

李婷, 袁红平, 张艺川, 等. 不同性别麋鹿发情期肠道微生物的差异性研究 [J]. 畜牧与兽医, 2025, 57 (12): 34-42.

LI T, YUAN H P, ZHANG Y C, et al. Study on the differences in gut microbiota between male and female *Elaphurus davidianus* during the rutting season [J]. Animal Husbandry & Veterinary Medicine, 2025, 57 (12): 34-42.

不同性别麋鹿发情期肠道微生物的差异性研究

李婷¹, 袁红平², 张艺川³, 乔征磊¹, 原宝东^{3*}

(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. 盐城市麋鹿研究所, 江苏 盐城 224136;

3. 聊城大学农业与生物学院, 山东 聊城 252000)

摘要: 旨在探究不同性别麋鹿 (*Elaphurus davidianus*) 在发情期肠道微生物的群落结构和功能特征上的差异。本研究采用宏基因组测序技术, 对 6 只发情期麋鹿 (3 只雄性和 3 只雌性) 的肠道微生物进行分析, 深入解析不同性别麋鹿发情期肠道微生物的组成和功能。结果: 在发情期麋鹿粪便中, 共鉴定出 20 个门、20 个属和 20 个种, 且雄性和雌性麋鹿的肠道微生物在门、属和种水平上存在显著差异; 雄性麋鹿肠道中鲁格利亚菌属 (*Lugdunibacter*)、假单胞菌属 (*Pseudomonas*) 等 5 种菌属丰度显著高于雌性, 而雌性麋鹿肠道中食藻属 (*Algoriphagu*)、链球菌属 (*Streptococcus*) 等 3 种菌属丰度显著高于雄性; 发情期雄性和雌性麋鹿肠道微生物的多样性指数和均匀度指数无显著差异; 功能预测分析进一步揭示了肠道微生物在代谢功能上的关键作用, 特别是碳水化合物代谢方面; 雄性麋鹿的肠道微生物功能主要倾向于糖基转移反应, 而雌性麋鹿则偏向于糖代谢酶的富集。综上, 本研究为理解麋鹿繁殖机制提供了新的视角, 并为通过调节肠道微生物来改善麋鹿的繁殖健康状况提供了理论依据。

关键词: 麋鹿; 粪便微生物组; 发情期; 宏基因组学; 功能预测

中图分类号: S811 文献标志码: A 文章编号: 0529-5130(2025)12-0034-09

Study on the differences in gut microbiota between male and female *Elaphurus davidianus* during the rutting season

LI Ting¹, YUAN Hongping², ZHANG Yichuan³, QIAO Zhenglei¹, YUAN Baodong^{3*}

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

2. Yancheng Milu Deer Research Institute, Yancheng 224136, China;

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

Abstract: This study was to investigate the differences in the community structure and functional characteristics of intestinal microbiota between males and females of *Elaphurus davidianus* during estrus. Metagenomic sequencing technology was used to analyze the gut microbiota of six elk (three males and three females) during estrus, investigating the variations in gut microbial composition and function between sexes. The results were that 20 phyla, 20 species, and 20 genera were identified across the samples, revealing significant differences in gut microbiota at the phylum, genus, and species levels between male and female elks. Specifically, the abundance of *Lugdunibacter* and *Pseudomonas* increased in the gut of the male elks, while the abundance of *Algoriphagu* and *Streptococcus* increased in the gut of the female elks. Notably, the diversity index and evenness index of gut microbes did not differ significantly between male and female elks in estrous. Functional prediction analysis further highlighted the importance of gut microbes in metabolic functions, particularly carbohydrate metabolism. The microbial functions in the gut of the male elks were predominantly involved in glycosyl transfer reactions, whereas the female elk exhibited an enrichment of enzymes related to glucose metabolism. These findings provided new insights into the mechanisms of elk reproduction and offered a rationale for improving elk reproductive health through the regulation of gut microbiota.

Keywords: *Elaphurus davidianus*; fecal microbiome; estrus; metagenomics; functional prediction

肠道微生物数量庞大, 种类繁多, 广泛寄生于动

物体肠道内^[1]。肠道不仅是消化食物的重要场所, 还被认为是机体最大的内分泌器官, 可分泌超过 100 种激素活性肽, 如多巴胺、性激素、有益固醇等, 然而, 某些激素活性物质是肠道组织本身无法合成和分泌的, 而是依赖于肠道微生物的补充。这些微生物群落在动物的食性^[2-4]、营养吸收^[5]、代谢调节^[6]以及

收稿日期: 2025-01-06; 修回日期: 2025-10-13

基金项目: 山东省自然科学基金项目 (ZR2023MC016); 江苏省林业科技创新与推广项目

第一作者: 李婷, 女, 硕士

* 通信作者: 原宝东, 博士, 副教授, 研究方向: 动物生态学,

E-mail: yuanbao365@163.com。

生长发育^[7]等方面发挥着至关重要的作用。此外,某些肠道微生物还可能导致动物疾病的发生^[8]。

发情是动物繁衍生息的重要条件。在发情期,动物的行为模式会发生显著的改变,这些变化旨在促进交配和物种延续^[9]。季节性的环境因素,如光照长度、温度波动以及食物资源的可获得性,都会对动物的发情周期产生重要影响^[10]。近年来,研究者们越来越关注肠道微生物与动物发情之间的关联。目前,这一领域的研究主要集中在哺乳动物^[11-12],已有研究表明,特定的肠道菌群能够调节动物的性激素水平,从而影响动物的繁殖能力^[12]。此外,哺乳动物肠道微生物组与宿主系统发育之间的相关性比鸟类、爬行动物或两栖动物更为显著^[13]。然而,关于不同性别动物在发情期间肠道微生物的具体变化,目前的研究仍不充分,需要进一步的探索和阐明。

麋鹿 (*Elaphurus davidianus*) 为偶蹄目、鹿科、麋鹿属,是一种大型的食草哺乳动物。作为国家一级保护动物,被国际自然保护联盟 (IUCN) 红皮书列为濒危物种^[14]。近年来,众多学者在麋鹿生物学特征^[15]、种群密度^[16]、重引入分析^[17]、栖息生境^[18]、疾病^[19]、血液转录组^[20]以及遗传多样性^[21]等领域取得了丰硕的研究成果。对于肠道微生物的研究,Cabal 等^[22]通过比较幼崽和成年鹿科动物的肠道微生物,发现幼崽肠道中 *Bifidobacterium* 等益生菌较多。李俊芳等^[23]对麋鹿粪便菌群进行了多样性分析,为肠道微生物研究奠定了基础。然而,针对麋鹿发情期的肠道微生物研究仍存在空白。鉴于麋鹿的生存和繁衍仍然面临巨大的挑战,加强保护工作尤为迫切。为了确保麋鹿繁殖和交配的成功,提高后代生存能力,并保障其长期生存,本研究计划针对不同性别和发情阶段的麋鹿进行肠道微生物宏基因组测序分析,以深入理解其生理生态机制,为麋鹿保护提供科学依据。

