

赵芮雪, 刘硕, 王声泽, 等. 中国东北地区3种啮齿动物结肠内真菌多样性的比较研究 [J]. 畜牧与兽医, 2025, 57 (9): 29-40.

ZHAO R X, LIU S, WANG S Z, et al. Comparative study on the diversity of fungi in the colons of three rodent species in Northeast China [J]. Animal Husbandry & Veterinary Medicine, 2025, 57 (9): 29-40.

中国东北地区3种啮齿动物结肠内真菌多样性的比较研究

赵芮雪¹, 刘硕¹, 王声泽¹, 乔征磊¹, 原宝东^{2*}

(1. 牡丹江师范学院生命科学与技术学院, 黑龙江 牡丹江 157011;

2. 聊城大学农业与生物学院, 山东 聊城 252000)

摘要: 旨在了解啮齿动物肠道真菌的多样性以及鼠类疫源疫病的监测、诊断、治疗和防控。本试验通过高通量测序技术联合培养组学, 对东北地区6只黑线姬鼠 (*Myodes rufocanus*)、15只大林姬鼠 (*Apodemus peninsulae*) 和18只棕背鼯 (*Myodes rufocanus*) 进行物种相对分布、聚类热图、分类丰度的种间差异、物种分类的Kruskal-Wallis和ANOVA分析。结果: 这3种啮齿动物肠道内真菌在门水平上排在前5的种类均包含担子菌门 (Basidiomycota)、毛霉门 (Mucoromycota)、子囊菌门 (Ascomycota) 以及捕虫菌门 (Zoopagomycota), 在属水平上排在前5的均包含丛枝菌根真菌 (*Rhizophagus*), 在种水平上3种啮齿动物未发现共有的真菌种类; 组间差异分析表明, 3种啮齿动物肠道真菌在种水平 ($R=0.827$, $P=0.001$) 和属水平 ($R=0.777$, $P=0.001$) 上均有显著差异, 与大林姬鼠和棕背鼯相比, 黑线姬鼠肠道内含有多种特有菌种。综上, 本研究初步分离并鉴定了3种啮齿动物的肠道真菌, 为进一步研究东北地区啮齿动物肠道真菌菌群差异的成因提供依据。

关键词: 啮齿动物; 肠道菌群; 真菌多样性; 高通量测序; 宏基因组

中图分类号: S852 文献标志码: A 文章编号: 0529-5130(2025)09-0029-12

Comparative study on the diversity of fungi in the colons of three rodent species in Northeast China

ZHAO Ruixue¹, LIU Shuo¹, WANG Shengze¹, QIAO Zhenglei¹, YUAN Baodong^{2*}

(1. College of Life Science and Technology, Mudanjiang Normal University, Mudanjiang 157011, China;

2. College of Agriculture and Biology, Liaocheng University, Liaocheng 252000, China)

Abstract: Rodents are the primary hosts of zoonotic diseases such as plague and encephalitis, and their intestines harbor numerous unknown microorganisms. Among these, fungi play a crucial role as an important component of the intestinal microbiota, contributing to the maintenance of microbial homeostasis and immune regulation. In this study, we utilized high-throughput sequencing combined with culturomics to analyze 39 samples from three rodent species in Northeast China: *Myodes rufocanus*, *Apodemus peninsulae* and *Myodes rufocanus*. The results showed that the top five fungal phyla identified in the intestines of these rodents all included Basidiomycota, Mucoromycota, Ascomycota, and Zoopagomycota. At the genus level, *Rhizophagus*, a genus of arbuscular mycorrhizal fungi, was among the top five in all species. However, at the species level, significant differences were observed among the three rodents, with no shared fungal species identified. Beta diversity analysis showed that the intestinal fungal communities of the three rodent species differed significantly at both the phylum ($R=0.827$, $P=0.001$) and genus ($R=0.777$, $P=0.001$) levels. Additionally, the black-striped vole harbored several unique fungal species, compared with the large forest mouse and brown-backed vole. This study initially isolated and identified the intestinal fungi of three rodent species, offering a foundation for further investigation into the factors driving the differences in the intestinal fungal communities of rodents in Northeast China.

Keywords: rodents; intestinal flora; fungal diversity; high-throughput sequencing; metagenome

肠道是哺乳动物重要的消化器官, 为微生物的生长和繁殖提供了理想的栖息地^[1-2]。肠道微生物包括

细菌、真菌和古生菌等^[3], 真菌和细菌对免疫系统的作用尤为相似。肠道真菌不仅对肠道功能起到关键作用, 还在肝、肺和脑等器官功能的调节中发挥积极作用。随着宏基因组学和宏转录组学等研究的不断深入, 肠道微生物在基因层面上的特性和功能也得到了更为详细的揭示。已有研究表明, 肠道真菌具有潜在的临床治疗价值, 可用于多种人类疾病的诊疗^[4]。

收稿日期: 2024-11-21; 修回日期: 2025-06-24

基金项目: 山东省自然科学基金面上项目 (ZR2003MC016)

第一作者: 赵芮雪, 女, 硕士研究生

*通信作者: 原宝东, 博士, 副教授, 研究方向: 动物生态学,

湿地生态学, E-mail: yuanbao365@163.com。

因此,深入研究肠道真菌与肠道外疾病之间的潜在联系,对于开发新型治疗方案和诊疗靶标具有重要意义^[5]。肠道真菌在哺乳动物出生后即定殖于肠道,其组成受到母体饮食、出生环境和分娩方式等多种因素的影响^[6]。此外,在乙型脑炎、猴痘、鼠疫和莱姆病等疫病病原感染的宿主中,约有一半物种能够在啮齿动物肠道中鉴定出来,可见啮齿动物在传播人畜共患病中的重要性^[7]。

啮齿动物包括啮齿目和兔形目,据统计,目前全球有2 000余种啮齿动物^[8],主要分布在非洲、亚洲、欧洲、北美洲和南美洲等地。啮齿目隶属于哺乳纲,其形态特征为上下颌均有持续生长的门齿,因此啮齿动物需要通过持续的啃咬或磨牙以避免门齿过长影响进食。多数啮齿动物昼伏夜出,冬季活动较少,呈现明显的季节性变化,常栖息于林间、灌木丛、山地及农田中,并对这些生态系统造成威胁,如偷食种子、树苗、庄稼及粮食等,从而对人类生产、生活造成严重损失^[9]。研究表明,黑龙江粮食减产与啮齿动物数量之间存在正比例线性关系即,啮齿动物数量的增加会导致粮食减产更加严重。大林姬鼠(*Apodemus peninsulae*)以食植物种子为食,棕背䟽(*Myodes rufocanus*)偏好采食植物的幼嫩部位,而黑线姬鼠(*Myodes rufocanus*)则以农作物的种子和幼苗为主要食物。食物组成的变化,会影响动物肠道菌落组成的变化,对这3种啮齿动物肠道真菌的研究,对于减少农作物损失和保护森林生态平衡具有重要意义^[10]。

本研究选取的3种啮齿动物均为中国北方常见的优势物种,大林姬鼠和棕背䟽是北方林区的常见鼠类,而黑线姬鼠则是北方农田的主要鼠类^[11]。关于这3种啮齿动物的多方面研究已取得丰富成果,如在不同地区组成与密度的调查、生物学指标的比较^[12],耐寒机制、内脏器官特性、繁殖特征及胎仔数的研究,以及头骨的比较和其对日本血吸虫的抵抗机制^[13]等,这些研究增加了人们对这3种啮齿动物的生活史特征的认识。本研究旨在对东北地区3种啮齿动物结肠真菌的多样性进行研究,结果可为进一步研究东北地区啮齿动物肠道真菌菌群差异的成因提供依据。

1 材料与方 法

1.1 研究区域

黑龙江牡丹峰自然保护区为国家级自然保护区,位于牡丹江市东南部,地理坐标为东经129°40'30"至129°53'50",北纬44°20'00"至44°30'30",距离市区15 km,在行政区域划分上,牡丹峰自然保护区归属

于牡丹江市东安区兴隆镇^[14]。保护区总面积约为20 000 km²,属于北温带大陆性季风气候,夏天气温适宜,冬季气温较低且持续时间较长^[15]。黑龙江省三道关国家森林公园地处黑龙江省东南部、牡丹江市西北部,位置坐标为东经129°41',北纬44°20',总面积约为200 km²^[16],资源十分丰富^[17]。

