

双峰驼原料奶及其养殖环境的真菌多样性分析研究

潘伊微^{1, 2}, 蔡树东¹, 王万兴¹, 克热木·司马义¹, 张梦圆¹, 李莲瑞², 罗生金^{1*}

(1.哈密市动物疫病预防控制中心, 新疆哈密 839000; 2.农业农村部环塔里木畜草资源利用重点实验室, 新疆阿拉尔 843300)

摘要: [目的]本研究通过对双峰驼原料奶及养殖环境中真菌群落进行多样性分析, 明确其群落结构与分布特征, 探究真菌对驼乳品质的影响, 为保障驼乳质量安全、优化养殖环境提供科学依据。[方法]本试验分别采集3家骆驼养殖合作社的骆驼原料奶奶样、暂存罐奶样、奶罐车奶样, 饲料、饲草、垫土各6组样本, 采用ITS 1扩增子测序技术对驼乳组及环境组样本真菌群落结构及多样性进行分析。[结果]18组样本共获得5 476 597条原始序列, 4 580 307条有效序列, 80 251个ASVs。原料奶中主要优势真菌属为*Acrogenospora*, 其次为*Trichosporon*, 环境组中饲料的优势菌属是*Aschersonia*, 饲草的优势菌属是*Aspergillus*, 垫土的优势菌属是*Acrogenospora*, 驼奶组与环境组样本中真菌优势菌门为*Ascomycota*、*Basidiomycota*, 与驼乳组相比较, 环境组真菌多样性差异显著 ($P < 0.05$), 不同采样点真菌群落结构存在一定差异, 且菌群结构与丰度明显不同。[结论]3个骆驼养殖合作社的驼乳及环境真菌多样性差异显著, 部分真菌可降解驼乳中的蛋白质与脂肪从而影响奶品质。驼乳真菌群落组成与养殖环境密切相关, 存在交叉污染风险, 因此, 加强环境管控与真菌监测可有效保障驼乳质量安全。

关键词: 双峰驼; 原料奶; 真菌; 多样性

文章编号: 1671-4393 (2026) 03-0098-09

DOI:10.12377/1671-4393.26.03.14

Analysis of Fungal Diversity in Raw Milk of Double-humped Camels and Their Breeding Environment

PAN Yiwei^{1, 2}, CAI Shudong¹, WANG Wanxing¹, Keremu Simayi¹, ZHANG Mengyuan¹, LI Lianrui², LUO Shengjin^{1*}

(1.Hami Center for Animal Disease Control and Prevention, Hami Xinjiang 839000; 2.Key Laboratory

基金项目: 哈密市兴农人才扶持工程培养项目 (2024XNRC009); 新疆“天山英才”培养计划“三农”骨干人才项目 (2023SNGGNT030)。

作者简介: 潘伊微 (1988-), 女, 陕西汉中, 硕士, 高级畜牧师, 研究方向为畜牧业技术推广;
蔡树东 (1991-), 男, 甘肃武威, 硕士, 畜牧师, 研究方向为畜牧渔业技术推广;
王万兴 (1994-), 男, 甘肃白银, 硕士, 畜牧师, 研究方向为家畜繁育技术推广工作;
克热木·司马义 (1976-), 男, 新疆哈密, 专科, 畜牧师, 研究方向为畜牧良种繁育;
张梦圆 (1994-), 女, 新疆哈密, 硕士, 畜牧师, 研究方向为畜牧业技术推广;
李莲瑞 (1968-), 女, 新疆阿拉尔, 博士, 教授, 研究方向为病原微生物及免疫学。

通信作者: 罗生金 (1973-), 男, 甘肃民勤, 硕士, 研究员, 研究方向为畜牧业科技推广与动物临床疾病诊治。

of Livestock and Forage Resources Utilization around Tarim, Ministry of Agriculture and Rural Affairs,
Alar Xinjiang 843300)

Abstract: [Objective] This study conducted a diversity analysis of the fungal communities in raw milk of the bactrian camel and the environment where they are raised. The aim was to clarify the structure and distribution characteristics of the fungal communities, explore the impact of fungi on the quality of camel milk, and provide scientific basis for ensuring the quality and safety of camel milk and optimizing the breeding environment. [Method] In this experiment, raw camel milk samples, temporary storage tank milk samples, and milk tanker milk samples from camels, as well as six sets of samples each for feed, forage, and bedding soil, were collected from three camel breeding cooperatives. The ITS 1 amplification sequencing technology was used to analyze the fungal community structure and diversity of the camel milk group and environmental group samples. [Result] A total of 5 476 597 raw sequences and 4 580 307 valid sequences were obtained from 18 sample. 80 251 ASVs were identified. The main dominant fungal genera in raw milk samples was *Acrogenospora*, followed by *Trichosporon*. In the environmental group, the dominant genus was *Aschersonia*, in the forage was *Aspergillus*, and in the soil pad was *Acrogenospora*. In the camel milk group and the environmental group, the dominant fungal phyla were Ascomycota and Basidiomycota. Compared with the camel milk group, the fungal diversity in the environmental group showed significant differences ($P < 0.05$). There were certain differences in the fungal community structure among different sampling sites, and the community structure and abundance were significantly different. [Conclusion] There were significant differences in the diversity of camel milk and environmental fungi among the three camel breeding cooperatives. Some fungi could degrade the proteins and fats in camel milk, thereby affecting the quality of the milk. The composition of the camel milk fungal community is closely related to the breeding environment and there is a risk of cross-contamination. Therefore, strengthening environmental control and fungal monitoring can effectively ensure the quality of camel milk.

