麝肠道微生物菌群组成及功能的研究进展

代秦丹 陈凤 鄢惠 蒋桂梅* 杨柳青 石鑫 刘瑜

四川省药品检验研究院，四川养麝研究所 成都 611845

摘要：麝（*Moschus* spp.）属国家一级重点保护野生动物，其人工养殖历史已有 60 余年，但由于饲养标准和营养需求不完善以及患病率和死亡率高等原因，麝养殖技术发展缓慢。针对麝养殖过程中的问题，前人做了许多工作，但因麝易受环境影响产生应激或病理性反应，导致有代表性的试验数据和生物样本不易获取，相关研究存在一定局限性。随着分子生物学技术发展，逐渐发现肠道微生物菌群对宿主健康至关重要，并在宿主免疫防控、营养调控及适应进化等方面起关键作用。探索麝的肠道微生物菌群组成及功能对丰富麝相关研究及维持麝健康有重要意义。因此本文综述了麝以细菌为主的肠道微生物菌群组成、功能及影响因素，以期为改进麝人工养殖过程中的疾病防控、饲养管理和营养调控提供科学的参考依据。

关键词：麝；圈养；细菌；肠道

中图分类号：Q955 **文献标识码：**A **文章编号：**0250-3263（2025）01-145-10

Research Progress on Composition and Function of Intestinal Microflora of Musk Deer *Moschus* spp.

DAI Qin-Dan CHEN Feng YAN Hui JIANG Gui-Mei*
YANG Liu-Qing SHI Xin LIU Yu

Sichuan Institute for Drug Control, Sichuan Institute of Musk Deer Breeding, Chengdu 611845, *China*

Abstract: Musk Deer *Moschus* spp. is a wild animal under first class protection in China, and its artificial culture history has been more than 60 years. However, cultivation technology developed slowly due to inadequate feeding standards and nutritional requirements, as well as high morbidity and mortality. Researchers worked to solve these problems, but because Musk Deer is susceptible to environmental stress or pathological reactions, it is difficult to obtain representative test data and biological samples, and relevant studies have certain limitations. With the development of molecular biology technology, it is gradually found that intestinal microbiota is crucial to host health and plays a key role in host immune prevention and control, nutritional regulation and adaptive evolution. It is important to study the intestinal microbes to enrich relevant research and maintain the health of Musk Deer. Therefore, the composition, function and influencing factors

基金项目 四川省科研院所科技成果转化项目（No. 2024ZHYS0013），基础科研业务项目（No. 2024JDKY0030）；

* 通讯作者，E-mail: lg.xnz.hyl@163.com；

第一作者介绍 代秦丹，女，硕士研究生，研究方向：反刍动物营养；E-mail: 279168893@qq.com。

收稿日期：2024-07-05，修回日期：2024-09-10 DOI: 10.13859/j.cjz.202424157 CSTR: 32109.14.cjz.24157

of the bacterial-dominated intestinal microflora of Musk Deer were reviewed in this article, to provide a scientific reference for improving disease control and prevention, feeding management and nutritional regulation in the process of artificial Musk Deer farming.

Key words: *Moschus* spp.; Captive; Bacteria; Intestinal tract

麝（*Moschus* spp.）是一种小型反刍动物，我国麝类动物包括林麝（*M. berezovskii*）、马麝（*M. chrysogaster*）、原麝（*M. moschiferus*）、黑麝（*M. fuscus*）、喜马拉雅麝（*M. leucogaster*）以及安徽麝（*M. anhuiensis*）（王应祥 2003），其中以林麝和马麝人工养殖和研究较多。成年雄麝能分泌麝香，具有极高的经济价值和社会价值。但麝早期遭受大量捕杀，数量急剧下降，天然麝香产量远远不能满足市场需求，为了提高天然麝香产量和麝种群数量，我国从 1958 年开始进行人工养殖（Jie et al. 2019）。由于麝生性胆小、独居且易受外界环境干扰产生应激，患病率和死亡率高，同时缺乏完善的饲养和营养需求标准，导致麝养殖业发展受阻（郑程莉等 2020）。随着高通量测序技术的发展，对麝不再止步于简单的生产性研究，可通过研究其胃肠道微生物多样性、组成及功能等来评价宿主的生理健康状态。

由于粪便采样为非侵入性，不会对宿主造成负担，且粪样代表了分布在整个肠道的肠道微生物群落，肠道微生物经常用于保护动物的研究中（West et al. 2019，Yao et al. 2023）。宿主与肠道微生物为互利共生关系，肠道微生物在日粮消化吸收、肠上皮组成分化、宿主免疫以及维持肠黏膜屏障功能等方面起着关键作用（Zhao et al. 2019a，Fu et al. 2023）。一旦“宿主-肠道微生物菌群”系统失衡，就会弱化肠道消化吸收功能，出现各种疾病（Gu et al. 2022）。所以，研究麝肠道微生物菌群对更可靠地评估环境和生物因素塑造麝肠道生物菌群的过程，以及更好地进行麝营养调控和疾病防控是非常有必要的。本文根据前人关于麝肠道微生物的研究，综述了以细菌为主的肠道微生物菌群组成及功能研究，为改进人工养殖麝过程中的疾病防控、饲养管理和营养调控等提供科学依据。