1.2 试剂与仪器

捕鼠笼、哺乳动物解剖器购自湖南三民教育装备有限公司,E. Z. N. A. Soil DNA 试剂盒购自美国Omega Bio-tek公司。

1.3 试验设计

捕鼠笼内提前放入诱饵(块状胡萝卜和面包),按照以下方式布置:部分捕鼠笼放置于三道关国家森林公园外边缘,每隔15 m布置一个;其余捕鼠笼放置于牡丹峰自然保护区边缘的缓坡上,按照坡下至坡上再至坡下的顺序,每隔15 m布置。经过24 h的等待后收回捕获物。本试验共捕获成体大林姬鼠15只、棕背䟽18只及黑线姬鼠6只,无雌雄限制,且均未发现怀孕个体。试验开始时,将待解剖个体从捕鼠笼中取出,置于无菌实验室,利用乙醚进行安乐处死。随后,使用解剖器械对其进行解剖,取出结肠内容物,迅速置于液氮中冷冻,并在-80℃冰箱内保存。

1.4 DNA 提取

结肠内容物中DNA提取严格按照E. Z. N. A. Soil DNA 试剂盒的操作说明进行。使用1%琼脂糖凝胶电泳分析提取DNA的完整性和含量,并使用Qubit检测DNA的含量,将提取合格的DNA储存于-20℃冰箱,以备后续使用。

1.5 建库测序

利用Covaris超声波破碎仪对提取的DNA样品进行随机打断,对随机打断形成的约300 bp小片段进行末端修复、加A尾、连接测序接头并纯化,随后通过PCR扩增完成文库制备。首先使用Qubit 2.0对构建完成后的文库进行初步定量,并将文库稀释至2 ng/μL,然后使用Agilent 2100生物分析仪检测文库插入片段。插入片段符合预期后,通过Q-PCR法准确测定文库有效浓度(有效浓度>3 nmol/L)。对文库进行质检以确保文库质量,将通过质检的文库送北京奥维森基因科技有限公司进行Illumina NovaSeq PE150测序。

1.6 数据质控、宏基因组组装与预测

使用fastp v0.20.0对数据进行质控处理,包括去除含有接头的reads和低质量的reads(去除N比例大于10%的reads以及质量值Q≤10的碱基占比超过50%的reads)。将质控后的高质量clean reads用于后续的分析。

使用 MEGAHIT v1.1.2, 基于简洁的 de Bruijn 图原理对优化后的序列进行拼接组装, 从拼接结果中筛选出长度 ≥ 800 bp 的 contigs, 作为最终的组装结果。使用 Prodigal 对拼接得到的 contigs 进行 ORF 预测, 并将预测结果中长度超过 100 bp 的基因翻译为氨基酸序列。

1.7 非冗余基因集构建与基因丰度计算

使用 CD-HIT 对所有样品预测得到的基因序列进行聚类 (参数为: 90% identity、90% coverage), 并选取每一类中最长的基因作为代表序列, 构建非冗余基因集。使用 bowtie2 对每个样品的 clean reads 与非冗余基因集进行比对 (95% identity), 并计算每个样本中基因的丰度信息。计算所有样品时, 基于比对上的 reads 数目和基因长度, 推算各基因的丰度信息。

1.8 物种与功能注释

真菌作为真核生物, 相对细菌和病毒来说, 同一门类下不同纲的分化程度更大更复杂, 为探究不同宿主之间的具体差异, 因此真菌选取纲、属、种之间的物种丰度丰富进行分析。

使用 Diamond 将非冗余基因的氨基酸序列与 NR 数据库进行比对, 并通过 NR 库对应的分类学信息获得物种注释, 基于物种对应的基因丰度总和计算该物种的丰度。

使用 Diamond 将非冗余基因集的氨基酸序列与 eggNOG (v 4.5.1) 和京都基因与基因组百科全书 (KEGG) 数据库进行比对, 获得基因对应的功能注释, 并基于功能对应的基因丰度总和计算该功能的丰度。

碳水化合物活性酶的注释使用: hmmscan (<http://hmmer.janelia.org/search/hmmscan>) 工具, 将非冗余基因集的氨基酸序列与 CAZy 数据库进行比对, 获得碳水化合物活性酶的注释信息, 并基于其特异性基因丰度总和计算该酶的丰度^[18]。

2 结果与分析

2.1 物种相对分布

在大林姬鼠样本中, 真菌相对丰度排名前 5 的菌门为: 壶菌门相对丰度为 45.00%, 子囊菌门相对丰度为 24.43%, 毛霉门相对丰度为 16.03%, 担子菌门相对丰度为 10.03%, 微孢子门相对丰度为 2.40%。在棕背䟽样本中, 真菌相对丰度排名前 5 为: 子囊菌门相对丰度为 49.05%, 毛霉门相对丰度为 20.87%, 担子菌门相对丰度为 13.87%, 壶菌门相对丰度为 7.56%, 捕虫菌门相对丰度为 5.19%。在黑线姬鼠样本中, 真菌相对丰度排名前 5 为: 担子菌门相对丰度为 57.76%, 毛霉门相对丰度为

40.68%, 子囊菌门相对丰度为 1.20%, 壶菌门相对丰度为 0.21%, 捕虫菌门相对丰度为 0.09% (图 1)。

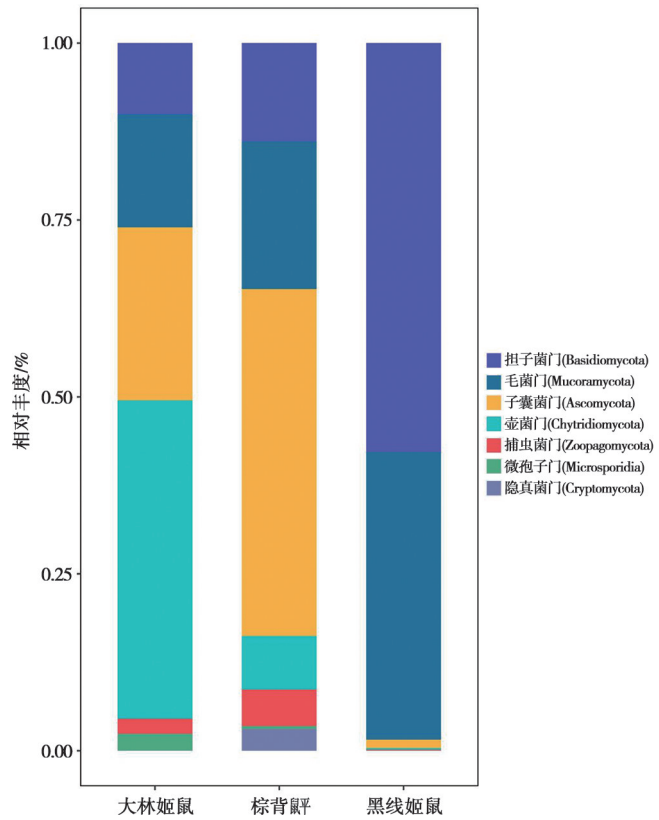


图 1 3 种啮齿动物结肠内真菌在门水平上的结构组成

在大林姬鼠样本中, 真菌相对丰度排名前 5 的菌属为: 美洲马鞭菌属相对丰度为 13.14%, 刺囊侧孔壶菌属相对丰度为 12.86%, 瘤胃壶菌属相对丰度为 11.91%, 厌氧鞭菌属相对丰度为 7.58%, 丛枝菌根真菌属相对丰度为 7.34%。在棕背䟽样本中, 真菌相对丰度排名前 4 为: 毛壳菌属相对丰度为 16.48%, 青冈菌属相对丰度为 10.63%, 丛枝菌根真菌属相对丰度为 6.09%, 青霉菌属相对丰度为 4.65%。在黑线姬鼠样本中, 真菌相对丰度排名前 5 为: 根须腹菌属相对丰度为 37.16%, 丛枝菌根菌属相对丰度为 34.88%, 丛枝菌根真菌属相对丰度为 6.20%, 乳牛肝菌属相对丰度为 5.53%, 干朽菌属相对丰度为 3.63% (图 2)。

在大林姬鼠样本中, 真菌相对丰度排名前 5 的菌种为: 新美鞭菌相对丰度为 13.57%, 刺囊侧孔壶菌相对丰度为 13.27%, 规噬根菌相对丰度为 6.64%, 球毛壳相对丰度为 3.42%, 赤冠内囊霉相对丰度为 2.26%。在棕背䟽样本中, 真菌相对丰度排名前 5 为: 球毛壳相对丰度为 18.22%, 赤冠内囊霉相对丰度为 11.75%, 明根孢囊酶相对丰度为 6.65%, 黄硬皮马勃相对丰度为 2.34%, 北欧青霉菌相对丰度为