Keywords: Camelus bactrianus; raw milk; fungus; diversity

真菌广泛分布于自然界和食物中，曾被认为仅会改变食物特性而无严重健康威胁，但近年研究发现部分真菌会产生毒素，危害人畜健康^[1]。虽然通过维持养殖场清洁、规范挤奶流程及采用综合防控手段可有效降低原料奶腐败的频率与速度，但真菌导致的腐败仍是食品生产实践中的核心挑战，尚未完全解决^[2, 3]。原料奶营养丰富，为真菌生长提供了理想条件^[4]，遭受真菌污染后，不仅会导致出现异味、结块等明显问题，还可能存在难以察觉的品质劣变，最终造成浪费和经济损失。酵母菌

和霉菌作为乳制品中最常见的腐败真菌，虽对热处理敏感，但环境中循环的真菌孢子仍会成为乳制品加工与储存环节的潜在变质风险来源，且这类真菌适应性强，即便在冷藏等保鲜条件下，仍有多种菌株可存活生长^[5]。更重要的是，部分酵母菌与霉菌能分泌特定酶类，分解乳制品中的蛋白质、脂肪等，导致产品腐败变质。研究发现，多数测试真菌菌株具有酪蛋白水解与脂解活性，可分解乳中碳水化合物、有机酸、蛋白质、脂质等多种底物，既破坏感官品质，还可能引发腐败并产生毒素^[6]。

驼乳作为我国西北地区特色乳源，富含蛋白质、不饱和脂肪酸等营养成分，兼具抗氧化、抗炎等功效，已成为特色乳制品行业的重要组成部分，市场前景广阔^[7, 8]。驼乳营养丰富，易遭真菌污染。真菌侵入后，有的会促进其发酵，有的会导致其腐败，还可能代谢生成呈味小分子^[9]，且其中真菌多样性受生产、饲养、运输、储存等多因素影响^[10]。此外，健康乳房分泌的乳汁原本无菌，但真菌等微生物易经乳头孔侵入乳汁。不同养殖场骆驼乳头污染微生物有差异，且垫料、挤奶机、储存方式等亦会影响驼乳微生物种群^[11]，这表明养殖场环境和挤奶厅卫生状况会直接影响驼乳品质。

当前，驼乳的卓越营养价值已获得广泛关注，但针对其真菌多样性的研究仍较为匮乏。基于此，本研究以骆驼原料奶及养殖环境样本（饲料、饲草、垫土等）为研究对象，通过高通量测序技术剖析原料奶与环境中的真菌群落结构特征，揭示其腐败机理，以期为骆驼养殖合作社控制投入品及饲养环节的微生物污染，保障并提升驼乳品质，提供科学依据与参考。

1 材料与方法

1.1 样品采集

1.1.1 试验时间、地点及设计

2024年11月，于哈密市伊吾县的YT、ZH、RT 3家规模化骆驼养殖合作社作为采样点，在每个合作社采集6组样本，包括原料奶及环境样本。通过ITS1扩增子测序对各样本真菌群落及多样性进行检测。

1.1.2 原料奶样本采集

在3家合作社分别选择6峰健康泌乳骆驼，对乳房进行消毒处理，排除杂菌，用已灭菌的50 mL离心管采集前三把鲜奶，混匀后分装密封，样品编号为YT1-1、ZH1-1、RT1-1；用无菌吸管分别采集暂存罐混样于灭菌的50 mL离心管中密封，样品编号为YT1-2、ZH1-2、RT1-2；用无菌吸管分别采集奶罐运输车中的冷却乳于灭菌的50 mL离心管中密封，样品编号为YT1-3、ZH1-3、RT1-3。每组样本采集6

份，3份用于高通量测序（每组样品3个重复），2份用于后续试验，1份留存备用。

1.1.3 环境样本采集

取3家合作社常用饲料、饲草于灭菌的50 mL离心管中密封，样品编号为YT1-4、ZH1-4、RT1-4、YT1-5、ZH1-5、RT1-5；在养殖场内选取不同地点的垫土于灭菌的50 mL离心管中密封，样品编号为YT1-6、ZH1-6、RT1-6。每组样本采集6份，3份用于高通量测序（每组样品3个重复），2份用于后续试验，1份留存备用。

