

目次

畜牧科学

- 中国美利奴母羊初生重及羊毛产量相关性状遗传参数估计…………… 王嘉俊,岳成广,唐丽苹,等(1)
- 周岁吐鲁番黑羊产肉性能分析 …………… 张云云,滕文,宋楠楠,等(9)
- 德新肉用细毛羊种质特性研究 …………… 刘建新,全凯丽,吕雪峰,等(15)
- 基于转录组分析技术筛选骆驼产奶性状相关基因 …………… 刘莉,李永青,操礼军,等(22)

动物医学

- 牛结核病及牛分枝杆菌疫苗研究进展 …………… 罗鹏飞,吕双燕,李鑫,等(31)
- 三种布鲁氏菌病检测技术在骆驼群体中的适用性比较研究 …………… 车凤琴,丁克奇,任明,等(38)
- 哈密市羊布鲁氏菌病群间传播风险因素病例对照研究 …………… 范冰洁,张国新,艾日登才次克,等(44)
- 哈密市某区县羊布鲁氏菌病群体血清流行率横断面调查 …………… 张晓晓,张国新,张志新,等(50)

畜牧经济

- 2025年上半年新疆羊产业形势分析及下半年预测 …………… 刘娜娜,森巴提·叶尔兰,刘燊,等(58)
- 文化产业高质量发展视域下畜牧文化资源活化利用的路径分析…………… 陈俊科,李敬,王娇,等(65)

期刊基本参数:CN 65-1108/S*1980*b*A4*74*zh*P*12.00*1000*10*2025*05

本刊声明

- 1、本刊发表文章所阐述观点,除有特别注明外,均为作者个人看法,不代表主管部门、主办单位和本刊意见。
- 2、凡被本刊刊发稿件,均已向国内外用户提供网络信息服务,其所属文章著作权使用费包含在本刊支付的稿酬中,特此声明。

MAIN CONTENTS

Estimation of Genetic Parameters of Traits Related to Birth Weight and Wool Production of Chinese Merino Sheep	WANG Jiajun, YUE Chengguang, TANG Liping, et al(1)
Analysis of Meat Production Performance of One-year-old Turpan Black Sheep.....	ZHANG Yunyun, TENG Wen, SONG Nannan, et al(9)
Germplasm Characteristics of German-Xinjiang Meat Fine-wool Sheep.....	LIU Jianxin, QUAN Kaili, LV Xuefeng, et al(15)
Screening of Camel Milk Production-Related Genes Based on Transcriptome Sequencing.....	LIU Li, LI Yongqing, CAO Lijun, et al(22)
Research Progress on Bovine Tuberculosis and Mycobacterium bovis Vaccines.....	LUO Pengfei, LV Shuangyan, LI Xin, et al(31)
Comparative Analysis on Three Detection Techniques for Brucellosis in Camel Populations.....	CHE Fengqin, DING Keqi, REN Ming, et al(38)
Case-Control Study on Risk Factors for Inter-Herd Transmission of Ovine Brucellosis in Hami City, Xinjiang...	FAN Bingjie, ZHANG Guoxin, AIRDENGCAI CIKE, et al(44)
Cross-Sectional Survey on the Seroprevalence of Brucellosis in Sheep Flocks in a District/County of Hami City...	ZHANG Xiaoxiao, ZHANG Guoxin, ZHANG Zhixin, et al(50)
Analysis of the Sheep Industry Situation in Xinjiang for the First Half of 2025 and Predictions for the Second Half	LIU Nana, SENBATE·Yerlan, LIU Shen, et al(58)
Path Analysis for the Vitalized Utilization of Animal Husbandry Cultural Resources under the Perspective of High-Quality Development of the Cultural Industry	CHEN Junke, LI Jing, WANG Jiao, et al(65)

10.16863/j.cnki.1003-6377.2025.05.001

中国美利奴母羊初生重及羊毛产量 相关性状遗传参数估计

王嘉俊^{1,2},岳成广^{1,2},唐丽苹^{1,3},马海叶²,谢梦婉³,刘璇²,张彦威^{1,3},郑培宇^{1,3},张倩雯^{1,2},李婧平²,宋楠楠^{1,3},李忠慧²,于丽娟³,李文蓉^{2*},狄江^{3*}

(1.新疆农业大学动物科学学院,乌鲁木齐 830052;2.新疆畜牧科学院生物技术研究所/

农业农村部草食家畜遗传育种与繁殖重点实验室/新疆动物生物技术重点实验室,乌鲁木齐 830026;

3.新疆畜牧科学院畜牧研究所/新疆绒毛用羊遗传育种与繁殖实验室/农业农村部

畜禽资源羊评价利用重点实验室,乌鲁木齐 830011)

摘要:【目的】利用ASREML软件对新疆巩乃斯种羊场中国美利奴母羊的8个羊毛产量相关性状遗传参数进行估计,为完善中国美利奴羊选育方案提供依据。【方法】对2022—2023年新疆巩乃斯种羊场1530只母羊的初生重(BW)及其周岁剪毛后体重(BWAS)、污毛重(GFW)、羊毛自然长度(WL)、羊毛伸直长度(WSL)、羊毛伸直率(SR)、羊毛污染层厚度(TCL)和污染层占毛长比率(RCLWL)等性状,利用育种档案构建亲缘关系矩阵;利用ASREML软件中的多性状动物模型,估计中国美利奴母羊共8个性状的遗传力、遗传相关和表型相关。【结果】研究发现,试验群体母羊的初生重及周岁羊毛产量相关性状的遗传力范围分别为 0.049 ± 0.075 ~ 0.826 ± 0.126 。本研究首次估计了中国美利奴母羊的SR、TCL、RCLWL性状的遗传参数,所估计的遗传力分别为 0.671 ± 0.125 、 0.659 ± 0.132 和 0.826 ± 0.129 ,均属于高遗传力;同时,TCL与RCLWL之间呈较高的正遗传相关。GFW与WL、WSL和SR之间呈较高的正遗传相关;WL与TCL和RCLWL之间呈正遗传相关。WL与WSL之间呈较高的正表型相关;RCLWL与WSL和SR之间呈较高的负表型相关,TCL与RCLWL之间呈较高的正表型相关。【结论】本研究对中国美利奴母羊的羊毛产量相关性状进行了遗传参数估计。利用多性状模型所估计的SR、TCL以及RCLWL性状呈现出高遗传力,GFW与WL、WSL和SR之间呈较高的正遗传相关,WL与TCL和RCLWL之间呈正遗传相关,TCL与RCLWL之间呈现较高的正表型相关,上述研究结果为中国美利奴羊的进一步选育工作提供借鉴。

关键词:中国美利奴母羊;羊毛产量相关性状;遗传参数;多性状模型

中图分类号:S826

文献标识码:A

文章编号:1003-6377(2025)05-001-08

中国美利奴羊是我国主要的细毛羊品种,持续提升羊毛品质和产量以满足国内外市场需求,一直是细毛羊育种研究和实践的重点。遗传参数估计是选种选育的基础,准确估计中国美利奴羊的初生重及羊毛产量相关性状的遗传参数,能为进一步确定更有效的选择标准和选育方法提供依据。

基金项目:国家重点研发计划项目(2021YFD1200901)

作者简介:王嘉俊(1998-),男,硕士,主要从事动物遗传育种研究工作。E-mail:wangjj1815@163.com

通信作者:李文蓉(1969-),女,博士,研究员,主要从事动物遗传育种研究工作。E-mail:xjlwr@126.com

狄江(1969-),男,博士,研究员,主要从事动物遗传育种研究工作。E-mail:dijiang69@163.com

收稿日期:2025-06-06,修回日期:2025-08-16

在羊毛性状遗传参数估计方面,国内外细毛羊育种工作者利用不同软件和方法做了大量的研究工作,这些研究主要集中在羊毛平均纤维直径、羊毛弯曲度、毛细度评分、羊毛长度、剪毛量等性状方面^[1-6],且多采用单性状或多性状动物模型最大似然法(REML)进行遗传参数估计。遗传参数具有不同群体、不同选育阶段的特殊性,准确估计中国美利奴羊现阶段主要选择性状的遗传参数,掌握其遗传变化规律,既是细毛羊育种的一项重要基础性工作,也是有效提高细毛羊综合品质的迫切需要。

本研究对中国美利奴母羊共计8个羊毛产量相关性状,构建多性状动物模型,对2022—2023年中国美利奴母羊的初生重与羊毛产量相关性状,利用ASREML软件获得遗传参数估计值。其中,羊毛伸直率、羊毛污染层厚度和污染层占毛长比率性状是在中国美利奴母羊中首次进行研究。研究结果为中国美利奴羊群体后续选育工作在目标性状精准选择、制定更高效选择方法与标准方面,提供了坚实的理论基础与科学依据。

1 材料与方法

1.1 动物来源与数据采集

本研究所用母羊均来自新疆巩乃斯种羊场中国美利奴羊的育种核心群。2022—2023年间的周岁母羊共计1530只,它们均为79只公羊的后代。羊群采用冬季舍饲、夏季放牧的饲养方式。采用人工授精的方式进行配种,配种期为每年的8—10月,产羔季节为次年1—3月,剪毛季节为每年5月。每年3月底至4月初进行周岁母羊个体鉴定。

1.1.1 试验母羊的羊毛样本采集方法

在羊只躯体左侧体中线上方,肩胛骨后缘一掌位置进行羊毛采集,采集面积约为3 cm × 3 cm的羊毛样本10 g,使用密封袋进行保存,记录羊只个体编号。

1.1.2 试验母羊的表型性状数据

剪毛后体重:羊只经过剪毛后所测量得到的体重。

污毛重:将羊只全身的羊毛全部剪下未经清洗、除杂等处理,带有杂质和污垢的羊毛重量。

羊毛自然长度:每份羊毛样本取10小束测量后取其均值并记录。使羊毛处于自然状态下,测量纤维未经拉伸、卷曲,未受到破坏,沿毛丛轴线所得到的自然长度。测量标准按照国家相关标准(GB/T 6976—2007)的毛丛自然长度执行。

羊毛伸直长度:每份羊毛样本取10小束进行测量取其均值并记录,将样本置于黑色绒布上,测量羊毛纤维经过拉伸,直到羊毛纤维的弯曲刚好消失时的羊毛长度,即羊毛伸直长度。

羊毛污染层厚度测量方法:每个个体样本取10小束,将试验羊毛样本置于黑色绒布上,使其处于自然状态下,利用直尺测量羊毛受到污染点开始至毛尖所得到的距离。

污染层占毛长比率:测量得到的羊毛污染层厚度与羊毛自然长度的比值。计算公式为:污染层占毛长比率=羊毛污染层厚度/羊毛自然长度×100%。

针对出生日期以及鉴定采样和剪毛时间的不同,建立校正日龄线性回归方程,将性状校正到相同日龄;将测量的剪毛后体重、污毛重校正至15月龄(15 M);将测量的羊毛自然长度、羊毛伸直长度和羊毛污染层厚度校正至14月龄(14 M)。

1.2 统计模型与分析工具

1.2.1 数据校正

应用R软件的线性回归对剪毛后体重、污毛重、羊毛长度进行校正,校正后的数据用于遗传参数估计。母羊个体间从出生到鉴定、剪毛时羊毛和体重生长时间不同,建立相关性状的生长日龄校正

方程,通过决定系数 R^2 判断模型拟合程度。

针对中国美利奴羊不同生长时间,校正日龄线性回归方程为:

$$Y=a+bX$$

式中, Y 为校正后各性状的观察值向量; a 为系数; b 为截距; X 为生长日龄。

1.2.2 固定效应划分

根据羊群饲养管理实际,将影响母羊的固定效应划分为群别、出生类别、年份、出生季节。群别划分为9个水平(1、2、3、4、5、6、7、8、9号群);出生类别划分为2个水平(1为单羔、2为双羔);年份划分为2个水平(1为2022年、2为2023年);出生季节划分为2个水平(1为冬季、2为春季)。利用SAS软件进行固定效应分析;用 F 检验进行显著性检验。其中,固定效应分析模型如下:

$$Y_{ikst}=\mu+b_i+n_k+l_x+m_t+e_{ikst}$$

式中, Y 为性状的观测值; μ 为总体均值; b_i 为群别中的第 i 个水平效应; n_k 为产羔季节的第 k 个水平效应; l_x 为出生类别的第 x 个水平效应; m_t 为鉴定年份的第 t 个水平效应; e_{ikst} 为随机残差效应。

1.2.3 遗传参数估计

利用多性状动物模型,运用约束最大似然法(REML)结合R语言软件中R包“ASReml”进行遗传参数估计;采用LRT检验对估计遗传力进行准确性检验;利用LRT检验对遗传相关和表型相关进行显著性检验。

遗传参数估计模型如下:

$$y=Xb+Za+e$$

$$\text{多性状动物模型矩阵形式: } \begin{bmatrix} y_1 \\ y_2 \\ y_3 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X_1 & 0 & 0 \\ 0 & X_2 & 0 \\ 0 & 0 & X_3 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} b_1 \\ b_2 \\ b_3 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} Z_1 & 0 & 0 \\ 0 & Z_2 & 0 \\ 0 & 0 & Z_3 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} a_1 \\ a_2 \\ a_3 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} e_1 \\ e_2 \\ e_3 \end{bmatrix}$$

式中, y 为各性状的表型观测值向量; b 为固定效应向量; a 为个体加性遗传效应向量; X 、 Z 分别为性状对应的固定效应,个体加性遗传效应的关系矩阵; e 为随机残差效应向量; a 、 e 分别服从分布 $N(0,\sigma_a^2)$ 、 $N(0,\sigma_e^2)$; σ_a^2 为个体加性效应方差; σ_e^2 为随机环境残差效应方差;表型方差 σ_p^2 为 σ_a^2 与 σ_e^2 之和; A 为构建的亲缘关系矩阵。

$$\text{遗传力: } h^2 = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_p^2}$$

$$\text{遗传相关: } r_a = \frac{\text{cov}(a_1, a_2)}{\sqrt{\sigma_{a1}^2 \sigma_{a2}^2}}$$

$$\text{表型相关: } r_p = \frac{\text{cov}(p_1, p_2)}{\sqrt{\sigma_{p1}^2 \sigma_{p2}^2}}$$

式中, $\text{cov}(a_1, a_2)$ 为 a_1, a_2 的加性遗传效应协方差; $\text{cov}(p_1, p_2)$ 为 p_1, p_2 的表型协方差; $\sigma_{a1}^2, \sigma_{a2}^2$ 为 a_1, a_2 加性遗传方差; $\sigma_{p1}^2, \sigma_{p2}^2$ 为 p_1, p_2 表型方差。

2 结果与分析

2.1 中国美利奴母羊的不同生长日龄校正方程

针对出生日期以及鉴定采样和剪毛时间的不同,建立校正日龄线性回归方程,将性状校正到相同日龄。运用R软件对中国美利奴母羊建立了相关性状的生长日龄校正方程,通过决定系数 R^2 判断模型拟合程度。见表1。

表1 中国美利奴母羊的不同生长性状日龄校正方程

性状	校正方程	R ²
剪毛后体重(15M)	$Y=38.40 + 0.027X$	0.802
污毛重(15M)	$Y=3.11 + 0.036X$	0.822
自然长度(14M)	$Y=9.43 + 0.06X$	0.972
伸直长度(14M)	$Y=11.65 + 0.07X$	0.868
污染层厚度(14M)	$Y=3.91 + 0.08X$	0.893

2.2 中国美利奴母羊的羊毛性状描述性统计

中国美利奴母羊的初生重(BW)、周岁剪毛后体重(BWAS)、污毛重(GFW)、羊毛自然长度(WL)、羊毛伸直长度(WSL)、羊毛伸直率(SR)、羊毛污染层厚度(TCL)、污染层占毛长比率(RCLWL)等性状的变异系数在8.88%~25.80%之间。见表2。

表2 中国美利奴母羊的初生重与周岁羊毛性状描述性统计

性状	样本数	均值	标准差	最小值	最大值	变异系数/%
BW/kg	906	3.49	0.31	1.90	4.40	8.88
BWAS/kg	884	38.43	6.75	23.98	64.12	17.56
GFW/kg	884	3.53	0.75	1.32	6.72	21.25
WL/cm	1 048	9.42	0.93	7.62	12.88	9.87
WSL/cm	1 048	11.65	1.15	9.12	16.76	9.87
SR/%	1 529	24.65	6.36	8.95	50.52	25.80
TCL/cm	1 047	5.01	1.19	2.21	8.58	23.75
RCLWL/%	1 529	56.47	10.82	22.70	82.25	19.16

2.3 中国美利奴母羊的固定效应分析

中国美利奴母羊的遗传力估计模型中,8个性状均将群别、出生季节、年度作为固定效应;除WL、WSL、SR外,其余5个性状将出生类别作为固定效应。见表3。

表3 中国美利奴母羊的各性状非遗传因素最小二乘分析

项目	BW	BWAS	GFW	WL	WSL	SR	TCL	RCLWL
群别	***	***	***	***	***	***	***	***
出生季节	***	***	***	***	**	**	***	***
出生类别	***	***	***				***	**
年度	*	***	***	**	***	***	***	***

注:“*”表示显著性为 $P<0.05$,“**”表示显著性为 $P<0.01$,“***”表示显著性为 $P<0.001$,下同。

2.4 中国美利奴母羊的初生重及周岁羊毛产量相关性状遗传力估计

中国美利奴母羊的初生重及周岁羊毛产量相关性状遗传力估计范围在0.049~0.826。其中,BWAS、

GFW属于低遗传力;WL和WSL属于中遗传力;BW、SR、TCL和RCLWL均属于高遗传力。见表4。

表4 中国美利奴母羊的初生重及周岁羊毛性状多性状动物模型遗传力估计结果

性状	σ_e^2	σ_c^2	σ_p^2	$h^2 \pm SE$
BW	0.065	0.019	0.084	0.772 \pm 0.201
BWAS	7.862	31.985	39.847	0.197 \pm 0.125
GFW	0.094	1.815	1.909	0.049 \pm 0.075
WL	0.314	0.528	0.842	0.373 \pm 0.143
WSL	0.334	0.885	1.219	0.274 \pm 0.138
SR	24.521	12.038	36.559	0.671 \pm 0.125
TCL	0.762	0.394	1.156	0.659 \pm 0.132
RCLWL	63.603	13.364	76.967	0.826 \pm 0.129

2.5 中国美利奴母羊性状间的遗传相关与表型相关

中国美利奴母羊的羊毛性状遗传相关范围分别为-0.474~0.850。TCL与RCLWL之间遗传相关性最高;GFW与WL、WSL和SR之间呈较高的正遗传相关;WL与TCL和RCLWL之间呈正遗传相关。表型相关范围分别为-0.424~0.908。TCL与RCLWL之间呈较高的正表型相关;GFW与WL、WSL之间呈较低的正表型相关。见表5。

表5 中国美利奴母羊性状间的遗传相关与表型相关

性状	BW (SE=0.01)	BWAS (SE=0.23)	GFW (SE=0.03)	WL (SE=0.03)	WSL (SE=0.04)	SR (SE=0.04)	TCL (SE=0.16)	RCLWL (SE=0.28)
BW(SE=0.01)		0.063	0.025	-0.005	-0.056	0.010	-0.006	-0.056
BWAS(SE=0.23)	0.491 [*]		0.322 [*]	0.100	0.137	0.096	-0.078	-0.154
GFW(SE=0.03)	0.383 [*]	0.795 ^{***}		0.070	0.065	-0.019	0.016	-0.036
WL(SE=0.03)	0.209 [*]	-0.009	0.587 ^{**}		0.908 ^{***}	0.162	0.517 ^{**}	0.106
WSL(SE=0.04)	0.295 [*]	0.285 [*]	0.699 ^{**}	0.721 ^{***}		0.193	0.351 ^{**}	-0.007
SR(SE=0.04)	0.074	0.682 ^{**}	0.616 ^{**}	0.417 [*]	0.287 [*]		-0.424 [*]	-0.246
TCL(SE=0.16)	-0.238 [*]	-0.411 [*]	-0.013	0.427 [*]	0.155	-0.509 ^{**}		0.800 ^{***}
RCLWL(SE=0.28)	-0.327 [*]	-0.474 [*]	-0.165	0.159	0.010	-0.368 [*]	0.850 ^{***}	