2.18%。在黑线姬鼠样本中，真菌相对丰度排名前5为：地表多样孢囊酶相对丰度为38.52%，须腹菌相对丰度为16.16%，红须腹菌相对丰度为15.68%，

褐环乳牛肝菌相对丰度为6.04%，规噬根菌相对丰度为4.30%（图3）。

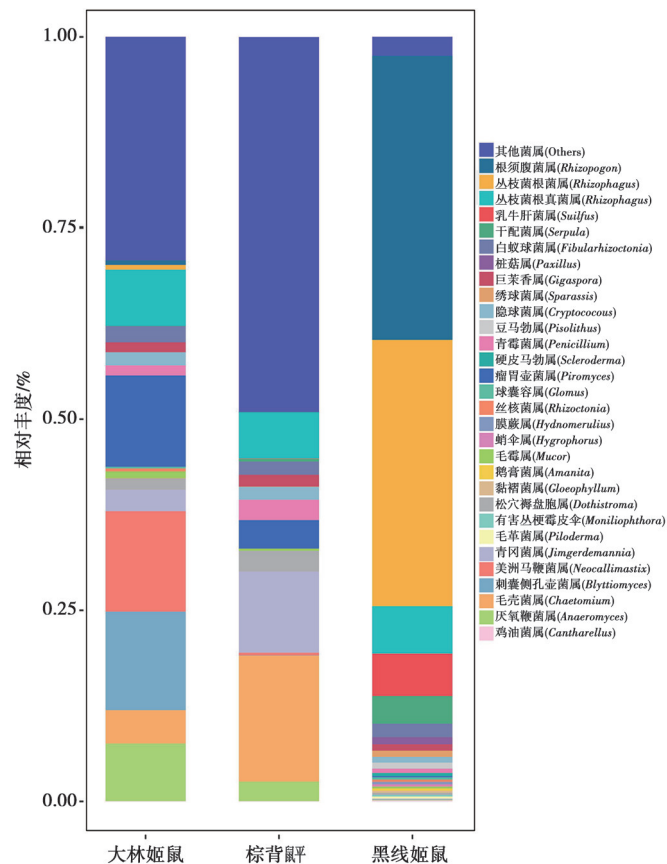


图2 3种啮齿动物结肠内真菌在属水平上的组成

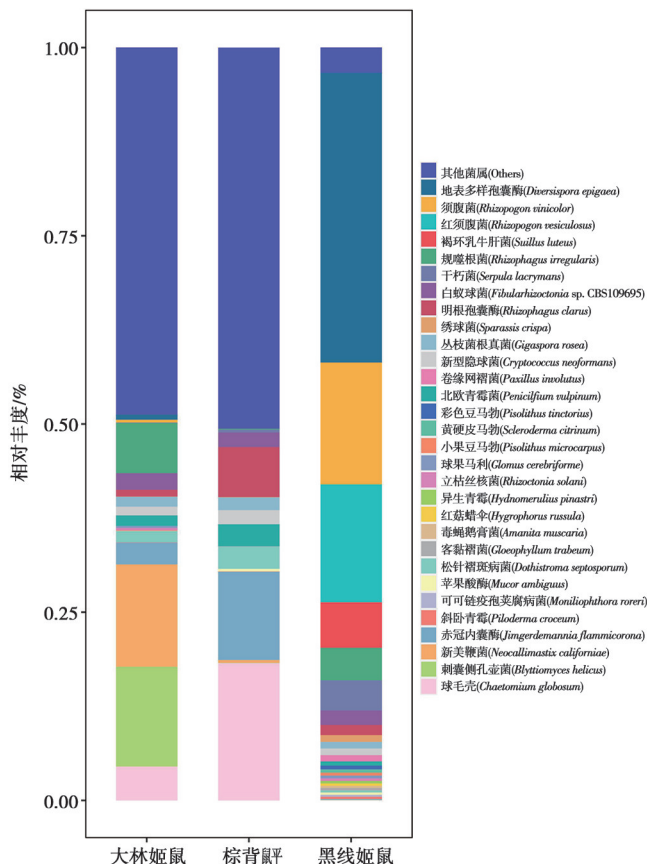


图3 3种啮齿动物结肠内真菌在种水平上的组成

2.2 聚类热图

如图4所示，热图展示了不同物种中真菌的相对丰度，其中颜色从红色、白色到蓝色，依次表示丰度的递减；隐真菌门的丰度从高到低依次为棕背鼯、大林姬鼠和黑线姬鼠；壶菌门的丰度依次为大林姬鼠、黑线姬鼠和棕背鼯；微孢子门和子囊菌门的丰度从高到低均为黑线姬鼠、大林姬鼠和棕背鼯；捕虫菌门、担子菌门以及毛霉门的丰度均表现为黑线姬鼠最高，其次是大林姬鼠，最后为棕背鼯，而大林姬鼠与棕背鼯的丰度近似相同（图4）。

真菌在属分类水平的聚类热图可知毛壳菌属丰度由高到低依次为棕背鼯>大林姬鼠>黑线姬鼠。棒孢酵母属、乳酸链球菌、节担菌属和性菌根草菌的丰度由高到低依次为黑线姬鼠>大林姬鼠>棕背鼯。青冈菌属和微球黑粉菌属的丰度由高到低依次为黑线姬鼠>棕背鼯>大林姬鼠。瘤胃壶菌属和厌氧菌属的丰度由高到低依次为棕背鼯>大林姬鼠>黑线姬鼠。新的美洲马鞭菌属、刺囊侧孔壶菌和镰刀菌属的丰度中大林姬鼠丰度最高，黑线姬鼠、棕背鼯丰度近似相同。

其余所测真菌丰度中黑线姬鼠丰度最高，大林姬鼠、棕背鼯丰度近似相同（图5）。

葡萄牙棒孢酵母、栖瘤胃真菌、毛茛斯密的丰度由高到低依次为黑线姬鼠>大林姬鼠>棕背鼯；赤冠内囊酶的丰度由高到低依次为黑线姬鼠>棕背鼯>大林姬鼠；球毛壳的丰度由高到低依次为棕背鼯>大林姬鼠>黑线姬鼠；芬尼梨囊鞭菌、厌氧真菌、栖瘤胃真菌的丰度由高到低依次为棕背鼯>黑线姬鼠>棕背鼯；新美的鞭菌、刺囊壶菌的丰度中大林姬鼠丰度最高，黑线姬鼠、棕背鼯丰度近似相同。其余所测真菌丰度中黑线姬鼠丰度最高，大林姬鼠、棕背鼯丰度近似相同（图6）。

2.3 基于分类丰度的组间差异分析

在纲水平上3个物种组间差异大于组内差异 ($R=0.779, P=0.001$)，说明3个物种的纲分类差异极显著（图7A）；在属水平上3个物种组间差异大于组内差异 ($R=0.777, P=0.001$)，说明3个物种的属分类差异极显著（图7B）；在种水平上3个物种组间差异大于组内差异 ($R=0.827, P=0.001$)，说明