1.2 仪器设备

超微量紫外分光光度计（NanoDrop，NC2000）美国赛默飞世尔科技公司；电泳仪（DYY-6C）北京六一生物科技有限公司；凝胶成像系统[BG-gdsAUTO（130）]北京百晶生物技术有限公司；酶标仪（FLX800T），美国BioTek公司；2720聚合酶链式反应扩增仪（Polymerase Chain Reaction，PCR），美国Applied Biosystems公司；离心机（Pico17），美国赛默飞世尔科技公司。

1.3 样本基因组DNA提取、PCR扩增与高通量测序

将采集好的样品置于4℃离心机，10 000 r/min离心10 min，去上清，取沉淀，利用基因组试剂盒OMEGA Soil DNA Kit（D5635-02）提取样本中的DNA，通过0.8%琼脂糖凝胶电泳进行分子大小判断，利用Nanodrop对DNA进行定量。以总DNA为模板，参照真菌ITS1目的基因扩增^[12]，以ITS1F为引物时，扩增序列为5-CTTGGTCATTTAGAGGAAGTAA-3；以LR3为引物时，扩增序列为5-CCGTGTTTCAAGACGGG-3。PCR扩增条件为98℃ 3 min，98℃ 30 s、54℃ 30 s、72℃ 90 s，33个循环，72℃ 5 min，12℃保存。

将产物回收后对其定量。利用Qubit 4定量文库和安捷伦（Agilent）2100对PCR富集片段进行质量控制，验证DNA文库的片段大小及分布，随后进行高通量测序。

1.4 生物信息分析

使用QIIME2 2024.5版本对微生物组生物学信息

进行分析，原始序列数据使用demux插件进行解码处理，cutadapt插件进行引物切除，随后使用DADA2插件对序列进行质量过滤、去噪、拼接和嵌合体去除等数据处理。对获得的序列按100%的序列相似度进行归并，生成特征性序列ASVs以及丰度数据表格。通过unite 9数据库将ASV特征序列与数据库中的参考序列相比对，获取每个ASV所对应的分类学信息，使用R软件（版本4.3.3）将各样本在各分类水平的鉴定结果绘制成柱状图，直观地比较不同样本的ASV数和分类地位鉴定结果的差异。通过Chao1指数、香浓指数（Simpson）、Pielou's evenness指数、Good's coverage指数反映该群落样本所包含的微生物多样性，通过Beta多样性分析以调查样本间的微生物群落结构变化。

2 结果与分析

2.1 样本测序结果统计与分析

本研究共采集了18 组54 个样本，分别来自3 个骆驼养殖合作社，通过测序，共获得5 476 597 条原始序列，过滤后获得4 580 307 条有效序列，使用DADA2降噪后产生74 227 个ASVs，经过分类单位聚类后，3 个合作社得到域（Domain）：1；门（Phylum）：6；纲（Class）：29；目（Order）：79；科（Family）：177；属（Genus）：396；种（Species）：1 106，具体样本测序及真菌多样性结果见表1。

2.2 丰度分析

由图1可知，驼乳组及环境组在测序深度增加

表 1 样本测序及真菌多样性结果
Table 1 Results of Sample Sequencing and Fungal Diversity Analysis

样本编号 / 种类	样品编号	原始序列 （条）	有效序列 （条）	高质量序列 （条）	ASVs （个）	各分类单元数量					
						门	纲	目	科	属	种
前三把鲜奶	YT1-1	300 446	300 041	281 103	600	2	8	12	13	11	12
	ZH1-1	309 303	286 287	270 919	952	2	8	12	13	12	11
	RT1-1	310 839	237 522	204 161	1 111	2	8	12	14	11	16
暂存罐	YT1-2	298 439	297 478	288 241	270	2	8	13	14	11	10
	ZH1-2	309 400	233 795	203 129	1 039	2	8	12	13	12	13
	RT1-2	303 701	233 418	206 722	1 065	2	8	12	13	13	19
奶罐运输车	YT1-3	305 632	305 098	287 661	991	2	8	12	13	11	13
	ZH1-3	296 668	296 177	279 725	771	2	8	12	13	13	13
	RT1-3	307 450	235 050	220 009	748	2	8	12	14	11	17
饲料	YT1-4	294 780	237 702	206 063	4 052	2	8	13	23	41	105
	ZH1-4	308 999	234 124	190 196	4 152	2	8	13	14	13	28
	RT1-4	302 602	229 182	173 645	4 835	2	8	12	13	14	34
饲草	YT1-5	309 944	235 988	168 450	15 618	2	8	13	23	39	106
	ZH1-5	308 591	307 072	275 366	3 033	2	8	12	14	15	32
	RT1-5	298 738	224 517	217 355	220	2	8	13	14	11	14
垫土	YT1-6	304 293	229 559	183 531	14 364	2	9	18	24	36	90
	ZH1-6	297 193	224 295	172 202	17 008	2	8	16	21	45	115
	RT1-6	309 579	233 002	165 563	9422	2	9	15	25	39	79