1 材料与方法

1.1 试验动物

选自江苏省大丰麋鹿国家自然保护区 (北纬 32°56′~33°36′N, 东经 120°42′~120°51′E)。6—8 月是麋鹿的发情期,为避免外界因素对麋鹿正常发情状态产生干扰,安排专业饲养员为 6 只处于发情期的麋鹿 (3 只雄性和 3 只雌性) 佩戴 GPS 项圈,以实时监测其活动轨迹。同时,由专业饲养员分别采集适量的新鲜粪便样本。

1.2 样本获取

采集所有麋鹿发情期的新鲜晨便 (排泄时间小于 0.5 h)。在采集前的 2 个月内,麋鹿未接受任何可能影响肠道微生物的抗生素或其他药物治疗。所有麋

鹿的生活环境、年龄、饮食和健康状况都保持一致。样本根据性别进行分组并命名 (见表 1)。粪便样本分 2 部分保存: 用于宏转录组测序的部分使用 RNAlater RNA Stabilization Reagent (Qiagen, Germany) 试剂盒处理; 其余部分则通过液氮速冻后存放在 -80 °C 超低温冰箱中。

表 1 麋鹿粪便样本名称

| 分组命名 | 性别 | 样品命名 | 体重/kg | 年龄/年 |
|------|----|-------|-------|------|
| | | ML-1F | 156.2 | 5 |
| ML-F | 雌性 | ML-2F | 159.4 | 5 |
| | | ML-3F | 157.8 | 5 |
| | | ML-1M | 158.2 | 5 |
| ML-M | 雄性 | ML-2M | 157.6 | 5 |
| | | ML-3M | 157.3 | 5 |

1.3 DNA 提取及宏基因组测序

肠道微生物总 DNA 的提取采用传统的酚氯仿粪便 DNA 提取法和 QIAamp DNA Stool Mini Kit 试剂盒相结合进行,所有总 DNA 质检合格后于 -20 °C 保存备用。后续测序由杭州开泰生物公司完成。

本研究采用 Illumina 测序平台测序,获得的原始数据 (raw data) 经过预处理,以获取用于后续分析的有效数据 (clean data)。具体步骤包括: 使用 fastp 软件去除测序 reads 中的接头序列,并对测序 reads 进行窗口法质量扫描,扫描窗口默认为 6 bp。当窗口内平均质量值低于 20 bp 时,将 reads 从窗口起始到 3′终止的部分截掉。随后,去除不合格碱基 (质量 ≤ 15) 比例超过 40% 的 reads、截短后长度小于 100 bp 的序列以及截短后 N 的含量在 5% 以上的序列。对于非环境取样的样本,如果存在宿主污染,则需使用 Bowtie2 软件与宿主序列进行比对,过滤掉可能来源于宿主的 reads^[24-26]。

1.4 数据统计与分析

利用 DIAMOND 软件将 Unigenes 与 NR_meta 库和京都基因与基因组百科全书 (KEGG) PATHWAY 库的蛋白序列进行比对 (blastp, e value $\leq 10^{-5}$)^[27]; 结合 NCBI 的物种分类系统,通过与 MEGAN 软件相似的最低公共祖先 (LCA) 算法,获取具体的物种注释信息和功能注释信息。基于 LCA 注释结果及基因丰度表,统计各个样品在不同分类层级 (界、门、纲、目、科、属、种) 上的丰度信息。根据上述分类结果,利用 Mothur 软件 (version v. 1.30.1) 计算 Shannon 指数、Simpson 指数和 invsimpson 指数,并通过 SPSS 27.0 对各指数进行差异性分析。基于各分类层次的丰度表和注释基因数量统计,构建了总体相对

丰度图，并进行了基于 Bray-Curtis 距离的主坐标分析 (PCoA)。为了筛选组间具有显著差异的物种 Bio-marker，采用 LEfSe 工具，根据分类学组成，按照不同的分组条件对样本进行线性判别分析 (LDA)。

2 结果与分析

2.1 宏基因组测序结果及基因丰度

对 6 只麋鹿的肠道微生物进行测序，经过严格的数据质控和过滤后，使用 QUAST 程序对组装结果进行了评估。结果显示，GC 含量为 48.24%~50.64%，最大 contigs 的序列长度为 51 778~197 246 bp，N50 值在 775~922 bp，N75 值在 607~642 bp。以上数据表明数据测序结果较好，基因组组装质量较高。为了评估采集的样本是否能够满足后续生物信息学分析的要求，我们进行了稀疏曲线分析。基于 Core-Pan 基因的稀疏曲线 (图 1) 逐渐变得平坦，几乎达到平台，表明我们的基因目录捕获了样本中可用的所有基因组内容。从组间基因数目差异箱型图 (图 2) 发现，雌性麋鹿发情期的基因数目比雄性麋鹿发情期多 (ML-F>ML-M)。

2.2 α多样性

通过 Shannon 指数、Simpson 指数和 invsimpson 指数来分析不同性别麋鹿发情期肠道微生物多样性和均匀度 (图 3)。通过对比 2 组发现，Shannon 指数、Simpson 指数和 invsimpson 指数均无显著差异。