1 麝肠道微生物菌群组成及功能

1.1 细菌

1.1.1 细菌多样性 肠道细菌群落定殖和多样性受多种因素影响，麝从刚出生到断奶，其胃肠道微生物菌群是逐渐丰富的过程，断奶后麝细菌多样性逐渐增加，直至达到动态平衡（Li et al. 2020，2021）。细菌多样性被认为是肠道健康的重要指标，高细菌多样性意味着肠道生态系统的稳定性和弹性较好，有利于营养物质降解及肠道免疫屏障形成（Lloyd-Price et al. 2016），麝患病后肠道细菌多样性明显降低（Li et al. 2018）。有研究发现，野生麝肠道细菌多样性显著高于圈养麝（Li et al. 2017，Jiang et al. 2023），且通常雄麝肠道细菌多样性高于雌麝（Zhao et al. 2019b）。但 Zhang 等（2023a）发现，圈养马麝肠道细菌多样性高于野生马麝，可能是由于该研究采样在较为寒冷的气候下进行，野生马麝在野外难以获取丰富的食物，也可能是由于圈养马麝形成了更为复杂的肠道微生物菌群。另有研究发现，圈养林麝的肠道细菌多样性在不同季节和年龄下均高于圈养马麝（Hu et al. 2017，Jiang et al. 2022a）。Hu 等（2018）研究发现圈养林麝冬春季节细菌多样性高于夏秋季节，而 Jiang 等（2021）则发现圈养林麝秋冬季肠道细菌多样性高于春夏季，可能是两项研究的采样环境、海拔以及饲料结构上的差异所导致。可见，生存在不同环境、时期以及生理状态下的麝，肠道细菌多样性存在差异。研究不同状态下麝肠道细菌多样性的差异，对调节圈养麝肠道细菌多样性具有一定参考意义。

1.1.2　门水平上的组成　麝肠道细菌中主要核心菌门是厚壁菌门（Firmicutes）和拟杆菌门（Bacteroidetes），这与其他反刍动物胃肠道研究结果相同（Mitchell et al. 2019，Dai et al. 2021），其次为变形菌门（Proteobacteria）、疣微菌门（Verrucomicrobia）和放线菌门（Actinobacteria）。厚壁菌门是主要的纤维素分解菌，能将纤维降解为短链脂肪酸（short-chain fatty acid，SCFAs）供宿主利用，而拟杆菌门能降解碳水化合物和蛋白质，促进胃肠道免疫系统发育（Cholewińska et al. 2020，Stojanov et al. 2020）。厚壁菌门/拟杆菌门丰度比值（Firmicutes/Bacteroidetes，F/B）的升高与降低分别与肥胖和肠道炎症发展相关（Shen et al. 2018，Abenavoli et al. 2019）。在麝肠道细菌门水平研究上发现（附录 1），圈养成年麝厚壁菌门丰度和 F/B 值高于幼麝（Hu et al. 2017），且均表现为雄麝 F/B 值高于雌麝（Zhao et al. 2019b）。随着幼麝出生到断奶、胃肠道形成完善的微生物区系过程中，厚壁菌门逐渐增加，拟杆菌门相对减少，对纤维类物质利用能力增强（Yin et al. 2023）。野生麝 F/B 值显著高于圈养麝，且随着季节变化，F/B 值也发生明显改变（Sun et al. 2020，李依蒙 2021）。圈养林麝肠道细菌群中厚壁菌门丰度高于圈养马麝，而拟杆菌门则相反（Jiang et al. 2021，2022a）。野生原麝肠道中 F/B 值低于圈养林麝（Su et al. 2020），但该研究中原麝样本数较少，且有关原麝肠道微生物也鲜有报道，此结果有待验证。以上研究表明，不同外界因素影响下，麝肠道细菌群中主要优势菌门不变，而 F/B 值变化大，不同阶段下的麝肠道微生物中 F/B 值的适宜范围还有待研究。

1.1.3　科和属水平上的组成　与麝肠道细菌门水平上的相似性不同，在科和属水平上的差异较大，且高通量测序研究结果中，许多微生物操作分类单元（operational taxonomic unit，OTU）不能归类为已知属。但总体上的核心菌科/属有瘤胃菌科（Ruminococcaceae）、拟杆菌属（*Bacteroides*）、*Sporobacter* 属、梭菌属（*Clostridiales*）以及克里斯滕菌科 R7 group（*Christensenellaceae* R7 group）等。瘤胃菌科生成短链脂肪酸，在纤维消化中起到至关重要的作用（Han et al. 2015）。克里斯滕菌科 R7 group 常见于宿主肠道和黏膜，产生乙酸和丁酸，主要参与纤维素的降解和氨基酸、多肽、脂质等物质代谢（Tang et al. 2019，Waters et al. 2019）。拟杆菌属在降解碳水化合物上发挥作用，还能促进免疫系统发育、增强宿主免疫力以及维持肠道微生物生态平衡。梭菌与致病性有关，其同时也能调节肠道平衡、促进有益菌群的定殖，增强机体免疫功能（Guo et al. 2020）。圈养马麝肠道细菌中拟杆菌属相对丰度显著高于野生马麝，而瘤胃菌科 UGG-005 和克里斯滕菌科 R7 group 相对丰度显著更低，此外，有研究发现圈养麝含阿克曼菌属（*Akkermansia*）和双歧杆菌（*Bifidobacterium*）（Jiang et al. 2023）。阿克曼菌属和双歧杆菌属于有益菌，在人类中很常见，但在其他哺乳动物中并不常见，可能是圈养麝与人类接触较多所致（Nian et al. 2023）。阿克曼菌属在鲜叶季节（夏季和秋季）丰度显著高于枯叶季节（早春和冬季）（Hu et al. 2018）。与野生麝相比，圈养麝肠道细菌中含高比例潜在致病菌，如可能引起腹泻的弯曲杆菌（*Campylobacter*）和埃希氏菌（*Escherichia*）（Li et al. 2017），以及较高丰度的假单胞菌属（*Pseudomonas*）和 *Sporobacter* 属（Hu et al. 2017，2018，苏日娜 2022）。与圈养马麝相比，圈养林麝肠道细菌中的克里斯滕菌科 R7 group、瘤胃菌属和普雷沃氏菌科 UCG-004（Prevotellaceae UCG-004）丰度更高，而拟杆菌属丰度更低，条件致病菌丰度，如能引发腹泻的密螺旋体（*Treponema*）和 *Odoribacter* 则在圈养马麝中更高（Jiang et al. 2022a）。以上结果表明，与野生麝相比，圈养麝肠道细菌中存在比例较高的致病菌，易患疾病。且除了饲料因素外，人类活动对圈养麝肠道菌群的形成也造成了一定影响。