时曲线渐趋平缓，其平缓程度反映对样本多样性影响，曲线越平缓表明测序结果已充分反映样本多样性，继续增加测序深度对Alpha多样性指数无显著影响。

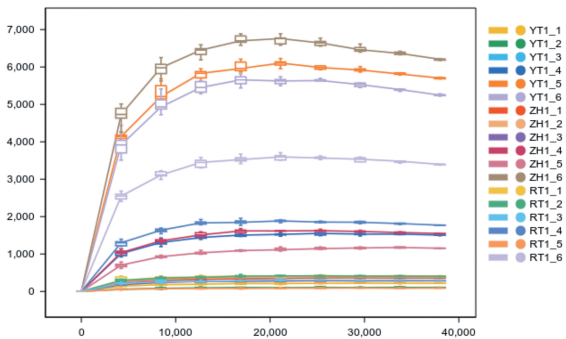


图 1 稀疏曲线
Figure 1 Sparse Curve

2.3 Alpha 多样性分析

Alpha多样性是指局部均匀生境下的物种在丰富度、多样性和均匀度等方面的指标，也被称为生境内多样性。本研究以Chao1指数表征丰富度，以香浓指数（Simpson）表征多样性，以Pielou's evenness指数表征均匀度，以Good's coverage指数表征覆盖度。利用Kruskal-Wallis秩和检验进行差异检验，由图2A可见，驼乳样本中RT组群落丰富度较高，ZH、YT的群落多样性指数较高，但差异性不显著

($P>0.05$)；由图B可见，环境组样本中Chao1指数 $P=0.035$ 说明样本中真菌群落丰富度差异显著，Simpson指数 $P=0.039$ 说明样本中群落多样性差异显著。从各组各项指数反映测序群落丰富度、均匀度及多样性较高，各组覆盖度均超过0.96，说明数据均能准确反映各组样本菌群的组成。

2.4 驼乳样本中的 β 多样性分析

Beta多样性指数聚焦于不同生境间多样性的比较，也就是样本间的差异。本研究将不同驼乳样本之间的真菌菌落结构进行了分析，在主成分分析图（PCoA）（图3）中可见横坐标解释了12%的变量，为第一主成分，纵坐标解释了10.8%的变量，为第二主成分。样品YT1-2、YT1-4、YT1-5、ZH1-5、RT1-1、

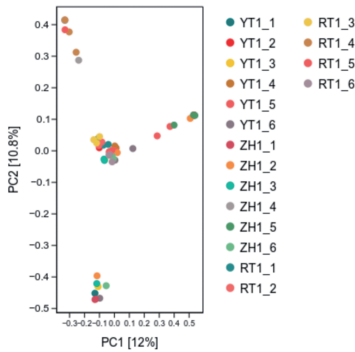
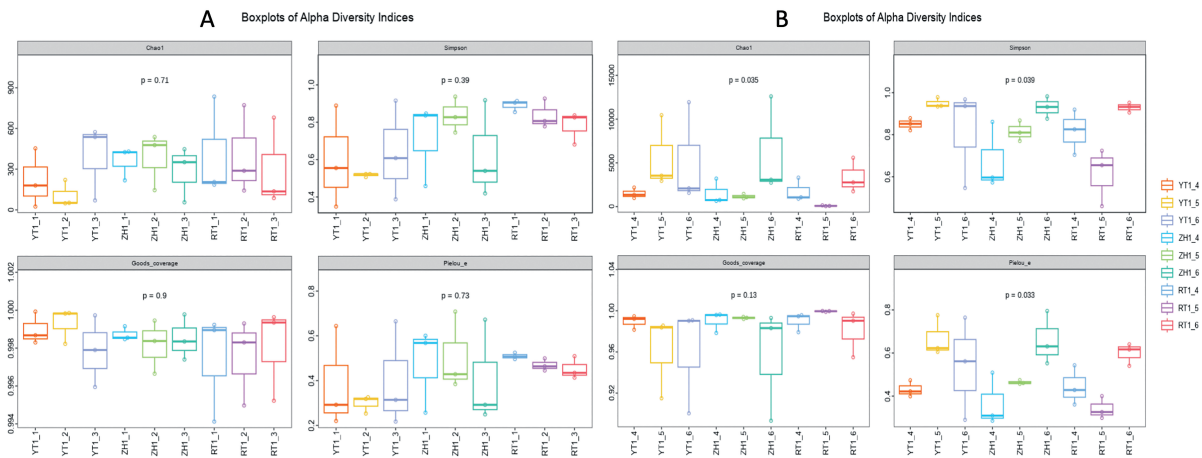


图 3 PCoA 分析
Figure 3 PCoA Analysis



注：A组为驼乳组样本；B组为环境组样本

图 2 Alpha 多样性分析
Figure 2 Alpha Diversity Analysis

RT1-2、RT1-3、RT1-6之间的距离比较近，说明这8种驼乳样本中的真菌组成结构和种类比较相似；YT1-1、YT1-3、YT1-6、ZH1-1、ZH1-2、ZH1-3、ZH1-6之间的距离比较近，说明这7种驼乳样本中的真菌组成结构和种类比较相似；而ZH1-5、RT1-4、RT1-5这3种样本之间距离较近，说明这3种样本中微生物群落结构比较相近。分析此结果与样本来自不同的养殖场及采集部位有关。