注:下三角为遗传相关,上三角为表型相关。

3 讨论

3.1 中国美利奴母羊的初生重、周岁羊毛产量相关性状的遗传力

遗传力体现了性状表型变异受遗传因素决定的程度。遗传力越高,说明性状所受遗传因素影响越大,受环境因素影响越小^[7]。遗传力的高低决定了育种实践中选种选育的策略制定,直接影响着选育的效果。 $h^2 \geq 0.5$ 为高遗传力, $0.2 \leq h^2 < 0.5$ 为中遗传力, $h^2 < 0.2$ 为低遗传力^[8]。高遗传力性状,直接利用个体表型性状进行选育即可获得较好的遗传进展,而低遗传力性状需利用家系选择、综合选择指数等技术进行选育,以加快遗传进展。

初生重是评定幼龄羔羊生长发育和体况的重要指标,其受遗传、环境和母体环境效应等多种因

素影响^[9]。DIXIT等^[10]、徐新明^[11]和DI J等^[2]得出初生重的遗传力估计值分别为0.23、0.30、0.15,均低于本研究所估计的遗传力。造成这种情况的原因可能是由于各研究使用的遗传力估计方法存在差异,且试验群体也不尽相同,导致遗传力估计值存在偏差。

剪毛后体重对污毛重、胴体重等一系列性状有着重要影响。本研究对周岁中国美利奴母羊剪毛后体重的遗传力估计值为0.197,呈现出低遗传力。张亚军^[6]采用多性状动物模型估计的剪毛后体重的遗传力估计值为0.29,高于本研究结果。造成这种情况的原因可能是不同研究在遗传力估计方法上存在差异,同时各研究的试验群体不同,同一群体在不同选育阶段也有所不同。

污毛重又称羊毛产量,是从羊个体身上剪下的全部羊毛的重量,是影响羊毛产量的主要选择性状之一。本研究污毛重遗传力估计值为0.049,与HAMADANI A等^[12]得出污毛重的遗传力估计值0.05相比较为接近。魏趁等^[5]运用贝叶斯方法得出中国美利奴羊污毛重遗传力估计结果为0.32,努尔比亚·吾布力^[3]利用MTDFREML动物模型方法得出中国美利奴羊污毛重遗传力估计结果为0.31,污毛重遗传力估计值均高于本研究结果,造成这些差异的原因是多方面的,不同遗传力估计方法的原理与特点存在差异,这一特性可能会对污毛重遗传力的估计产生特定影响。

羊毛长度相关性状包括羊毛自然长度、羊毛伸直长度、羊毛伸直率等表型指标。本研究中,羊毛自然长度、羊毛伸直长度等羊毛长度性状的遗传力估计值为0.373、0.274。努尔比亚·吾布力^[3]得出中国美利奴羊羊毛长度遗传力估计值为0.21,DI J等^[2]得出中国美利奴羊羊毛长度性状遗传力估计值为0.32,WEI C等^[1]得出中国美利奴羊羊毛长度遗传力估计值为0.277,李俊年等^[13]和张艳花等^[4]得出中国美利奴羊羊毛长度遗传力估计值为0.42和0.39。前人研究与本研究得出的中国美利奴母羊的羊毛长度遗传力估计值相似。

羊毛伸直率和羊毛污染层厚度是中国美利奴羊研究中较少关注的性状。羊毛伸直率是由测得的羊毛自然长度与羊毛伸直长度经过计算后得到的数值,其不仅能够直接反映羊毛的卷曲程度,也反映着羊毛的拉伸性能^[14]。羊毛污染层厚度是国内细毛羊研究中涉及较少的羊毛性状之一,在同样环境和饲养条件下,羊毛污染层厚度变异与毛丛结构、羊毛密度和被毛闭合性都有着一定的相关性,它不仅决定着羊毛受到外界环境污染的程度,还会影响净毛量。本研究估计的羊毛伸直率和羊毛污染层厚度遗传力结果范围为0.659~0.826,属于高遗传力,可以依据个体表型进行选育。

3.2 中国美利奴母羊的羊毛产量相关性状的遗传相关和表型相关

依据性状间的遗传和表型相关可以为性状的间接选择、性状间平衡选择、不同性状的综合指数等育种方案的制定提供参考。本研究表明,剪毛后体重与污毛重性状的遗传相关为高等相关(0.795),表型相关为中等相关(0.322),与羊毛伸直长度的遗传相关为中等相关(0.285)。与何其宏^[15]、李俊年^[13]等对美利奴羊所做的体重、毛长和污毛重性状间的遗传相关和表型相关都较为接近。根据前人以及本研究发现剪毛后体重与污毛重和羊毛长度均呈较强的正相关,说明各性状之间会互相影响。研究表明,剪毛后体重确实会间接影响污毛重,而污毛重也间接影响着羊毛长度。

污毛重与羊毛自然长度、羊毛伸直长度的遗传相关和表型相关,与ZHAO B R等^[16]对中国美利奴羊所计算的遗传相关均处于一个较强的正遗传相关;在表型相关上,均处于较低的表型相关。孙丽敏等^[17]对乾华肉用美利奴羊所计算出来的遗传相关和表型相关与本研究所计算的结果一致。

羊毛污染层厚度与羊毛自然长度、羊毛伸直长度以及污毛重均具有相关性,可以直接利用羊毛污染层厚度所估计的遗传力对周岁母羊直接进行选择,也可判断羊毛密度和被毛闭合性的好坏。羊毛污染层厚度和净毛率具有一定的相关性,因为净毛率的测定方法较为复杂,可以通过羊毛污染层厚度进行育种选择。

4 结 论

本研究对中国美利奴母羊的初生重及周岁羊毛产量相关性状进行了遗传参数估计。利用多性状模型所估计的SR、TCL以及RCLWL性状呈现出高遗传力,GFW与WL、WSL和SR之间呈较高的正遗传相关,WL与TCL和RCLWL之间呈正遗传相关,TCL与RCLWL性状之间呈现出较高的表型相关,本研究为中国美利奴羊的进一步选育工作提供借鉴。

参考文献

- [1] WEI C, LUO H P, ZHAO B R, et al. The effect of integrating genomic information into genetic evaluations of Chinese merino sheep[J]. *Animals*, 2020, 10(4): 569.
- [2] DI J, ZHANG Y, TIAN K C, et al. Estimation of (co)variance components and genetic parameters for growth and wool traits of Chinese superfine merino sheep with the use of a multi-trait animal model[J]. *Livestock Science*, 2011, 138(1/2/3): 278–288.
- [3] 努尔比亚·吾布力. 应用MTDFREML法和动物模型BLUP对中国美利奴羊(新疆型)遗传参数估计和遗传评定[D]. 乌鲁木齐: 新疆农业大学, 2012.
- [4] 张艳花, 于丽娟, 蒋晓梅, 等. 利用平均信息最大似然法估计中国美利奴羊毛性状遗传参数[J]. *新疆农业科学*, 2016, 53(12): 2344–2352.
- [5] 魏趁, 关鸣轩, 付雪峰, 等. 运用贝叶斯方法估计中国美利奴羊(新疆型)毛用性状及繁殖性状的遗传参数[J]. *畜牧兽医学报*, 2020, 51(7): 1537–1547.
- [6] 张亚军, 赵文生. 用MTDFREML估计中国美利奴羊(新疆型)产毛性状的遗传参数[J]. *中国草食动物*, 2008, 28(1): 8–10.
- [7] 李文静. 某国家生猪核心育种场加系大白母猪繁殖性状遗传参数估计[J]. *国外畜牧学(猪与禽)*, 2024, 44(4): 59–62.
- [8] YANG Y T, GAN M L, YANG X D, et al. Estimation of genetic parameters of pig reproductive traits[J]. *Frontiers in Veterinary Science*, 2023(10): 1172287.
- [9] 张磊. 内蒙古绒山羊角性状与经济性状的遗传规律及候选基因的筛选与鉴定研究[D]. 呼和浩特: 内蒙古农业大学, 2021.
- [10] DIXIT S P, DHILLON J S, SINGH G. Genetic and non-genetic parameter estimates for growth traits of Bharat Merino lambs [J]. *Small Ruminant Research*, 2001, 42(2): 101–104.
- [11] 徐新明, 李彦飞, 付雪峰, 等. 中国美利奴羊(新疆型)初生重的遗传力估计及非遗传因素分析[J]. *中国畜牧兽医*, 2014, 41(6): 168–171.
- [12] HAMADANI A, GANAI N A, KHAN N N, et al. Estimation of genetic, heritability, and phenotypic trends for weight and wool traits in Rambouillet sheep[J]. *Small Ruminant Research*, 2019(177): 133–140.
- [13] 李俊年, 阿扎提. 中国美利奴(新疆型)细毛羊遗传参数的估计[J]. *草食家畜*, 1999(1): 21–23.
- [14] YU H, HURREN C, LIU X, et al. Tensile properties of Australian soft rolling skin wool and conventional merino wool[J]. *Journal of Natural Fibers*, 2022, 19(16): 14620–14633.
- [15] 何其宏, 张凤林, 毛路山, 等. 中国美利奴羊(新疆军垦型)细型、超细型品系主要遗传参数的估测[J]. *草食家畜*, 2001

(增刊1): 59-64.

- [16] ZHAO B R, LUO H P, HUANG X X, et al. Integration of a single-step genome-wide association study with a multi-tissue transcriptome analysis provides novel insights into the genetic basis of wool and weight traits in sheep[J]. *Genetics, Selection, Evolution*, 2021, 53(1): 56.
- [17] 孙丽敏, 杨雨江, 姜怀志, 等. 乾华肉用美利奴羊主要经济性状遗传参数的估计[J]. *中国畜牧杂志*, 2018, 54(3): 37-40.

Estimation of Genetic Parameters of Traits Related to Birth Weight and Wool Production of Chinese Merino Sheep

WANG Jiajun^{1,2}, YUE Chengguang^{1,2}, TANG Liping^{1,3}, MA Haiye², XIE Mengwan³, LIU Xuan², ZHANG Yanwei^{1,3}, ZHENG Peiyu^{1,3}, ZHANG Qianwen^{1,2}, LI Jingping², SONG Nannan^{1,3}, LI Zhonghui², YU Lijuan³, LI Wenrong^{2*}, DI Jiang^{3*}

(1. College of Animal Science, Xinjiang Agricultural University, Urumqi 830052, China; 2. Institute of Biotechnology, Xinjiang Academy of Animal Science/Key Laboratory of Genetics Breeding and Reproduction of Grass-Feeding Livestock of Ministry of Agriculture and Rural Affairs/Xinjiang Key Laboratory of Animal Biotechnology, Urumqi 830026, China; 3. Institute of Animal Sciences, Xinjiang Academy of Animal Science/Xinjiang Laboratory of Genetics Breeding and Reproduction of Cashmere and Wool Sheep/Key Laboratory of Evaluation and Utilization of Livestock and Poultry Resources Sheep, Ministry of Agriculture and Rural Affairs, Urumqi 830011, China)

Abstract: **【Objective】** In order to estimate the genetic parameters of eight wool production-related traits of one-year-old Chinese Merino ewes in Xinjiang Gongnaisi sheep breeding farm using ASREML software, so as to provide a basis for improving the breeding plan of Chinese Merino sheep. **【Methods】** 1 530 ewes in the farm were selected in 2022 to 2023, and data including birth weight (BW) and other 7 yearling traits: body weight after shearing (BWAS)、greasy fleece weight (GFW)、wool length (WL)、wool stretched length (WSL)、stretching rate (SR)、thickness of contaminated layer (TCL) and ratio of contaminated layer to wool length (RCLWL), were analyzed, then the relationship matrix was constructed, and multivariate model in ASREML software was employed to estimate heritability, genetic and phenotypic correlations of the 8 traits. **【Results】** The results showed that the heritability of BW and traits related to wool production of one-year-old ewes were 0.049 ± 0.075 and 0.826 ± 0.126 , respectively. In this study, the genetic parameters of SR、TCL and RCLWL traits in Chinese Merino sheep were estimated for the first time, and the estimated heritability were 0.671 ± 0.125 、 0.659 ± 0.132 and 0.826 ± 0.129 respectively, all belonging to high heritability. Meanwhile, there was a relatively high positive genetic correlation between TCL and RCLWL, as well as GFW and WL、WSL and SR. The WL trait was positively genetically correlated with TCL and RCLWL. In addition, there was a relatively high positive phenotypic correlation between WL and WSL, as well as TCL and RCLWL, while RCLWL showed a relatively high negative phenotypic correlation with WSL and SR. **【Conclusion】** Genetic parameter estimation on the wool production-related traits of the Chinese Merino sheep population were conducted. The SR、TCL and RCLWL traits were estimated to exhibit high heritability through the multivariate model. High positive genetic correlations were observed between GFW and WL、WSL、SR, as well as between WL and TCL、RCLWL. High phenotypic correlations were consistently demonstrated between TCL and RCLWL. Valuable references was provided for the further breeding selection of Chinese Merino sheep.

Key words: Chinese Merino ewe; wool production-related trait; genetic parameter; multivariate model

10.16863/j.cnki.1003-6377.2025.05.002

周岁吐鲁番黑羊产肉性能分析

张云云¹,滕文²,宋楠楠¹,阿米妮古丽·阿不力孜²,玛尔孜娅·亚森²,郑培宇¹,张艳花^{2*},于丽娟^{2*}

(1.新疆农业大学动物科学学院,乌鲁木齐 830052;2.新疆畜牧科学院畜牧研究所/

新疆绒毛用羊遗传育种与繁殖实验室/农业农村部畜禽资源羊评价利用重点实验室,乌鲁木齐 830011)

摘要:【目的】为研究周岁吐鲁番黑羊的产肉性能。【方法】试验选取20只健康的周岁吐鲁番黑羊(母羊、公羊各10只)进行体尺体重与屠宰性能测定,使用Excel 2019软件对收集到的屠宰性能和体尺体重性状数据进行初步处理,随后,利用SPSS 27.01软件进行独立样本 T 检验、皮尔逊相关性分析以及回归分析。【结果】研究结果显示,公羊在尾部和骨骼发育方面具有极显著优势($P<0.01$),其活重与尾长指标也显著高于母羊($P<0.05$);而母羊在胸围、背脂厚和屠宰率方面表现更佳($P<0.05$),尤其是GR值极显著高于公羊($P<0.01$)。构建的回归模型显示,活重每增加1单位,胴体重($y_{\text{胴}}=0.408x+2.431$)、净肉重($y_{\text{净}}=0.349x+0.987$)均呈线性增长,为精准评估个体产肉性能提供了依据。【结论】由此可知,在实际生产过程中,吐鲁番黑羊母羊于12月龄前便呈现出更为突出的育肥潜力与肉质特性。对于吐鲁番黑羊公羊而言,其早期发育主要集中在骨骼生长方面;而母羊的早期发育则主要体现在肌肉生长发育方面。这些研究发认为吐鲁番黑羊品种的遗传改良以及饲养方案的科学制定,提供了重要的理论依据。

关键词:吐鲁番黑羊;体尺体重;屠宰性能;相关性分析;回归分析

中图分类号:S826

文献标识码:A

文章编号:1003-6377(2025)05-0009-06

吐鲁番黑羊,又名托克逊黑羊,主要分布在吐鲁番市托克逊县境内,属肉脂兼用型地方绵羊品种^[1]。从生物学特征来看其具有较强的适应性,能耐高温干旱环境,适合半放牧半舍饲,具有较强的抗病能力和良好的采食性,产肉和产毛性能佳^[2];从食品营养特性来看其肉质鲜美,蛋白质、氨基酸含量高,因此备受消费者青睐。作为托克逊县的主要养殖畜种,目前吐鲁番黑羊存栏量占该县羊存栏总数的90%以上^[3]。近年有研究表明吐鲁番黑羊种公羊的体长、胸围和体高对体重影响较大^[4],但关于周岁吐鲁番黑羊体尺体重性状与屠宰性能的相关性分析还未见报道。本研究选取了周岁的吐鲁番黑羊,通过分析体尺体重性状与屠宰性能的关系,探索其生长规律和产肉性能,并建立线性回归模型。旨在为未来吐鲁番黑羊的品种改良和科学饲养管理提供理论指导。

基金项目:中央引导地方科技发展专项资金项目“羊遗传资源评价与利用实验平台建设”(ZYD2023B10);新疆羊产业技术体系项目(XJAS-4);新疆维吾尔自治区种业提升计划项目(No.XJMQ-1);新疆维吾尔自治区自然科学基金资助项目(No.2022D01A277);吐鲁番市重点研发专项“吐鲁番黑羊核心群选育体系建立及优质肉产品开发”(202316)

作者简介:张云云(2002-),女,本科生,研究方向为动物遗传育种与繁殖。E-mail:2829293017@qq.com

通信作者:张艳花(1976-),女,研究员,研究方向为动物遗传育种与繁殖。E-mail:181103221@qq.com

于丽娟(1986-),女,研究员,研究方向为动物遗传育种与繁殖。E-mail:ylxinjiang120@sina.com

收稿日期:2025-06-16,修回日期:2025-08-17

1 材料与方法

1.1 试验材料

试验选取新疆吐鲁番市托克逊县风城国营牧业有限公司周岁健康吐鲁番黑羊公羊、母羊各10只。待宰羊只宰前24 h禁食、宰前2 h禁水后,称量羊只活重。采用颈动脉放血的方法对羊只进行屠宰,屠宰后去除其皮、头、蹄及内脏(保留肾脏和肾脂),以备后续分析和计算指标。

1.2 测定指标及方法

相关体尺体重指标及屠宰性能测定指标依据中华人民共和国《种羊生产性能测定技术规范》(NY/T 1236—2023)^[5]的测定方法进行计算。其中,净肉重用左半胴体进行测定。体尺体重的测定所用主要工具有软尺、测杖以及磅秤等。相关计算公式如下:

$$\text{屠宰率}/\% = \frac{\text{胴体重}}{\text{宰前活重}} \times 100\%$$

$$\text{净肉率}/\% = \frac{\text{净肉重}}{\text{宰前活重}} \times 100\%$$

$$\text{胴体净肉率}/\% = \frac{\text{净肉重}}{\text{胴体重}} \times 100\%$$

1.3 统计分析

使用Excel 2019软件对收集到的屠宰性能和体尺体重性状数据进行初步处理。随后,利用SPSS 27.01软件进行独立样本 t 检验、皮尔逊相关性分析以及回归分析。研究结果以“平均值 \pm 标准差”的形式呈现。

2 结果与分析

2.1 不同性别周岁吐鲁番黑羊体尺体重性状与屠宰性能的比较

周岁吐鲁番黑羊公羊体重、尾长显著高于母羊($P<0.05$),但其胸围要显著低于母羊($P<0.05$);公羊体高、体长、管围、尾宽高于母羊($P>0.05$)。周岁吐鲁番黑羊母羊的GR值极显著高于公羊($P<0.01$);母羊的背脂厚、屠宰率和净肉率显著高于公羊($P<0.05$);周岁吐鲁番黑羊公羊的尾重、骨重极显著高于母羊($P<0.01$);公羊的宰前活重显著高于母羊($P<0.05$)。见表1、表2。

表1 不同性别周岁吐鲁番黑羊体尺体重性状测定结果

项目	母羊	公羊
体重/kg	33.44 \pm 3.61 ^b	37.76 \pm 3.37 ^a
体高/cm	61.05 \pm 3.39	63.30 \pm 1.34
体长/cm	63.35 \pm 2.73	64.75 \pm 1.87
胸围/cm	87.90 \pm 3.60 ^a	84.40 \pm 2.76 ^b
管围/cm	7.90 \pm 0.21	8.05 \pm 0.44
尾长/cm	34.70 \pm 2.16 ^b	36.70 \pm 1.70 ^a
尾宽/cm	21.40 \pm 1.71	22.80 \pm 2.04

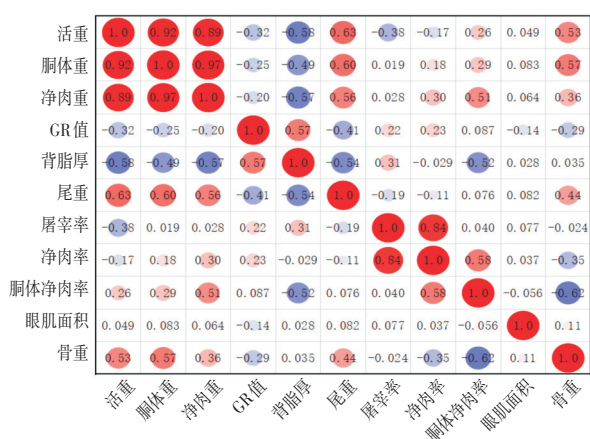
注:同行数据肩标不同大写字母表示差异极显著($P<0.01$),同行数据肩标不同小写字母表示差异显著($P<0.05$),相同字母或无字母表示差异不显著($P>0.05$),下同。