1.2　真菌和古菌

麝肠道真菌和古菌的研究没有细菌研究广泛和深入。虽然真菌在肠道中丰度较少，但其对维持肠道稳态平衡具有显著作用，可与肠道细菌协同、对抗或共生相互作用，维持肠道黏膜屏障功能（Kapitan et al. 2019），因此，真菌在肠道中的种类和分布会对宿主产生影响。苏日娜等（2022）对麝肠道真菌进行了研究，发现原麝和林麝肠道真菌多样性差异显著，优势菌门均为子囊菌门（Ascomycota），其次为担子菌门（Basidiomycota），属水平上发现林麝肠道真菌中念珠菌属（*Candida*）和曲霉菌属（*Aspergillus*）富集，念珠菌属相对丰度与碳水化合物的摄入呈正相关，与氨基酸、蛋白质和脂肪酸的摄入呈负相关，且念珠菌属和曲霉菌属均可导致肠道真菌性炎症（Yelika et al. 2021，Jawhara 2022）。古菌能利用二氧化碳和氢气生成甲烷，通过嗳气排出体外，造成摄入总能损失（Lan et al. 2019）。徐谊英（2015）的研究发现，林麝肠道古菌中占绝对优势的是广古菌门（Euryarchaeota），属水平上是甲烷短杆菌属（*Methanobrevibacter*）。Sun 等（2020）发现，野生马麝和圈养马麝肠道中广古菌门相对丰度分别为 0.06%和 0.32%，代表圈养麝摄入能量损失更多。综上所述，麝肠道真菌和古菌相关研究较少，还需要进行更多研究。

2　影响麝肠道微生物菌群的因素

2.1　年龄和性别

幼龄反刍动物早期胃肠道未发育完全，免疫功能较弱，易受外界因素干扰，患腹泻等疾病。随着胃肠道发育，逐渐形成以细菌为主的肠道微生物菌群，同时免疫能力增强（Arshad et al. 2021）。1 月龄以内的麝肠道中能诱发腹泻的埃希氏菌-志贺氏菌（*Escherichia-Shigella*）相对丰度高，随着月龄增加而逐渐下降（李依蒙 2021）。随着幼麝生长发育，肠道微生物多样性增加，80 日龄左右肠道微生物菌群基本建立。幼麝断奶时间不同对母麝和幼麝肠道微生物菌群均有明显影响，在 90 日龄断奶时，断奶应激对肠道微生物菌群影响最弱（Li et al. 2022）。幼麝早期肠道中拟杆菌门发挥重要作用，其利用蛋白和碳水化合物提供能量，促进肠道发育，随着菌群区系建立，转变为厚壁菌门占优势（Hu et al. 2017）。Zhao 等（2019b）发现不同性别的幼龄和成年林麝，表现出不同的免疫抗病能力。雄麝肠道微生物菌群包含更多的潜在致病菌，如假单胞菌科（Pseudomonadaceae），而雌麝含更多有益菌（赵贵军等 2019）。不同麝类动物在微生物定殖上也表现出差异，圈养林麝厚壁菌门丰度高于圈养马麝，而圈养马麝肠道微生物代谢功能表达高于圈养林麝，但致病菌丰度更高（Hu et al. 2017，Jiang et al. 2022a）。综上所述，由于幼麝肠道菌群不完善，易产生肠道问题，随着年龄增加，肠道微生物逐渐达到动态平衡。雄麝和雌麝可能受生理调节原因导致肠道菌群存在差异，进而在消化代谢、营养吸收上表现不同。

2.2　生存环境和社会行为

生存环境不同，意味着接触的环境微生物有区别，因而环境会影响微生物定殖。受全球气候变化影响，预测在未来几十年，中国野生麝的适宜生存面积逐渐减少，面临着向高海拔和高纬度地区的再分布（Jiang et al. 2020）。野生麝和圈养麝因为生存环境、饮食结构和行为活动等的不同，从而形成了差异较大的肠道微生物区系。野生麝表现出对纤维的高利用能力，且潜在致病菌丰度较低，而圈养麝拟杆菌门丰度较高，是高淀粉和蛋白质日粮饲喂的结果，且肠道潜在致病菌富集（Li et al. 2017）。生存环境的改变会导致麝肠道微生物区系发生明显变化，接触新环境的初期，麝的肠道消化吸收和对有毒物质的降解功能明显减弱（Jiang et al. 2022b）。环境变化易造成麝应激，致使肠道微生物菌群改变以及免疫力弱化，对疾病具有易感性。Zhang 等（2023b）在圈养马麝中发现，当麝群体转移后，其肠道菌群多样性降低，潜在致病菌丰度显著增加。圈养动物放归野外后，