2.5 双峰驼原料奶中真菌菌群多样性分析

通过对3个骆驼养殖合作社原料奶进行真菌ITS1分析，根据各组中不同分类层级的相对丰度情况，筛选出Top 10物种。由图4A可见，3个骆驼养殖合作社真菌门分类水平种类包括子囊菌门（*Ascomycota*，63.9%）、担子菌门（*Basidiomycota*，35.9%）、壶菌门（*Chytridiomycota*，0.13%）和毛霉菌门（*Mucoromycota*，0.04%）；由图4B可见，属分类水平种类Top 10物种为顶孢菌属（*Acrogenospora*）、毛孢子菌属（*Trichosporon*）、曲霉属（*Aspergillus*）、角质丝孢菌属（*Cutaneotrichosporon*）、枝孢属（*Cladosporium*）、座壳孢属（*Aschersonia*）、马拉色菌属（*Malassezia*）、附球菌属（*Epicoccum*）、威氏酵母属（*Vishniacozyma*）、棒束孢属（*Clonostachys*）。3个合作社优势菌门均为子囊菌

门，其次为担子菌门。YT合作社优势菌属为曲霉属，其次为毛孢子菌属；ZH合作社优势菌属为顶孢菌属，其次为角质丝孢菌属；RT合作社优势菌属为毛孢子菌属，其次为枝孢属。

2.6 骆驼养殖合作社环境中主要微生物组成

通过对3个骆驼养殖合作社环境样本真菌ITS1的分析，根据各组中不同分类层级的相对丰度情况，筛选出Top 10物种。由图5A可见，真菌门水平为子囊菌门（*Ascomycota*，96.9%）、担子菌门（*Basidiomycota*，2.7%）、兽疫菌门（*Zoopagomycota*，0.31%）、毛霉菌门（*Mucoromycota*，0.02%）、壶菌门（*Chytridiomycota*，0.01%）。由图5B可见，属水平上TOP 10菌属的群落结构分布情况，为曲霉属（*Aspergillus*）、座壳孢菌属（*Aschersonia*）、顶孢菌属（*Acrogenospora*）、毕赤酵母（*Komagataella*）、链格孢属（*Alternaria*）、费尔马尼菌（*Fairmania*）、踝节菌属（*Talaromyces*）、茎点霉属（*Phoma*）、马拉色菌属（*Malassezia*）、木霉属（*Trichoderma*）。环境组中饲料的优势菌属是座壳孢属（*Aschersonia*），饲草的优势菌属是曲霉属（*Aspergillus*），垫土的优势菌属是顶孢菌属（*Acrogenospora*）。YT合作社环境样本中优势菌属为曲霉属（*Aspergillus*），其次为毕赤酵母属（*Komagataella*）；ZH合作社优势菌属为曲霉属

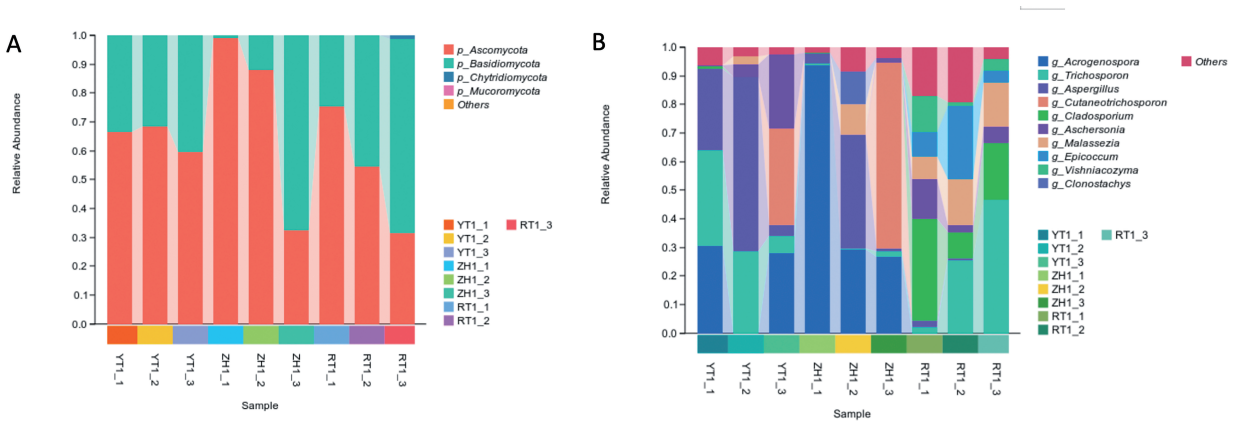


图 4 3 个骆驼养殖合作社原料奶物种相对丰度图
Figure 4 Relative Abundance of Raw Milk Species in 3 Camel Breeding Cooperatives

