu 等^[26]发现羽毛的蛋白质含量高达 84%, 但蛋白质消化率却仅为 5%, 在与大麦、小麦、燕麦等蛋白质利用率高的饲料比较时发现, 羽毛蛋白质二级结构中 α -螺旋含量低, β -折叠含量高。本试验中, 各地区青贮玉米蛋白质二级结构中 α -螺旋和 β -折叠含量均存在极显著差异, 这可能是造成不同种植地青贮玉米蛋白质利用率不同的原因。

3.4 不同种植地全株青贮玉米蛋白质分子结构与蛋白质营养价值之间的相关关系

研究表明, 蛋白质分子结构(特征峰的峰高、峰面积及它们的比值)与蛋白质营养价值之间存在密不可分的联系, 可以借助蛋白质光谱信息对饲料样品蛋白质营养价值进行估测^[27]。Ban^[28]在研究饼粕类饲料时发现, 酰胺 I 带和酰胺 II 带的比与 CP、SCP、NPN 含量存在显著负相关, 与本试验结果一致。本试验中, 酰胺 II 带的峰面积与 SCP、NPN、PA 含量存在显著正相关, 与 PB_3 含量存在显著负相关, 这与李昕等^[8]在研究不同热处理豆渣蛋白质结构与蛋白质营养价值之间的相关性时得出的结果一致。Zhang 等^[29]在研究无壳大麦与干酒糟及其可溶物(DDGS)复合饲料时发现, 其酰胺 I 带和 II 带的峰面积与 DM_a 、 DM_{ED} 、CP_c 存在相关关系, 与本试验结果相似。本试验根据相关性和回归方程得出酰胺 I 带峰高、酰胺 I 带峰面积、酰胺 II 带峰面积、酰胺 I 带和 II 带的峰面积比可以有效地估测青贮玉米的蛋白质营养价值, 这些结果与 Goma 等^[30]的研究结果相似。Liu 等^[31]在对大麦外壳与籽粒降解特性时发现, α -螺旋与 β -折叠的峰高比, 与 CP_a 含量、CP_{ED} 存在显著正相关; Doiron 等^[32]和 Samadi 等^[33]也在研究中发现 α -螺旋与 β -折叠的峰高比和 NDICP、ADICP 含量存在正相关, 而本试验中 α -螺旋与 β -折叠的峰高比与蛋白质化学成分及降解特性之间并不存在相关, 这可能是由于饲料种类不同, 饲料的分子结构也存在差异。上述试验结果表明, 利用蛋白质光谱特征参数可对全株青贮玉米蛋白质化学成分和瘤胃降解特性进行预测, 并且通过回归方程预测其蛋白质营养价值是可行的。

4 结论

① 不同种植地全株青贮玉米蛋白质成分、CNCPS 组分、DM 和 CP 瘤胃降解参数存在显著差异。

② 通过 FTIR 光谱技术分析得出, 不同种植地全株青贮玉米蛋白质分子结构之间也存在显著差异。并且, 红外光谱参数与蛋白质营养价值之间存在明显的相关关系, 可以借助青贮玉米蛋白质红外光谱参数对其蛋白质营养价值进行预测。

参考文献:

- [1] 李美鑫, 张爱忠, 姜宁, 等. 粗饲料长度对反刍动物的营养调控[J]. 饲料博览, 2015(5): 19-22.
- [2] 张万祥, 马桂林, 张永辉. 饲用玉米引种试验及其营养价值比较[J]. 甘肃畜牧兽医, 2015, 45(9): 40-41.
- [3] 吴欣明, 王运琦, 董宽虎, 等. 饲用玉米生产性能与营养价值评定[J]. 中国草地学报, 2006, 28(3): 66-70.
- [4] 殷满财, 聂召龙, 张国模, 等. CNCPS 及体外产气法评价青海地区 6 种常用粗饲料的营养价值[J]. 青海畜牧兽医杂志, 2018, 48(6): 1-8.
- [5] 陈晓琳, 孙娟, 王月超, 等. 不同类农作物秸秆在肉羊瘤胃中的降解特性研究[J]. 中国畜牧杂志, 2015, 51(5): 45-51.
- [6] XIN H S, DING X, ZHANG L Y, et al. Investigation of the spectroscopic information on functional groups related to carbohydrates in different morphological fractions of corn stover and their relationship to nutrient supply and biodegradation characteristics[J]. Journal of Agricultural and Food Chemistry, 2017, 65(20): 4035-4043.
- [7] CARBONARO M, NUCARA A. Secondary structure of food proteins by Fourier transform spectroscopy in the mid-infrared region[J]. Amino Acids, 2010, 38(3): 679-690.
- [8] 李昕, 徐宏建, 王楠, 等. 不同热处理豆渣中蛋白质分子结构与其营养价值及瘤胃降解特性的相关性研究[J]. 动物营养学报, 2019, 31(1): 395-408.
- [9] AOAC. Official methods of analysis[M]. 15th ed. Washington, D.C., USA: Association of Official Analytical Chemists, 1990.
- [10] KRISHNAMOORTHY U, SNIFFEN C J, STERN M D, et al. Evaluation of a mathematical model of rumen digestion and an *in vitro* simulation of rumen proteoly-