3个物种的种分类差异极显著(图7C)。

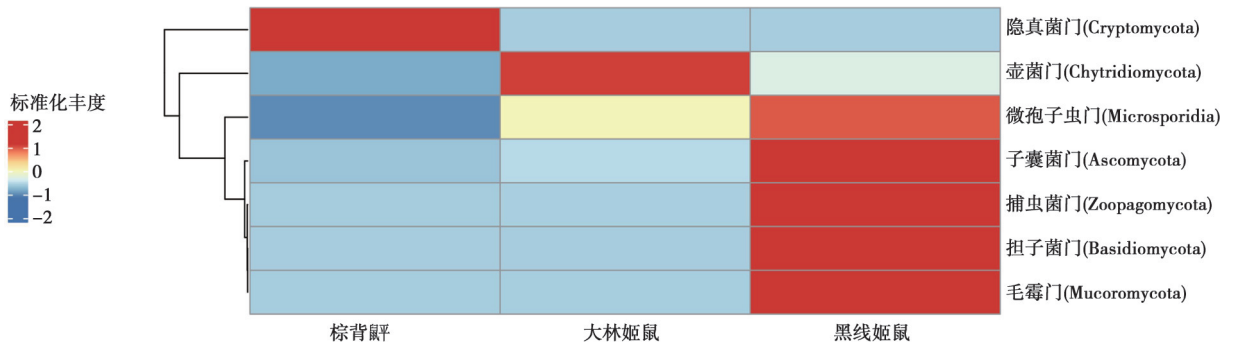


图4 真菌在门水平的聚类

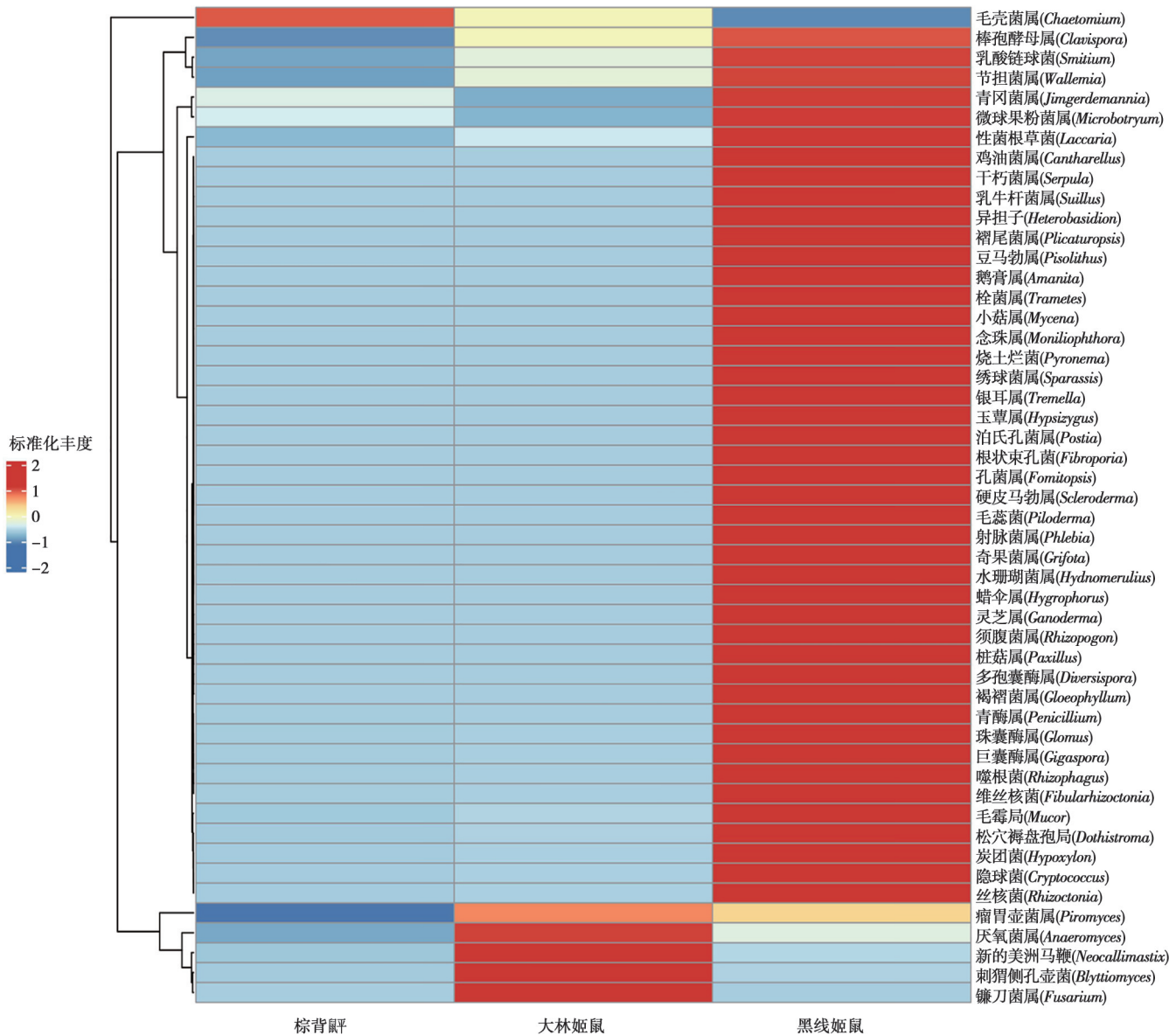


图5 真菌在属水平的聚类

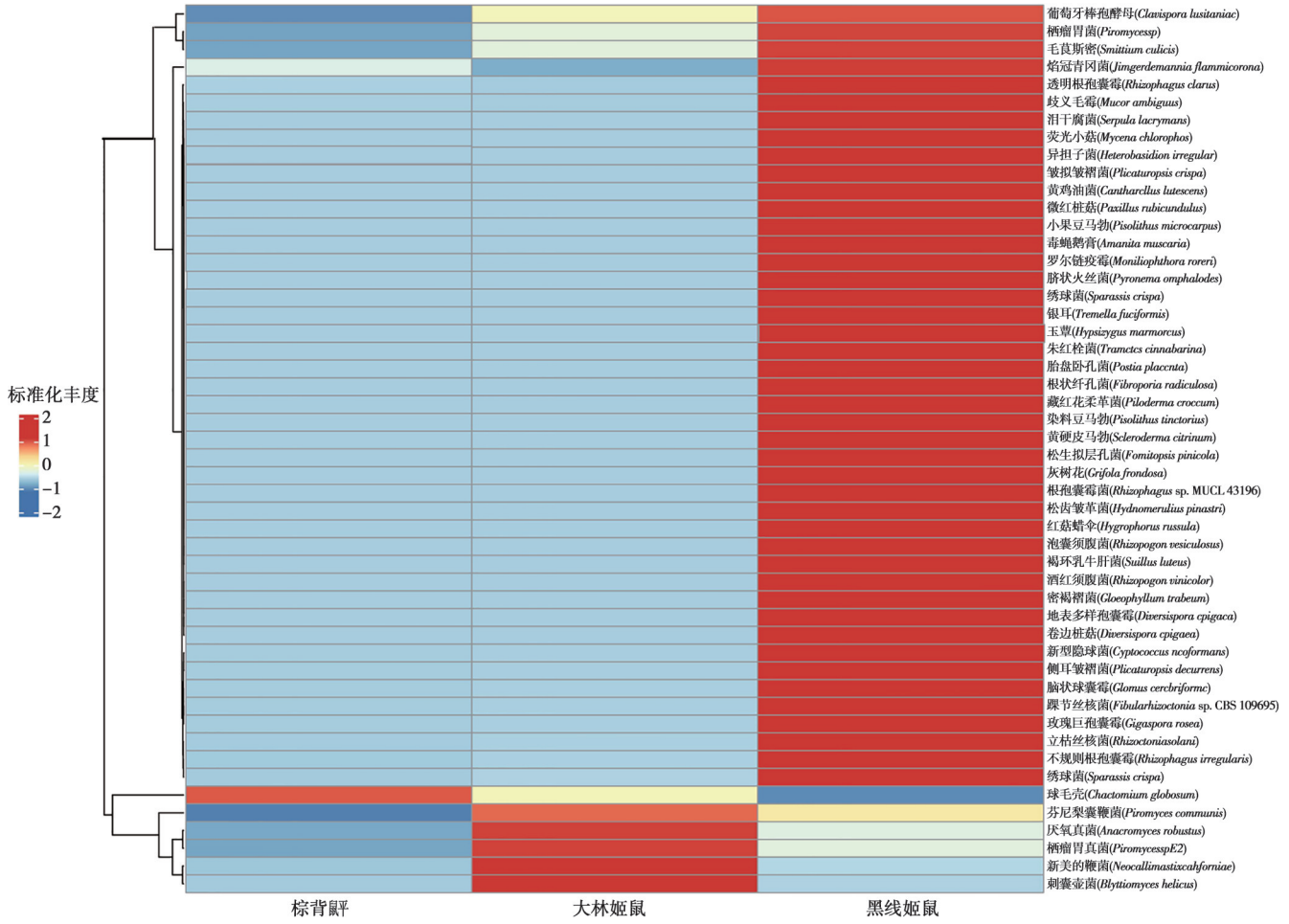
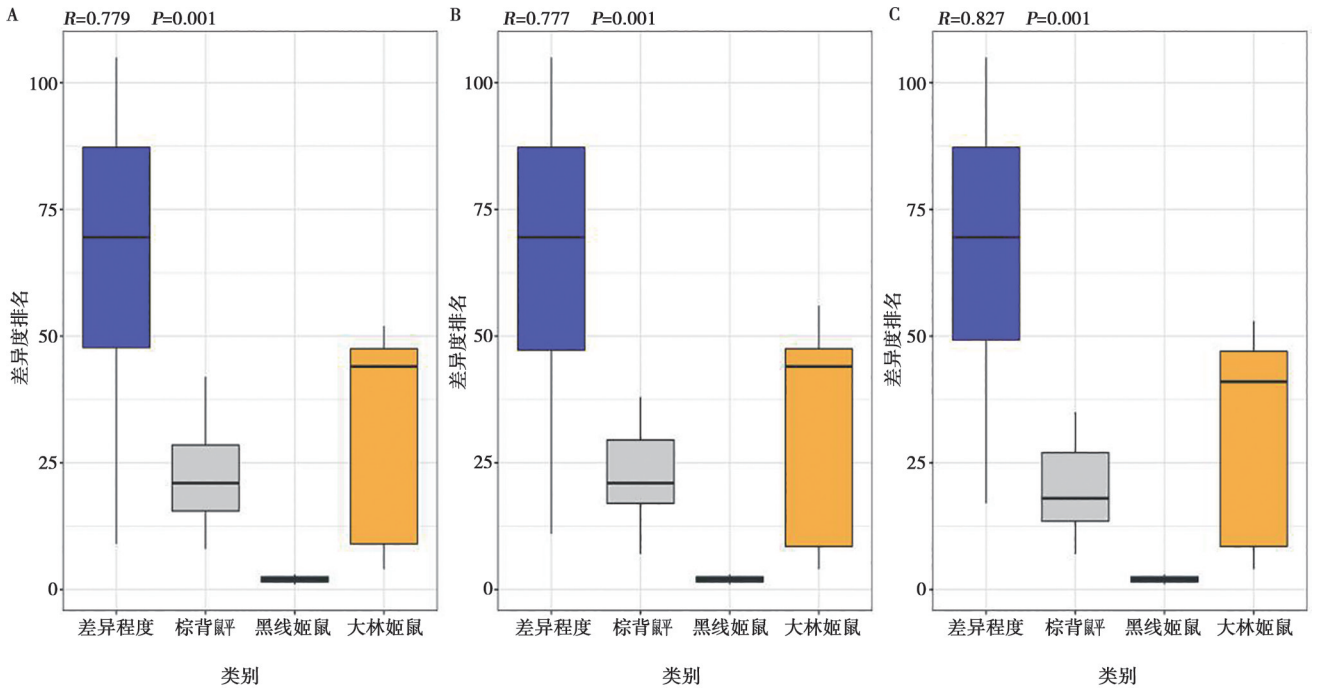