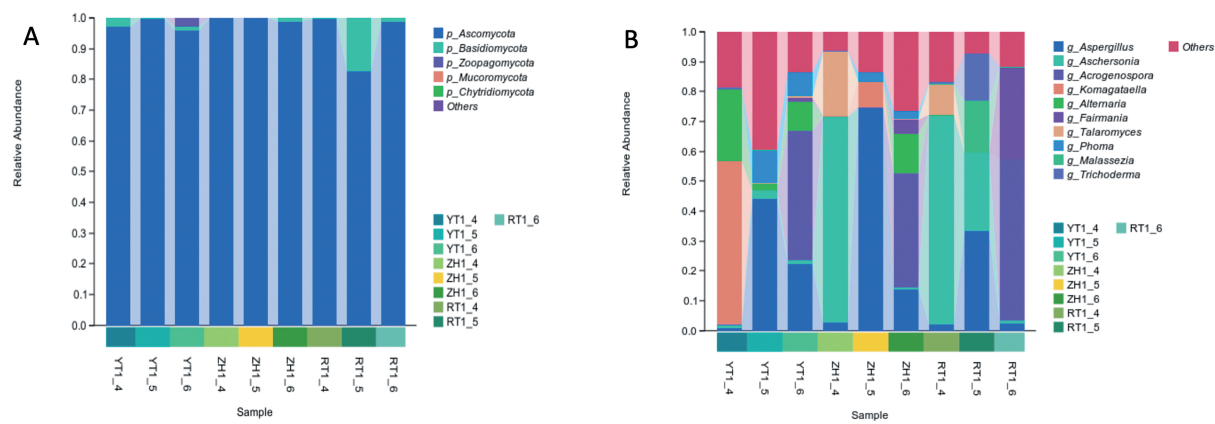


图 5 3 个骆驼养殖合作社环境样本物种相对丰度图
Figure 5 Relative Abundance Map of Species in the Environmental Samples of 3 Camel Breeding Cooperatives

(*Aspergillus*)，其次为座壳孢属 (*Aschersonia*)；RT 合作社优势菌属为座壳孢属 (*Aschersonia*)，其次为顶孢菌属 (*Acrogenospora*)。

3 讨论

本研究针对双峰驼原料奶及环境样本，采用高通量测序技术，结合真菌ITS1区的扩增，ITS1测序共获得4 580 307 条有效序列，74 227 个ASVs，从这些序列中共检测到6 个真菌门，396 个真菌属。通过Simpson指数分析可知，驼乳及环境样本中均含有高度多样性的真菌。进一步结合不同合作社的物种多样性数据具体分析，原料奶样本中，YT合作社优势菌属为曲霉属，其次为毛孢子菌属；ZH合作社优势菌属为顶孢菌属，其次为角质丝孢菌属；RT合作社优势菌属为毛孢子菌属，其次为枝孢属。环境样本中，YT合作优势菌属为曲霉属，其次为毕赤酵母属；ZH合作社优势菌属为曲霉属，其次为座壳孢属；RT合作社优势菌属为座壳孢属，其次为顶孢菌属。

在原料奶中，青霉属 (*Penicillium*)、曲霉属、枝孢属等霉菌可有效促进蛋白质和脂肪分解^[13]，而在奶酪腐败过程中，除上述三属外，链格孢属和蹼节菌属等霉菌也常被报道为主要腐败菌^[14]，Bernardi等^[15]研究进一步发现，曲霉属和青霉属不仅常引发乳制品与肉制品腐败，其中曲霉属还是重要的脂肪

酶来源，能高效水解甘油三酯^[16]。在酵母菌方面，研究表明毛孢子菌属包含丝孢酵母 (*Trichosporon*) 与阿萨希酵母 (*Asahi yeast*)，后者广泛存在于生驼乳中且可从多处环境中分离，具有强大的蛋白水解与脂解活性^[17]，本研究中毛孢子菌属为优势菌属，这一结果与朱丽等^[18]在牛乳中的研究结论一致。此外，芦文娟等^[19]对原料奶真菌的研究显示，库德毕赤酵母 (*Pichia kudriavzevii*) 和发酵毕赤酵母 (*Pichia fermentans*) 是原料奶中的主要酵母菌，这类毕赤酵母作为甲基营养型酵母，具备高效分泌异源蛋白、生长速度快、拥有翻译后修饰能力及基因表达稳定等特性^[20]。王新月^[21]研究发现真菌可通过糖酵解分解糖类，产生风味物质，还参与甘油酯代谢，分泌酶类生成多种代谢产物，这些是影响乳制品风味的关键因素。值得注意的是，本研究还在驼乳及垫土中发现了顶孢霉属这一优势菌属。现有研究表明，将顶孢霉属（如地顶孢霉）培养物添加至奶牛日粮，可多维度作用于乳及乳制品，提升乳中风味物质、维生素A/E、氨基酸及乳蛋白、乳糖含量，增加产奶量，同时降低乳中体细胞数与无乳链球菌等病原菌含量，对驼乳品质、安全性和产量均有积极作用^[22, 23]，本研究发现该菌属在垫土与驼奶中的分布呈负相关。Fuchs等^[24]指出，角质丝孢菌属是当前极具潜力的真菌，能高效积累细胞内脂质，并可持续利用低成本碳源。座壳孢菌作为一类应用