- sis to estimate the rumen-undegraded nitrogen content of feedstuffs[J]. *British Journal of Nutrition*, 1983, 50(3):555-568.
- [11] SNIFFEN C J, O'CONNOR J D, VAN SOEST P J, et al. A net carbohydrate and protein system for evaluating cattle diets: II. Carbohydrate and protein availability[J]. *Journal of Animal Science*, 1992, 70(11):3562-3577.
- [12] 冯仰廉, 澳斯柯夫 E R. 反刍家畜降解蛋白质的研究(一)——用尼龙袋法测定几种中国精饲料在瘤胃中的降解率及该方法稳定性的研究[J]. *中国畜牧杂志*, 1984(5):55-59.
- [13] ORSKOV E R, MCDONALD I. The estimation of protein degradability in the rumen from incubation measurements weighed according to rate of passage[J]. *Journal of Agricultural Science*, 1979, 92(2):499-503.
- [14] LI H Y, XU L, LIU W J, et al. Assessment of the nutritive value of whole corn stover and its morphological fractions[J]. *Asian-Australasian Journal of Animal Sciences*, 2014, 27(2):194-200.
- [15] 王晓光. 饲草型全混日粮饲用价值评价研究[D]. 博士学位论文. 呼和浩特: 内蒙古农业大学, 2011.
- [16] 底姝霞, 苏东升, 朱媛. 不同种植密度对青贮玉米产量和营养价值的影响[J]. *中国饲料*, 2018(12):26-30.
- [17] 买尔亚木·玉苏甫, 克然木·司马义. 不同覆盖材料对新疆哈密青贮玉米生长和营养品质的影响[J]. *草食家畜*, 2017(4):44-49.
- [18] 胡春花, 张吉贞, 孟卫东, 等. 不同栽培措施对青贮玉米产量和营养品质的影响[J]. *热带作物学报*, 2015, 36(5):847-853.
- [19] 赵广永, CHRISTENSEN D A, MCKINNON J J. 用净碳水化合物-蛋白质体系评定反刍动物饲料营养价值[J]. *中国农业大学学报*, 1999, 4(增刊):71-76.
- [20] 刘艳芳, 马健, 都文, 等. 常规与非常规粗饲料在奶牛瘤胃中的降解特性[J]. *动物营养学报*, 2018, 30(4):1592-1602.
- [21] 陈晓琳, 刘志科, 孙娟, 等. 不同牧草在肉羊瘤胃中的降解特性研究[J]. *草业学报*, 2014, 23(2):268-276.
- [22] 颜欣超, 宣晶晶, 王立克, 等. 青贮时间对全株玉米常规营养成分及瘤胃降解率的影响[J]. *安徽科技学院学报*, 2018, 32(2):20-25.
- [23] 梁稼焯. 日粮添加活性干酵母对秦川肉牛瘤胃发酵性能及饲料降解的影响[D]. 硕士学位论文. 杨凌: 西北农林科技大学, 2018.
- [24] 张颖, 霍晓伟, 仇亚利. 肉牛常用粗饲料干物质和粗蛋白的瘤胃降解规律研究[J]. *饲料研究*, 2015(5):35-38.
- [25] YU P. Application of Advanced synchrotron radiation-based fourier transform infrared (SR-FTIR) microspectroscopy to animal nutrition and feed science: a novel approach[J]. *British Journal of Nutrition*, 2004, 92(6):869-885.
- [26] YU P Q, MCKINNON J J, CHRISTENSEN R, et al. Using synchrotron-based FTIR microspectroscopy to reveal chemical features of feather protein secondary structure: comparison with other feed protein sources[J]. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, 2004, 52(24):7353-7361.
- [27] XIN H S, YU P Q. Detect changes in protein structure of carinata meal during rumen fermentation in relation to basic chemical profile and comparison with canola meal using ATR-FT/IR molecular spectroscopy with chemometrics[J]. *Spectrochimica Acta Part A: Molecular and Biomolecular Spectroscopy*, 2013, 112:318-325.
- [28] BAN Y. Molecular structural, physicochemical and nutritional characterization of new lines of brassica carinata and the co-products[D]. Master's thesis. Saskatoon: University of Saskatchewan, 2016.
- [29] ZHANG X, YU P. Molecular basis of protein structure in combined feeds (hulless barley with bioethanol coproduct of wheat dried distillers grains with solubles) in relation to protein rumen degradation kinetics and intestinal availability in dairy cattle[J]. *Journal of Dairy Science*, 2012, 95(6):3363-3379.
- [30] GOMAA W M S, PENG Q H, PRATES L L, et al. Application of FT/IR-ATR vibrational spectroscopy to reveal protein molecular structure of feedstock and co-products from Canadian and Chinese canola processing in relation to microorganism bio-degradation and enzyme bio-digestion[J]. *Spectrochimica Acta Part A: Molecular and Biomolecular Spectroscopy*, 2018, 204:791-797.
- [31] LIU N, YU P Q. Molecular clustering, interrelationships and carbohydrate conformation in hull and seeds among barley cultivars[J]. *Journal of Cereal Science*, 2011, 53(3):379-383.
- [32] DOIRON K, YU P, MCKINNON J J, et al. Heat-induced protein structure and subfractions in relation to protein degradation kinetics and intestinal availability in dairy cattle[J]. *Journal of Dairy Science*, 2009, 92