随着时间推移，其肠道微生物菌群会逐渐与野生动物肠道菌群相似（Chong et al. 2019）。社会行为或社会接触（如梳理毛发和交配行为）会传播微生物群，从而影响哺乳动物肠道微生物群落（Antwis et al. 2018，Xu et al. 2020）。在配种时期，处于同一繁殖区域的圈养林麝肠道微生物菌群表现出高度相似性（Li et al. 2021）。由此可见，生存环境和社会行为会影响麝肠道微生物菌群结构和组成，但麝行为与肠道菌群变化的相关性研究还较少。

2.3　饲料组成与添加剂

肠道微生物菌群定殖受多种因素的影响，饮食是影响微生物菌群组成和功能的重要因素之一，适当的营养摄入有益于形成健康的肠道微生物群落。Gong 等（2023）研究发现，随着日粮蛋白质水平增加，圈养林麝肠道微生物菌群中厚壁菌门丰度增加，而拟杆菌门丰度减少，肠道微生物菌群多样性降低；瘤胃菌科-005 和瘤胃菌科 UCG-014 随蛋白水平的增加而增加，但拟杆菌属显著降低，在日粮蛋白水平达到 13.37%时，普雷沃氏菌科（Prevotellaceae）有较高丰度。春夏季节，野生麝在野外能采食到种类丰富的嫩叶，其中的某些生物活性物质可能有利于麝的健康，而圈养麝条件有限，活动区域小，基本上缺乏嫩叶采食。有研究表明，麝从采食嫩树叶过渡到干树叶，随着摄入纤维水平增加，F/B 值上升（Hu et al. 2018）。饲料添加剂可以调节肠道微生物菌群结构，是改善动物生产性状的良好途径。刘旭（2020）给 7 月龄林麝饲喂复合微生态制剂[植物乳杆菌（*Lactobacillus plantarum*）、嗜酸乳杆菌（*L. acidophilus*）和明串球菌（*Leuconostoc species*），比例为 1∶1∶2]后，林麝肠道微生物多样性增加，变形菌门丰度显著降低，厚壁菌门和疣微菌门丰度增加；假单胞菌属丰度显著降低，瘤胃球菌科、阿克曼菌属和梭菌属丰度升高。Yang 等（2021）分别给林麝饲喂益生菌[干酪乳杆菌 Zhang（*Lactobacillus casei* Zhang）、植物乳杆菌 P-8（*Lactobacillus plantarum* P-8）和动物双歧杆菌 V9（*Bifdobacterium* animal V9）]和乳清粉，发现饲喂益生菌降低了林麝肠道致病菌大肠杆菌（*Escherichia coli*）和弗氏柠檬酸杆菌（*Citrobacter freundii*）丰度，增加了有益菌双歧杆菌和乳酸菌（*Lactobacillus*）丰度。Bo 等（2024）发现，饲喂 800 mg/kg 槲皮素（Quercetin），显著提高了林麝肠道菌群多样性，增加了阿克曼菌属相对丰度，可改善肠道健康。因此，适当增加营养水平和添加剂，能调控麝肠道菌群结构，改善肠道健康，提高麝机体免疫力。然而，由于麝的特殊性，圈养麝的营养需求和饲养标准还需要进一步研究和完善。

2.4　疾病

圈养麝长期受到健康状况不稳定和疾病高发等因素影响，严重制约了其种群发展。肠道菌群对宿主健康有重要作用，能刺激免疫系统，防御病原体入侵，菌群一旦发生紊乱，代表宿主在健康上出现问题（Kapitan et al. 2019，Fu et al. 2023）。消化道疾病在圈养麝上比较常见，死亡率约 30%（Yan et al. 2016）。健康圈养林麝肠道菌群多样性高于轻度和重度腹泻林麝，轻度腹泻组主要病原菌为志贺菌属，重度腹泻组主要病原菌属是 *Fusobacterium*（Li et al. 2018）。*Fusobacterium* 被认为是一种炎症微生物，可抑制体内 T 细胞反应，促进炎症因子表达（Tan et al. 2019）。寄生虫感染在麝中普遍发生，丁建红等（2022）发现，慢性应激会增加林麝球虫易感性，应激强度与寄生虫感染强度呈显著正相关。感染寄生虫会影响动物健康，改变肠道微生物菌群组成。尽管有的寄生虫对宿主产生积极效果，但大多寄生虫会造成健康负担（李思瑶等 2024）。Deng 等（2022）发现，一种芽囊原虫（*Blastocystis*）的寄生对宿主产生了积极作用，ST10 芽囊原虫寄生的圈养林麝肠道微生物菌群多样性高于无芽囊原虫寄生者，且有益菌比例增加，如另枝菌属（*Alistipes*）。另枝菌属对结肠炎等疾病有抗性作用，还可以调节脂肪代谢（Parker et al. 2020）。而 Gao 等