广泛的昆虫病原真菌，通常寄生在植物表面或植物丛中的幼虫上，侵染害虫时会产生酯酶、脂肪酶等水解酶^[25]，然而目前尚无该菌属存在于乳品中的相关报道。此外，马拉色菌属、威氏酵母属等菌属也具有分解蛋白质与脂肪的能力。马拉色菌属为亲脂性酵母菌，主要定居于头皮、乳房等皮脂丰富区域，多数依赖外源脂肪酸生存，且能产生脂肪酶、磷脂酶、酯酶等大量脂解酶^[26]。Rampanti等^[27]发现，威氏酵母属可在低温环境下生长，并通过分泌杀手毒素及多种水解酶发挥作用。综上所述，双峰驼原料奶及环境样本中存在部分酵母菌与霉菌，在适宜条件下会迅速繁殖，一方面消耗原料奶及饲草料中的养分，导致其原有营养价值流失，另一方面，这些微生物代谢产生的毒素等有害物质会使原料奶出现异味、变质等问题，最终威胁食用者的健康。

本研究发现，驼乳中存在的部分真菌在养殖环境中也有检出，包括顶孢霉属、曲霉属、座壳孢菌属、马拉色菌属，但另有部分真菌（如毛孢子菌属、角质丝孢菌属、枝孢属、附球菌属、威氏酵母属、棒束孢属）仅存在于驼乳中，未出现在环境样本的TOP 10真菌名录内。同时，环境组还检测出大量其他真菌分类单元，这些单元在驼乳中并未检出。进一步分析显示，驼乳组与环境组的真菌多样性存在显著统计学差异，与驼乳组相比，环境组的真菌多样性差异显著（ $P < 0.05$ ），且不同采样点的真菌群落结构存在一定差异，其菌群结构与丰度均表现出明显不同。上述结果表明，骆驼养殖场环境及挤奶厅的环境卫生状况与驼乳真菌组成紧密相关，环境中的真菌可能通过气溶胶污染泌乳骆驼，进而对驼乳品质产生影响。

4 结论

本研究选取3个骆驼养殖合作社，采集不同部位原料奶、饲料、饲草、垫土的18组样本开展真菌多样性分析。结果显示，3个骆驼养殖合作社的样本中真菌多样性显著，且各合作社优势菌属存在明显差

异，原料奶中检出的部分霉菌属与酵母菌属，具备分解蛋白质和脂肪的能力，易导致驼乳风味劣变、营养流失。进一步分析发现，驼乳样本与养殖环境样本的真菌群落分布存在差异，不同采样点的菌群结构亦有区别，且部分真菌在两者中均有检出，这表明养殖场及挤奶厅环境卫生与驼乳真菌组成紧密相关，环境真菌或通过气溶胶污染驼乳。为保障驼乳品质，需加强环境卫生管理，定期更换或消毒垫土，减少有害真菌的滋生，严格清洁、消毒挤奶设备，保持通风良好，降低空气中真菌气溶胶浓度，定期检测养殖环境及驼乳真菌，及时防控。

5 展望

随着驼乳的营养价值被广泛认可，其产业规模持续扩张，真菌污染防控已成为保障产品品质与安全的核心环节。未来，可借助宏基因组学与生物信息学技术，深入解析驼乳真菌群落功能，明确其在驼乳物质代谢如乳糖分解、蛋白质转化等环节的作用，以洞悉其对驼乳品质的影响。运用实时荧光定量PCR等技术，对常见产毒真菌开展毒素基因筛查，评估潜在风险，为完善驼乳质量安全标准提供依据。同时，研究季节、养殖区域等环境因素对驼乳真菌群落结构与功能的影响，建立关联模型，助力优化养殖挤奶条件、防控污染。

参考文献

- [1] Shephard, G.S. Impact of mycotoxins on human health in developing countries[J]. Food Additives & Contaminants, 2008, 25 (2): 146-151.
- [2] Garnier L, Valence F, Mounier J. Diversity and control of spoilage fungi in dairy products: an update[J]. Microorganisms (Basel), 2017, 5 (3): 42.
- [3] Delavenne E, Cliquet S, Trunet C, et al. Characterization of the antifungal activity of *Lactobacillus harbinensis* K.V9.3.1.Np and *Lactobacillus rhamnosus* K. C8.3.11 in yoghurt[J]. Food Microbiology, 2015 (45): 10-17.
- [4] 刘继超, 宋思青, 胡聚峰, 等. 污染原料乳的微生物多样性和溯源研究[J]. 中国乳品工业, 2025 (8): 39-44.
- [5] Garnier, L.; Valence, F.; Mounier, J. Diversity and Control of Spoilage Fungi in Dairy Products: An Update[J].