表2 不同性别周岁吐鲁番黑羊屠宰性能测定结果

项目	母羊	公羊
活重/kg	33.44 ± 3.61 ^b	37.76 ± 3.37 ^a
胴体重/kg	16.28 ± 1.79	17.67 ± 1.62
净肉重/kg	12.98 ± 1.64	13.84 ± 1.50
GR值/mm	9.73 ± 1.98 ^A	7.51 ± 1.35 ^B
背脂厚/mm	4.89 ± 0.68 ^a	4.00 ± 1.12 ^b
尾重/kg	1.73 ± 0.30 ^B	2.50 ± 0.34 ^A
屠宰率/%	48.70 ± 1.88 ^a	46.82 ± 1.88 ^b
净肉率/%	38.77 ± 1.73 ^a	36.64 ± 1.73 ^b
胴体净肉率/%	79.61 ± 1.97	78.26 ± 2.50
眼肌面积/cm ²	12.55 ± 4.20	13.37 ± 2.67
骨重/kg	3.30 ± 0.31 ^B	3.83 ± 0.43 ^A

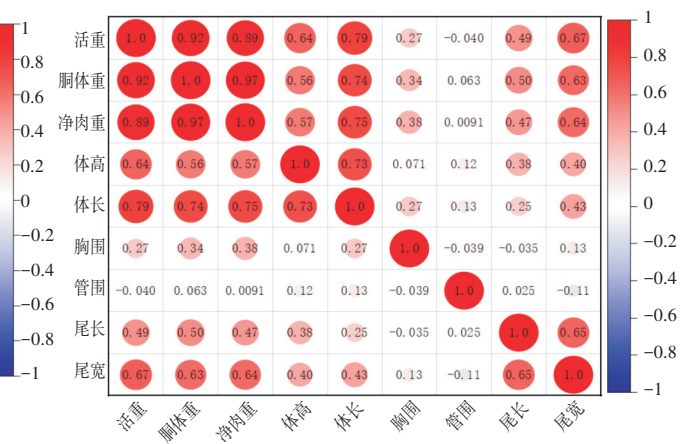
2.2 周岁吐鲁番黑羊屠宰性能与体尺性状的相关性

对所有周岁吐鲁番黑羊进行屠宰性能与体尺性状的相关性分析研究。结果显示,周岁吐鲁番黑羊活重与胴体重、净肉重、尾重呈极显著正相关($P<0.01$);活重与背脂厚呈极显著负相关($P<0.01$);活重与骨重呈显著正相关($P<0.05$)。胴体重与净肉重、尾重和骨重呈极显著正相关($P<0.01$);胴体重与背脂厚呈显著负相关($P<0.05$)。净肉重与背脂厚呈极显著负相关($P<0.01$);净肉重与尾重和胴体净肉率呈显著正相关($P<0.05$)。GR值与背脂厚呈极显著正相关($P<0.01$)。背脂厚与尾重和胴体净肉率呈显著负相关($P<0.05$)。屠宰率和净肉率呈极显著正相关($P<0.01$)。净肉率与胴体净肉率呈极显著正相关($P<0.01$)。周岁吐鲁番黑羊的活重与胴体重、净肉重、体高、体长和尾宽存在极显著的正相关关系($P<0.01$);活重与尾长存在显著的正相关关系($P<0.05$)。胴体重与净肉重、体高、体长和尾宽存在极显著的正相关关系($P<0.01$);胴体重与尾长存在显著的正相关关系($P<0.05$)。净肉重与体高、体长和尾宽呈极显著正相关($P<0.01$);净肉重与尾长呈显著正相关($P<0.05$)。体高和体长呈极显著正相关($P<0.01$)。尾长和尾宽存在极显著的正相关关系($P<0.01$)。见图1、图2。



注:红色代表正相关,蓝色代表负相关;极显著($P<0.01$),绝对值 ≥ 0.4 ;显著($P<0.05$),绝对值 ≥ 0.3 。

图1 周岁吐鲁番黑羊屠宰性能相关性矩阵图



注:红色代表正相关,蓝色代表负相关;极显著($P<0.01$),绝对值 ≥ 0.4 ;显著($P<0.05$),绝对值 ≥ 0.3 。

图2 周岁吐鲁番黑羊屠宰性能与体尺性状相关性矩阵图

2.3 周岁吐鲁番黑羊屠宰性能与体尺性状回归分析

通过采用逐步回归分析方法对周岁吐鲁番黑羊(包括公羊、母羊)的部分性状进行回归分析,分别以胴体重、净肉重作为因变量(y),活重作为自变量(x)进行回归分析。得到的回归方程分别为, $y_{\text{胴}}=0.408x+2.431$ 、 $y_{\text{净}}=0.349x+0.987$,其中活重是屠宰性能的核心预测指标。见图3、表3。

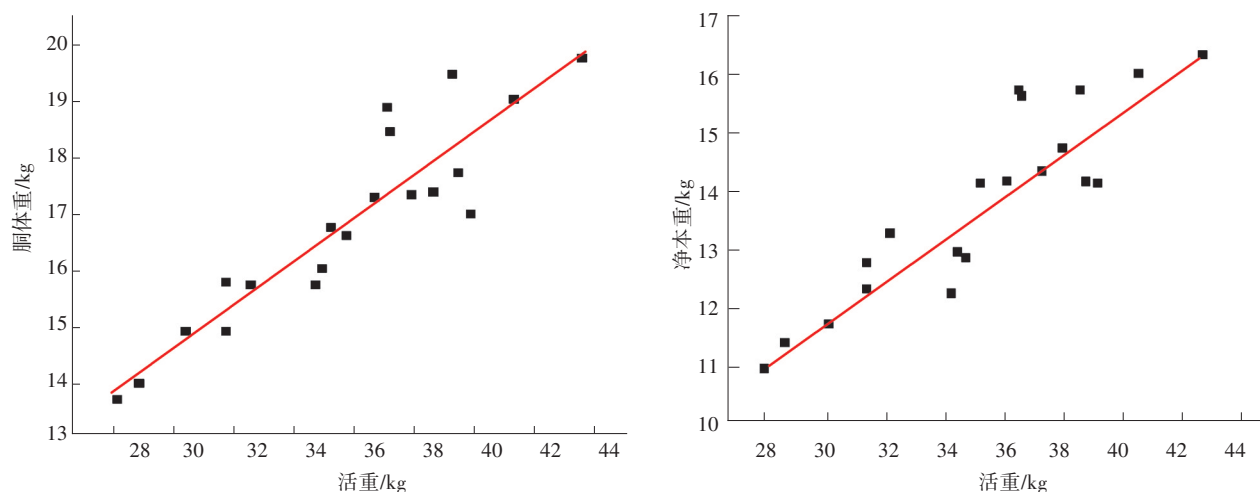


图3 周岁吐鲁番黑羊屠宰性能散点图

表3 周岁吐鲁番黑羊屠宰性能回归分析

性状	回归方程	R^2	P 值
胴体重	$y=0.408x+2.431$	0.842	0.001
净肉重	$y=0.349x+0.987$	0.790	0.001

3 讨论

3.1 不同性别周岁吐鲁番黑羊屠宰性能与体尺性状差异性分析

性别对周岁吐鲁番黑羊的体型和产肉性能有显著影响。与王兆平^[3]等研究相比,本试验的周岁吐鲁番黑羊公羊和母羊屠宰率要高于成年羊的屠宰率。公羊在体重、体高、体长、管围、尾长和尾宽等指标上均高于母羊,但在胸围、GR值、背脂厚、屠宰率、净肉率、胴体净肉率上要低于母羊。这意味着公羊早期生长发育水平虽高于母羊,但母羊在产肉性能和脂肪沉积上要优于公羊。通过性别组别分析,母羊在脂肪沉积上要优于公羊,这些差异揭示了性别会影响脂肪沉积。在未来选择选育上可以通过公羊、母羊各自的特点制定饲养管理的策略和选育标准,从而提升吐鲁番黑羊羔羊早期生长发育速度和饲料利用效率。

3.2 周岁吐鲁番黑羊屠宰性能与体尺性状相关性分析

家畜的体尺测量值是评定其生产效能的关键性参数,这些参数对于甄选和培育优良品种具有重要的参考意义^[6],胸围、体长和体高等是影响绵羊体重的重要因素^[7]。本试验周岁吐鲁番黑羊的体高与活重之间有极显著相关性,说明在绵羊育种中,体高与体重存在增长的同步性,可将其作为早期筛选生长潜力的参考指标,这与巴什拜羊^[8]、凉山黑绵羊^[9]、西藏河谷型绵羊^[10]等羊种的研究结果相似。屠宰性能是衡量家畜经济价值和生产性能的关键指标^[10]。屠宰前活重的增加通常与胴体重的增加呈正相关^[11]。本试验通过对屠宰性能的相关性分析,发现周岁吐鲁番黑羊的活重与胴体重、净肉重和尾宽之间存在极显著的相关性,相关系数分别高达0.92、0.89和0.67,说明活重是影响屠宰性

能的重要指标。动物的生长发育是一个有机整体,各体尺性状又直接影响屠宰性能,体尺参数不仅反映遗传特性对于肉羊生长发育的影响,也反映着在育肥阶段羊只的饲养管理水平,进而间接对肉羊后续的生产性能造成影响^[12]。马诗语^[13]等通过对九疑山兔的研究发现公兔的体重受体长和胸围共同影响,母兔则是受胸围的影响更多;郭小萍^[14]、玛尔孜娅·亚森^[15]等通过对哈萨克羊的研究发现其胸围、体长和体高是影响体重的重要因素,这一结论与金香淑^[16]等对于白萨福克羊和柳俭强^[17]等对于加什科羊的研究结果相似。本研究相关性分析结果表明,周岁吐鲁番黑羊的体高、体长、尾宽、尾长均与活重、胴体重、净肉重呈显著或极显著正相关,表明体型较大的个体屠宰后产肉量更高。在选择选育过程中,对于吐鲁番黑羊的体尺性状要进行综合考虑,应重点关注体高,同时兼顾其他体尺因素,使选择选育达到最佳效果。

3.3 周岁吐鲁番黑羊屠宰性能与体尺性状回归分析

通过建立回归方程,能够实现通过易于测量的性状来预测难以直接测量的性状,可将预测的体尺性状作为育肥的指标,从而提高研究效率并节约资源^[18]。张强龙^[19]采用通径分析发现,欧拉羊公羊体重与胸围、体长、胸深相关,母羊体重则与胸围、体高、体长、胸宽相关,最终回归模型确定胸围和体长为关键预测因子。王欣荣^[20]等通过对甘南草地型藏羊体重与体尺关系的研究发现,体重受胸围和体高的影响。在本研究中,周岁吐鲁番黑羊的活重与胴体重、净肉重之间的回归模型显示, P 值均为极显著,这表明该模型是一个有效的工具,可以基于周岁吐鲁番黑羊的宰前活重预测其胴体重、净肉重^[21]。这些回归模型 R^2 值表明,模型的拟合度比较好,显著性检验结果呈极显著正相关。经过验证,这些回归方程能够有效地用于预测周岁吐鲁番黑羊在屠宰性能方面的初步表现,为周岁吐鲁番黑羊的生产管理提供科学依据。

4 结 论

本研究结果表明,在周岁吐鲁番黑羊的屠宰性能和体尺性状研究分析中,体高是影响体重的一个关键因素;性别差异显著影响屠宰性能和体尺体重。通过建立的回归模型,可以有效地预测周岁吐鲁番黑羊的胴体重、净肉重,具体预测模型如下, $y_{\text{胴}}=0.408x+2.431$ 、 $y_{\text{净}}=0.349x+0.987$,这些模型为预测周岁吐鲁番黑羊的相关屠宰性能提供了科学依据。

参考文献

- [1] 国家畜禽遗传资源委员会组. 中国畜禽遗传资源志-羊志[M]. 北京: 中国农业出版社, 2011.
- [2] 滕文, 依沙克·依不拉音, 迪力夏提·阿不来克木, 等. 吐鲁番黑羊饲养管理技术[J]. 现代畜牧科技, 2024(7): 37-40.
- [3] 王兆平. 吐鲁番黑羊[J]. 农村百事通, 2018(4): 25.
- [4] 阿斯娅·买买提, 买买提伊明·巴拉提, 努尔比亚木·萨吾提. 吐鲁番黑羊种公羊体质量、体尺参数的研究[J]. 河南农业科学, 2013, 42(1): 125-128.
- [5] 中华人民共和国农业农村部. 种羊生产性能测定技术规范: NY/T 1236—2023[S]. 北京: 中国农业出版社, 2023.
- [6] 初梦苑, 司永胜, 李前, 等. 家畜体尺自动测量技术研究进展[J]. 农业工程学报, 2022, 38(13): 228-240.
- [7] 高昌鹏, 周玉香, 杨万宗, 等. 荞麦秸秆饲料中添加过瘤胃赖氨酸和蛋氨酸对滩羊生长性能和消化代谢的影响[J]. 动物营养学报, 2020, 32(1): 310-320.
- [8] 陈世尧, 姜世琦, 阿依古孜力·肉孜买买提, 等. 巴什拜羊周岁羊体尺体重的遗传参数估计[J]. 畜牧兽医科技信息, 2023(6): 23-25.
- [9] 符俊, 何春, 黄卫平, 等. 凉山黑绵羊成年母羊体重与体尺的相关性分析[J]. 中国草食动物科学, 2022, 42(5): 80-82.

- [10] 王贵印,高爱琴,达布希拉图,等. 乌拉特羊肉品质特性分析报告[J]. 新疆农业科学,2010,47(增刊2): 173-178.
- [11] 郭建凤. 不同屠宰体重五莲黑猪胴体性能及肉品质比较[J]. 今日养猪业,2024(1): 80-83.
- [12] 徐嘉宾,年芳,王维民,等. 不同日增重湖羊的生长性能、屠宰性能和肌肉品质[J]. 草业科学,2021,38(9): 1805-1820.
- [13] 马诗语,黄子珂,李聪聪,等. 九疑山兔体尺与屠宰性能测定及相关性分析[J]. 中国畜牧杂志,2025,61(2): 156-160.
- [14] 郭小萍,刘宜勇,艾比拜木,等. 哈萨克羊体重体尺的相关性试验[J]. 中国畜禽种业,2016,12(1): 73-74.
- [15] 玛尔孜娅·亚森,白锋,于丽娟,等. 哈萨克羊屠宰性能与体尺性状的相关及回归分析[J]. 中国畜牧杂志,2024,60(7): 141-143,149.
- [16] 金香淑,张芳毓,赵中利,等. 吉林黑鸡的屠宰性能及其相关性分析[J]. 黑龙江畜牧兽医,2016(24): 87-88.
- [17] 柳俭强,刘臣,张芳毓,等. 吉林芦花鸡生长曲线拟合及体重与体尺的相关性[J]. 贵州农业科学,2019,47(12): 82-86.
- [18] 赵黄青,杜蕾,赵家豪,等. 秦川牛体尺和体重性状通径分析以及多元回归方程的建立[J]. 中国畜牧杂志,2024,60(10): 110-113.
- [19] 张强龙,阎明毅,余忠祥,等. 欧拉羊体尺与体重的通径分析及最优回归模型的构建[J]. 青海畜牧兽医杂志,2020,50(1): 10-15.
- [20] 王欣荣,吴建平,杨联,等. 甘南草地型藏羊体质量与体尺指标的相关性研究[J]. 甘肃农业大学学报,2011,46(5):7-11,17.
- [21] 刘孟君,扎西央宗,尼珍,等. 天然放牧条件下河谷型藏绵羊及其与萨福克羊杂交后代肉品质的比较[J]. 动物营养学报,2022,34(5): 3077-3095.

Analysis of Meat Production Performance of One-year-old Turpan Black Sheep

ZHANG Yunyun¹, TENG Wen², SONG Nannan¹, AMINIGULI·Abulizi², MAERZIYA·Yasen²,
ZHENG Peiyu¹, ZHANG Yanhua^{2*}, YU Lijuan^{2*}

(1. College of Animal Science, Xinjiang Agricultural University, Urumqi 830052, China;

2. Institute of Animal Sciences, Xinjiang Academy of Animal Science/Xinjiang Laboratory of Genetics Breeding and Reproduction of Cashmere and Wool Sheep/Key Laboratory of Evaluation and Utilization of Livestock and Poultry Resources Sheep, Ministry of Agriculture and Rural Affairs, Urumqi 830011, China)

Abstract: **【Objective】** This study was aimed to investigate the meat production performance of one-year-old Turpan black sheep. **【Methods】** 20 healthy one-year-old individuals (10 ewes and 10 rams) were selected for body measurements and slaughter performance evaluation. The collected data on slaughter traits and body measurements were preliminarily processed using Excel 2019, followed by statistical analyses including independent samples *T*-test, Pearson correlation analysis and regression analysis using SPSS 27.01. **【Results】** The results showed that rams exhibited extremely significant advantages in tail and bone development ($P < 0.01$), with live weight and tail length indices being significantly higher than ewes ($P < 0.05$). Conversely, ewes showed superior performance in chest circumference, backfat thickness and slaughter rate ($P < 0.05$), particularly with GR value being extremely significantly higher than that of rams ($P < 0.01$). The established regression model revealed linear growth in carcass weight ($y_{\text{carcass}} = 0.408x + 2.431$) and net meat weight ($y_{\text{net}} = 0.349x + 0.987$) for every unit increase in live weight (x), providing a basis for precise evaluation of individual meat production performance. **【Conclusion】** In production practice, Turpan black ewes exhibited superior fattening potential and meat quality characteristics before 12 months of age, while rams prioritized skeletal growth during early development, and ewes focused on muscle development. Theoretical support was provided for genetic improvement and feeding program optimization by this findings.