（2021）采集陕西和四川林麝粪便，发现有 65% 林麝感染艾美耳球虫（*Eimeria* spp.），影响了肠道健康。呼吸道疾病在圈养麝上也比较常见，圈养麝对肺炎敏感，死亡率超过 50%（Yan et al. 2017）。Zhao 等（2021）通过研究麝肠道微生物菌群差异来探究林麝感染细菌性肺炎机制，发现与健康林麝相比，感染细菌性肺炎致病菌，即铜绿假单胞菌（*Pseudomonas aeruginosa*）、马链球菌（*Streptococcus equinus*）和化脓隐秘杆菌（*Trueperella pyogenes*）的林麝肠道微生物菌群中厚壁菌门相对丰度降低，变形菌门相对丰度较高，能诱发肺炎类疾病的不动杆菌属（*Acinetobacter*）相对丰度高于健康林麝。肠道微生物菌群是宿主免疫屏障，免疫屏障一旦被破坏就容易受到病原体侵害。麝在饲养过程中易发生生理应激反应，从而造成肠道微生物菌群紊乱，导致对疾病易感性增加。针对这一问题，现多使用药物进行治疗，但还未找到科学合理的方式显著降低圈养麝患病率和死亡率。虽然使用抗生素一定程度上可降低其患病和死亡率，但会影响正常肠道菌群且使致病菌产生耐药性，不利于长远发展。

3 总结与展望

肠道菌群组成和功能受多种因素影响，肠道微生物组成能反映宿主的生理状况。通过肠道菌群分析，发现圈养麝在消化代谢以及免疫抗病上还有待调节与改善。在生产中可以使用某些添加剂（如益生菌等）针对性降低肠道致病菌比例，增加菌群多样性，改善肠道健康。应重点关注幼麝腹泻问题，在幼麝肠道微生物菌群形成过程中进行调节，减少幼麝腹泻的同时，使其逐步形成稳定丰富的肠道菌群，以增强免疫抗病能力。饲养管理过程中控制人为应激导致的肠道菌群紊乱，定期进行驱虫，同时尽量减少抗生素使用，并开展如植物提取物等物质代替抗生素在麝中应用的研究。圈养麝更换环境后应注意观察精神状态，控制饲粮摄入，补充能缓解应激和调节肠道功能的物质。建议饲喂过程中增加饲料资源的种类多样性，以及在嫩叶季节补饲嫩叶。明确适宜的营养水平有利于配制出科学合理的饲粮，以满足麝日常营养需求，同时使肠道微生物菌群更好地发挥作用。但目前圈养麝抗病和营养需求方面的研究还较为缺乏，需要更多研究。此外，对麝肠道微生物菌群的研究多集中在细菌群落，对真菌、古菌及原虫的研究较少，关于麝瘤胃菌群的研究也鲜有报道，未来应加强此方面的研究。

参 考 文 献

Abenavoli L, Scarpellini E, Colica C, et al. 2019. Gut microbiota and obesity: a role for probiotics. Nutrients, 11(11): 2690.

Antwis R E, Lea J M D, Unwin B, et al. 2018. Gut microbiome composition is associated with spatial structuring and social interactions in semi-feral Welsh Mountain ponies. Microbiome, 6(1): 207.

Arshad M A, Hassan F, Rehman M S, et al. 2021. Gut microbiome colonization and development in neonatal ruminants: strategies, prospects, and opportunities. Animal Nutrition, 7(3): 883–895.

Bo X, Chen J, Mu J, et al. 2024. Quercetin promotes the secretion of musk by regulating the hormone level and microbial structure of forest musk Deer. Integrative Zoology, 19(4): 596–611.

Cholewińska P, Czyż K, Nowakowski P, et al. 2020. The microbiome of the digestive system of ruminants-a review. Animal Health Research Reviews, 21(1): 3–14.

Chong R, Grueber C E, Fox S, et al. 2019. Looking like the locals-gut microbiome changes post-release in an endangered species. Animal Microbiome, 1(1): 8.

Dai Q, Ma J, Cao G, et al. 2021. Comparative study of growth performance, nutrient digestibility, and ruminal and fecal bacterial community between yaks and cattle-yaks raised by stall-feeding. AMB Express, 11(1): 98.

Deng L, Chen S, Meng W, et al. 2022. Changes in gut microbiota composition associated with the presence of enteric protist *Blastocystis* in captive forest musk Deer (*Moschus berezovskii*). Microbiology Spectrum, 10(4): e0226921.

Fu Y, Lyu J, Wang S. 2023. The role of intestinal microbes on intestinal barrier function and host immunity from a metabolite

perspective. Frontiers in Immunology, 14: 1277102.

Gao Y, Duszynski D W, Yuan F, et al. 2021. Coccidian parasites in the endangered Forest Musk Deer (*Moschus berezovskii*) in China, with the description of six new species of *Eimeria* (Apicomplexa: Eimeriidae). Parasite, 28: 70.

Gong R, Song S, Ai Y, et al. 2023. Exploring the growing forest musk deer (*Moschus berezovskii*) dietary protein requirement based on gut microbiome. Frontiers in Microbiology, 14: 1124163.

Gu M, Samuelson D R, de la Rua N M, et al. 2022. Host innate and adaptive immunity shapes the gut microbiota biogeography. Microbiology and Immunology, 66(6): 330–341.

Guo P, Zhang K, Ma X, et al. 2020. *Clostridium* species as probiotics: potentials and challenges. Journal of Animal Science and Biotechnology, 11: 24.

Han X, Yang Y, Yan H, et al. 2015. Rumen bacterial diversity of 80 to 110-day-old goats using 16S rRNA sequencing. PLoS One, 10(2): e0117811.

Hu X L, Liu G, Shafer A B A, et al. 2017. Comparative analysis of the gut microbial communities in forest and alpine musk deer using high-throughput sequencing. Frontiers in Microbiology, 8: 572.

Hu X, Liu G, Li Y, et al. 2018. High-throughput analysis reveals seasonal variation of the gut microbiota composition within forest musk Deer (*Moschus berezovskii*). Frontiers in Microbiology, 9: 1674.

Jawhara S. 2022. How gut bacterial dysbiosis can promote *Candida albicans* overgrowth during colonic inflammation. Microorganisms, 10(5): 1014.