- Microorganisms (Basel), 2017, 5 (3): 42.
- [6] El-Kadi S M, Habib A A, Elfadaly H, et al.Role of Fungal Enzymes in the Biochemistry of Egyptian Ras Cheese during Ripening Period[J].Open Access Library Journal, 2015, 2 (8): 1819-1832.
- [7] 李丹蕾, 孔夏冰, 于悦, 等.驼乳营养成分分析与真实性鉴别研究进展[J].食品科学, 2025 (10): 346-357.
- [8] 潘伊微, 李文, 罗生金.骆驼奶的营养价值与保健功能研究进展[J].黑龙江动物繁殖, 2024, 32 (5): 41-46.
- [9] 赵恒, 陈富安, 赵慧君, 等.不同地区花色腐乳真菌多样性分析[J].中国调味品, 2022, 47 (10): 57-61
- [10] Quintana Á Rafael, Perea J M, García-Béjar B, et al.Dominant Yeast Community in Raw Sheep' s Milk and Potential Transfers of Yeast Species in Relation to Farming Practices[J].Animals (Basel), 2020, 10 (5): 906.
- [11] 霍路曼, 张晓利, 陈彦丽, 等.生鲜乳样品及环境中微生物多样性研究[J].中国乳品工业, 2024, 52 (10): 43-46, 63.
- [12] Zhang Y, Xu J, Ding F, et al.Multidimensional profiling indicates the shifts and functionality of wheat-origin microbiota during high-temperature Daqu incubation[J].Food Research International, 2022 (156): 111191.
- [13] Quigley L, O'Sullivan O, Stanton C, et al.The complex microbiota of raw milk[J].FEMS Microbiology Reviews, 2013, 37 (5): 664-698.
- [14] Kandasamy S, Park W S, Yoo J, et al. Characterisation of fungal contamination sources for use in quality management of cheese production farms in Korea[J].Animal Bioscience, 2020, 33 (6): 1002-1011.
- [15] Bernardi A O, Stefanello A, Garcia M V, et al.The control of cheese and meat product spoilage fungi by sanitizers: In vitro testing and food industry usage[J].Food Science & Technology, 2021 (144): 111204.
- [16] 邵泽远, 王舒淇, 刘德江,等.一株产脂肪酶真菌的筛选、培养条件优化及脂肪酶结构特征[J].微生物学报, 2025, 65 (10): 4472-4487.
- [17] Ider S, Belguesmia Y, Coucheney F, et al.Impact of seasonality and environmental conditions on yeast diversity from camel's milk collected in Algeria[J].Archives of Microbiology, 2019, 201 (3): 399-407.
- [18] 朱丽, 刘玮, 何宇星, 等.赤峰市巴林右旗地区乳及传统发酵乳制品中真菌多样性及其功能预测分析[J].现代食品科技, 2025, 41 (9): 86-94.
- [19] 芦文娟, 李宝坤, 卢士玲, 等.新疆塔城牧区原料乳中酵母菌的分离鉴定[J].食品与生物技术学报, 2018, 37 (12): 1284-1291.
- [20] Barone G D, Emmerstorfer-Augustin A, Biundo A, et al.Industrial Production of Proteins with Pichia pastoris—Komagataella phaffii[J]. Biomolecules (Basel, Switzerland), 2023, 13 (3): 441.
- [21] 王新月.青海地区自然发酵酸牦牛奶风味成分及真菌多样性分析[D].天津: 天津科技大学, 2023.
- [22] 刘辉放, 何志敏, 孙守江, 等.地顶孢霉培养物在提高牛乳营养和风味口感中的应用[J].中国乳业, 2017 (5): 43-46.
- [23] 李洋, 窦秀静, 王一臻, 等.地顶孢霉培养物对奶牛体细胞数与乳中病原菌的影响[A]中国奶业协会.第七届中国奶业大会论文集[C].哈尔滨: 东北农业大学动物科学技术学院, 2016.
- [24] Fuchs T, Melcher F, Rerop Z S, et al.Identifying carbohydrate-active enzymes of Cutaneotrichosporon oleaginosus using systems biology[J].Microbial Cell Factories, 2021, 20 (1): 205-218.
- [25] 涂洁.座壳孢菌酯酶和脂肪酶的纯化及酶学性质的研究[D].福州: 福建农林大学, 2014.
- [26] Corzo-León D E, MacCallum D M, Munro C A.Host Responses in an Ex Vivo Human Skin Model Challenged With Malassezia sympodialis[J].Frontiers in Cellular and Infection Microbiology, 2021 (10): 561382.
- [27] Rampanti G, Ferrocino I, Harasym J, et al. Queijo Serra da Estrela PDO Cheese: Investigation into Its Morpho-Textural Traits, Microbiota, and Volatilome[J].Foods, 2022, 12 (1): 169.