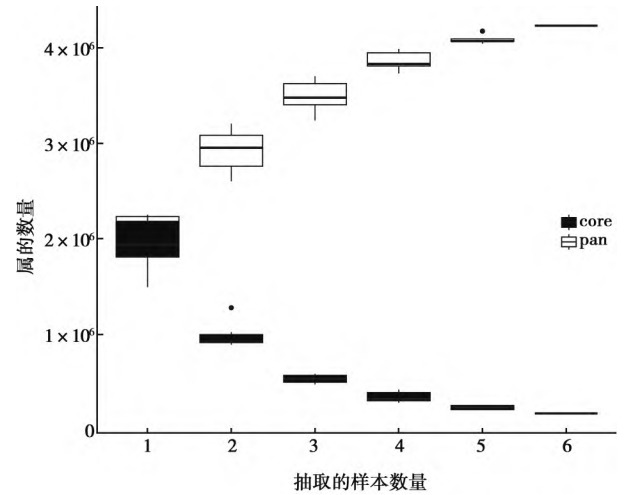


图 1 Core-Pan 基因的稀疏曲线

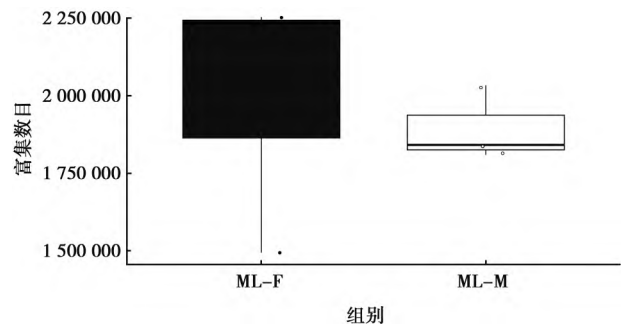
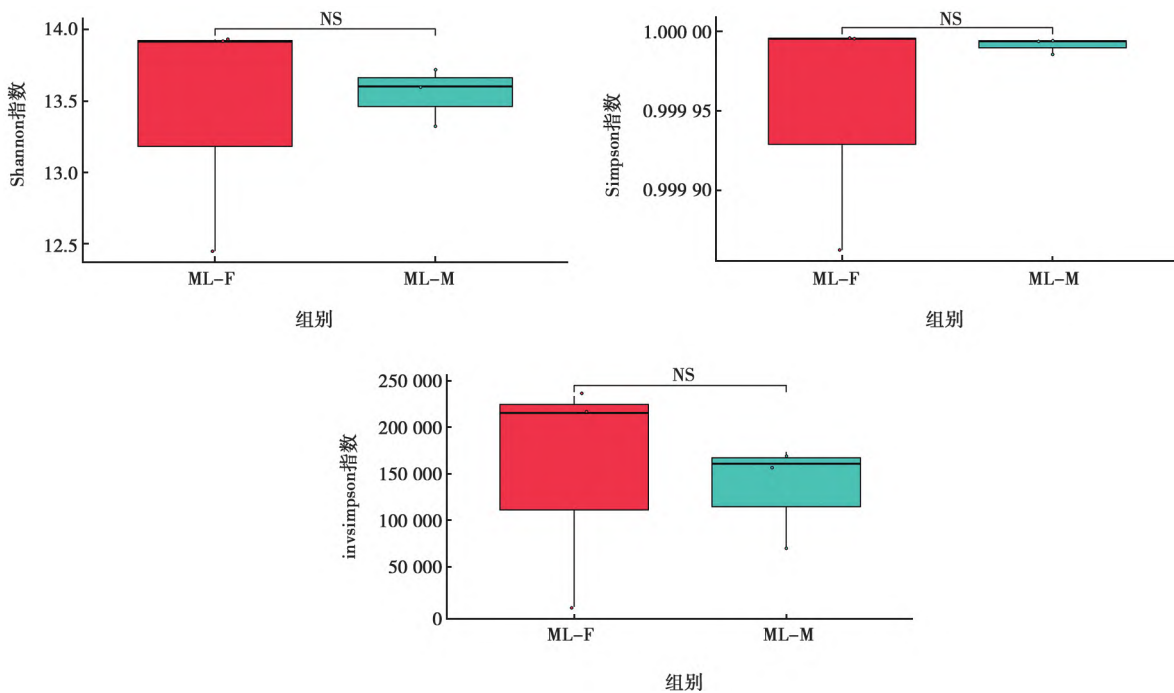


图 2 组间基因数目差异箱型图



NS 表示 $P > 0.05$ 。

图 3 不同性别麋鹿发情期肠道微生物 α多样性分析

2.3 不同性别麋鹿发情期肠道微生物物种注释及差异

在门水平上, 6组样品共鉴定出18个不同的门和2个候选菌门(图4), 相对丰度排名前3的优势门分别为未分类门(unclassified)、厚壁菌门(Firmicutes)、拟杆菌门(Bacteroidetes)。雌性麋鹿肠道微

生物中未分类门(unclassified)占39.22%, 厚壁菌门(Firmicutes)占26.65%、拟杆菌门(Bacteroidetes)占14.13%。雄性麋鹿肠道微生物中未分类门(unclassified)占37.89%, 厚壁菌门(Firmicutes)占27.95%、拟杆菌门(Bacteroidetes)占13.69%。

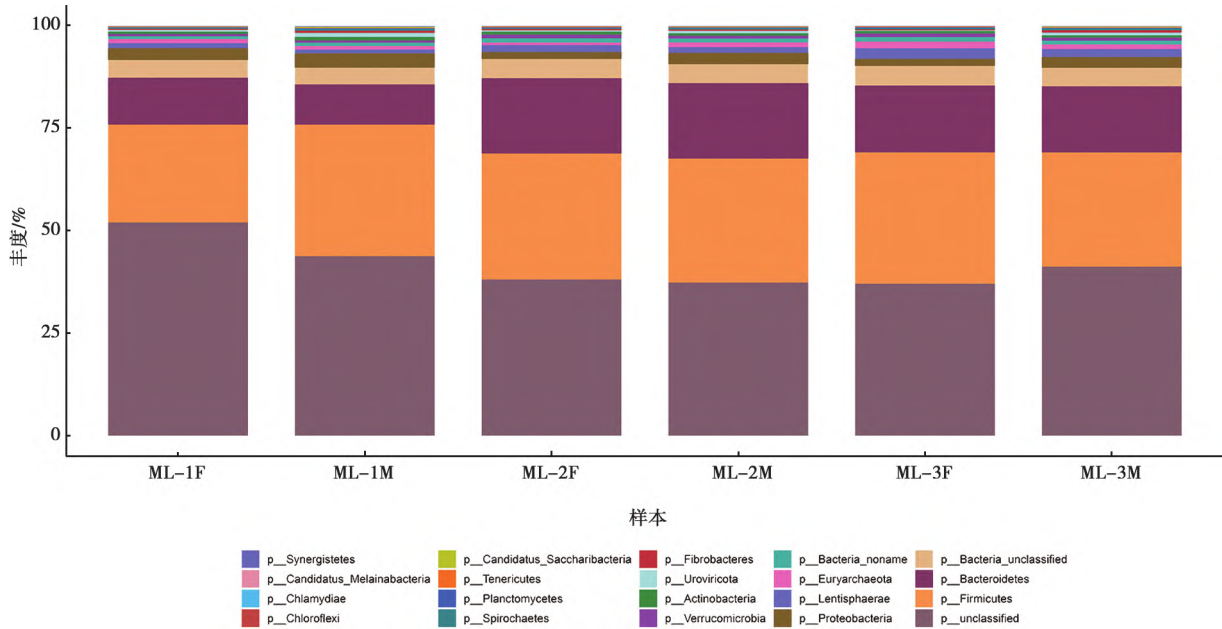


图4 门水平物种丰度

在属水平上, 6组样品共鉴定出20个不同的属(图5), 相对丰度排名前8的优势属分别为未分类属(unclassified)、厚壁菌未命名属(Firmicutes_noname)、细菌未分类属(Bacteria_unclassified)、梭