Jiang F, Gao H, Qin W, et al. 2021. Marked seasonal variation in structure and function of gut microbiota in forest and alpine musk Deer. Frontiers in Microbiology, 12: 699797.

Jiang F, Song P, Liu D, et al. 2023. Marked variations in gut microbial diversity, functions, and disease risk between wild and captive alpine musk Deer. Applied Microbiology and Biotechnology, 107(17): 5517–5529.

Jiang F, Song P, Wang H, et al. 2022a. Comparative analysis of gut microbial composition and potential functions in captive forest and alpine musk Deer. Applied Microbiology and Biotechnology, 106(3): 1325–1339.

Jiang F, Zhang J, Gao H, et al. 2020. Musk Deer (*Moschus* spp.) face redistribution to higher elevations and latitudes under climate change in China. Science of the Total Environment, 704: 135335.

Jiang Y, Han X, Li M, et al. 2022b. Changes in the gut microbiota of forest musk Deer (*Moschus berezovskii*) during *ex situ* conservation. Frontiers in Microbiology, 13: 969593.

Jie H, Xu Z X, Su Y, et al. 2019. The transcriptome analysis of males musk gland in *Moschus berezovskii* (Artiodactyla: Moschidae). The European Zoological Journal, 86(1): 402–412.

Kapitan M, Niemiec M J, Steimle A, et al. 2019. Fungi as part of the microbiota and interactions with intestinal bacteria. Current Topics in Microbiology and Immunology, 422: 265–301.

Lan W, Yang C. 2019. Ruminal methane production: Associated microorganisms and the potential of applying hydrogen-utilizing bacteria for mitigation. Science of the Total Environment, 654: 1270–1283.

Li J, Luo W, Zhu Y, et al. 2021. Social behavior of musk Deer during the mating season potentially influences the diversity of their gut microbiome. PeerJ, 9: e10860.

Li Y, Hu X, Yang S, et al. 2017. Comparative analysis of the gut microbiota composition between captive and wild forest musk Deer. Frontiers in Microbiology, 8: 1705.

Li Y, Hu X, Yang S, et al. 2018. Comparison between the fecal bacterial microbiota of healthy and diarrheic captive musk Deer. Frontiers in Microbiology, 9: 300.

Li Y, Shi M, Zhang B, et al. 2022. Effects of different weaning times on the stress response and the intestinal microbiota composition of female forest musk Deer (*Moschus berezovskii*) and their fawns. PLoS One, 17(10): e0276542.

Li Y, Shi M, Zhang T, et al. 2020. Dynamic changes in intestinal microbiota in young forest musk Deer during weaning. PeerJ, 8: e8923.

Li Y, Zhang T, Shi M, et al. 2021. Characterization of intestinal microbiota and fecal cortisol, T3, and IgA in forest musk Deer (*Moschus berezovskii*) from birth to weaning. Integrative Zoology, 16(3): 300–312.

Lloyd-Price J, Abu-Ali G, Huttenhower C. 2016. The healthy human microbiome. Genome Medicine, 8(1): 51.

Mitchell A, Jones C K. 2019. PSI-34 the impact of varying protein

sources on feedlot goat fecal microbiome. Journal of Animal Science, 97(Supplement_3): 256.

Nian F, Wu L, Xia Q, et al. 2023. *Akkermansia muciniphila* and *Bifidobacterium bifidum* prevent NAFLD by regulating FXR expression and gut microbiota. Journal of Clinical and Translational Hepatology, 11(4): 763–776.

Parker B J, Wearsch P A, Veloo A C M, et al. 2020. The genus *Alistipes*: gut bacteria with emerging implications to inflammation, cancer, and mental health. Frontiers in Immunology, 11: 906.

Shen Z H, Zhu C X, Quan Y S, et al. 2018. Relationship between intestinal microbiota and ulcerative colitis: mechanisms and clinical application of probiotics and fecal microbiota transplantation. World Journal of Gastroenterology, 24(1): 5–14.

Stojanov S, Berlec A, Štrukelj B. 2020. The influence of probiotics on the Firmicutes/Bacteroidetes ratio in the treatment of obesity and inflammatory bowel disease. Microorganisms, 8(11): 1715.

Su R, Erdenedalai M, Dalai M, et al. 2020. Seasonal variation in gut microbiota composition: comparative analysis of Siberian musk Deer (*Moschus moschiferus*) and forest musk deer (*Moschus berezovskii*). Research Square. 8: 1–24.

Sun Y, Sun Y, Shi Z, et al. 2020. Gut microbiota of wild and captive alpine musk deer (*Moschus chrysogaster*). Frontiers in Microbiology, 10: 3156.

Tan Z, Dong W, Ding Y, et al. 2019. Changes in cecal microbiota community of suckling piglets infected with porcine epidemic diarrhea virus. PLoS One, 14(7): e0219868.

Tang T T, Li J, Yang Z, et al. 2019. Effect of straw on microbial community composition and degradation efficiency of polycyclic aromatic hydrocarbons in sludge digester. International Journal of Environmental Science and Technology, 16(12): 7973–7986.

Waters J L, Ley R E. 2019. The human gut bacteria *Christensenellaceae* are widespread, heritable, and associated with health. BMC Biology, 17(1): 83.

West A G, Waite D W, Deines P, et al. 2019. The microbiome in threatened species conservation. Biological Conservation, 229: 85–98.

Xu L, Xiang M, Zhu W, et al. 2020. The behavior of amphibians shapes their symbiotic microbiomes. mSystems, 5(4): e00626–20.