图 6 真菌在种水平的聚类



A. 纲水平; B. 属水平; C. 种水平。

图 7 不同分类丰度的 Anosim 分析

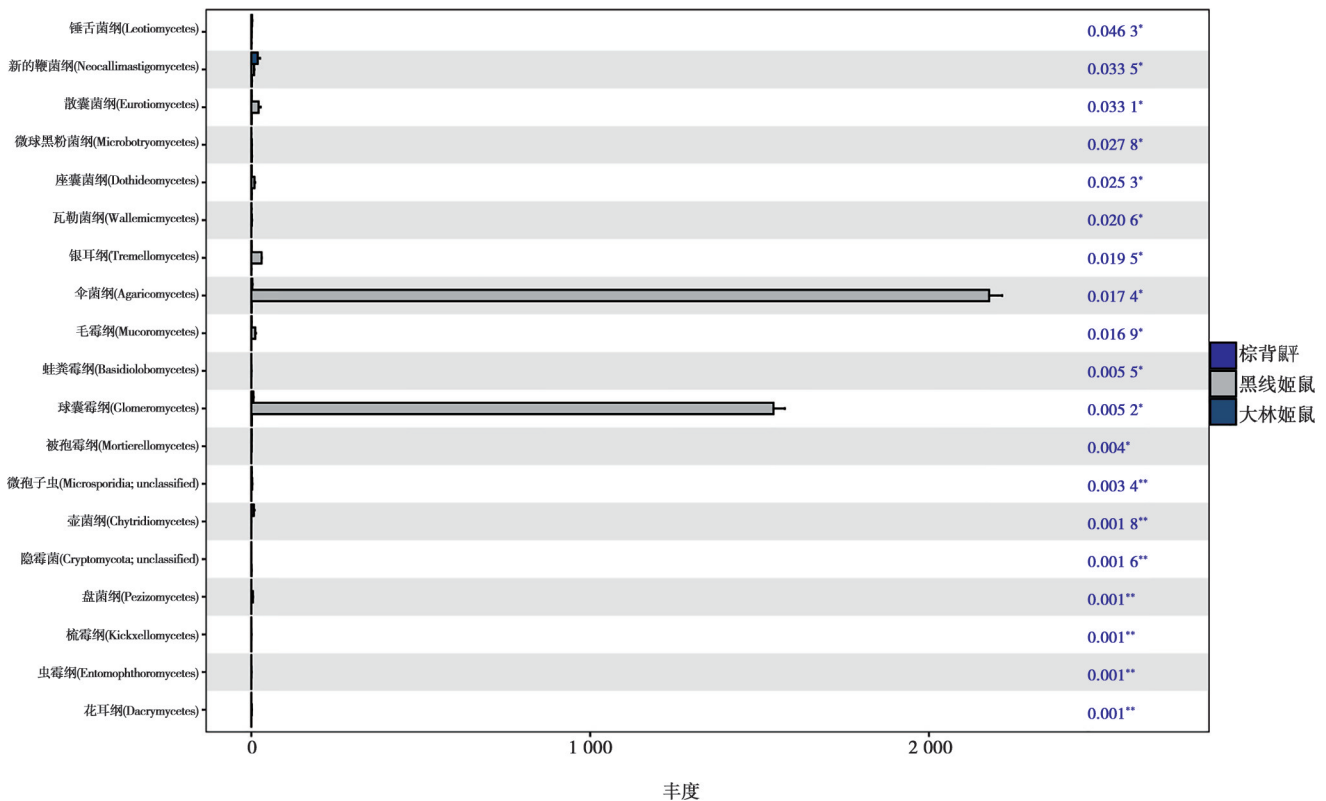
2.4 物种分类的 Kruskal-Wallis 分析

大林姬鼠特有极少量的锤舌菌纲和壶菌纲，新的鞭菌纲在大林姬鼠中有明显存在，黑线姬鼠中少量存在，棕背鼯基本不体现。黑线姬鼠特有的物种为：散囊菌纲、座囊菌纲、银耳纲、毛霉纲、盘菌纲。微球黑粉菌纲、瓦勒菌纲、蛙粪霉纲、被孢霉纲、微孢子虫（未分类）、隐霉菌（未分类）、梳霉纲、虫霉纲、花耳纲在3种啮齿动物中基本不体现。黑线姬鼠中伞菌纲和球囊霉纲含量极高，大林姬鼠中少量存在，棕背鼯含量较低（图8）。

黑线姬鼠特有的物种为：青霉菌属、座囊孢属、微孢子虫、巨孢囊霉属、隐球菌属、纤维丝核菌属、毛霉属、球囊霉属、乳牛肝菌属、丝核菌属、曲霉属、蜡蘑属、毛癣菌属、干腐菌属、桩菇属、褐褶菌属、鸡油菌属、绣球菌属、蚁巢伞属、栓菌属、银耳

属、硬皮马勃属、火丝菌属、卧孔菌属、拟皱褶菌属、盘霜霉菌属、豆马勃属、小菇属、念珠属、水珊瑚菌属、蜡伞属、树花属和鹅膏菌属。大林姬鼠特有物种为新的美洲马鞭菌属。黑线姬鼠和大林姬鼠中均检测到少量单囊毛菌属（图9）。

黑线姬鼠特有的物种为：诺迪青霉菌、针孢座线菌、新型隐球菌、纤维丝核菌、玫瑰红巨孢囊霉、透明根孢囊酶、立枯丝核菌、黄褐环乳牛肝菌、脑状球囊霉、红须腹菌、褐网须腹菌、泪干腐菌、歧义毛霉、卷边桩菇、密褐褶菌、绣球菌、不规则根孢囊菌、黄硬皮马勃、小果豆马勃、微红桩菇、罗尔链疫霉、荧光小菇、松齿皱革菌、红菇蜡伞、灰树花、伞形毒菌。大林姬鼠特有物种为新的美鞭菌和刺囊侧孔壶菌（图10）。