Key words: Turpan black sheep; body size and weight; slaughter performance; correlation analysis; regression analysis

10.16863/j.cnki.1003-6377.2025.05.003

德新肉用细毛羊种质特性研究

刘建新¹,全凯丽¹,吕雪峰²,邢巍婷²,欧阳高焱¹,胡一帆¹,郑文新^{3*}

(1.新疆农业大学动物科学学院,乌鲁木齐 830052;

2.新疆畜牧科学院畜牧业质量标准研究所,乌鲁木齐 830011;

3.新疆农业大学,乌鲁木齐 830052)

摘要:【目的】德新肉用细毛羊是以德国肉用美利奴羊为父本、中国美利奴羊(新疆型)为母本培育而成的肉毛兼用细毛羊新品种,适于北方牧区和农牧交错区饲养。为探究其种质特性,研究对德新肉用细毛羊的体型外貌、生长发育性能、屠宰性能、肉品质、毛用性能和繁殖性能进行系统观察、测定和分析。【方法】参照国家《绵、山羊生产性能测定技术规范》(NY/T 1236—2006)等国家标准及行业规范进行测定。【结果】研究表明,德新肉用细毛羊全身被毛呈白色;公羔、母羔的初生重分别为 3.76 ± 0.04 kg和 3.45 ± 0.03 kg;周岁公羊的体重为 70.46 ± 5.15 kg,周岁母羊的体重为 52.26 ± 6.81 kg;成年公羊、母羊的体重分别为 97.88 ± 5.18 kg和 72.40 ± 4.90 kg;周岁公羊、母羊的屠宰率分别为 $52.14\% \pm 0.59\%$ 和 $51.53\% \pm 0.78\%$;周岁公羊、母羊的眼肌面积分别为 23.25 ± 1.10 cm²和 17.79 ± 0.58 cm²;周岁公羊、母羊的肌肉剪切力分别为 42.27 ± 8.84 N和 40.51 ± 5.73 N;周岁公羊、母羊的蛋白质含量分别为 23.06 ± 0.41 g/100 g和 20.00 ± 0.82 g/100 g;周岁公羊、母羊的总氨基酸含量分别为 16.90 ± 0.38 g/100 g和 18.50 ± 2.46 g/100 g;成年公羊、母羊的羊毛纤维直径分别为 22.28 ± 1.45 μm和 21.50 ± 1.86 μm;成年母羊的产羔率为120%~130%。【结论】德新肉用细毛羊具有抗逆性强、生长发育快、肉用特征明显及胴体肉质良好等优良属性,是肉毛兼用的优良品种。

关键词:德新肉用细毛羊;新品种;屠宰性能;种质特性;毛用性能

中图分类号:S826

文献标识码:A

文章编号:1003-6377(2025)05-0015-07

中国是全球重要的绵羊养殖、加工与消费大国。根据数据统计,2023年我国羊出栏量为33 864万只,年末羊存栏量为(包含毛用羊)32 233万只,羊肉产量达531万t^[1]。新疆作为全国五大牧区之一,是中国饲养绵羊最多的省份之一。据统计,2023年底新疆羊存栏量为4 825.2万只(《中国统计年鉴》),位居全国第二。新疆拥有极为丰富的绵羊品种资源,细毛羊是新疆绵羊的重要组成部分,包括新疆细毛羊、中国美利奴羊、苏博美利奴羊和新吉细毛羊等品种。上述细毛羊品种在新疆广大农牧区具有悠久的饲养历史且养殖规模较大,创造了巨大的经济价值,既助力了新疆畜牧业发展,又促进了新疆人民收入水平的提升^[2]。近几年,随着居民收入水平的不断提高和畜产品消费的结构升级,羊肉需求量持续增加,羊肉价格上涨速度远超细毛羊毛价格的增速。因此养殖户不断调整养殖规模和养殖结构,更倾向养殖肉羊品种,致使细毛羊养殖规模呈下降趋势,导致我国细毛羊毛产业陷入“倒改”困境^[3]。传统的细毛羊品种难以满足现有市场需求,因此亟须培育既能保持优良毛用性能,又兼顾优良产肉性能的肉毛兼用新型细毛羊品种。

基金项目:中央引导地方科技发展专项资金项目(ZYYD2022C14);国家绒毛用羊产业技术体系项目(CARS-39-21);“天山英才”计划-科技创新领军人才项目(20221100619)

作者简介:刘建新(1998-),男,硕士研究生,研究方向为动物遗传育种与繁殖。E-mail:1185246394@qq.com

通信作者:郑文新(1972-),男,博士,研究员,博士生导师,研究方向为动物遗传育种与繁殖。E-mail:zwx2020@126.com

收稿日期:2025-06-18,修回日期:2025-08-13

德新肉用细毛羊是新疆畜牧科学院与拜城县兴科农牧业有限责任公司联合多家单位,以德国肉用美利奴羊为父本、中国美利奴羊为母本,采用常规育种结合分子标记辅助选择相结合的方法,通过级进杂交、横交固定和选育提高三个阶段,历经16年(2008—2023年)培育而成的肉毛兼用细毛羊新品种。该品种具有体型外貌一致、遗传性能稳定的特点,适于我国北方牧区和农牧交错区饲养。2024年通过国家畜禽遗传资源委员会审定(农业农村部公告第762号),获得国家畜禽新品种(配套系)证书(农03新品种证书第31号)。

1 材料及方法

1.1 试验动物

试验动物均来自拜城县种羊场,以德新肉用细毛羊为研究对象,其中6月龄公羊150只,6月龄母羊238只,12月龄(周岁)公羊173只,12月龄(周岁)母羊138只,成年公羊127只,成年母羊151只。在相同营养条件下进行舍饲,开展后续相关研究。

1.2 试验方法与测定内容

1.2.1 生产性能

羊外貌特征、生产性能、屠宰性能与繁殖性能。参照《绵、山羊生产性能测定技术规范》(NY/T 1236—2006)等国家标准及行业规范进行测定。

1.2.2 肉品质

熟肉率测定,取背最长肌样品30 g,剔除表面的脂肪和结缔组织后称重(记为W1)。将样品放置在自封袋内,排尽空气后封口,放置在恒温水浴锅内100℃水浴45 min,在室温下冷却20 min,用滤纸吸除表面水分,称重(记为W2)。计算公式为:熟肉率=(W2/W1)×100%。

剪切力测定,取背最长肌,剔除表面脂肪与结缔组织,顺肌纤维方向修整成6 cm×3 cm×3 cm的长条,称重(记为W1)。将样品放置在自封袋内,排尽空气后封口,放置在恒温水浴锅内80℃水浴60 min,将样品挂于干燥阴凉处放置20 min,用直径1.27 cm的圆形取样,沿肌纤维方向取中心部肉样,剪修为1.5 cm×1.0 cm×1 cm的6个测试样块,用质构仪测定剪切力,单位以牛顿(N)表示,取6次测定的平均值。

pH值、肉色、滴水损失测定,参照《第三次全国畜禽遗传资源普查操作手册(第二册)》中羊遗传资源系统调查表执行;水分含量按GB 5009.3—2016《食品安全国家标准 食品中水分的测定》进行测定;蛋白质含量按GB 5009.5—2016《食品安全国家标准 食品中蛋白质的测定》进行测定;氨基酸含量按GB 5009.124—2016《食品安全国家标准 食品中氨基酸的测定》进行测定;胆固醇含量按GB 5009.128—2016《食品安全国家标准 食品中胆固醇的测定》进行测定;微量元素K、Ca、Fe、Cu、Zn和Mn的含量均采用火焰原子吸收的方法测定。

1.2.3 毛品质

羊毛直径、自然毛丛长度、剪毛量,剪毛后体重参照《绵、山羊生产性能测定技术规范》(NY/T 1236—2006)进行测定。

1.3 数据统计

测定数据先经Excel 2021整理后,采用SPSS.25进行统计分析,结果以“平均值±标准差”表示。

2 结果与分析

2.1 德新肉用细毛羊的体型外貌

德新肉用细毛羊头部清秀、鼻梁直、脸部修长;体格较大、体质结实、结构匀称、体型呈长方形;

具有明显的肉用体型。全身被毛呈白色,头毛较短,额部有冠状毛丛,头部被毛着生至两眼连线,前肢被毛着生至腕关节,后肢被毛着生至飞节。公羊与母羊均无角,颈部无皱褶或有1—2个不明显的皱褶,体躯皮肤宽松无皱褶。见图1、图2。



图1 德新肉用细毛羊公羊



图2 德新肉用细毛羊母羊

2.2 德新肉用细毛羊的生长发育性能

2.2.1 德新肉用细毛羊各年龄段的体重、体尺性能

德新肉用细毛羊公羊、母羊的初生重分别是 3.76 ± 0.04 kg 和 3.45 ± 0.03 kg; 3月龄体重分别为 16.94 ± 1.58 kg 和 15.83 ± 2.09 kg; 6月龄体重分别为 43.28 ± 4.73 kg 和 33.00 ± 5.21 kg; 周岁体重分别为 70.46 ± 5.15 kg 和 52.26 ± 6.81 kg; 成年体重分别为 97.88 ± 5.18 kg 和 72.40 ± 4.90 kg。整体来看,德新肉用细毛羊在前6个月的增重速度较快。德新肉用细毛羊公羊与母羊在主要体尺指标(胸围、体长、体高)上随年龄增长的发育趋势基本一致,其中胸围增长幅度最大,其次为体长,体高增幅最小。各生长阶段体尺指标均呈现胸围>体长>体高的特征。见图3、表1。

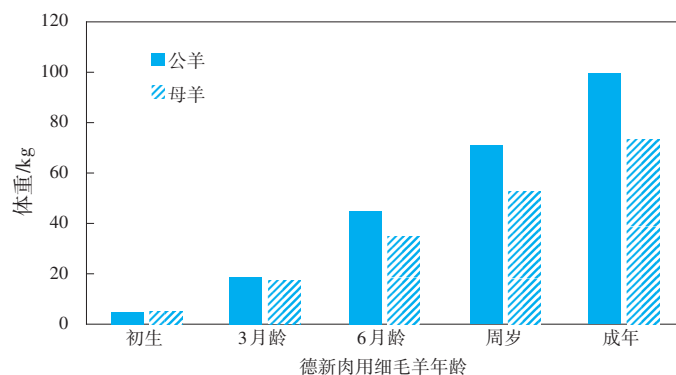


图3 德新肉用细毛羊不同年龄的体重

表1 德新肉用细毛羊各年龄段的体尺情况

年龄	性别	数量/只	胸围/cm	体长/cm	体高/cm
6月龄	公	150	83.32 ± 4.49	72.81 ± 3.69	63.14 ± 4.36
	母	238	78.45 ± 5.18	65.95 ± 3.73	59.97 ± 2.81
周岁	公	173	108.42 ± 6.03	77.88 ± 6.12	65.72 ± 3.71
	母	138	92.27 ± 11.95	70.91 ± 8.59	61.80 ± 7.54
成年	公	127	116.81 ± 6.09	85.35 ± 4.12	73.46 ± 4.10
	母	151	108.58 ± 5.69	82.07 ± 3.19	69.46 ± 3.63

2.3 德新肉用细毛羊6月龄与周岁阶段的屠宰性能

对25只6月龄德新肉用细毛羊和25只周岁德新肉用细毛羊进行屠宰性能测定,其中每个年龄段选待宰公羊10只、待宰母羊15只。结果显示,6月龄德新肉用细毛羊公羊屠宰率达 $50.62\% \pm 1.83\%$,净肉重达 17.03 ± 1.39 kg,净肉率 $76.80\% \pm 2.68\%$,背脂厚 7.28 ± 0.20 mm,眼肌面积 15.23 ± 0.71 cm²;6月龄德新肉用细毛羊母羊屠宰率达 $50.06\% \pm 1.34\%$,净肉重达 13.58 ± 0.78 kg,净肉率 $74.04\% \pm 2.10\%$,背脂厚 5.12 ± 0.45 mm,眼肌面积 12.50 ± 0.85 cm²。周岁德新肉用细毛羊公羊屠宰率达 $52.14\% \pm 0.59\%$,净肉重达 26.83 ± 0.86 kg,净肉率 $76.85\% \pm 1.10\%$,背脂厚 10.54 ± 1.13 mm,眼肌面积 23.25 ± 1.10 cm²;周岁德新肉用细毛羊母羊屠宰率达 $51.53\% \pm 0.78\%$,净肉重达 19.18 ± 1.07 kg,净肉率 $75.92\% \pm 3.41\%$,背脂厚 6.03 ± 0.88 mm,眼肌面积 17.79 ± 0.58 cm²。见表2。

表2 德新肉用细毛羊的屠宰性能

	6月龄		周岁	
	公	母	公	母
数量/只	10	15	10	15
宰前活重/kg	44.29 ± 1.09	38.46 ± 1.05	68.91 ± 1.57	51.15 ± 1.74
胴体重/kg	22.43 ± 1.22	18.23 ± 0.80	34.93 ± 0.99	25.84 ± 1.93
净肉重/kg	17.03 ± 1.39	13.58 ± 0.78	26.83 ± 0.86	19.18 ± 1.07
净肉率/%	76.80 ± 2.68	74.04 ± 2.10	76.85 ± 1.10	75.92 ± 3.41
屠宰率/%	50.62 ± 1.83	50.06 ± 1.34	52.14 ± 0.59	51.53 ± 0.78
背脂厚/cm	7.28 ± 0.20	5.12 ± 0.45	10.54 ± 1.13	6.03 ± 0.88
眼肌面积/cm ²	15.23 ± 0.71	12.50 ± 0.85	23.25 ± 1.10	17.79 ± 0.58

2.4 周岁德新肉用细毛羊的肉品质

屠宰时分别取背最长肌肉样一份及后腿肉样一份,测定其物理性状及化学指标。结果显示,周岁公羊肉pH_{45min}值、滴水损失、熟肉率和剪切力分别为 6.48 ± 0.61 、 $6.03\% \pm 0.01\%$ 、 $58.07\% \pm 0.01\%$ 和 42.27 ± 8.84 N;周岁母羊肉pH_{45min}值、滴水损失率、熟肉率和剪切力分别为 6.61 ± 0.27 、 $5.08\% \pm 0.55\%$ 、 $56.97\% \pm 0.07\%$ 和 40.51 ± 5.73 N。周岁公羊、母羊的蛋白质含量分别达到 23.06 ± 0.41 g/100 g和 20.00 ± 0.82 g/100 g,Ca的含量分别为 52.12 ± 3.39 mg·kg⁻¹和 42.00 ± 6.44 mg·kg⁻¹,Mg的含量公羊高于母羊,而Cu的含量则相反。见表3、表4。

表3 周岁德新肉用细毛羊的肉品质

项目	公	母
pH _{45min}	6.48 ± 0.61	6.61 ± 0.27
A _{45min}	9.22 ± 1.57	9.97 ± 0.95
B _{45min}	7.12 ± 4.56	7.09 ± 1.28
L _{45min}	36.13 ± 0.18	35.85 ± 0.25
滴水损失率/%	6.03 ± 0.01	5.08 ± 0.55
熟肉率/%	58.07 ± 0.01	56.97 ± 0.07
剪切力/N	42.27 ± 8.84	40.51 ± 5.73

表4 周岁德新肉用细毛羊的肉营养成分

项目	公	母
干物质/g·(100 g) ⁻¹	31.78 ± 3.41	29.60 ± 2.00
水分/g·(100 g) ⁻¹	68.22 ± 3.41	70.40 ± 2.00
蛋白质含量/g·(100 g) ⁻¹	23.06 ± 0.41	20.00 ± 0.82
胆固醇/mg·kg ⁻¹	679.53 ± 73.01	666.70 ± 54.05
K /mg·kg ⁻¹	3.31 ± 0.14	3.10 ± 0.10
Ca/mg·kg ⁻¹	52.12 ± 3.39	42.00 ± 6.44
Mg/mg·kg ⁻¹	271.00 ± 7.29	232.00 ± 8.73
Cu/mg·kg ⁻¹	0.92 ± 0.10	1.90 ± 1.67
Zn/mg·kg ⁻¹	27.50 ± 1.13	28.50 ± 2.50
Fe/mg·kg ⁻¹	31.04 ± 6.50	27.10 ± 4.45
总氨基酸/g·(100 g) ⁻¹	16.90 ± 0.38	18.50 ± 2.46

2.5 德新肉用细毛羊的产毛性能

德新肉用细毛羊在育种过程中较好地保持和改进了母本新疆细毛羊的产毛性能。被毛呈白色,毛丛结构闭合性良好,密度适中。羊毛细度均匀,弯曲明显,呈大弯或中弯。油汗呈白色或乳白色。周岁公羊、母羊的羊毛纤维直径分别为 $22.71 \pm 1.20 \mu\text{m}$ 和 $21.45 \pm 1.57 \mu\text{m}$,毛丛自然长度分别为 $10.20 \pm 0.71 \text{ cm}$ 和 $10.67 \pm 0.75 \text{ cm}$,剪毛量分别为 $4.87 \pm 0.51 \text{ kg}$ 和 $3.53 \pm 0.25 \text{ kg}$ 。成年公羊、母羊的羊毛纤维直径分别为 $22.28 \pm 1.45 \mu\text{m}$ 和 $21.50 \pm 1.86 \mu\text{m}$,毛丛自然长度分别为 $12.03 \pm 0.57 \text{ cm}$ 和 $10.82 \pm 0.75 \text{ cm}$,剪毛量分别为 $8.00 \pm 1.11 \text{ kg}$ 和 $4.48 \pm 0.31 \text{ kg}$ 。见表5。

表5 德新肉用细毛产毛性状

年龄	性别	样品量/只	纤维直径/ μm	毛丛自然长度/cm	剪毛量/kg	净毛量/kg	剪毛后体重/kg
周岁	公	27	22.71 ± 1.20	10.20 ± 0.71	4.87 ± 0.51	2.94 ± 0.30	63.05 ± 2.21
	母	138	21.45 ± 1.57	10.67 ± 0.75	3.53 ± 0.25	2.20 ± 0.23	43.89 ± 1.65
成年	公	30	22.28 ± 1.45	12.03 ± 0.57	8.00 ± 1.11	4.94 ± 0.68	80.00 ± 1.31
	母	151	21.50 ± 1.86	10.82 ± 0.75	4.48 ± 0.31	2.53 ± 0.35	51.77 ± 1.25

2.6 德新肉用细毛羊的繁殖性能

对德新肉用细毛羊的繁殖性能进行观测,并对其繁殖档案进行统计分析。通过对948只德新肉用细毛羊的观测发现,该品种公羊、母羊的性成熟年龄在8—9月龄,初配年龄为16—18月龄;母羊的发情期集中在秋季,一般为8—10月,发情周期为17天;通过对育种档案的整理统计,母羊的妊娠期一般为 $151.60 \pm 0.90 \text{ d}$,产羔率为120%~130%,羔羊成活率95%以上。

3 讨论

德新肉用细毛羊的父本是德国肉用美利奴羊。该品种原产于德国,羊只体型较大、体质结实、肌肉丰满、体躯长而深、呈现良好的肉用体型,具有早熟、生长发育快、产肉多、肉质好等优点^[4],是杂交改良的优秀父本品种。我国曾开展利用德国肉用美利奴羊作为父本与地方不同绵羊品种进行经济

杂交的研究,研究表明杂交能显著改良地方品种的生长性状。例如,早熟古丽·热合曼等^[5]研究发现,德国美利奴羊公羊与新疆本地羊母羊杂交的F1代羊的初生重达3.85 kg,周岁体高64.62 cm、体长71.66 cm、胸围90.72 cm。张玉斌等^[6]研究表明,德国美利奴羊公羊与小尾寒羊母羊杂交的F1代羊的生长周岁体高63.20 cm、体长103.53 cm、胸围89.13 cm。均低于本研究中德新肉用细毛羊的周岁体高81.28 cm、体长75.23 cm、胸围110.65 cm,这表明德新肉用细毛羊充分继承了德国肉用美利奴羊体型的优势,具有更好的肉用潜力。屠宰率可以反映畜禽的产肉性能,是评价畜禽肉用品种特性的重要指标。本研究显示,德新肉用细毛羊的屠宰性能较亲本得到显著提升,6月龄公羊的屠宰率为 $50.62\% \pm 1.83\%$,高于蒋烈戈^[7]研究中中国美利奴羊和德国肉用美利奴羊与其他细毛羊品种对比时的屠宰率;周岁母羊的屠宰率为 $51.53\% \pm 0.78\%$,优于乾华肉用美利奴羊^[8]和高山美利奴羊^[9]。这表明德新肉用细毛羊在细毛羊品种中具有显著的屠宰性能优势。

肉质受营养水平、饲养管理及屠宰加工处理等因素的影响。肌肉的pH值、肉色、剪切力、滴水损失率和熟肉率是反映肉品质的常用指标^[10]。正常羊屠宰1 h后pH值为5.90—6.50^[11],德新肉用细毛羊屠宰45 min的pH在6.48—6.61,属正常范围;肉色是最直观反映肉品质的指标,也是消费者鉴别肉类新鲜程度的常用依据,研究表明红色(A)和亮度(L)的值大于或等于9.50和34.00时,可以认为是被消费者所接受^[12],本研究中德新肉用细毛羊红色(A)在9.27—9.97,亮度(L)在35.85—36.13,基本可以认为是被消费者所接受;蛋白质含量是决定羊肉品质的关键因素,本研究发现,德新肉用细毛羊的蛋白质含量丰富,比和田羊、杜泊羊、湖羊、高山美利奴羊蛋白质含量高,与阿勒泰羊数值接近^[13];剪切力是衡量肉品质的重要指标,相关调研发现^[15],许多消费者愿意为嫩度部位的羊肉支付溢价,剪切力越小肉嫩度越好,德新肉用细毛羊的剪切力低于湖羊和阿勒泰羊^[13]。总体而言,德新肉用细毛羊pH值属于正常水平,瘦肉含量高,肉质纤维柔软,符合消费市场需求。

羊毛纤维直径是羊毛物理特性中的首要指标,也是确定羊毛品质和使用价值的重要依据^[14]。德新肉用细毛羊成年母羊的羊毛纤维直径为21.50 μm ,优于中国美利奴羊^[7]和东北细毛羊^[2],稍粗于国内已有的优质细毛羊品种——新吉细毛羊^[2]、高山美利奴羊^[9]和乾华肉用美利奴羊(20.32—21.45 μm)^[8],这表明德新肉用细毛羊的羊毛纤维直径已接近优秀羊毛纤维直径的标准。产毛量是衡量毛用羊生产性能的重要指标之一,德新肉用细毛羊成年母羊的剪毛量为4.48 kg,高于高山美利奴羊^[16],低于乾华肉用美利奴羊^[12]和中国美利奴羊^[11]。综上所述,德新肉用细毛羊产毛性能略低于平均水平,与培育方向为肉毛兼用有关。

4 结 论

德新肉用细毛羊在新疆干旱气候环境下历经16年的培育,对荒漠环境具有良好的适应性,适应于新疆干旱半干旱荒漠地区常年放牧及冬春放牧加补饲的饲养方式。该品种具有肉毛兼用、抗逆性和适应性强、生长发育快、肉用特征明显、胴体肉质好等优良特征,既可用于纯繁或与专门肉用品种杂交,也可作为其他产区的肉用杂交父本。德新肉用细毛羊新品种的育成意义重大。一方面,为传统细毛羊产区实现“保毛增肉”提供了优质种质资源;另一方面,为我国畜禽种质资源的创新利用树立重要范式,对我国畜禽种质资源的开发利用具有指导价值。

参考文献

- [1] 李军, 金海. 2023年我国肉羊产业发展概况、未来发展趋势及建议[J]. 中国畜牧杂志, 2024, 60(3): 322-328.
- [2] 国家畜禽遗传资源委员会组. 中国畜禽遗传资源志-羊志[M]. 北京: 中国农业出版社, 2011.
- [3] 刘武军, 杨菊清, 喻世刚, 等. 德美与中美(新疆型)杂交后代体尺体重变化[J]. 中国畜牧兽医, 2008, 35(7): 131-134.