菌未分类属(Clostridiales_unclassified)、拟杆菌未分类属(Bacteroidales_unclassified)、厚壁菌未分类属(Firmicutes_unclassified)、拟杆菌属(Bacteroides)、阿利斯泰普斯属(Alistipes)。

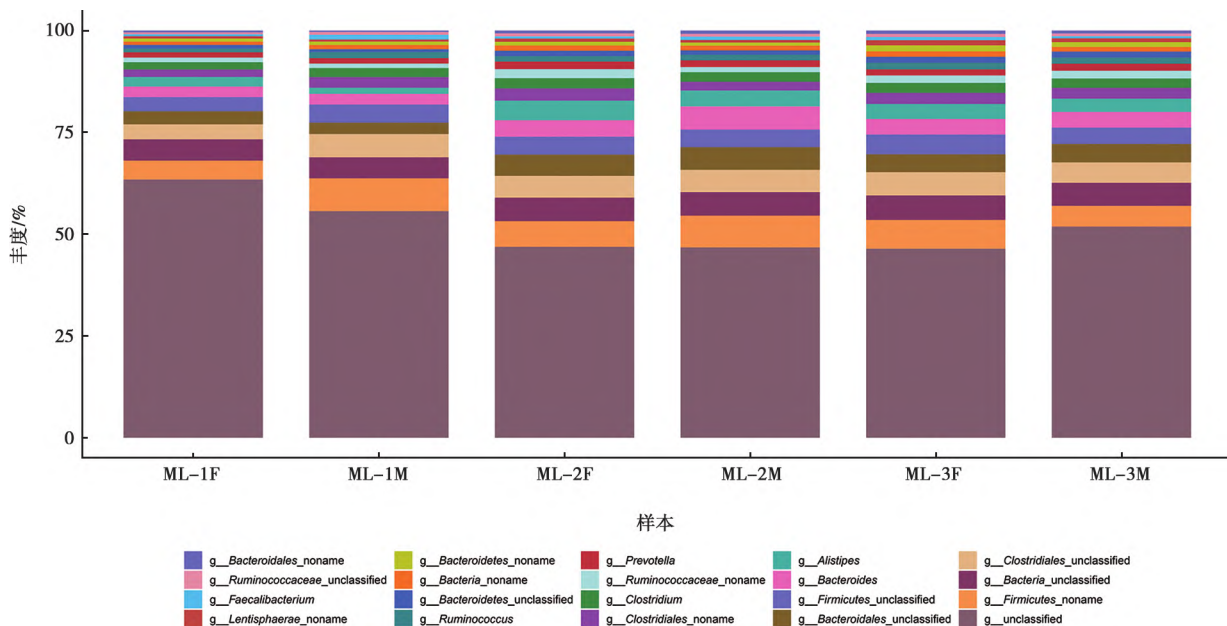


图5 属水平物种丰度

雌性麋鹿肠道微生物中未分类属 (unclassified) 占 39.22% , 厚壁菌未命名属 (Firmicutes _noname) 占 4.49%、细菌未分类属 (Bacteria_unclassified) 占 4.24% , 梭菌未分类属 (Clostridiales_unclassified) 占 3.67% , 拟杆菌未分类属 (Bacteroidales_unclassified) 占 3.19% , 厚壁菌未分类属 (Firmicutes_unclassified) 占 3.06% , 拟杆菌属 (Bacteroides) 占 2.61% , 阿利斯泰普斯属 (Alistipes) 占 2.69%。雄性麋鹿肠道微生物中未分类属 (unclassified) 占 42.18% , 厚壁菌未命名属 (Firmicutes _noname) 占 5.16% , 细菌未分类属 (Bacteria_unclassified) 占 4.07% , 梭菌未分类属 (Clostridiales_unclassified) 占 3.99%、拟杆菌未分类属 (Bacteroidales_unclassified) 占 3.16% , 厚壁菌未分类属 (Firmicutes_unclassified) 占 3.13% , 拟杆菌属 (Bacteroides) 占 2.99% , 阿利斯泰普斯属 (Alistipes) 占 2.12%。

6 组样品在种水平共鉴定出 20 个不同的物种 (图 6) , 相对丰度排名前 5 的优势物种分别为未分类

的物种 (unclassified) , 细菌未分类的物种 (Bacteria_unclassified) , 梭菌未分类的物种 (Clostridiales_unclassified) , 拟杆菌未分类的物种 (Bacteroidales_unclassified) 和厚壁菌未分类的物种 (Firmicutes_unclassified) 。

雌性麋鹿肠道微生物中未分类的物种 (unclassified) 占 39.22%、细菌未分类的物种 (Bacteria_unclassified) 占 4.24% , 梭菌未分类的物种 (Clostridiales_unclassified) 占 3.67%、拟杆菌未分类的物种 (Bacteroidales_unclassified) 占 3.19%和厚壁菌未分类的物种 (Firmicutes_unclassified) 占 3.18%。雄性麋鹿肠道微生物中未分类的物种 (unclassified) 占 37.89% , 细菌未分类的物种 (Bacteria_unclassified) 占 4.07% , 梭菌未分类的物种 (Clostridiales_unclassified) 占 3.99% , 拟杆菌未分类的物种 (Bacteroidales_unclassified) 占 3.16%和厚壁菌未分类的物种 (Firmicutes_unclassified) 占 3.13%。