* 表示 $P < 0.05$ ，** 表示 $P < 0.01$ 。下同。

图8 基于纲分类丰度的 Kruskal-Wallis 分析

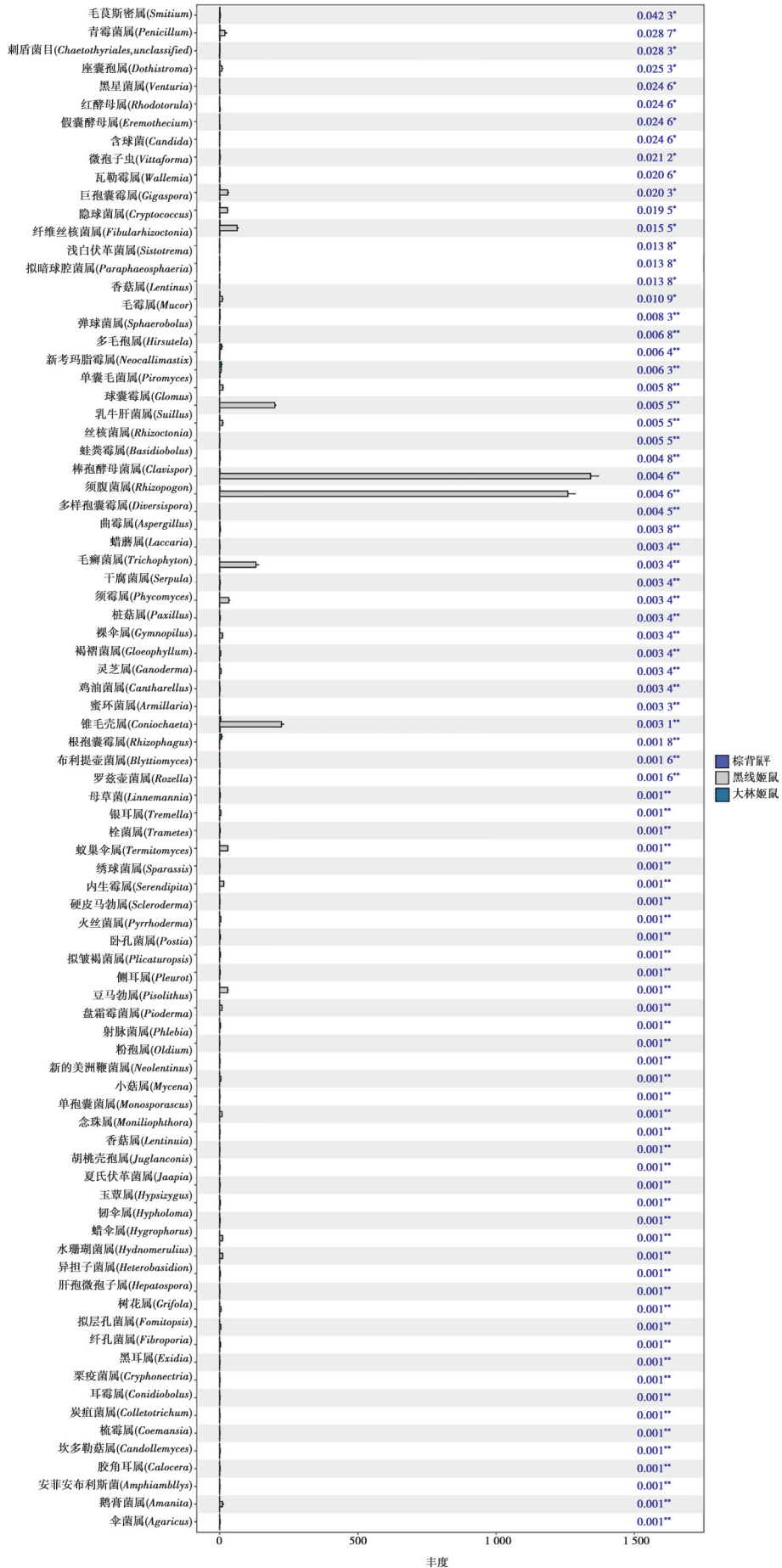


图 9 基于属分类丰度的 Kruskal-Wallis 分析

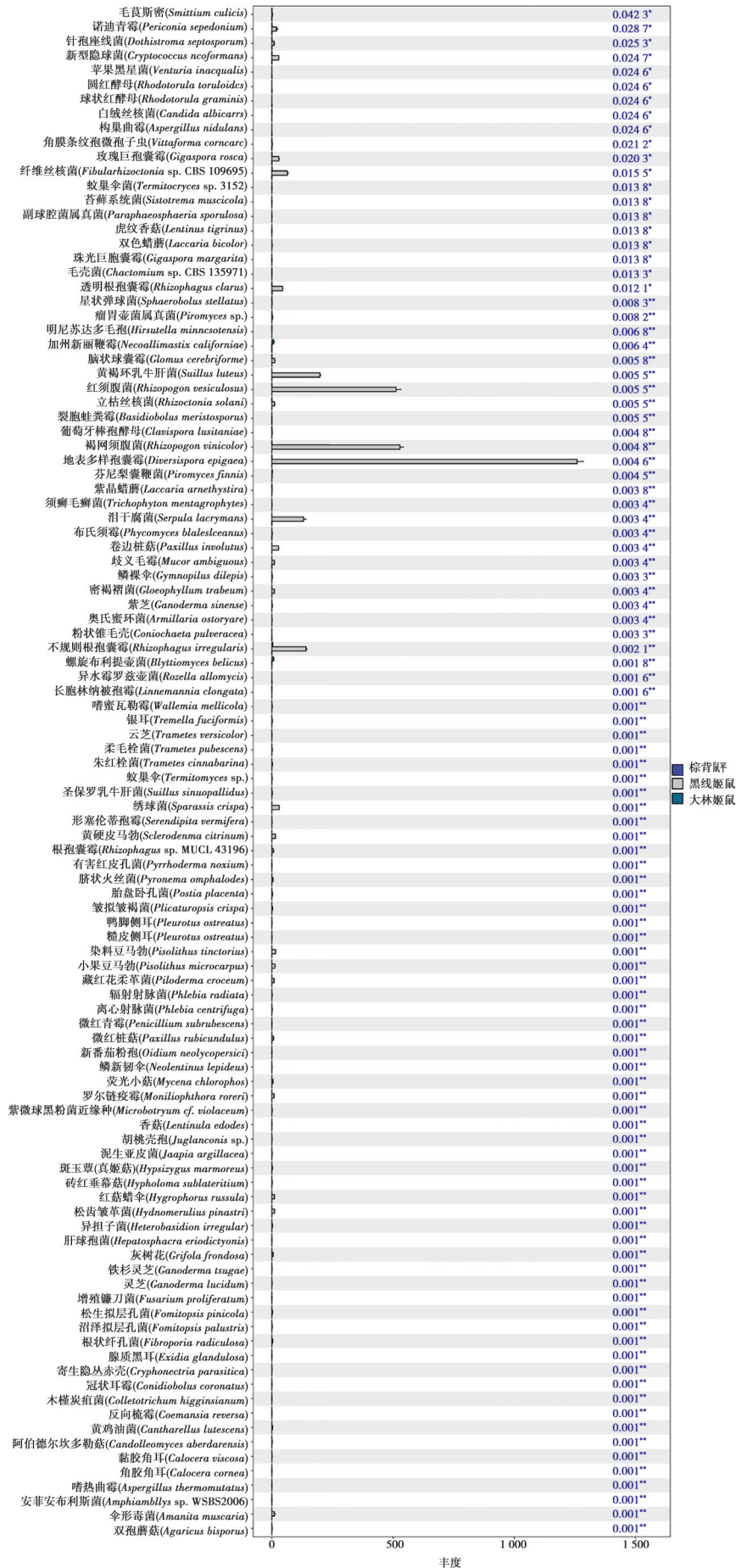


图 10 基于种分类丰度的 Kruskal-Wallis 分析

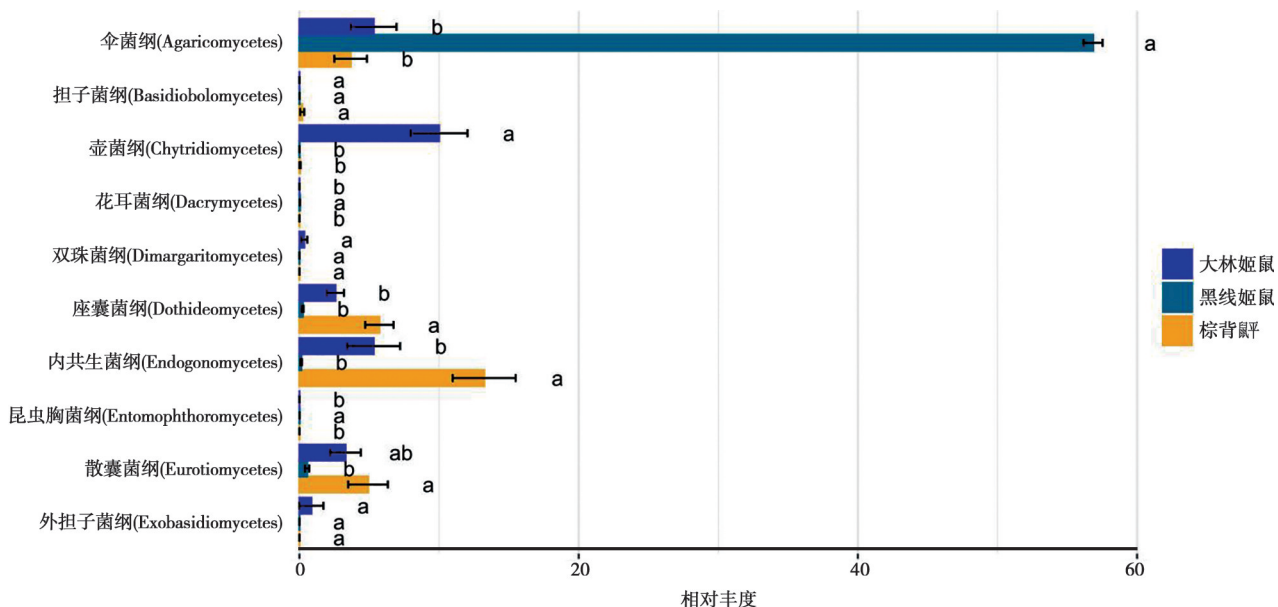
2.5 ANOVA 分析

伞菌纲、花耳菌纲和昆虫胸菌纲中，大林姬鼠与黑线姬鼠之间的差异显著，但大林姬鼠与棕背髭之间差异不显著，黑线姬鼠与棕背髭之间亦无显著差异。担子菌纲、双珠菌纲、外担子菌纲中，3种啮齿动物之间差异均不显著。壶菌纲中，大林姬鼠与黑线姬鼠及棕背髭之间差异显著，而黑线姬鼠与棕背髭之间无显著差异。散囊菌纲中，3种啮齿动物之间的差异均不显著。座囊菌纲和内共生菌纲中，大林姬鼠与棕背髭之间差异显著，但与黑线姬鼠之间无显著差异，而棕背髭与黑线姬鼠之间差异显著（图 11）。