Yan M, Yan Q G, Yang G Y. 2016. The mass diseases of captive musk Deer. Journal of Economic Animal, 20(2): 112–117.

Yang C, Huang W, Sun Y, et al. 2021. Effect of probiotics on diversity and function of gut microbiota in *Moschus berezovskii*. Archives of Microbiology, 203(6): 3305–3315.

Yao H, Mo Q, Wu H, et al. 2023. How do living conditions affect the gut microbiota of endangered Père David's Deer (*Elaphurus davidianus*)? Initial findings from the warm temperate zone. PeerJ, 11: e14897.

Yelika S B, Tumati A, Denoya P. 2021. Intestinal aspergillosis: systematic review on patterns of clinical presentation and management. Surgical Infections, 22(3): 326–333.

Yin X, Ji S, Duan C, et al. 2023. The succession of fecal bacterial community and its correlation with the changes of serum immune indicators in lambs from birth to 4 months. Journal of Integrative Agriculture, 22(2): 537–550.

Zhang B, Shi M, Xu S, et al. 2023b. Analysis on changes and influencing factors of the intestinal microbiota of alpine musk Deer between the place of origin and migration. Animals, 13(24): 3791.

Zhang Z, Ding M, Sun Y, et al. 2023a. Different living environments drive deterministic microbial community assemblages in the gut of Alpine musk Deer (*Moschus chrysogaster*). Frontiers in Microbiology, 13: 1108405.

Zhao G, Ma T, Tang W, et al. 2019b. Gut microbiome of Chinese forest musk Deer examined across gender and age. BioMed Research International, 2019: 9291216.

Zhao J, Zhang X, Liu H, et al. 2019a. Dietary protein and gut microbiota composition and function. Current Protein & Peptide Science, 20(2): 145–154.

Zhao W, Ren Z, Luo Y, et al. 2021. Metagenomics analysis of the gut microbiome in healthy and bacterial pneumonia forest musk Deer. Genes & Genomics, 43(1): 43–53.

丁建红, 熊小倩, 吴家慧, 等. 2022. 林麝应激生理状态与消化道球虫感染程度关系. 安徽农业大学学报, 49(1): 81–86.

李思瑶, 侯斌, 玛丽雅其其格, 等. 2024. 肠道寄生虫与肠道微生物相互作用研究进展. 中国畜牧兽医, 51(1): 330–337.

李依蒙. 2021. 林麝肠道菌群组成及动态影响因子研究. 北京: 北京林业大学博士学位论文.

刘旭. 2020. 林麝复合微生态制剂对育成林麝几种免疫相关因子及肠道菌群的影响. 雅安: 四川农业大学硕士学位论文.

苏日娜. 2022. 原麝全基因组学及肠道菌群多样性和基因功能分析研究. 呼和浩特: 内蒙古农业大学博士学位论文.

苏日娜, Erdenedalai M, 孟根达来, 等. 2022. 原麝和林麝冬夏两季粪便真菌菌群多样性. 菌物学报, 41(1): 17–29.

王应祥. 2003. 中国哺乳动物种和亚种分类名录与分布大全. 北京: 中国林业出版社, 49–50.

徐谊英. 2015. 大熊猫和林麝粪便中细菌和古菌结构组成研究. 雅安: 四川农业大学硕士学位论文.

赵贵军, 竭航, 朱吉彬, 等. 2019. 圈养不同性别林麝粪便菌群多样性研究. 西南农业学报, 32(7): 1652–1658, 1687.

郑程莉, 蔡永华, 王建明, 等. 2020. 四川省林麝养殖现状调查报告. 黑龙江畜牧兽医, (3): 136–139.

周美丽, 王立志, 闫天海, 等. 2016. 林麝粪便细菌多样性研究. 中国农业大学学报, 21(2): 100–106.