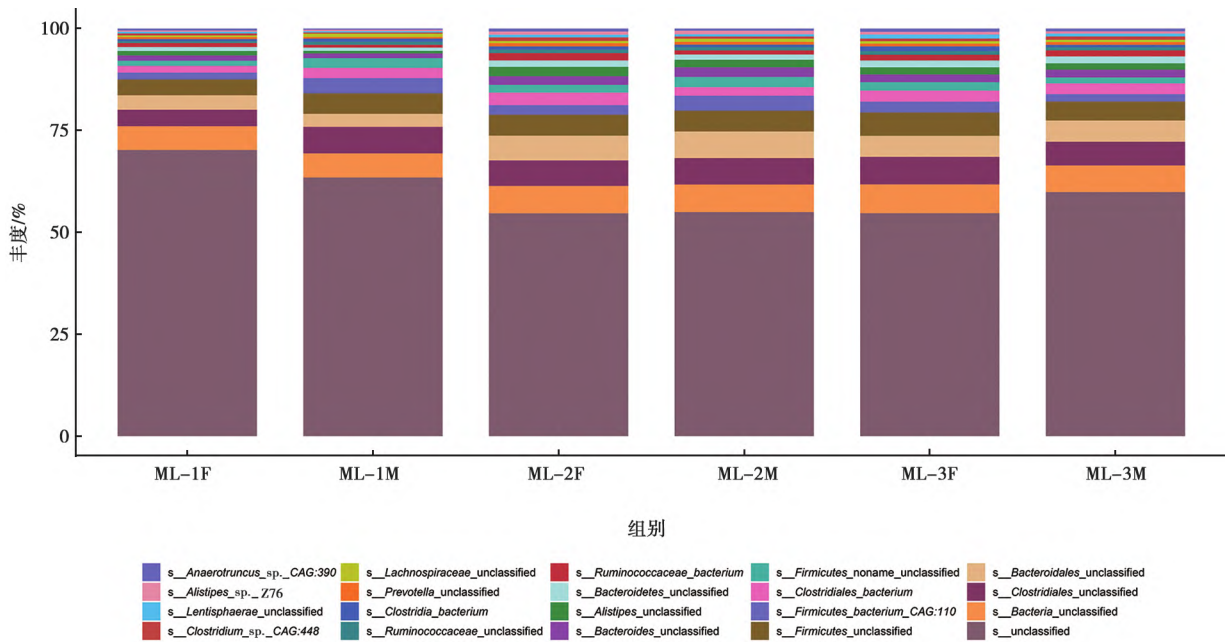


图 6 种水平物种丰度

通过 PCoA 分析发现 2 组样本虽然存在一些重叠区域, 但不同性别的麋鹿在图中呈现出相对分离的趋势, 显示出性别之间的肠道菌群差异 (图 7) 。

由图 8 可知, 性别可能会引起发情期麋鹿肠道微生物明显变化, 在门水平上, 雄性麋鹿无显著微生物, 雌性麋鹿肠道中只有支原体 (Tenericutes) 显著; 在属水平上, 雄性麋鹿肠道中鲁格利亚菌属 (Ruegeria) 、假单胞菌属 (Pseudomonas) 、Jilinvirus、有尾病毒未命名属 (Siphoviridae _noname) 和托氟球

菌属 (Defluviicoccus) 共 5 种微生物显著, 雌性麋鹿肠道中食藻属 (Algoriphagus) 、链球菌属 (Streptococcus) 和黄杆菌属 (Flavobacterium) 共 3 种微生物显著; 在种水平上, 雄性麋鹿肠道中噬菌体 NBSal001 (Phage_NBSal001) 、大肠杆菌噬菌体克 (Escherichia_phage_grams) 、鲁格利亚 HKCCD4884(Ruegeria_sp._HKCCD4884) 、阿尔伯菌噬菌体 (Escherichia_phage_aalborv) 、大肠杆菌噬菌体 (Escherichia_phage_tuinn) 、埃希氏病毒 ECO078 (Escherichia_virus_ECO078) 、

赤霉病候选菌 (*Candidatus_DeFluviicoccus_seviourii*)、埃希氏菌噬菌体 (*Escherichia_phage_egaa*) 和达姆豪斯大肠杆菌 (*Escherichia_phage_damhaus*) 共 9 种微生物显著, 雌性麋鹿肠道中只有粪食藻 (*Algoriphagus_faecimaris*) 显著。

2.5 不同性别麋鹿发情期肠道微生物功能

通过对比 KEGG 数据库发现, 大量基因被注释为代谢途径, 具体包括碳水化合物代谢、氨基酸代谢、能量代谢、糖生物合成和代谢、辅因子和维生素代谢、核苷酸代谢、脂质代谢、其他氨基酸的代谢、其他次级代谢产物的生物合成、萜类化合物和聚酮类的代谢和外源化合物的生物降解与代谢 (图 9)。

根据功能预测结果, 基于 LEfSe 分析发现, 在雄性发情期麋鹿中, 与糖的生物合成和代谢过程相关的通路显著富集, 尤其是涉及糖基转移反应的过程 (K00101)。而在雌性发情期麋鹿中, 则主要富集于牛纤溶酶原 mRNA 的 3'端 (K02935), 该基因编码的