丝囊霉菌属、犁头霉属、暗色环纹炭团菌属、微孢子虫菌属和壳二孢菌属中，3种啮齿动物之间的差

异均不显著。伞菌属、双钝菌属、鹅膏菌属和蜜环菌属中大林姬鼠与黑线姬鼠之间差异显著，大林姬鼠与棕背髭之间差异不显著，而黑线姬鼠与棕背髭之间亦显著差异。厌氧菌属中大林姬鼠与黑线姬鼠、大林姬鼠与棕背髭差以及黑线姬鼠与棕背髭之间的差异均显著（图 12）。

隐球菌、黑曲霉、环状缺氧菌、阿尔及利亚安卡莱菌和拉比亚丝囊菌中，3种啮齿动物之间差异均不显著。双孢菇菌、伞形毒菌、双钝菌和奥氏蜜环菌中大林姬鼠与黑线姬鼠之间差异显著，大林姬鼠与棕背髭之间差异不显著，但黑线姬鼠与棕背髭之间差异显著。厌氧鞭菌中，3种啮齿动物之间差异均显著（图 13）。



相同分类下不同动物比较，相同字母表示差异不显著，不同字母表示差异显著 ($P < 0.05$)。下同。

图 11 基于纲分类丰度的 ANOVA 分析

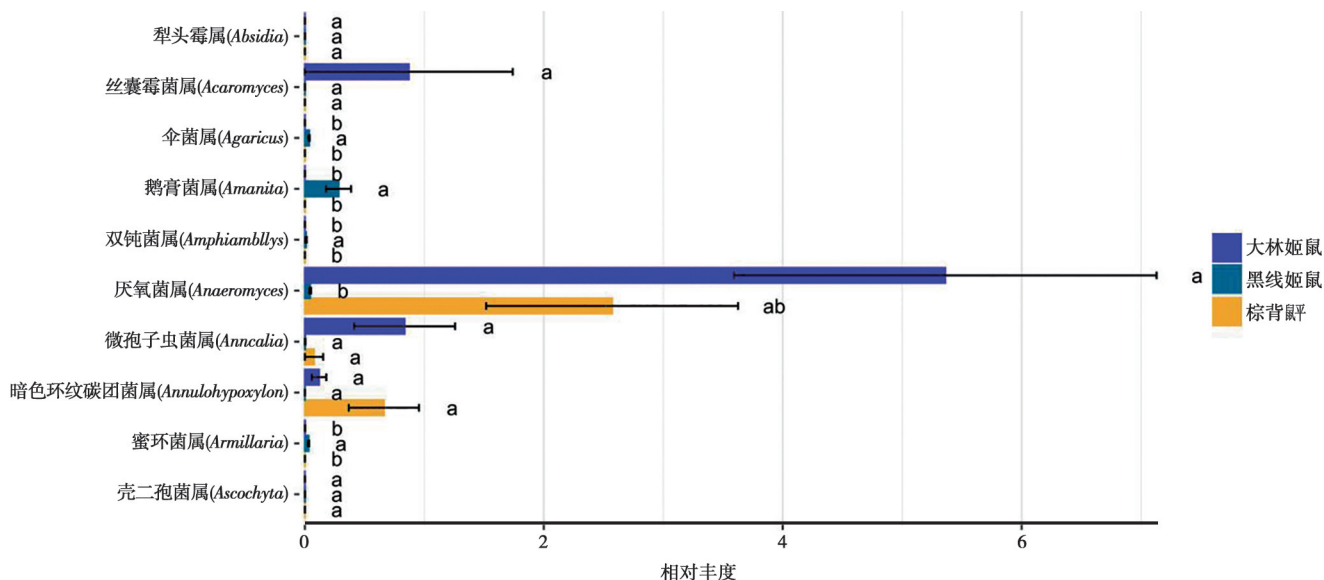


图 12 基于属分类丰度的 ANOVA 分析

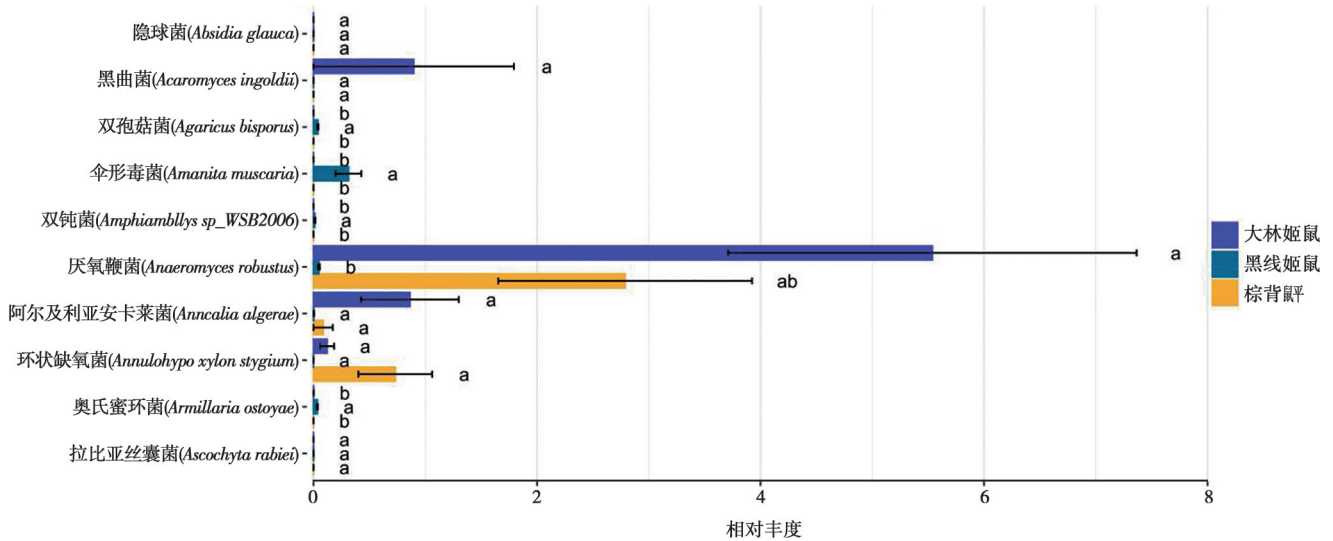


图 13 基于种分类丰度的 ANOVA 分析

3 讨论

本文发现 3 种啮齿动物肠道内排名前五的真菌门类中，担子菌门、毛霉门和子囊菌门均为共有类群，捕虫霉门的丰度也较高；但在属和种分类水平上，3 种啮齿动物的真菌组成差异较大。聚类热图显示，不同分类水平上真菌的相对丰度排序为黑线姬鼠最多，大林姬鼠次之，棕背鼯最少。其他研究结论同本文所得结论相近^[19]，因此本试验具有一定参考价值。

通过高通量 PCR 测序技术，检测出大林姬鼠、黑线姬鼠和棕背鼯的肠道内含有多种真菌。3 种啮齿动物肠道中以担子菌门、毛霉门和子囊菌门为主要共有优势菌门，这与杨项等^[20]研究中发现的高原动物马、牦牛、绵羊和山羊肠道真菌结果相似，但其未检测出毛霉门；对牛^[21]、绵羊^[22]、藏仔猪^[23]、成年滩羊^[24]等食草性哺乳动物肠道真菌研究发现，子囊菌门、担子菌门为主要优势菌门，与本研究结果相似；对黑颈鹤^[25]、华北豹^[26]等野生动物研究中也发现相似结果；但苏日娜等^[27]对原麝和林麝进行肠道真菌研究发现，仅有子囊菌门为优势菌门，担子菌门不是麝科动物肠道内的优势菌门。真菌虽在肠道菌群中所占比例较少，却是肠道菌群中重要的组成部分，其分布直接影响肠道微生态平衡^[28]。