(7):3319-3330.

- [33] SAMADI, THEODORIDOU K, YU P Q. Detect the sensitivity and response of protein molecular structure of whole canola seed (yellow and brown) to different heat processing methods and relation to protein utiliza-

tion and availability using ATR-FT/IR molecular spectroscopy with chemometrics [J]. Spectrochimica Acta Part A: Molecular and Biomolecular Spectroscopy, 2013, 105:304-313.

Relationship between Protein Nutrition Value, Rumen Degradation Characteristics and Its Molecular Structure of Whole Silage Corn in Different Producing Areas

YAO Enyue ZHENG Jian FANG Xinpeng XIN Hangshu* ZHANG Yonggen*
(College of Animal Science and Technology, Northeast Agricultural University, Harbin 150030, China)

Abstract: The aim of this experiment was to explore the effects of different producing areas on the molecular structure of whole silage corn protein and its correlation with protein nutritional value and rumen degradation characteristics. This experiment used conventional chemical analysis methods combined with Cornell net carbohydrate-net protein system (CNCPS) and nylon bag technology to evaluate the nutritional value of whole silage corn in different producing areas. Fourier transform infrared spectroscopy (FTIR) technology was used to analyze the changes of molecular structure of silage corn protein, and then to explore the correlation between them. The results showed as follows: 1) there were significant differences in the chemical constituents of whole silage corn in different producing areas ($P < 0.05$); there were significant differences in non-protein nitrogen, medium-speed degradation proteins, slow-degrading proteins and unavailable proteins of the CNCPS protein fraction ($P < 0.05$); there were also significant differences in the effective degradation rates of dry matter and crude protein ($P < 0.05$). 2) After scanning by FTIR technology, it was found that amide band I peak height and peak area, amide II band peak height and peak area, total peak area, peak area ratio, peak height ratio of amide I and II bands, α -helix, β -fold peak height in the molecular structure of whole silage corn in different producing areas had significant effects ($P < 0.05$). 3) Amide I band peak height, peak area, amide II peak height, peak area, amide I band and II band peak height ratio, peak area ratio and α -helix peak height could be used as predictors to predict the nutritional value and rumen degradation parameters of whole silage corn. Among them, silage corn protein molecular structure for crude protein (CP) ($R^2 = 0.81$), acid detergent insoluble protein (ADICP) ($R^2 = 0.88$), non-available protein (PC) ($R^2 = 0.85$) and crude protein rapid degradation (CP_a) ($R^2 = 0.69$) fitted the best. In summary, different producing areas have an effect on the protein components, CNCPS components, dry matter and crude protein rumen degradation parameters and protein molecular structure of whole silage corn. Moreover, there is a clear correlation between protein molecular structure and protein nutritional value, and the protein nutritional value of silage corn can be predicted by infrared spectral parameters. [Chinese Journal of Animal Nutrition, 2020, 32(2):815-826]

Key words: different producing areas; whole silage corn; protein molecular structure; correlation

* Corresponding authors: XIN Hangshu, professor, E-mail: xinhangshu@163.com; ZHANG Yonggen, professor, E-mail: zhangyonggen@sina.com (责任编辑 陈鑫)