酶在糖代谢途径中发挥作用, 特别是在磷酸戊糖途径 (PPP) 中发挥重要作用 (图 10)。

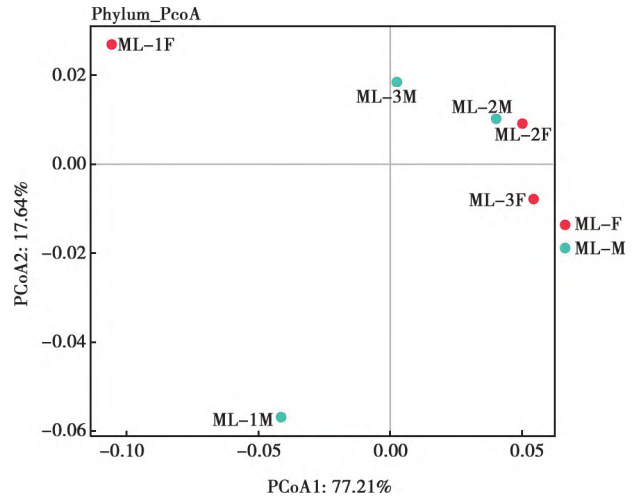


图 7 不同性别麋鹿发情期肠道微生物 β 多样性分析

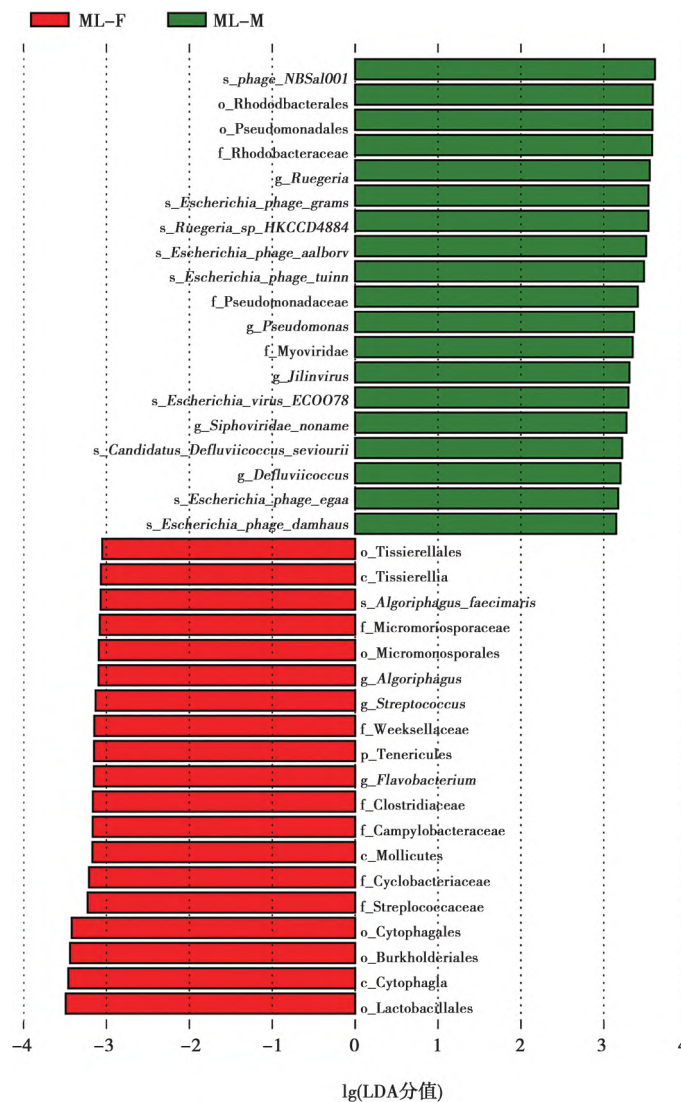


图 8 组间差异物种结果 LDA

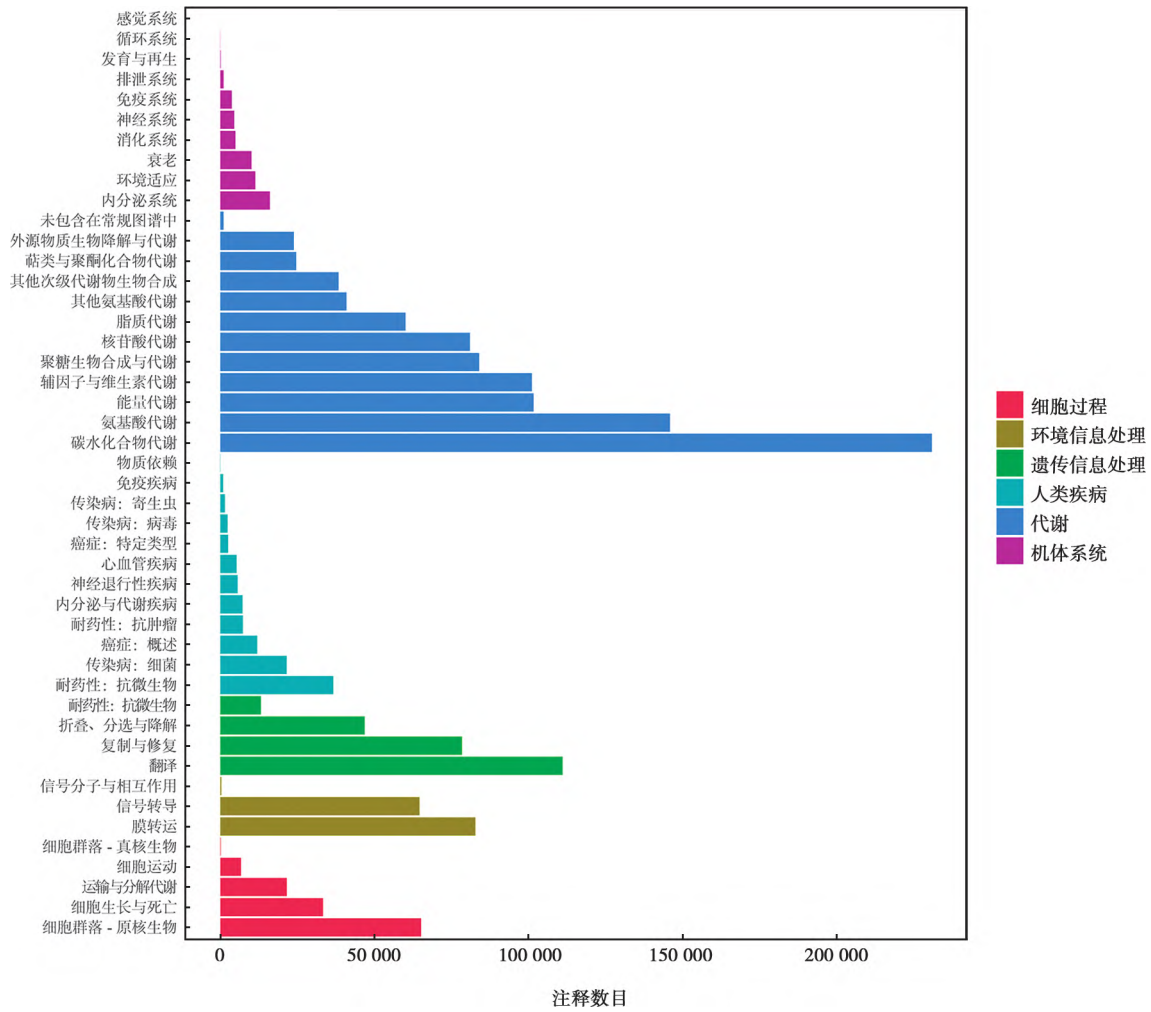


图9 KEGG 数据库功能注释

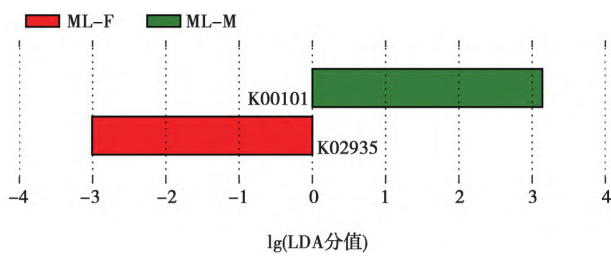


图10 基于 LEfSe 下的组间差异功能 LDA

3 讨论

在发情期中，雄性麋鹿的行为特征变得尤为突出，它们频繁地发出特有的单声鸣叫，卧立不安，且常跟随雌性活动^[28]。这些行为通常是雄性为了争夺配偶而引发的激烈情绪波动和种内竞争的结果，柴云飞等^[29]对于梅花鹿 (*Cervus nippon*)、驯鹿 (*Rangifer tarandus*) 和麋鹿的研究也证明了此观点。本研究发 现，鲁格利亚菌属和假单胞菌属在雄性中显著富集，