- [4] 敦伟涛, 邱殿锐, 郭建军, 等. 河北细毛羊与德国肉用美利奴羊杂交效果观察[J]. 河南农业科学, 2009, 38(11): 130-133.
- [5] 早热古丽·热合曼, 阿娜古丽·艾山, 阿力木江·斯拉木, 等. 德国肉用美利奴羊×本地绵羊杂种羊产肉性能的研究[J]. 畜牧与饲料科学, 2015, 36(1): 77-79.
- [6] 张玉斌, 吴建平, 雷赵民, 等. 德国美利奴羊与小尾寒羊杂交一代生长及产肉性能研究[J]. 甘肃农业大学学报, 2008, 43(4): 46-50.
- [7] 蒋烈戈, 李勇忠, 景亚平, 等. 德国美利奴羊与中国美利奴羊主要生产性能比较[J]. 中国草食动物科学, 2013, 33(6): 78-79.
- [8] 姜怀志, 马志华, 付殿国. 乾华肉用美利奴羊新品种种质特性的研究[J]. 中国畜牧杂志, 2018, 54(1): 47-50.
- [9] 岳耀敬, 王天翔, 刘建斌, 等. 高山美利奴羊新品种种质特性初步研究[J]. 中国畜牧杂志, 2014, 50(21): 16-19.
- [10] 范娟, 苏满春, 李讨讨, 等. 沙葱粉和酵母制剂对藏羊生长性能、屠宰性能、肉品质及瘤胃发酵参数的影响[J]. 动物营养学报, 2023, 35(4): 2383-2393.
- [11] MANCINI R A, HUNT M C. Current research in meat color[J]. Meat Science, 2005, 71(1): 100-121.
- [12] SUN L M, JIANG H Z. Research on meat quality of Qianhua Mutton Merino sheep and Small-tail Han sheep[J]. Open Life Sciences, 2022, 17(1): 1315-1323.
- [13] 王晶, 王权锋, 刘黎, 等. 新疆和田地区10个不同品种羊肉品质特性差异性分析[J]. 肉类研究, 2023, 37(4): 7-12.
- [14] 赛迪古丽·赛买提, 吕雪峰, 郑文新, 等. 诺维什羊种质特性研究[J]. 中国草食动物科学, 2023, 43(6): 76-79.
- [15] PRACHE S, LEBRET B, BAÉZA E, et al. Review: quality and authentication of organic animal products in Europe[J]. Animal, 2022(16): 100405.
- [16] 李范文, 文亚洲, 王天翔, 等. 高山美利奴羊的品种培育与发展趋势展望[J]. 畜牧兽医杂志, 2017, 36(6): 80-81, 84.

Germplasm Characteristics of German–Xinjiang Meat Fine–wool Sheep

LIU Jianxin¹, QUAN Kaili¹, LV Xuefeng², XING Weiting², OUYANG Gaoyi¹, HU Yifan¹, ZHENG Wenxin^{3*}

(1. College of Animal Science, Xinjiang Agricultural University, Urumqi 830052, China;

2. Institute of Animal Husbandry Quality Standards, Xinjiang Academy of Animal Science, Urumqi 830000, China;

3. Xinjiang Agricultural University, Urumqi 830052, China)

Abstract: **[Objective]** The German–Xinjiang Meat Fine–wool Sheep is a new dual–purpose breed for meat and wool, developed by crossing German Mutton Merino rams with Chinese Merino (Xinjiang type) ewes, suitable for being reared in pastoral and agro–pastoral zones in northern China. In order to characterize its germplasm traits, systematic measurements and evaluations were conducted on the physical appearance, growth performance, slaughter traits, meat quality, wool characteristics and reproductive performance. **[Methods]** Measurements were conducted in accordance with national standards and industry specifications, such as the Technical Specifications for Performance Testing of Sheep and Goats (NY/T 1236–2006). **[Results]** The German–Xinjiang Meat Fine–wool Sheep exhibited a uniformly white fleece. The birth weights of male and female lambs were 3.76 ± 0.04 and 3.45 ± 0.03 kg, respectively, those of yearling rams and ewes were 70.46 ± 5.15 and 52.26 ± 6.81 kg, respectively, and of adult rams and ewes were 97.88 ± 5.18 and 72.40 ± 4.90 kg, respectively. The slaughter rates of yearling rams and ewes were $52.14\% \pm 0.59\%$ and $51.53\% \pm 0.78\%$, respectively, with loin eye areas of 23.25 ± 1.10 cm² and 17.79 ± 0.58 cm², respectively. The muscle shear force values for yearling rams and ewes were 42.27 ± 8.84 and 40.51 ± 5.73 N, respectively, with protein contents of 23.06 ± 0.41 and 20.00 ± 0.82 g/100 g, respectively, and the total amino acid contents of 16.90 ± 0.38 and 18.50 ± 2.46 g/100 g, respectively. The wool fiber diameters of adult rams and ewes were 22.28 ± 1.45 and 21.50 ± 1.86 μm, respectively, and the lambing rate was 120% to 130%. **[Conclusion]** German–Xinjiang Meat Fine–wool Sheep exhibited strong stress resistance, rapid growth, distinct meat characteristics and favorable carcass quality, making it a superior dual–purpose breed for both meat and wool production.

Key words: German–Xinjiang Meat Fine–wool Sheep; new breed; slaughter performance; germplasm characteristic; wool performance

10.16863/j.cnki.1003-6377.2025.05.004

基于转录组分析技术筛选骆驼产奶性状相关基因

刘 莉¹,李永青¹,操礼军¹,马勤勤²,李春芳³,努尔扎提·瓦哈提⁴,
贾 娜⁴,梁春明⁵,闫建勇²,胡永青⁶,胡 波²,祖农江·阿布拉^{1*}

(1.新疆维吾尔自治区畜牧科学院畜牧研究所,乌鲁木齐 830011;

2.新疆维吾尔自治区畜牧科学院畜牧业质量标准研究所,乌鲁木齐 830011;

3.河北省畜牧业协会,石家庄 050049;4.新疆维吾尔自治区畜牧科学院,乌鲁木齐 830011;

5.新疆维吾尔自治区畜牧科学院兽医研究所,乌鲁木齐 830011;

6.新疆维吾尔自治区畜牧科学院草业研究所,乌鲁木齐 830011)

摘要:【目的】产奶性状是骆驼重要的经济性状,但目前骆驼产奶性状的研究尚不充分,产奶相关遗传机制的研究也鲜有报道。基于此,本研究计划通过转录组分析技术,深入挖掘骆驼产奶性状相关基因,以期为高产骆驼品种的选育工作提供数据支持。【方法】统一采集泌乳阶段骆驼的产奶量数据,将骆驼分为高产和低产组,并采集骆驼的血液进行转录组测序。【结果】通过对转录组数据进行统计分析,共筛选1 893个差异表达基因(FDR<0.05),1 094个(57.80%)基因显著上调,799个(42.20%)基因显著下调。基因本体(Gene Ontology, GO)功能分析表明,分别有398条富集到生物过程(Biological process, BP),98条富集到细胞组分(Cellular Component, CC),260条富集到分子功能(Molecular function, MF)。京都基因和基因组数据库(Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes, KEGG)通路分析显示,主要富集到NOD样受体信号通路(NOD-like receptor signaling pathway)、TNF信号通路(Tumor Necrosis Factor signaling pathway)、T细胞通路(T lymphocyte signaling pathway)、溶酶体(Lysosome Cellular)、细胞衰老(Cellular senescence)、金黄色葡萄球菌感染(Staphylococcus aureus infection),以及细胞分化(Osteoclast differentiation)等相关信号通路。【结论】通过转录组数据对比分析及基因功能注释,共筛选MAPK13、CCL5、AKT3、CFD、MAN2A1、CAMK2D,6个与乳腺发育和泌乳调控相关的候选基因。这些发现为未来研究高产骆驼的分子机制提供理论基础,有助于深入理解乳腺发育和泌乳机制的复杂调控网络。后续研究将重点验证这些基因的调控机制,并基于此优化骆驼繁殖策略,以实现高产骆驼的选育目标。

关键词: 骆驼;产奶;转录组;候选基因

中图分类号: S824

文献标识码: A

文章编号: 1003-6377(2025)05-0022-09

随着公众健康意识的逐步提升,特色乳品在健康食品市场中的地位日益凸显,受到消费者愈发广泛地关注与青睐。在众多特色乳品中,驼乳作为一种天然且营养丰富的食品,已成为乳业发展的新增长点,展现出良好的发展态势^[1]。依据《中国统计年鉴(2020)》数据,我国双峰驼存栏量达40.5万峰。由于骆驼两年产一胎、平均日产奶量1~3 kg,其繁殖周期较长、产奶量低、原料奶供应不稳定

基金项目:新疆维吾尔自治区自然科学基金项目(2022D01B15)

作者简介:刘莉(1988-),女,硕士研究生,研究方向为乳制品检测及乳畜繁殖育种。E-mail:13739593@qq.com

通信作者:祖农江·阿布拉(1982-),男,本科,高级畜牧师,研究方向为特种乳畜健康养殖。E-mail:491277571@qq.com

收稿日期:2025-06-13, **修回日期:**2025-08-13

等问题依旧是驼乳行业面临的重大挑战。虽然通过优化饲养管理可以提高个体的产奶量、调节供需关系,但从长远来看,更为关键的是开展高产骆驼的选育工作,从群体层面提升产奶量,以推动驼奶产业的健康可持续发展。

乳腺发育与泌乳过程受全身多种激素协同调控,涉及细胞增殖、分化以及凋亡等一系列生物学进程,是一个极为复杂且处于持续动态变化的过程^[2]。乳汁的成分来源于血液循环中的营养物质,在哺乳期动物乳腺上皮细胞中合成。目前关于泌乳特性的研究主要基于动物乳腺组织分析^[3],这种方法不仅会造成动物损伤,还存在取样困难和无法连续操作等问题。随着研究的不断深入,考虑到样本获取的难易程度及代表性,越来越多的研究倾向选用更容易获得且更具代表性的组织,如血液、尿液及唾液等,用以研究与性状相关的分子标记。已有报道指出,在大脑、结肠、心脏、肾脏、肝脏、脾脏以及胃等组织中,约80%的基因表达可在血细胞中检测得到。血液能够通过改变自身转录组基因表达水平模式,为反映机体组织的状态提供重要信息^[4]。

目前,转录组分析技术已被用于识别调控生物体重要经济性状的分子信息。研究人员已从人^[5]、牛^[6]、羊^[7]等物种的乳腺转录组中,鉴定和表征出差异基因,为揭示乳汁产量和乳汁品质形成的分子机制提供理论依据。然而,有关双峰驼乳腺发育和泌乳机制的相关报告较少,骆驼产奶性状相关候选基因尚不明确。因此,本研究选取新疆维吾尔自治区的准噶尔双峰驼为研究对象,采集高产骆驼和低产骆驼在泌乳期的血液样本,进行转录组测序,通过测序数据的深度分析,旨在筛选与产奶性状相关的差异表达基因以及关键信号通路,为后续骆驼泌乳的研究提供数据基础。

1 材料与方法

1.1 试验骆驼和样本采集

试验骆驼来自新疆北疆地区的骆驼养殖场。研究人员测定113个个体的1101条生产性能数据,从中筛选年龄在4—8岁、泌乳天数200—281 d之间的10峰准噶尔双峰驼作为研究对象。依据日产奶量^[8]将试验骆驼分为2组,高产组(H1—H5),日产奶量约3 kg;低产组(L1—L5),日产奶量约1 kg。试验骆驼健康状态良好,在相同饲养环境下进行常规饲养,自由采食,自由饮水。对筛选的骆驼颈部进行血液采集,并迅速加入含有乙二胺四乙酸(Ethylene Diamine Tetraacetic Acid, EDTA)的抗凝管中上下颠倒,使其与抗凝剂充分混合均匀。使用移液枪转移2 mL血液至装有6 mL Trizol的EP管中振荡,直至血液和Trizol完全混合,静置5 min后装入液氮罐运送至实验室,保存在-80 °C超低温冰箱,待后续采用Trizol法提取总RNA。

1.2 RNA提取和转录组测序

使用Trizol RNA提取试剂盒从骆驼血液中提取总RNA。使用琼脂糖1.0%凝胶电泳和RNA Nano 6 000分析试剂盒评估RNA完整性。经过质量控制的RNA样本,将其包裹在干冰中,运送至北京诺禾致源科技有限公司进行测序。

1.3 数据质控和分析

将测序得到的原始测序数据(Raw-reads)进行数据过滤后得到高质量数据(Clean-reads),并通过测定碱基质量值(Phred score, Phred)经公式转化计算每个碱基测序错误率(Q值),Q20、Q30(Phred质量分数大于20或30的碱基占总体碱基的百分比),以及Clean-reads的GC含量(鸟嘌呤Guanine, G与胞嘧啶Cytosine, C的碱基所占比例),确保数据质量符合试验要求。用DESeq2R软件包(1.20.0)在两组骆驼间进行差异表达分析,筛选标准为 $|\log_2(\text{FoldChange})| \geq 1$ & $P_{\text{adjust}} \leq 0.05$ 的基因

定义为基因存在差异表达。DESeq2的 $P_{\text{adjust}} < 0.01$ 和 $\log_2(\text{FoldChange}) > 2$ 的基因定义为上调差异表达基因; $P_{\text{adjust}} < 0.01$ 和 $\log_2(\text{FoldChange}) < -2$ 的基因定义为下调差异表达基因^[8]。

1.4 差异表达基因功能分析

使用NovoMagic Cloud Platform云平台对差异基因集进行GO功能富集分析和KEGG通路富集分析;通过GO功能富集分析找到显著的免疫差异表达基因和相关基因的功能;以KEGG进行聚类识别差异表达基因显著富集的通路。

2 结果与分析

2.1 转录组测序数据分析

经过对原始测序数据的质控,过滤后得到46.67 G的Clean-reads,Q20均大于97.00%,Q30均大于94.00%,说明本次转录组测序得到的数据质量高,符合分析要求。将得到的Clean-reads比对到双峰驼的参考基因组中,定位到基因组中的测序序列比例大于84.27%,则说明测序数据的精度高,碱基失配率低,碱基分布合理,满足后续分析的要求。见表1。

表1 原始数据质量评估

Sample	Raw-reads	Clean-reads	GC content	Q20/%	Q30/%
H1	46 190 446	44 770 330	56.75	97.98	94.50
H2	47 168 482	46 004 398	56.38	97.86	94.21
H3	49 442 214	48 083 956	56.74	97.80	94.13
H4	45 198 540	43 900 806	51.62	97.61	93.38
H5	42 434 142	41 541 826	53.78	97.78	94.04
L1	46 434 416	45 248 014	56.24	97.90	94.31
L2	45 003 048	43 779 162	56.82	97.89	94.38
L3	43 284 952	41 958 712	56.76	98.00	94.59
L4	50 371 830	48 851 790	54.33	97.90	94.27
L5	45 375 672	44 220 154	57.04	98.05	94.70

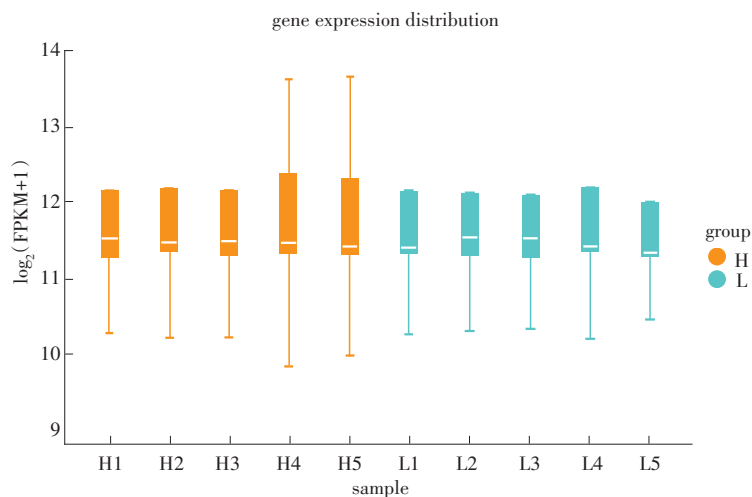
注:Raw-reads为原始读数;Clean-reads为过滤掉接头,低质量和含N的读数后剩下的碱基数量;GC content为鸟嘌呤和胞嘧啶占总碱基数量的百分比;Q20、Q30为某碱基占总体碱基的百分比。

本研究根据样本基因的每百万映射片段中,每千碱基转录样本长度对应片段数(Fragments Per Kilobase of transcript per Million mapped reads, FPKM)来量化转录组的相对表达水平,通过盒形图展示基因表达水平的分布情况。

所有样本的表达量分布均匀,表达水平一致。以主成分分析(Principal component analysis, PCA)来评估组间差异及组内样本重复情况,对基因变量进行降维及主成分提取,第一主成分(Principal Component 1, PC1)具有最大方差贡献率为46.52%,高产组(H1—H5)和低产组(L1—L5)样本被聚为两组,说明样本之间存在差异。见图1、图2。

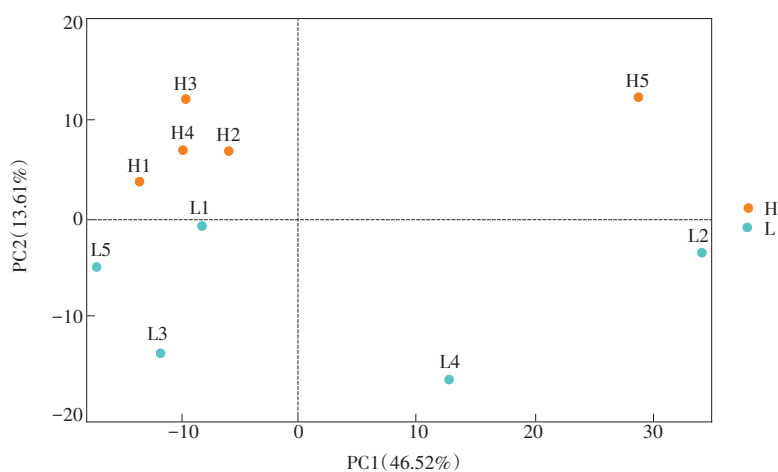
2.2 基因差异表达分析

通过对高产、低产奶量双峰驼进行基因差异表达分析,最终在骆驼血液中共鉴定到18 065个表达基因,其中有1 893个基因是高产和低产组中的差异表达基因,有1 094个(57.80%)基因显著上调,799个(42.20%)基因显著下调。见图3。