附录 1　不同条件下麝类动物肠道细菌中主要菌门

Appendix 1　The main bacterial phyla of *Moschus* spp. under different conditions

物种 Species	生存环境 Survival environment	样本数 Sample number (ind)	时期 Period	性别 Sex	年龄（岁） Age (years)	门水平（相对丰度） Phyla (relative abundance)			厚壁菌门/拟杆菌门 Firmicutes/Bacteroidetes, F/B	参考文献 References
林麝 *M. berezovskii*	圈养 Captive	10	—	—	1.0 - 1.5	厚壁菌门 Firmicutes (73.58%)	拟杆菌门 Bacteroidertes (15.52%)	变形菌门 Proteobacteria (3.66%)	3.65	Hu et al. 2017
		10	—	—	2.5 - 4.0	厚壁菌门 Firmicutes (82.42%)	拟杆菌门 Bacteroidertes (9.01%)	疣微菌门 Verrucomicrobia (2.24%)	9.12	
马麝 *M. chrysogaster*	圈养 Captive	10	—	—	1.0 - 1.5	厚壁菌门 Firmicutes (63.07%)	拟杆菌门 Bacteroidertes (25.60%)	变形菌门 Proteobacteria (3.75%)	2.46	
		10	—	—	2.5 - 4.0	厚壁菌门 Firmicutes (74.72%)	拟杆菌门 Bacteroidertes (20.48%)	变形菌门 Proteobacteria (1.17%)	4.74	
林麝 *M. berezovskii*	圈养 Captive	10	—	—	3.0 - 4.0	厚壁菌门 Firmicutes (64.83%)	拟杆菌门 Bacteroidertes (30.95%)	放线菌门 Actinobacteria (1.35%)	2.09	李依蒙 2021
	野生 Wild	9	—	—	成年 Adult	厚壁菌门 Firmicutes (76.83%)	拟杆菌门 Bacteroidertes (15.96%)	放线菌门 Actinobacteria (4.74%)	4.81	
林麝 *M. berezovskii*	圈养 Captive	8	春季 Spring	—	成年 Adult	厚壁菌门 Firmicutes (77.63%)	拟杆菌门 Bacteroidertes (11.51%)	变形菌门 Proteobacteria (3.50%)	7.74	Hu et al. 2018
		8	夏季 Summer	—	成年 Adult	厚壁菌门 Firmicutes (64.25%)	拟杆菌门 Bacteroidertes (25.99%)	变形菌门 Proteobacteria (3.36%)	2.77	
		8	秋季 Autumn	—	成年 Adult	厚壁菌门 Firmicutes (63.76%)	拟杆菌门 Bacteroidertes (28.04%)	疣微菌门 Verrucomicrobia (3.35%)	2.59	
		8	冬季 Winter	—	成年 Adult	厚壁菌门 Firmicutes (75.41%)	拟杆菌门 Bacteroidertes (14.83%)	变形菌门 Proteobacteria (2.59%)	6.44	
林麝 *M. berezovskii*	圈养 Captive	5	—	雄 Male	1.0 - 2.0	厚壁菌门 Firmicutes (71.15%)	拟杆菌门 Bacteroidertes (17.02%)	变形菌门 Proteobacteria (10.35%)	4.18	Zhao et al. 2019b
		5	—	雌 Female	1.0 - 2.0	厚壁菌门 Firmicutes (55.90%)	变形菌门 Proteobacteria (19.43%)	拟杆菌门 Bacteroidertes (19.17%)	2.92	

续附录 1

物种 Species	生存环境 Survival environment	样本数 Sample number (ind)	时期 Period	性别 Sex	年龄（岁） Age (years)	门水平（相对丰度） Phyla (relative abundance)			厚壁菌门/拟杆菌门 Firmicutes/ Bacteroidetes, F/B	参考文献 References
林麝 *M. berezovskii*	圈养 Captive	5	—	雄 Male	4.0 - 10.0	厚壁菌门 Firmicutes (55.66%)	变形菌门 Proteobacteria (28.67%)	拟杆菌门 Bacteroidertes (12.59%)	4.42	Su et al. 2020
		5	—	雌 Female	4.0 - 10.0	厚壁菌门 Firmicutes (58.66%)	拟杆菌门 Bacteroidertes (20.65%)	变形菌门 Proteobacteria (10.35%)	2.84	
原麝 *M. moschiferus*	野生 Wild	4	夏季 Summer	—	2.0 - 9.0	厚壁菌门 Firmicutes (53.00%)	拟杆菌门 Bacteroidertes (38.06%)	疣微菌门 Verrucomicrobia (3.75%)	1.39	
		4	冬季 Winter	—	2.0 - 9.0	厚壁菌门 Firmicutes (64.95%)	拟杆菌门 Bacteroidertes (29.03%)	螺旋菌门 Spirochaetae (3.41%)	2.24	
林麝 *M. berezovskii*	圈养 Captive	10	夏季 Summer	—	2.5 - 5.0	厚壁菌门 Firmicutes (86.20%)	拟杆菌门 Bacteroidertes (12.75%)	变形菌门 Proteobacteria (0.31%)	6.76	
		10	冬季 Winter	—	2.5 - 5.0	厚壁菌门 Firmicutes (90.21%)	拟杆菌门 Bacteroidertes (8.88%)	变形菌门 Proteobacteria (0.67%)	10.16	
马麝 *M. chrysogaster*	野生 Wild	23	—	—	成年 Adult	厚壁菌门 Firmicutes (85.27%)	拟杆菌门 Bacteroidertes (10.30%)	软壁菌门 Mycoplasmatota (1.26%)	8.28	Sun et al. 2020
	圈养 Captive	14	—	—	成年 Adult	厚壁菌门 Firmicutes (59.80%)	拟杆菌门 Bacteroidertes (29.23%)	变形菌门 Proteobacteria (3.14%)	2.05	
林麝 *M. berezovskii*	圈养 Captive	6	—	雄 Male	2.0 - 3.0	厚壁菌门 Firmicutes (51.50%)	拟杆菌门 Bacteroidertes (35.60%)	变形菌门 Proteobacteria (5.2%)	1.45	周美丽等 2016

“—”代表未知；表中只列出麝肠道细菌中相对丰度位于前三的菌门及其相对丰度；参考文献中给出 F/B 值，则直接引用，未明确给出 F/B，则根据厚壁菌门与拟杆菌门相对丰度的比值计算。

“—” means unknown; only the top three bacterial phyla of *Moschus* spp. and their relative abundance were showed. When F/B values are given in the references, they are quoted directly, and when F/B values are not explicitly given, they are calculated based on the ratio of the relative abundance of Firmicutes to Bacteroidetes.

（上接第 135 页）

对环志到的栗耳凤鹛体征值测定如下（平均值 ± 标准差，$n = 88$）：喙长（13.75 ± 0.75）mm、头喙长（29.42 ± 1.91）mm、翅长（65.19 ± 4.81）mm、尾长（59.00 ± 9.00）mm、体长（130.83 ± 8.17）mm、跗跖长（20.42 ± 0.58）mm、体重（14.54 ± 2.14）g。

杜志勇　朱家贵　溪波　张俊峰　杨熹　刘进法

河南董寨国家级自然保护区管理局　信阳　464236