根据 Góralczyk 等^[30]的研究，这两种肠道菌能够产生神经递质，从而调节动物的情绪。在发情期间，性激素的分泌显著增加^[31]，雌性麋鹿在此期间体内的促性腺激素释放激素 (GnRH)、促卵泡激素 (FSH) 和促黄体生成素 (LH) 水平较高，而雄性麋鹿的睾酮水平则达到高峰。本研究揭示了一些细菌对性激素合成的积极影响，尤其是雌性麋鹿肠道中富集的食藻属菌株，参与脂肪酸代谢，而脂肪酸是性激素合成的重要前体^[32]。此外，发情期间麋鹿的食物选择也会有所变化。相关研究证实，雌性麋鹿倾向于摄入多样化的植物，以确保获得足够的营养^[33]。它们肠道中的链球菌属有助于食物的消化，分解复杂的碳水化合物和其他成分，这与梁朝宁等^[34]的研究结果相一致。与此同时，雄性麋鹿在发情期间可能将更多的精力投入到求偶和领地竞争中，而非食物的摄取^[35]。

功能预测分析揭示了发情期麋鹿肠道微生物群落的一个关键特点：在代谢功能上的显著富集，尤其是碳水化合物代谢途径。这一发现与麋鹿在发情期间对能量的高需求相吻合，雄性麋鹿在此期间可能需要更

多的能量来维持领域行为和求偶活动，而雌性麋鹿则需储备能量以支持胚胎的发育和后代的抚养^[36-37]。该功能可以通过糖酵解、三羧酸循环和氧化磷酸化过程为发情期的麋鹿提供能量。此外，发情期间麋鹿的免疫系统可能经历波动，使得它们更容易受到疾病的侵袭。因此，氨基酸代谢和核苷酸代谢途径的激活对于免疫调节至关重要，有助于提升麋鹿的免疫力。雌性对于补偿繁殖代价显著大于雄性^[36]，研究发现雌性麋鹿肠道中富集了一种特定的基因——牛纤溶酶原 mRNA 的 3'端 (K02935)，该基因在磷酸戊糖途径中发挥作用，产生 NADPH，有助于抵抗氧化应激，并在排卵过程中帮助溶解纤维蛋白凝块，促进卵子的释放^[38]。相比之下，雄性麋鹿肠道中则富集于参与糖的生物合成和代谢过程的基因，这些糖基转移酶可能通过影响胆固醇的代谢，进而调节性激素的合成^[39]，这对雄性的繁殖行为至关重要。

本研究采用粪便微生物群的宏基因组测序技术，揭示了不同性别麋鹿在发情期肠道微生物群落结构和功能特征的差异，为理解麋鹿繁殖机制提供了新的视角。通过 α 多样性分析，研究发现尽管发情期麋鹿的肠道微生物多样性和均匀度未表现出显著差异，但在门、属和种的水平上，微生物群落结构仍存在显著的不同。具体来说，雄性麋鹿的肠道中显著富集了鲁格利亚菌属 (*Lugdunibacter*)、假单胞菌属 (*Pseudomonas*) 等菌属，而雌性麋鹿的肠道中则显著富集了食藻属 (*Algoriphagu*)、链球菌属 (*Streptococcus*) 等菌属。这些发现为进一步揭示性别差异在麋鹿繁殖过程中的作用提供了重要线索。综上，本研究明确了不同性别麋鹿发情期的肠道微生物的显著差异，这些差异可能与其发情期的行为变化、饮食偏好、激素水平的差异密切相关。

4 结论

以江苏省大丰麋鹿国家自然保护区的麋鹿为研究对象，采用宏基因组方法探讨了发情期雄性和雌性麋鹿肠道微生物的组成和功能差异。研究发现两者的肠道微生物在门水平、属水平和种水平中存在显著差异，同时代谢功能均较为强劲。未来的研究应进一步深入探讨不同性别麋鹿发情期肠道微生物的具体功能，并揭示其与发情期生理变化的关联机制。

参考文献:

[1] SENDER R, FUCHS S, MILO R. Revised estimates for the number of human and bacteria cells in the body [J]. *PLoS Biol*, 2016, 14 (8): e1002533.

[2] WONGA C, WANG Q P, MORIMOTO J, et al. Gut microbiota modifies olfactory-guided microbial preferences and foraging decisions in *Drosophila* [J]. *Curr Biol*, 2017, 27 (15): 2397-2404.

[3] LEITÃO-GONÇALVES R, CARVALHO-SANTOS Z, FRANCISCO A P, et al. Commensal bacteria and essential amino acids control food choice behavior and reproduction [J]. *PLoS Biol*, 2017, 15 (4): e2000862.

[4] QIAO H, KEESEY I W, HANSSON B S, et al. Gut microbiota affects development and olfactory behavior in *Drosophila melanogaster* [J]. *J Exp Biol*, 2019, 222 (Pt 5): jeb192500.

[5] NEWELL P D, DOUGLAS A E. Interspecies interactions determine the impact of the gut microbiota on nutrient allocation in *Drosophila melanogaster* [J]. *Appl Environ Microbiol*, 2014, 80 (2): 788-796.

[6] WONGA C, DOBSON A J, DOUGLAS A E. Gut microbiota dictates the metabolic response of *Drosophila* to diet [J]. *J Exp Biol*, 2014, 217 (Pt 11): 1894-1901.

[7] 范国强, 张海, 栗艳飞, 等. 日粮添加 α -亚麻酸对育肥猪肌肉脂肪酸组成与肠道菌群的影响 [J]. *南京农业大学学报*, 2024, 47 (5): 907-915.

[8] BOGGIATTO P M, BUCKLEY A, CASSMANN E D, et al. Persistence of viral RNA in North American elk experimentally infected with an ancestral strain of severe acute respiratory syndrome coronavirus 2 (SARS-CoV-2) [J]. *Sci Rep*, 2024, 14: 11171.