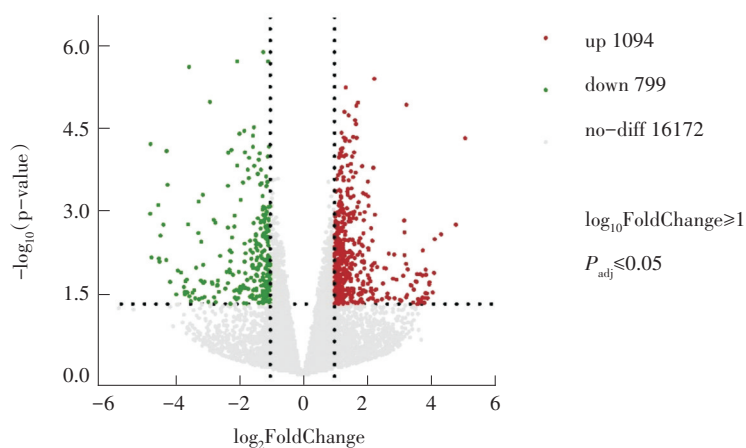
注:图中横坐标为样本名称,纵坐标为 $\log_2(\text{FPKM}+1)$,每个区域的盒形图对三个统计量(自上而下分别为最大值,中位数,和最小值)。

图1 各样本基因表达量分布盒形图



注:图中横坐标为第一主成分,纵坐标为第二主成分。

图2 主成分分析结果图



注:图中横坐标为 $\log_2\text{FoldChange}$ 值,纵坐标为 $-\log_{10}\text{pvalue}$,纵坐标虚线表示差异基因筛选标准的阈值线。

图3 差异基因火山图

作。通过统计分析筛选不同个体中表达具有显著差异的基因以及相关代谢通路,以揭示骆驼产奶性状表型差异的遗传基础,进而为骆驼分子选育提供理论依据。

本研究共发现差异表达基因 1 893 个,其中上调 1 094 个,下调 799 个。通过 GO 富集分析注释到显著差异的是,苏氨酸磷酸酶/苏氨酸激酶、甘露糖苷酶、半胱氨酸型肽酶、跨膜受体蛋白激酶等活性功能。KEGG 富集主要在 NOD 样受体信号通路、TNF 信号通路、T 细胞通路、溶酶体、细胞衰老、金黄色葡萄球菌感染,以及细胞分化等通路。奶牛相关研究表明,差异基因大多富集于半胱氨酸和蛋氨酸代谢、硫代谢、病毒致癌作用等通路^[9],以及溶酶体、自噬、细胞凋亡、趋化因子信号通路及氮代谢等 KEGG 通路^[10]。这些结果表明代谢通路很可能与动物的产奶性能具有紧密的关联。富含这些途径的基因也被认为与产奶性能有关。这些途径在本研究涉及的基因中有 7 个上调,分别是 CAMK2D、PRKAB2、AKT3、TNF、MAN2A1、SLC、BTRC;有 5 个下调,分别是 MAPK13、CCL5、CFD、RNF122、PGLYRP1。

MAPK13 促丝裂原活化蛋白激酶(mitogen-activated protein kinase, MAPK)广泛存在于生物体内的丝氨酸/苏氨酸类蛋白激酶,并相对保守。该激酶作为多种生化信号的关键整合节点,广泛参与多种重要的细胞过程,例如细胞增殖、分化、转录调控以及个体发育等。在本研究中,MAPK13 基因显著富集在蛋白激酶活性、磷酸化作用,以及磷酸转移酶活性等功能。并参与 NOD 样受体信号通路、细胞衰老、细胞分化、TNF 信号通路、T 细胞受体信号通路等 8 条显著差异的信号通路。在马产奶量差异性表达的基因研究中,研究者发现靶基因与 PI3K-Akt、MAPK、松弛素信号传导、Ras 信号通路以及氨基酸的生物合成等信号通路有关,且这些过程与泌乳密切相关^[11]。在奶牛乳腺类器官的研究中,通过形态学观察和信号通路蛋白检测,明确激活 MAPK/ERK 信号通路,需要 FGF2 与 FGFR1 受体的共同参与,从而促进奶牛乳腺分支的形成^[12]。此外,MAPK 激酶存在 3 种不同模式的相互协同,共同调节细胞生长、分化、环境适应以及炎症反应等一系列细胞生理和病理过程^[13]。还有研究发现,骆驼乳可通过抑制 MAPK 和 NF- κ B 信号通路,激活 PI3K/Akt/eNOS 信号通路来保护肾脏^[14]。有研究证明,TNF 可识别富含半胱氨酸的胞外结构域,进而招募泛素连接酶激活 MAPK。NOD 样受体,通过募集下游的受体作用于丝氨酸苏氨酸蛋白,活化下游 TAB 和 MAPK8 基因,通过激活 MAPK 通路介导免疫反应和促炎因子的释放^[15]。

CCL5 是趋化因子家族成员之一,调控 T 淋巴细胞的活性和分泌能力,可以介导单核细胞、淋巴细胞等的趋化作用,并参与伤口的愈合过程。本研究中 CCL5 基因作为显著差异基因被富集,并且参与 NOD 样受体信号通路和 TNF 信号通路。有研究者在对荷斯坦奶牛乳脂率相关差异表达基因的筛选中,富集到 TNF 信号传导途径、MAPK 信号传导途径、Ras 信号传导途径、Rap1 信号通路、催产素信号传导途径和 GnRH 信号传导途径等通路,与乳脂代谢密切相关^[16]。在高产与低产奶牛的转录组分析中,共获得 24 个与泌乳功能相关的候选基因,其中就包括 CCL5^[4]。有研究者在对双峰驼乳房炎发生后相关免疫基因的研究中发现,免疫相关的核心差异表达基因中 CCL5 是联系较高的中枢节点基因之一^[17]。以上结果表明 MAPK 和 CCL5 基因的显著变化,很可能参与骆驼乳腺分支形成或者炎症发生的免疫过程,从而影响了泌乳过程。

AKT3 基因编码的蛋白质是丝氨酸/苏氨酸蛋白激酶家族 Akt 的成员,能够调节胰岛素响应和生长因子信号转导,并广泛参与细胞增殖、分化、凋亡、糖原合成和葡萄糖摄取等多种生物学过程^[18]。这种激酶已被证明受血小板衍生生长因子、胰岛素和胰岛素样生长因子 1 的刺激。本研究中,AKT3 显著上调,并富集在蛋白丝氨酸/苏氨酸激酶活性以及细胞衰老等代谢和通路中。在大白母猪繁殖

性状关键候选基因研究中,鉴定 AKT3 基因是关键候选基因之一^[19]。在小鼠的研究中发现,CircAKT3 通过调控靶基因 AKT3 的表达,从而促进雌性生殖干细胞(FGSCs)自我更新^[20]。在奶牛的研究中发现 PRLR 和 AKT 基因的表达水平与妊娠发展存在协同关系,PRLR 表达的增加与维持泌乳有关,会促进奶牛乳蛋白和乳糖的合成^[21]。因此,AKT3 可能参与了骆驼的繁殖和泌乳过程,从而对产奶量产生影响。

MAN2A1 基因是甘露糖苷酶成员,是一种溶酶体酶,这种酶通过切割 α -1,3-和 α -1,6-连接的甘露糖基,从而参与高尔基体中新合成的 N-糖蛋白的成熟。2 α -甘露糖苷酶在哺乳动物细胞中 N-聚糖成熟的不同阶段起作用。研究发现,在猪的 α -甘露糖苷酶和奶牛的 α -岩藻糖苷酶等特定物种的糖苷酶的活性在卵泡成熟过程中增加^[22]。还有研究证实,在卵母细胞体外受精过程中, α -甘露糖苷酶、 β -N-乙酰氨基葡萄糖苷酶,以及 β -半乳糖苷酶等活性与牛初级及次级成长期的复合型滤泡颗粒层紧密相关^[23]。该基因在高产骆驼中的表达量显著提升,且在甘露糖苷酶活性功能上显著富集。这表明该基因有可能在高产骆驼卵泡发育成熟等影响繁殖能力的过程中发挥作用。

CFD (Complement Factor D, CFD) 是一种丝氨酸蛋白激酶,是酰化刺激蛋白合成的必要成分,由脂肪组织分泌并释放进入血液。研究者在罹患糖尿病的小鼠脂肪组织中发现 CFD mRNA 及蛋白质水平较禁食、链脲佐菌素诱导以及部分胰腺切除的个体显著降低^[24],在饥饿组的尾脂组织中 CFD 基因表达显著高于非饥饿组^[25],研究表明,CFD 基因能够促进脂解作用。据此推测骆驼 CFD 基因的差异表达很可能是参与脂解过程从而影响乳脂合成,最终影响产奶量,但未来还需要更加深入的探究验证。

CAMK2D 是 CaMKII 家族的基因,是钙/钙调蛋白依赖性蛋白激酶,钙离子/钙调蛋白可以将其激酶激活而参与调控细胞生长,分化和凋亡等多种生理功能。研究表明,lncRNA MPNCR 作为 ce RNA 竞争性结合 miR-31,从而上调 miR-31 靶基因 CAMK2D 的表达,进而建立一个调控奶牛乳腺上皮细胞的调控关系,以抑制奶牛乳腺上皮细胞的增殖。在对双峰驼乳腺发育相关候选基因的转录组分析中发现显著上调基因(CAMK2D、CAMK2A、BTRC 等)。这表明 CAMK2D 与骆驼乳腺细胞增殖、泌乳性能之间可能密切相关,但该基因在乳腺发育中的机制有待继续研究。

此外,本研究发现,高产和低产骆驼中显著差异基因更多富集在与疾病相关的通路。在差异基因所富集的通路里,涵盖金黄色葡萄球菌感染、NOD 样受体信号通路、T 细胞受体信号通路、吞噬体、溶酶体、细胞凋亡、沙门氏菌感染等众多炎症或疾病相关信号通路。这一现象或许表明,骆驼的产奶量与机体所发生的炎症反应及免疫失衡之间存在关联。在现存的报道中,骆驼的发病率相较于其他乳畜更低,这可能与骆驼长期在野外环境生存有关。在漫长的生存进化历程中,骆驼通过采食骆驼刺、红柳、沙棘及白刺等具有中草药功能的野生植物,来增强自身免疫能力并治疗自身疾病。因此,那些患病较少或自愈能力较强的骆驼,可能具备更高的生存力与繁殖力。为了更好地哺育后代,它们产奶量更高,进而在与生存环境的竞争中获得更大优势。然而,鉴于本研究样本量的局限性,上述推测需借助更丰富的研究数据予以进一步验证。

4 结 论

本研究运用转录组分析技术,对受试的准噶尔双峰驼血液样本,进行产奶性状相关基因的筛选。对筛选获得的 1 893 个差异表达基因进行 GO 功能富集分析发现,共 433 个差异基因富集到 756 个 Terms 中,主要的生物学过程为苏氨酸磷酸酶/苏氨酸激酶、甘露糖苷酶、半胱氨酸型肽酶、跨膜受体

蛋白激酶等活性功能。对差异表达基因进行KEGG信号通路分析,筛选34条具有统计学意义的信号通路,主要有NOD样受体信号通路、TNF信号通路、T细胞通路、溶酶体、细胞衰老、金黄色葡萄球菌感染,以及细胞分化等通路。结合基因功能注释信息分析,共筛选MAPK13、CCL5、AKT3、CFD、MAN2A1、CAMK2D,6个与乳腺发育和泌乳调控相关的候选基因,为未来的骆驼选育工作提供数据支持。

参考文献

- [1] XUAN R, CHAO T L, ZHAO X D, et al. Transcriptome profiling of the nonlactating mammary glands of dairy goats reveals the molecular genetic mechanism of mammary cell remodeling[J]. *Journal of Dairy Science*, 2022, 105(6): 5238–5260.
- [2] BAI X, ZHENG Z Q, LIU B, et al. Whole blood transcriptional profiling comparison between different milk yield of Chinese Holstein cows using RNA-seq data[J]. *BMC Genomics*, 2016, 17(Suppl 7): 512.
- [3] 白雪. 荷斯坦奶牛全血基因表达与泌乳功能的关联研究[D]. 呼和浩特: 内蒙古农业大学, 2019.
- [4] TUCKER H L M, PARSONS C L M, ELLIS S, et al. Tamoxifen impairs prepubertal mammary development and alters expression of estrogen receptor α (ESR1) and progesterone receptors (PGR)[J]. *Domestic Animal Endocrinology*, 2016, (54): 95–105.
- [5] VELAYUDHAN B T, HUDERSON B P, MCGILLIARD M L, et al. Effect of staged ovariectomy on measures of mammary growth and development in prepubertal dairy heifers[J]. *Animal*, 2012, 6(6): 941–951.
- [6] NØRGAARD J V, NIELSEN M O, THEIL P K, et al. Development of mammary glands of fat sheep submitted to restricted feeding during late pregnancy[J]. *Small Ruminant Research*, 2008, 76(3): 155–165.
- [7] 王娟, 姜忠玲, 丛霞, 等. 基于RNA-seq技术筛选低钙培养奶牛乳腺上皮细胞差异表达基因[J]. *中国兽医杂志*, 2021, 57(1): 27–31, 130–131.
- [8] YAO H B, LIANG X R, DOU Z H, et al. Transcriptome analysis to identify candidate genes related to mammary gland development of Bactrian camel (*Camelus bactrianus*)[J]. *Frontiers in Veterinary Science*, 2023(10): 1196950.
- [9] 王臻. 基于全转录组联合分析揭示长短期热应激影响荷斯坦奶牛泌乳性能的差异机制[D]. 杭州: 浙江大学, 2021.
- [10] 马应国, 梁金超, 马海玉, 等. 基于转录组测序技术对哈萨克马产奶量相关差异表达lncRNA的研究[J]. *农业生物技术学报*, 2023, 31(5): 1001–1012.
- [11] 崔英俊, 于广璞, 汤云飞, 等. FGF2通过MAPK信号通路影响奶牛乳腺分支形态变化[J]. *东北农业大学学报*, 2018, 49(8): 48–53, 72.
- [12] 余元勋, 鲍远程, 王爱玲, 等. 中国疾病信号通路与靶向治疗学[M]. 合肥: 安徽科学技术出版社, 2013.
- [13] USMAN M, QURESHI A S, ALI M Z, et al. The effects of long-term diabetes on the haematological and uterine indicators and their association with neonatal nephrogenesis counter-protected by camel milk: a time dependent study[J]. *Veterinárni Medicina*, 2020, 65(1): 25–35.
- [14] PEI G, DORHOI A. NOD-like receptors: guards of cellular homeostasis perturbation during infection[J]. *International Journal of Molecular Sciences*, 2021, 22(13): 6714.
- [15] 刘佳敏. 荷斯坦奶牛乳脂率差异表达miRNA的筛选与功能验证[D]. 银川: 宁夏大学, 2023.
- [16] 马万鹏. 新疆双峰驼生理指标测定、乳房炎调查及基于血液转录组的乳房炎相关基因分析[D]. 乌鲁木齐: 新疆农业大学, 2022.
- [17] NAKANISHI A, WADA Y, KITAGISHI Y, et al. Link between PI3K/AKT/PTEN pathway and NOX protein in diseases[J]. *Aging and Disease*, 2014, 5(3): 203–211.
- [18] 肖锦红. 基于基因组信息筛选大白母猪繁殖性状关键候选基因的研究[D]. 杨凌: 西北农林科技大学, 2023.
- [19] 沈玥. CircAKT3对雌性生殖干细胞自我更新的调控作用及其机制[D]. 银川: 宁夏医科大学, 2021.

- [20] 宗灿华. 奶牛乳腺主要乳成分合成代谢的转录组学研究[D]. 哈尔滨: 东北农业大学, 2013.
- [21] REN S, POSTLEROVA P, LIBERDA J, et al. Biochemical comparison of follicular fluid from mature and nonmature follicles in pigs and cows[J]. *Biology of Reproduction*, 2010, 83(Suppl_1): 342.
- [22] DOVOLOU E, SAMARTZI F, PERREAU C, et al. The activity of three glycosidases (β -N-acetylglucosaminidase, α -mannosidase, and β -galactosidase) in the follicular fluid and in the maturation medium affects bovine oocyte maturation [J]. *Theriogenology*, 2016, 85(8): 1468–1475.
- [23] FLIER J S, COOK K S, USHER P, et al. Severely impaired adiponin expression in genetic and acquired obesity[J]. *Science*, 1987, 237(4813): 405–408.
- [24] 许瑞霞. 阿勒泰大尾羊 FABP4、ADIPOQ 和 CFD 基因分子克隆及其组织差异性表达的研究[D]. 石河子: 石河子大学, 2015.
- [25] 王丽贤. lncRNA MPNCR 影响奶牛乳腺上皮细胞增殖的机制研究[D]. 杨凌: 西北农林科技大学, 2020.

Screening of Camel Milk Production-Related Genes Based on Transcriptome Sequencing

LIU Li¹, LI Yongqing¹, CAO Lijun¹, MA Qinqin², LI Chunfang³, NUERZHATI·Wahati⁴, JIA Na⁴,
Liang Chunming⁵, Yan Jianyong², Hu Yongqing⁶, HU Bo², ZUNONGJIANG·Abula^{1*}

(1. Institute of Animal Husbandry, Xinjiang Uyghur Autonomous Region Academy of Animal Sciences, Urumqi 830011, China;
2. Institute of Animal Husbandry Quality Standards, Xinjiang Uyghur Autonomous Region Academy of Animal Sciences,
Urumqi 830011, China; 3. Hebei Province Livestock Association, Shijiazhuang 050049, China;
4. Xinjiang Uyghur Autonomous Region Academy of Animal Sciences, Urumqi 830011, China;
5. Institute of Veterinary Medicine, Xinjiang Uyghur Autonomous Region Academy of Animal Sciences, Urumqi 830011, China;
6. Institute of Grassland Science, Xinjiang Uyghur Autonomous Region Academy of Animal Sciences, Urumqi 830011, China)

Abstract: [Objective] Milk production is an important economic trait of camels. However, the trait has not been fully developed, and the genetic mechanisms related to milk production are rarely reported. Therefore, this study aimed to mine genes related to milk production of camels at the transcriptome level to provide a reference for breeding high-milk-yield camels. [Methods] Camels at the same lactation stage were categorized into high- and low-yield groups based on milk production data, then blood samples were collected for transcriptome sequencing. [Results] The results showed that a total of 1 893 differentially expressed genes (FDR<0.05) were screened, 1 094 genes (57.80%) were significantly up-regulated, and 799 genes (42.20%) were significantly down-regulated through comparative analysis of transcriptome data. GO functional analysis showed that 398 terms were enriched to BP, 98 to CC, and 260 to MF, respectively. Analysis of the KEGG pathway highlighted enrichment in disease-related pathways such as NOD-like receptor signaling pathway, TNF signaling pathway, T-cell receptor pathway, lysosome cellular, cellular senescence, Staphylococcus aureus infection, and osteoclast differentiation. [Conclusion] Through comparative analysis of transcriptome data and gene function annotation, MAPK13, CCL5, AKT3, CFD, MAN2A1 and CAMK2D were screened out, which were related to lactation regulation and mammary gland development. These findings provided a theoretical basis for future studies on the molecular mechanisms of high-milk-yield camels, contributing to a deeper understanding of the complex regulatory networks of lactation and mammary gland development. Future studies would focus on validating the regulatory roles of these genes to optimize breeding strategies for high-milk-yield camel populations.