研究结果发现，分类水平越低、分类越细致时，不同物种之间的真菌组成差异可能越显著，且特有类群越多。基于纲、属、种分类丰度的 Anosim 分析显示，在纲分类水平上，3 种物种之间的组间差异极显著；在属和种分类水平上，差异同样极显著。Kruskal-Wallis 分析表明，在纲分类水平上，大林姬鼠中特有的纲在黑线姬鼠中仅少量存在，而两者共有

的纲在棕背鼯中基本不体现。黑线姬鼠中特有的散囊菌纲、座囊菌纲、银耳纲等在其余 2 种动物中未见；而大林姬鼠中特有的刺囊侧孔壶菌属和黑线姬鼠中特有的属也未见于其他样本。分类水平越低，3 种动物之间的差异越显著，特有类群越多。进一步研究发现，肠道真菌具有高度多效性，可以通过调节宿主的各种生理功能^[29]，与细菌微生物组和宿主免疫系统相互作用。肠道内真菌菌群一旦失衡，就会致使细菌菌群陷入紊乱状态，进而让肠道疾病进一步恶化^[30]。因此，未来的研究可进一步探索真菌群落的作用机制，尤其是其对宿主健康的影响。

4 结论

研究啮齿动物肠道菌群结构，有助于深入了解啮齿动物肠道微生物的组成以及在动物生长发育过程中所发挥的功能。本研究表明，3 种啮齿动物在纲、属、种分类水平上存在显著差异，且随着分类级别的降低，分类越细致，3 者之间的差异越明显，特有的菌种也越多。这表明，肠道真菌资源在不同啮齿动物中的分布具有高度特异性和复杂性。

啮齿动物肠道中蕴含丰富的真菌资源，具有较高的科学研究价值。本研究为深入认识东北地区啮齿动物肠道真菌群落提供了重要依据，同时也为我国鼠类疫源疫病的监测、诊断、治疗和防控工作提供了数据支持和材料储备。

参考文献：

[1] 陈婷婷, 姚英, 董艳鹏, 等. 大熊猫肠道菌群的影响因素研究进展 [J]. 微生物学报, 2024, 64 (11): 4069-4085.

- [2] WANG H, WU H, LI K D, et al. Intestinal fungi and systemic autoimmune diseases [J]. *Autoimmun Rev*, 2023, 22 (2): 103234.
- [3] 刘佳, 陈月, 肖惠文, 等. 肠道真菌研究进展 [J]. *菌物学报*, 2023, 42 (1): 26-37.
- [4] 吴燕燕, 耿敬可, 徐思, 等. 重庆地区草地贪夜蛾幼虫肠道真菌的分离鉴定 [J]. *西南大学学报 (自然科学版)*, 2019, 41 (9): 1-8.
- [5] VAN TILBURG BERNARDES E, PETERSEN V K, GUTIERREZ M W, et al. Intestinal fungi are causally implicated in microbiome assembly and immune development in mice [J]. *Nat Commun*, 2020, 11 (1): 2577.
- [6] CHIARO T, ROUND J L. Fungi prevent intestinal healing [J]. *Science*, 2021, 371 (6534): 1102-1103.
- [7] 蔡美艳. 温岭市农田黑线姬鼠繁殖特征变化规律 [J]. *浙江农业科学*, 2021, 62 (3): 572-574.
- [8] 甘伟冬, 吴涌珍, 俞皓淳, 等. 东北农牧交错带啮齿动物群落结构组成及影响因素初探 [J]. *野生动物学报*, 2023, 44 (1): 22-30.
- [9] 龙贵兴, 游雪, 彭忠勇. 大方县黑线姬鼠种群繁殖参数的年龄和季节变化 [J]. *安徽农学通报*, 2021, 27 (13): 37-39.
- [10] 徐春雨, 王述艳, 于成文, 等. 大林姬鼠与黑线姬鼠生物学指标对比分析 [J]. *湖北农业科学*, 2021, 60 (2): 123-125.
- [11] BISWAS J K, OSHIDA T, MOTOKAWA M. Sexual dimorphism and variability of craniomandibular morphology in the Japanese giant flying squirrel, *Petaurista leucogenys* (Rodentia: Sciuridae) [J]. *Zool Anz*, 2020, 285: 1-11.
- [12] 姚莘莘, 徐芳, 朱函坪, 等. 天台县汉坦病毒宿主动物调查及病毒分离结果 [J]. *预防医学*, 2019, 31 (5): 433-436.
- [13] 吴洪潘, 初雯雯, 江晓珩, 等. 新疆卡拉麦里山有蹄类野生动物自然保护区赤颊黄鼠穴居地微生境的选择 [J]. *中国媒介生生物学及控制杂志*, 2024, 35 (2): 218-224.
- [14] 王天怡, 张庆芬, 杨逢建. 牡丹峰自然保护区阔叶红松林生态监测研究 [J]. *绿色科技*, 2022, 24 (24): 18-24.
- [15] 石兰英, 田新民. 牡丹峰保护区土壤有机质和蛋白酶对海拔梯度及人为干扰的响应 [J]. *东北农业科学*, 2022, 47 (2): 56-58.
- [16] 金志民. 牡丹江三道林场啮齿动物区系 [J]. *天津农业科学*, 2015, 21 (3): 79-81.
- [17] 赵酌, 王悦, 李艳萍, 等. 三道关国家森林公园森林疗养的探索与引进 [J]. *农业灾害研究*, 2020, 10 (9): 115-117.
- [18] 陈鑫珠, 岳稳, 方桂友, 等. 纤维对白羽肉鸡生长性能、生理生化、胃肠结构和盲肠微生物的影响 [J]. *畜牧兽医学报*, 2024, 55 (12): 5602-5619.
- [19] MACDONALD S S, PEREIRA J H, LIU F, et al. A synthetic gene library yields a previously unknown glycoside phosphorylase that degrades and assembles poly- β -1, 3-GlcNAc, completing the suite of β -linked GlcNAc polysaccharides [J]. *ACS Cent Sci*, 2022, 8 (4): 430-440.
- [20] 杨頊, 戴欣, 刘力, 等. 青藏高原食草动物粪栖真菌的多样性 [J]. *菌物学报*, 2014, 33 (3): 621-631.
- [21] GAO L, WANG S, YANG M, et al. Gut fungal community composition analysis of myostatin mutant cattle prepared by CRISPR/Cas9 [J]. *Front Vet Sci*, 2022, 9: 1084945.
- [22] KITTELMANN S, NAYLOR G E, KOOLAARD J P, et al. A proposed taxonomy of anaerobic fungi (class neocallimastigomycetes) suitable for large-scale sequence-based community structure analysis [J]. *PLoS One*, 2012, 7 (5): e36866.
- [23] 孔庆辉, 刘瑶, 索朗斯珠, 等. 藏仔猪粪便真菌菌群多样性分析 [J]. *菌物学报*, 2020, 39 (7): 1241-1249.
- [24] 付子琳, 陈林, 李娜, 等. 不同饲养模式下成年滩羊瘤胃真菌多样性及菌群结构的变化 [J]. *中国畜牧杂志*, 2020, 56 (9): 209-213.
- [25] 刘刚, 吕小艳, 张明明, 等. 贵州草场越冬黑颈鹤的肠道真菌多样性初探 [J]. *黑龙江畜牧兽医*, 2020 (5): 128-132.
- [26] 华彦, 郎鹏飞, 王洪堂, 等. 基于高通量测序技术对野生和圈养华北豹肠道真菌多样性的分析 [J]. *野生动物学报*, 2020, 41 (1): 5-14.
- [27] 苏日娜, ERDENEDALAI M, 孟根达来, 等. 原麝和林麝冬夏两季粪便真菌菌群多样性 [J]. *菌物学报*, 2022, 41 (1): 17-29.
- [28] WANG Z, CHENG Y, WANG Y, et al. Topical fungal infection induces shifts in the gut microbiota structure of brown planthopper, *Nilaparvata lugens* (Homoptera: Delphacidae) [J]. *Insects*, 2022, 13 (6): 528.
- [29] VERMA K K, SONG X P, LIANG Q, et al. Unlocking the role of silicon against biotic stress in plants [J]. *Front Plant Sci*, 2024, 15: 1430804.
- [30] 谢会超, 陈弈辉, 刘星宇, 等. 全肠外营养模型小鼠肠道真菌多样性及构成改变 [J]. *陆军军医大学学报*, 2024, 46 (21): 2407-2414.