[9] 丁玉华, 侯立冰, 徐安宏, 等. 雄性麋鹿发情期、发情后期及休情期行为研究 [J]. *野生动物*, 2006, 27 (3): 38-40.

[10] 孙慧敏, 王岩, 范冰冰, 等. 季节因素调控动物发情周期分子机制的研究进展 [J]. *特产研究*, 2024, 46 (3): 148-153.

[11] 程诗瑶, 吴越, 陈志刚. 末水条斑紫菜对健康 C57BL/6J 小鼠肠道微生物的影响 [J]. *南京农业大学学报*, 2025, 48 (2): 454-463.

[12] 王智博, 姚晓磊, 张红琳, 等. 不同产羔数和发情时期湖羊代谢产物及肠道菌群结构的差异分析研究 [J]. *南京农业大学学报*, 2021, 44 (3): 548-553.

[13] SONG S J, SANDERS J G, DELSUC F, et al. Comparative analyses of vertebrate gut microbiomes reveal convergence between birds and bats [J]. *mBio*, 2020, 11 (1): e02901-19.

[14] 丁玉华. 中国麋鹿研究 [M]. 长春: 吉林科学技术出版社, 2004.

[15] 张树冰, 张树苗, 李凌, 等. 珍稀动物麋鹿的保护研究概述 [J]. *林业调查规划*, 2010, 35 (5): 25-27.

[16] YUAN B D, WANG L B, XIE S B, et al. Density dependence effects on demographic parameters—a case study of Père David's deer (*Elaphurus davidianus*) in captive and wild habitats [J]. *Biology and Environment*, 2017, 117B (3): 139-144.

[17] 孟庆辉, 柏超, 宋苑, 等. 重引入对麋鹿种群分婉定时及同步化的影响 [J]. *兽类学报*, 2022, 42 (4): 379-386.

[18] 梁兵宽, 李夷平, 陈颀, 等. 麋鹿非繁殖期生境适宜度评价指标探讨 [J]. *林业资源管理*, 2019 (3): 41-48.

[19] 任义军, 孙大明, 甄军爱, 等. 江苏大丰麋鹿国家级自然保护区麋鹿死亡分析 [J]. *兽类学报*, 2022, 42 (6): 741-748.

[20] CHU P, YUAN H, ZHANG Y, et al. Immunocastration caused dysfunction of Père David's deer (*Elaphurus davidianus*) [J]. *Animal Biol*, 2024, 75 (1): 23-45.

- [21] 张树苗, 田恒玖, 李夷平, 等. 基于简化基因组测序的麋鹿遗传资源多样性及种群结构分析 [J]. 野生动物学报, 2023, 44 (4): 788-797.
- [22] CABAL A, JUN S R, JENJAROENPUN P, et al. Genome-based comparison of *Clostridioides difficile*: average amino acid identity analysis of core genomes [J]. Microb Ecol, 2018, 76 (3): 801-813.
- [23] 李俊芳, 白冰, 孟庆辉, 等. 基于 Illumina MiSeq 的麋鹿粪样菌群多样性分析 [J]. 野生动物学报, 2023, 44 (1): 98-105.
- [24] LI D, LIU C M, LUO R, et al. MEGAHIT: an ultra-fast single-node solution for large and complex metagenomics assembly via succinct *de Bruijn* graph [J]. Bioinformatics, 2015, 31 (10): 1674-1676.
- [25] NIELSEN H B, ALMEIDA M, JUNCKER A S, et al. Identification and assembly of genomes and genetic elements in complex metagenomic samples without using reference genomes [J]. Nat Biotechnol, 2014, 32 (8): 822-828.
- [26] QIN J, LI R, RAES J, et al. A human gut microbial gene catalogue established by metagenomic sequencing [J]. Nature, 2010, 464 (7285): 59-65.
- [27] BUCHFINK B, XIE C, HUSON D H. Fast and sensitive protein alignment using DIAMOND [J]. Nat Methods, 2015, 12 (1): 59-60.
- [28] 蔡桂全, 谢家华, NIHAL Mathur. 麋鹿发情期主要活动的时间分配及行为研究 [J]. 兽类学报, 1988, 8 (3): 166-171.
- [29] 柴云飞, 朱宇航, 桑佳楠, 等. 梅花鹿、驯鹿与麋鹿血液转录组比较分析 [J]. 经济动物学报, 2024, 28 (3): 165-172.
- [30] GÓRALCZYK-BIŃKOWSKA A, SZMAJDA - KRYGIER D, KOZŁOWSKA E. The microbiota-gut-brain axis in psychiatric disorders [J]. Int J Mol Sci, 2022, 23 (19): 11245.
- [31] FITZPATRICK C L, ALTMANN J, ALBERTS S C. Sources of variance in a female fertility signal: exaggerated estrous swellings in a natural population of baboons [J]. Behav Ecol Sociobiol, 2014, 68 (7): 1109-1122.
- [32] LI Y, YAN S, YANG Q, et al. *Algoriphagus faecimaris* sp. nov., isolated from coastal sediment [J]. Int J Syst Evol Microbiol, 2011, 61 (12): 2856-2860.
- [33] 程志斌, 张林源, 刘艳菊, 等. 北京南海子麋鹿体型的性二型及生长发育 [J]. 四川动物, 2015, 34 (3): 330-337.
- [34] LIANG C, ZHANG Y, JIA Y, et al. Engineering a carbohydrate-processing transglycosidase into glycosyltransferase for natural product glycodiversification [J]. Sci Rep, 2016, 6: 21051.
- [35] 张玉铭, 杨涛, 丁玉华, 等. 湖北石首麋鹿发情期雄鹿占群策略研究 [J]. 特种经济动植物, 2023, 26 (6): 1-4.
- [36] AMATO K R, LEIGH S R, KENT A, et al. The gut microbiota appears to compensate for seasonal diet variation in the wild black howler monkey (*Alouatta pigra*) [J]. Microb Ecol, 2015, 69 (2): 434-443.
- [37] ZHAO J, WANG W, ZHANG L, et al. Dynamic metabolism during early mammalian embryogenesis [J]. Development, 2023, 150 (20): dev202148.
- [38] 杨红, 许为, 乌垠, 等. 牛天然纤溶酶原 Kringle 结构域片段的获得及其抑制内皮细胞增殖作用研究 [J]. 分子科学学报, 2001, 17 (1): 60-63.
- [39] HORTON J D, GOLDSTEIN J L, BROWN M S. SREBPs: activators of the complete program of cholesterol and fatty acid synthesis in the liver [J]. J Clin Invest, 2002, 109 (9): 1125-1131.