Key words: camel; lactation; transcriptome; candidate gene

10.16863/j.cnki.1003-6377.2025.05.005

牛结核病及牛分枝杆菌疫苗研究进展

罗鹏飞¹, 吕双燕¹, 李鑫², 郑汝芸¹, 杜炎斌^{3*}

(1.阿勒泰地区动物疾病控制与诊断中心, 新疆 阿勒泰 836500;

2.黑龙江省动物疫病预防控制中心, 哈尔滨 150069;

3.伊州区动物疫病预防控制中心, 新疆 哈密 839000)

摘要:【目的】牛结核病(Bovine Tuberculosis, bTB)主要是由牛分枝杆菌(*Mycobacterium bovis*, *M. bovis*)感染引起的一种人畜共患传染病。牛分枝杆菌感染动物后,通过抑制机体免疫应答和病原逃避等方式,寄生在机体内,最终形成肉芽肿。【方法】由于牛接种传统卡介苗(*Bacillus Calmette-Guérin*, BCG)免疫后,无法有效鉴别感染动物和免疫动物,因此,该疫苗仅用于人结核病防控。【结果】当前,部分国家面临牛结核病“检测-扑杀”防控策略经济成本过高问题。然而,随着区分野毒感染和疫苗免疫动物(Differentiating Infected from Vaccinated Animals, DIVA)诊断技术的不断发展,不少国家考虑通过免疫牛分枝杆菌疫苗来防控牛结核病。【结论】对牛分枝杆菌的致病特点、病原逃避机制及牛分枝杆菌疫苗研究进展进行阐述,期望增进对该病原的认识,并为后续相关疫苗的开发提供思路。

关键词: 牛结核病;卡介苗;疫苗;研究进展

中图分类号:S859.79

文献标识码:A

文章编号:1003-6377(2025)05-0031-07

牛结核病(Bovine Tuberculosis, bTB)是由牛分枝杆菌(*Mycobacterium bovis*, *M. bovis*)等结核分枝杆菌复合群(*Mycobacterium tuberculosis* Complex, MTBC)感染后所引起的一种慢性人畜共患传染病。牛感染牛分枝杆菌后,前期无临床症状,后期多表现为低烧、虚弱、顽固性咳嗽,并可能出现局部淋巴结肿大症状^[1]。牛分枝杆菌属于分枝杆菌属,呈直杆或弯杆状,无鞭毛、荚膜及芽孢,属革兰氏阳性菌。其主要通过呼吸道和消化道传播。病畜通过咳嗽或呼吸的方式,排出气溶胶,被其他易感动物吸入后可引起感染。此外,病畜亦可通过痰液、乳汁及粪便等向外排菌,健康动物可在接触被病菌污染的水源或饲料后感染^[2,3]。总体而言,由于牛分枝杆菌宿主范围广泛、传播途径多样,已给我国畜牧业和公共卫生事业造成巨大的经济损失。目前,学界对结核分枝杆菌研究较为深入。考虑到牛分枝杆菌与结核分枝杆菌同为分枝杆菌属成员,两者基因同源性达99%以上,具有相似的毒力因子和致病机制,本研究将主要就牛分枝杆菌的致病特点、病原逃避机制及相关牛分枝杆菌疫苗的研究进展进行阐述。

基金项目:新疆维吾尔自治区科技计划面上项目“多种试验方法在阿勒泰地区牛结核病检测中的集成示范与推广应用”(2023D01F01)

作者简介:罗鹏飞(1989-),男,硕士研究生,高级兽医师,研究方向为基础兽医学。E-mail:altdwjzx@sina.com

通信作者:杜炎斌(1996-),男,硕士研究生,兽医师,研究方向为预防兽医学。E-mail:951611332@qq.com

收稿日期:2025-05-28, **修回日期:**2025-08-03

1 现状

1.1 牛结核病流行现状

19世纪初,欧洲首次发生牛结核病^[4]。随着国际贸易日益频繁,牛结核病在世界范围内广泛流行。据世界卫生组织估计,仅2019年,全球因牛分枝杆菌感染的人畜共患结核病新增病例约14万例,死亡病例约1.14万人。我国于20世纪50年代首次大面积暴发牛结核病,自此,该病逐渐成为我国人畜共患病防控难点之一。目前,国内关于牛结核病流行情况的调查研究较少。2018年,张喜悦等^[5]对北方某地区33个奶牛场的990份全血进行检测,结果显示,样品个体阳性率为13.99%,群体阳性率为51.51%。2020年,赵胜杰等^[6]对来自河南省168个场群的9 295头牛进行牛型结核菌素皮内变态反应试验,结果显示,牛群结核病场群阳性率为9.52%,平均个体阳性率为0.79%。朱一帆等^[7]通过统计《兽医公报》2016年1月—2021年9月的数据发现,该时期内,我国有17个省(自治区、直辖市)报道发生过牛结核病疫情,其中陕西、新疆、内蒙古是报告疫情数较多的省区。宫庆龙等^[8]对2010—2019年间发表的100篇关于中国牛结核病流行情况的报道进行汇总分析,并推算出我国牛群牛结核病的整体流行率为2.40%。加之近年来国内奶牛频繁调运,因此,可以认为目前各地仍需重视牛结核病防控工作。

1.2 牛结核病防控现状

目前,牛分枝杆菌疫苗主要用于人结核病防控。然而,随着各国牛结核病防控工作的持续推进,FROMSA A和GORTÁZAR C等^[9,10]认为,采取定期畜禽检测和扑杀阳性畜的防控成本较高,且不利于牛结核病的有效控制。与此同时,MCCORMACK J和HOLDER T等^[11,12]对牛接种分枝杆菌疫苗重新寄予厚望。因此,疫苗免疫可能成为未来牛结核病防控的备选方案。然而,当前牛分枝杆菌疫苗的实际使用效果并不理想,仍受免疫保护效果有限、难以鉴别免疫抗体和感染抗体等多重因素的制约。

2 问题

2.1 牛分枝杆菌宿主范围广泛

通常情况下,牛被认为是分枝杆菌的天然宿主。实际上,该细菌宿主范围广泛,调查显示,包括人在内,牛分枝杆菌可以感染超过85个不同物种,包括养殖动物、家庭宠物和野生动物等,给我国养殖业和公共卫生安全带来了巨大的风险隐患^[13]。

2.2 分枝杆菌长期潜伏感染

分枝杆菌经鼻腔或口腔进入体内后,大部分会黏附在上呼吸道;继而通过黏膜进入肺泡间隙,被巨噬细胞吞噬;然后通过细支气管进入血液,循环至全身其他部位,引起发病^[14]。

通常情况下,机体感染分枝杆菌后,肺泡巨噬细胞会释放趋化因子,诱导单核细胞来源的树突状细胞和巨噬细胞在感染区域聚集^[15]。该阶段,血液单核细胞向感染部位聚集,导致肉芽肿的形成^[16]。肉芽肿的形成共经历四个阶段,I期(初期),早期病变表现为上皮样巨噬细胞、淋巴细胞、中性粒细胞和朗汉斯型多核巨细胞堆积;II期(实性),与I期相同,但中心有中性粒细胞、淋巴细胞浸润和薄纤维囊;III期(坏死),纤维完全包被,明显的中央坏死;IV期(坏死和矿化),出现多中心坏死、矿化,并有厚纤维包被的多聚结性坏死性肉芽肿^[17]。肉芽肿通常为球形、坚硬、黄色或灰色的直径为1~3 cm的免疫细胞密集颗粒状聚集体,包围被感染的巨噬细胞并进行细菌隔离。一方面,机体通过形成肉芽肿来控制分枝杆菌在体内的传播和扩散;另一方面,肉芽肿也使细菌保持休眠状态,从而避免被免疫系统清除,以便继续潜伏在体内,等待某些情况下被重新激活^[18]。

2.3 分枝杆菌逃避机制

分枝杆菌的细胞壁主要由三种结构组成,包括阿拉伯半乳聚糖-肽聚糖复合物(Arabinogalactan-Peptidoglycan-Mycolate Complex)、肽聚糖(Peptidoglycan, PG)和霉菌酸(Mycolic acid, MA),此外,其细胞壁下主要由脂质组成的包膜,被认为有助于分枝杆菌实现逃逸^[19]。

巨噬细胞作为免疫调节和效应细胞,在机体抗感染反应中发挥着重要作用,其主要通过吞噬、抗原呈递和分泌细胞因子来协调机体的炎症和免疫反应,是重要的免疫屏障^[20]。研究显示,被结核分枝杆菌(*Mycobacterium tuberculosis*, *M.tuberculosis*)感染后,机体主要以细胞免疫反应为主,此时巨噬细胞可以协调多个信号级联,触发多种先天免疫防御,包括吞噬、凋亡、自噬和炎性体激活来消灭 *M.tuberculosis*^[21,22]。而分枝杆菌的逃避,也主要是通过与其巨噬细胞的相互作用来实现的,其通过抑制巨噬细胞成熟和溶酶体酸化、抑制氧化应激、细胞凋亡和自噬等途径,来实现逃避。

分枝杆菌会抑制巨噬细胞成熟和酸化。通常而言,致敏巨噬细胞的成熟和酸化,会加速溶酶体杀灭细胞内病原体的进程,从而实现对分枝杆菌的消灭。机体内,树突状细胞可通过特异性受体——树突状细胞特异性细胞间黏附分子-3-结合非整合素分子(dendritic cell-specific intercellular adhesion molecule-3-grabbing nonintegrin, DC-SIGN)捕获 *M.tuberculosis*,并进行抗原呈递。而 GEIJTENBEEK 等^[23]研究发现,感染 MTB 的巨噬细胞会释放出结核分枝杆菌细胞壁成分,即甘露糖帽修饰的脂阿拉伯甘露聚糖(mannose-capped-lipoarabinomannan, ManLAM);当 DC-SIGN 与 ManLAM 结合时,会抑制巨噬细胞成熟。细菌在酸性环境通常处于生长抑制状态。此时,细胞内溶菌酶活性较强,酸性 pH 值会影响吞噬细胞中囊泡运输过程。总体而言,酸性环境对机体清除病原感染具有重要意义^[24]。

需要注意的是, *M.tuberculosis* 还可通过抑制吞噬体的酸化来抑制吞噬细胞成熟,以确保其长期生存在相对适宜的环境中。H 亚基是驱动吞噬体膜酸化的多亚基蛋白复合物, WONG D 等^[25]研究发现, *M.tuberculosis* 分泌的蛋白酪氨酸磷酸酶(PtpA)会与巨噬细胞膜上 H^+ -ATPase 复合体中的 H 亚基结合,以阻断 V-ATPase 的运输和吞噬体的酸化,从而实现逃避。

与此同时, *M.tuberculosis* 还能够通过适应机体氧化应激反应来实现逃避。VOSKUIL M I 等^[26]发现,在过氧化氢(H_2O_2)和一氧化氮(NO)氧应激状态下, *M.tuberculosis* 的过氧化物酶基因 KatG 表达明显上调。此时, MTB 可能通过大量表达 KatG 酶等,帮助其适应机体氧化环境。

此外, *M.tuberculosis* 还抑制细胞自噬过程。SAINI N K 等^[27]通过对 *M.tuberculosis* 抑制受分枝杆菌感染的树突状细胞,呈递主要组织相容性复合体(Major Histocompatibility Complex, MHC)II 类限制性抗原的相关基因位点,进行全基因组筛选,其发现 PE_PGERS47 蛋白与毒力分枝杆菌的致病机制和细胞内存活能力有关, PE_PGERS47 蛋白在抑制感染宿主体内吞噬细胞的自噬中发挥重要作用。

3 疫苗防控对策

3.1 卡介苗

卡介苗(*Bacillus Calmette-Guérin*, BCG)是最著名的 *M.bovis* 减毒活疫苗,于 1907 年,经 *M.bovis* 连续传代获得,1921 年开始用于人结核病防控,至今已有一百余年,为人类结核病防控作出了巨大贡献。目前,由于各国采取的 *M.bovis* 传代和培养方法不同,形成了许多表型和基因型不同的亚株,主要包括,法国卡介苗巴斯德 1173P2 株、丹麦卡介苗 1331 株、俄罗斯卡介苗-1 株、葛兰素史克从丹麦菌株衍生的 1077 株,以及东京卡介苗 172-1 株和莫罗 RDJ 株。中国现用卡介苗为丹麦 823 株的后代菌株 BCGD2PB302 株,由上海生物制品研究所科研人员在胆汁马铃薯培养基和 Sauton 马铃薯培养基中交替传代培养获得^[28,29]。

近年来,不少国家在实施牛结核病“检测—扑杀”防控策略过程中发现,一方面,政府承担的经济成本过高;另一方面,养殖户亦需要承担扑杀动物补贴不足、补充健康动物成本高昂以及畜群隔离费用等经济损失^[30]。同时,研究人员还发现,山羊、绵羊、猪、野猪、鹿、负鼠和雪貂等其他动物也是 *M.bovis* 的野生宿主和重要传播媒介,这无疑给牛结核病防控工作带来了巨大挑战^[31]。因此,虽然卡介苗免疫牛后,在临床应用牛提纯结核菌素(Purified Protein Derivative, PPD)皮内变态反应试验诊断时常出现假阳性,目前并未大批量应用于牛的免疫。然而, BAYISSA B 等^[32]已开始探索卡介苗免疫动物的保护效果及相关鉴别诊断方法的研发,并取得一定进展。

例如,来自美国宾夕法尼亚州立大学的 SRINIVASAN S 等^[33,34]开发了基于 *M.bovis* 野毒株特有的 ESAT-6、CFP10、Rv3615c 等蛋白的抗原皮试检测方法。该方法可以作为 PPD 检测方法的补充,并为检测接种卡介苗后的动物感染试验提供技术支撑,使得未来有可能在使用卡介苗免疫动物的同时,也能较好地进行感染动物的鉴别诊断。此外, FROMSA A 等^[9]为更真实、客观地了解 and 评估卡介苗对牛的免疫效果,设计了一项以奶牛为实验动物的 *M.bovis* 自然传播实验,其应用 DIVA 检测方法鉴别阳性牛,从而评估卡介苗的免疫保护效果。结果显示,与未接种疫苗的动物相比,接种疫苗的牛的 BTB 传播减少了 74% (95% CrI: 46% ~ 89%); 卡介苗接种后的间接保护作用(即接种疫苗后,感染动物传染导致其他动物发病的能力)超过直接保护作用(即接种疫苗动物不被 *M.bovis* 感染的能力) 58% (95% CrI: 34% ~ 73%); 疫苗综合保护效应达到 89% (95% CrI: 74% ~ 96%)。同时,与未接种疫苗的对照组相比,接种疫苗组的牛病变评分明显较低,这说明了卡介苗接种对牛结核病防控有着重要意义。

3.2 改良卡介苗

Ag85B 是一种分泌蛋白,负责细菌细胞膜的生物合成,属于纤连蛋白结合蛋白(Fbps)复合物的成员(该复合物包括 Ag85A、Ag85B 和 Ag85C)。这些蛋白质在结核病的发病机理中发挥重要作用,被认为与 *M.tuberculosis* 毒力相关^[35,36]。RIZZI C 等^[37]基于法国卡介苗巴斯德 1173P2 株,开发了一种能够过表达 Ag85B 蛋白的牛分枝杆菌卡介苗,该疫苗菌株被命名为“牛分枝杆菌”(*M. bovis* Δ leuD BCG-85b)。试验结果显示,该疫苗对牛的保护效果优于野生型 *M.bovis* 巴斯德菌。此外,牛分枝杆菌 BCG1419c 基因编码一种有活性的磷酸二酯酶,该酶可水解双-(3'-5')-环二聚体 GMP (c-diGMP),从而发挥抑制细菌运动、促进细菌生物膜形成的作用^[38]。GUNASENA M 等^[39]发现,相比卡介苗巴斯德菌株, BCG Δ BCG1419c 疫苗株在静脉注射后具有更高的生物膜生成能力,并在免疫能力强的小鼠体内存活更久;最主要的是,与 BCG 免疫小鼠相比, BCG Δ BCG1419c 免疫小鼠在 *M.tuberculosis* 感染后也表现出较轻的肺部病理变化。

VPM1002 疫苗是一种携带细胞李斯特菌溶血素 O (Listeriolysin O, LLO) 基因 HLY, 而缺失自身脲酶素 C (ureC) 基因的重组 BCG。通常,当 *M.tuberculosis* 感染巨噬细胞时,脲酶素 C 会中和吞噬体酸化,抑制吞噬溶酶体成熟,从而防止吞噬体成熟并抑制 MHCII 转运到细胞表面,减少抗原呈递^[40]。而溶血素 LLO 是一种毒力因子,能够促进细菌抗原和 DNA 进入宿主细胞的细胞质^[41]。因此,在 VPM1002 疫苗中删除 ureC 后,既能够促进 VPM1002 疫苗抗原进入细胞质,增强机体 MHC I 途径免疫应答,也可以促进吞噬溶酶体成熟,增强机体 MHCII 途径免疫应答^[42,43]。

总体而言,对 VPM1002 疫苗的改造是为诱导机体产生更强的 CD4⁺ 和 CD8⁺T 细胞反应。目前,该疫苗在人免疫安全性及免疫原性的 II 期临床试验已成功完成。结果显示,该疫苗能够增强 CD4⁺ 和 CD8⁺ T 细胞免疫应答反应,提高宿主防御能力。此外, GRODE L 等^[42,44,45]分别用 BCG 和不同剂量的 VPM1002 疫苗对人进行免疫,未发现两种疫苗存在免疫后通过鼻分泌物、唾液、尿液或粪便排出的现象。山羊是对 *M.bovis* 和山羊分枝杆菌 (*Mycobacterium caprae*) 高度易感的天然宿主,其在免疫反

应和结核病病理表现方面与牛相似,是评估结核病疫苗的适宜动物模型。PÉREZ B等^[46]使用BCG接种山羊后24周内,未在鼻腔分泌物、乳汁和粪便等排泄物中检测出疫苗抗原。另外,根据FIGL J等^[43]使用VPM1002和卡介苗免疫幼年山羊后的临床评估及血液学评估结果显示,VPM1002疫苗与BCG疫苗具有相近的安全性和免疫效果。

4 结论

牛结核病是重要的人畜共患病,受到全球科研人员的广泛关注。近年来,牛结核疫苗及相关DIVA诊断技术的研究工作取得积极进展,已有多种疫苗进入牛的临床试验阶段。同时,由于世界各国实施的牛结核病“检测-扑杀”防控策略效果未达预期,部分国家科学家已开始探索牛结核疫苗免疫动物的防控新模式。未来,随着对M.bovis病原的致病机制等特点认识的逐步深入,牛结核病疫苗免疫有望在牛结核病防控中发挥重要作用。

参考文献

- [1] AG L, IE D. Bovine tuberculosis remains a major public health concern: a review[J]. *Austin Journal of Veterinary Science & Animal Husbandry*, 2022, 9(1): 10853.
- [2] BOUCHEZ-ZACRIA M, COURCOUL A, DURAND B. The distribution of bovine tuberculosis in cattle farms is linked to cattle trade and badger-mediated contact networks in south-western France, 2007–2015[J]. *Frontiers in Veterinary Science*, 2018 (5): 173.
- [3] HANIF S N M, GARCIA-CONTRERAS L. Pharmaceutical aerosols for the treatment and prevention of tuberculosis[J]. *Frontiers in Cellular and Infection Microbiology*, 2012(2): 118.
- [4] FRANCIS J. Bovine Tuberculosis, including a contrast with Human Tuberculosis [J]. 1947(3): 78.
- [5] 张喜悦,路广计,曹瑞,等. 我国北方某地区的牛结核病流行病学调查[J]. *中国预防兽医学报*, 2018, 40(4): 350–352.
- [6] 赵胜杰,尼博,盛敏. 2020年河南省牛群结核病感染情况调查[J]. *养殖与饲料*, 2022, 21(2): 13–15.
- [7] 朱一帆,陈颖钰,胡长敏,等. 我国牛重要传染病流行现状和防控建议[J]. *华中农业大学学报*, 2023, 42(2): 1–8.
- [8] GONG Q L, CHEN Y, TIAN T, et al. Prevalence of bovine tuberculosis in dairy cattle in China during 2010–2019: a systematic review and meta-analysis[J]. *PLoS Neglected Tropical Diseases*, 2021, 15(6): 9502.
- [9] FROMSA A, WILLGERT K, SRINIVASAN S, et al. BCG vaccination reduces bovine tuberculosis transmission, improving prospects for elimination[J]. *Science*, 2024, 383(6690): 3962.
- [10] GORTÁZAR C, DE LA FUENTE J, PERELLÓ A, et al. Will we ever eradicate animal tuberculosis[J]. *Irish Veterinary Journal*, 2023, 76(Suppl 1): 24.
- [11] MCCORMACK J. Horizon scanning: what next for bovine TB control in England[J]. *Irish Veterinary Journal*, 2023, 76(Suppl 1): 18.
- [12] HOLDER T, COAD M, ALLAN G, et al. Vaccination of calves with Bacillus Calmette-Guerin Danish strain 1331 results in a duration of immunity of at least 52 weeks[J]. *Vaccine*, 2023, 41(48): 7290–7296.
- [13] KANIPE C, PALMER M V. Mycobacterium bovis and you: a comprehensive look at the bacteria, its similarities to Mycobacterium tuberculosis, and its relationship with human disease[J]. *Tuberculosis*, 2020(125): 102006.
- [14] BORHAM M, OREIBY A, EL-GEDAWY A, et al. Review on bovine tuberculosis: an emerging disease associated with multidrug-resistant Mycobacterium species[J]. *Pathogens*, 2022, 11(7): 715.
- [15] KLEINNIJENHUIS J, OOSTING M, JOOSTEN L A B, et al. Innate immune recognition of Mycobacterium tuberculosis[J]. *Journal of Immunology Research*, 2011, 2011(1): 405310.
- [16] KAWKA M, PŁOCIŃSKA R, PŁOCIŃSKI P, et al. The functional response of human monocyte-derived macrophages to serum amyloid A and Mycobacterium tuberculosis infection[J]. *Frontiers in Immunology*, 2023(14): 1238132.
- [17] WATERS W R, HOPE J C, HAMILTON C A, et al. Immunopathogenesis of Mycobacterium bovis infection of cattle[M]// *Tuberculosis, leprosy and mycobacterial diseases of man and animals: the many hosts of mycobacteria*. UK: CABI, 2015(3):

136-167.

- [18] TUFARIELLO J M, CHAN J, FLYNN J L. Latent tuberculosis: mechanisms of host and *Bacillus* that contribute to persistent infection[J]. *Lancet. Infectious Diseases*, 2003, 3(9): 578-590.
- [19] GUENIN-MACÉL, SIMÉONE R, DEMANGEL C. Lipids of pathogenic mycobacteria: contributions to virulence and host immune suppression[J]. *Transboundary and Emerging Diseases*, 2009, 56(6/7): 255-268.
- [20] WEISS G, SCHAIBLE U E. Macrophage defense mechanisms against intracellular bacteria[J]. *Immunological Reviews*, 2015, 264(1): 182-203.
- [21] DOMINGO-GONZALEZ R, PRINCE O, COOPER A, et al. Cytokines and chemokines in *Mycobacterium tuberculosis* infection[J]. *Microbiology Spectrum*, 2016, 4(5): 10.1128.
- [22] LIU C H, LIU H Y, GE B X. Innate immunity in tuberculosis: host defense vs pathogen evasion[J]. *Cellular & Molecular Immunology*, 2017, 14(12): 963-975.
- [23] GEIJTENBEEK T B H, VAN VLIET S J, KOPPEL E A, et al. *Mycobacteria* target DC-SIGN to suppress dendritic cell function [J]. *The Journal of Experimental Medicine*, 2003, 197(1): 7-17.
- [24] VAN DEURS B, HOLM P K, SANDVIG K. Inhibition of the vacuolar H⁺-ATPase with bafilomycin reduces delivery of internalized molecules from mature multivesicular endosomes to lysosomes in HEp-2 cells[J]. *European Journal of Cell Biology*, 1996, 69(4): 343-350.
- [25] WONG D, BACH H, SUN J, et al. *Mycobacterium tuberculosis* protein tyrosine phosphatase (PtpA) excludes host vacuolar-H⁺-ATPase to inhibit phagosome acidification[J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 2011, 108(48): 19371-19376.
- [26] VOSKUIL M I, BARTEK I L, VISCONTI K, et al. The response of *Mycobacterium tuberculosis* to reactive oxygen and nitrogen species[J]. *Frontiers in Microbiology*, 2011(2): 105.
- [27] SAINI N K, BAENA A, NG T W, et al. Suppression of autophagy and antigen presentation by *Mycobacterium tuberculosis* PE_PGRS47[J]. *Nature Microbiology*, 2016(1): 16133.
- [28] LI J L, LU J B, WANG G Z, et al. Past, present and future of *Bacillus calmette-guérin* vaccine use in China[J]. *Vaccines*, 2022, 10(7): 1157.
- [29] ZHAO A H, JIA S Z, KOU L J. Molecular genetic characteristics of BCG strains used for vaccine production in China and other countries[J]. *Chinese Journal of Biologicals*, 2009, 22(6): 583-587.
- [30] PÉREZ-MOROTE R, PONTONES-ROSA C, GORTÁZAR-SCHMIDT C, et al. Quantifying the economic impact of bovine tuberculosis on livestock farms in south-western Spain[J]. *Animals*, 2020, 10(12): 2433.
- [31] 王昱, 陈俊, 陈枫, 等. 新西兰牛结核病区域化防控与启示[J]. *中国动物检疫*, 2017, 34(3): 70-74.
- [32] BAYISSA B, SIRAK A, ZEWUDE A, et al. Field evaluation of specific mycobacterial protein-based skin test for the differentiation of *Mycobacterium bovis*-infected and *Bacillus Calmette Guerin*-vaccinated crossbred cattle in Ethiopia[J]. *Transboundary and Emerging Diseases*, 2022, 69(4): 1-9.
- [33] SRINIVASAN S, JONES G, VEERASAMI M, et al. A defined antigen skin test for the diagnosis of bovine tuberculosis[J]. *Science Advances*, 2019, 5(7): 4899.
- [34] SRINIVASAN S, SUBRAMANIAN S, SHANKAR BALAKRISHNAN S, et al. A defined antigen skin test that enables implementation of BCG vaccination for control of bovine tuberculosis: proof of concept[J]. *Frontiers in Veterinary Science*, 2020(7): 391.
- [35] WIKER H G, HARBOE M. The antigen 85 complex: a major secretion product of *Mycobacterium tuberculosis*[J]. *Microbiological Reviews*, 1992, 56(4): 648-661.
- [36] ARMITIGE L Y, JAGANNATH C, WANGER A R, et al. Disruption of the genes encoding antigen 85A and antigen 85B of *Mycobacterium tuberculosis* H37Rv: effect on growth in culture and in macrophages[J]. *Infection and Immunity*, 2000, 68(2): 767-778.
- [37] RIZZI C, BIANCO M V, BLANCO F C, et al. Vaccination with a BCG strain overexpressing Ag85B protects cattle against

- Mycobacterium bovis challenge[J]. PLoS One, 2012, 7(12): 51396.
- [38] HENGGE R. Principles of c-di-GMP signalling in bacteria[J]. Nature Reviews Microbiology, 2009, 7(4): 263–273.
- [39] GUNASENA M, SHUKLA R K, YAO N Q, et al. Evaluation of early innate and adaptive immune responses to the TB vaccine Mycobacterium bovis BCG and vaccine candidate BCG Δ BCG1419c[J]. Scientific Reports, 2022, 12(1): 12377.
- [40] BENTRUP K H Z, RUSSELL D G. Mycobacterial persistence: adaptation to a changing environment[J]. Trends in Microbiology, 2001, 9(12): 597–605.
- [41] GRODE L, SEILER P, BAUMANN S, et al. Increased vaccine efficacy against tuberculosis of recombinant Mycobacterium bovis bacille Calmette–Guérin mutants that secrete listeriolysin[J]. The Journal of Clinical Investigation, 2005, 115(9): 2472–2479.
- [42] NIEUWENHUIZEN N E, KULKARNI P S, SHALIGRAM U, et al. The recombinant bacille calmette–guérin vaccine VPM1002: ready for clinical efficacy testing[J]. Frontiers in Immunology, 2017(8): 1147.
- [43] FIGL J, KÖHLER H, WEDLICH N, et al. Safety and immunogenicity of recombinant bacille calmette–guérin strain VPM1002 and its derivatives in a goat model[J]. International Journal of Molecular Sciences, 2023, 24(6): 5509.
- [44] COTTON M F, MADHI S A, LUABEYA A K, et al. Safety and immunogenicity of VPM1002 versus BCG in South African newborn babies: a randomised, phase 2 non-inferiority double-blind controlled trial[J]. The Lancet. Infectious Diseases, 2022, 22(10): 1472–1483.
- [45] GRODE L, GANOZA C A, BROHM C, et al. Safety and immunogenicity of the recombinant BCG vaccine VPM1002 in a phase 1 open-label randomized clinical trial[J]. Vaccine, 2013, 31(9): 1340–1348.
- [46] PÉREZ DE VAL B, VIDAL E, LÓPEZ–SORIA S, et al. Assessment of safety and interferon gamma responses of Mycobacterium bovis BCG vaccine in goat kids and milking goats[J]. Vaccine, 2016, 34(7): 881–886.

Research Progress on Bovine Tuberculosis and Mycobacterium bovis Vaccines

LUO Pengfei¹, LV Shuangyan¹, LI Xin², ZHENG Ruyun¹, DU Yanbin^{3*}

(1. Animal Disease Control and Diagnosis Center of Altay Prefecture, Altay, Xinjiang 836500, China;

2. Animal Disease Prevention and Control Center of Heilongjiang Province, Harbin 150069, China;

3. Animal Disease Prevention and Control Center of Yizhou District, Hami, Xinjiang 839000, China)

Abstract: **[Objective]** Bovine tuberculosis (bTB) is a zoonotic infectious disease primarily caused by infection with Mycobacterium bovis (M. bovis). After infecting the host, M. bovis parasitizes the host by suppressing immune responses and evading recognition, ultimately leading to granuloma formation. **[Methods]** Since the traditional Bacillus Calmette–Guérin (BCG) vaccine does not allow effective differentiation between infected and vaccinated animals, its use has been limited to human tuberculosis prevention and control. **[Results]** Currently, some countries face high economic challenges associated with the “test-and-cull” strategy for controlling bTB. However, with the continuous development of DIVA (differentiating infected from vaccinated animals) diagnostic techniques, many counties are considering the use of M. bovis vaccines for bTB control. **[Conclusion]** In this paper, the pathogenic characteristics of M. bovis, its evasion mechanisms and recent advances in M. bovis vaccine research were summarized, hoping to enhance understanding of the pathogen and provide insights for future vaccine development.

Key words: bovine tuberculosis (bTB); Bacillus Calmette–Guérin (BCG); vaccine; research progress

10.16863/j.cnki.1003-6377.2025.05.006

三种布鲁氏菌病检测技术在骆驼群体中的 适用性比较研究

车凤琴¹,丁克奇²,任明³,努尔拜合提·努尔旦⁴,古努尔·吐尔逊⁴,刘丽娅^{4*},薛晓波^{5*}

(1.新源县畜牧兽医发展中心,新疆 伊犁 835800;

2.尼勒克县畜牧兽医发展中心,新疆 伊犁 835700;

3.尼勒克县科蒙乡畜牧兽医站,新疆 伊犁 835702;

4.新疆畜牧科学院兽医研究所/新疆动物疫病研究重点实验室,乌鲁木齐 830011;

5.新疆畜牧科学院畜牧业经济与信息研究所,乌鲁木齐 830011)

摘要:【目的】布鲁氏菌病作为一种重要的人畜共患疾病,可在全球范围内对公共卫生安全造成严重威胁,给畜牧业带来巨大经济损失。研究旨在评估三种常用动物布病检测方法,即初筛方法虎红平板凝集试验(RBT)、确诊方法试管凝集试验(SAT)常量和(SAT)微量法在骆驼布病检测中的实际应用效果,为骆驼布病的诊断提供数据参考。【方法】采集2022—2024年期间从多个地区采集的345份双峰骆驼血清样本,并应用RBT、SAT常量和SAT微量法分别对采集样本进行检测,对比分析检测结果,评估其差异性。【结果】RBT检出骆驼布病阳性率为7.83%(27/345);SAT常量法检出骆驼布病阳性率为5.80%(20/345);SAT微量法检出骆驼布病阳性率为5.80%(20/345)。在RBT检测的阳性样本中,经SAT常量法和SAT微量法确认的阳性结果占比为74.07%(20/27)。SAT检测阳性样本均来自于RBT初筛阳性样本。【结论】不同检测方法对骆驼布病的检测结果存在差异。RBT检出的阳性率高于SAT常量法和SAT微量法,能够快速筛查布病可疑阳性个体。SAT微量法与SAT常量法的检测结果无显著差异,但微量法具有试剂消耗少、操作简便、检测效率高优势,更适合推广应用。然而,单一检测方法均无法准确判断骆驼感染布病情况。在实际应用中,应先用敏感性较高的方法进行初筛,再用特异性方法对初筛阳性样本做进一步确认,以提高检测结果的准确性和可靠性。

关键词:骆驼;布病;虎红平板凝集试验;试管凝集试验

中图分类号:S851.3

文献标识码:A

文章编号:1003-6377(2025)05-0038-06

布鲁氏菌病(Brucellosis)简称“布病”,是一种由布鲁氏菌引发的极具危害的人畜共患传染病^[1]。布鲁氏菌在侵入宿主体内后,主要侵袭动物的生殖系统和淋巴系统。感染动物常出现流产、不孕和睾丸炎等症状,对畜牧业的繁殖效率造成严重负面影响。同时,该病菌可通过直接接触感染动物的分泌物、排泄

基金项目:新疆维吾尔自治区科技特派员农村科技创业行动项目(2024KY026);新疆维吾尔自治区重点研发专项(2022B03013-1)

作者简介:车凤琴(1986-),女,本科,兽医师,研究方向为实验室动物疫病防控。E-mail:577580658@qq.com

通信作者:刘丽娅(1984-),女,硕士,正高级实验师,研究方向为动物疫病防控研究。E-mail:286238083@qq.com

薛晓波(1984-),男,硕士,畜牧师,研究方向为畜牧业经济。E-mail:982001011@qq.com

收稿日期:2025-06-21,修回日期:2025-07-19

物,或者间接接触被污染的环境、物品等途径传播给人类。人类感染布病后,会出现发热、乏力及关节疼痛等症状,严重危害身体健康;若不及时治疗,还可能发展为慢性疾病,对畜牧业发展和公共卫生安全构成严重威胁^[2]。全球疾病监测数据显示,每年新增人类布病病例约50万例。在牧区,由于人畜接触密切、卫生条件相对较差等原因,布病的流行形势尤为严峻^[3]。

新疆维吾尔自治区作为我国西北地区畜牧业核心区,拥有独特的地理和生态环境。骆驼作为该区域特有的经济动物,在区域经济发展和生态屏障建设中占据战略地位。骆驼耐干旱、耐粗饲的特性使其能够在恶劣的沙漠和半沙漠环境中生存,为当地牧民提供稳定的经济来源,如骆驼奶、驼绒和骆驼肉等产品在市场上具有一定的经济价值^[4]。然而,目前新疆骆驼养殖普遍采用与反刍动物(如牛、羊)混牧的粗放式管理模式。这种养殖方式虽然在一定程度上共享了自然资源,但也带来了严重隐患,特别是共享牧场和水源的行为显著增加了布病的跨物种传播风险^[5]。

当前布病诊断方法可分为细菌学、血清学和分子生物学三类方法,现有检测技术体系主要基于牛、羊等常规畜种建立。其中,血清学方法因操作简便、安全性高而得到广泛应用^[6]。基层实验室多应用虎红平板凝集试验(Rose Bengal Test, RBT)和试管凝集试验(Standard Agglutination Test, SAT)开展牛、羊常规布病检测。RBT是一种快速筛查方法,具有较高的敏感性,但易出现假阳性结果。SAT常量法是经典的凝集试验方法,灵敏度较高,但操作较为复杂^[7]。SAT微量法是近年推广的微量试管凝集法,不仅缩短了检测时间,同时还减少了试剂消耗。然而,目前针对骆驼的布病检测方法的研究报道较为少见,尚缺乏系统性研究,这在一定程度上制约了骆驼布病的准确监测和有效防控^[8]。本研究采用动物布病检测常规方法RBT、SAT常量法和SAT微量法,对收集的345份骆驼血清样本进行检测。旨在分析评价常见家畜布病血清学检测方法在骆驼布病检测中的实际应用效果,为骆驼布病的诊断提供数据参考。

1 材料与方法

1.1 研究对象

2022—2024年从多地采集的345份双峰骆驼血清样本。样本覆盖不同年龄、性别及生长环境的骆驼,免疫背景不明。采用无菌采血管采集样本,室温下静置1—2 h使血清自然析出,分装后迅速置于-20℃冰箱保存,确保冻融次数≤3次,以维持样本抗体活性和检测结果的可靠性。

1.2 试剂与仪器

主要试剂:商品化布鲁氏菌虎红平板凝集抗原购自青岛立见生物科技有限公司(生产批号:10012407);布鲁氏菌试管凝集抗原、布鲁氏菌标准阳性血清及布鲁氏菌标准阴性血清均购自哈药集团生物疫苗有限公司(生产批号:202301)。

主要仪器:单道微量移液器、多道微量移液器、恒温箱、96孔U型聚苯乙烯板。

1.3 试验方法

1.3.1 虎红平板凝集试验(RBT)

按照《动物布鲁氏菌病诊断技术》GB/T 18646—2018进行。从待测血清中取25 μL,与25 μL的RBT抗原在干净的玻璃板上混匀;涂制成直径约2 cm的圆形混合液,并在自然光条件下观察凝集反应;观察时间为4 min,若在规定时间内观察到明显的凝集现象,则判定样本为阳性。同时设立标准阳性血清对照及标准阴性血清对照,确保试验结果的可靠性和重复性。

1.3.2 试管凝集试验(SAT)常量法

按照《动物布鲁氏菌病诊断技术》GB/T 18646—2018进行。从待测血清中取50 μL,按照规定的倍比进行梯度稀释,通常采用2倍、4倍、8倍至1:256不等的稀释梯度;每一稀释度均加入等量(约50 μL)的标

准布鲁氏菌凝集抗原;将混合液置于37℃恒温培养箱中孵育18—24 h;孵育结束后,肉眼观察凝集情况,根据凝集程度判定试验结果。

1.3.3 试管凝集试验(SAT)微量法

按照《动物布鲁氏菌病诊断技术》GB/T 18646—2018,在96孔U型板中进行。每孔加入预定量的血清样本;进行梯度稀释,并加入等量抗原;使用微量移液器精确分配试剂,确保各孔间操作一致;混合后轻轻振荡,确保充分混合,随后置于37℃恒温箱中孵育18—24 h;采用肉眼观察和比色仪辅助读取凝集结果,对照标准解读各孔凝集滴度。

2 结果与分析

用三种方法对345份骆驼血清样本进行检测。RBT检测结果,检出布病阳性血清27份,阴性318份,阳性率为7.83%。SAT常量法检测结果,检出布病阳性血清20份,阴性325份,阳性率为5.80%。SAT微量法检测结果,检出布病阳性血清20份,阴性325份,阳性率为5.80%。见表1。

表1 3种方法检测骆驼血清结果

检测方法	阳性数/份	阴性数/份	阳性率/%
RBT	27	318	7.83
SAT常量法	20	325	5.8
SAT微量法	20	325	5.8

经对比分析,RBT检测的阳性率显著高于SAT常量法和SAT微量法。RBT检测阳性样本,经SAT常量法和SAT微量法确认的阳性结果占比为74.07%(20/27),SAT检测的阳性样本完全来源于RBT初筛阳性样本;SAT常量法与SAT微量法两种方法的检测结果,在阳性样本判定上完全一致,具有较高的一致性。

3 讨论

3.1 检测方法的比较与分析

布鲁氏菌病的检测方法较多,各种方法均有其优势与局限性。本研究采用动物布病检测常用的三种方法对骆驼血清进行检测分析。结果显示,虎红平板凝集试验(RBT)的阳性检测率明显高于两种试管凝集试验(SAT)方法。RBT具有较高的敏感性,但易检出假阳性结果,特异性相对不足^[9]。它作为一种简便快速的筛查方法,具有操作便捷、结果直观等优点,但由于其采用的抗原可能与其他细菌发生交叉反应,易导致假阳性。本研究中RBT检测阳性率较SAT方法高,提示部分结果可能为假阳性,这与国内外文献报道基本一致。值得注意的是,在RBT检测阳性样本中,经SAT常量法和SAT微量法确认的阳性结果均来源于RBT初筛阳性样本。SAT是国家诊断标准《动物布鲁氏菌病诊断技术》(GB/T 18646—2018)中明确的动物布病确诊方法之一,已经过长期应用,检测原理成熟,敏感性和特异性均较为理想。结合本研究数据及相关报道,表明单一的检测方法无法准确判断骆驼感染布病情况。在实际应用中,应先用敏感性较高的方法进行初筛,再用特异性方法对初筛阳性样本进一步确认,以提高检测结果的准确性和可靠性。

当前,布病在全球范围内的流行形势依然严峻,骆驼作为布病的易感动物种群之一,急需确定适合其高效、准确的布病检测方法^[10]。这对于控制布鲁氏菌病在骆驼群体中的传播,以及预防可能出现的跨物种传播,具有至关重要的意义。现有文献和试剂说明书中明确用于骆驼布病检测的验证数据较少,目前

市面上常用的RBT和SAT抗原主要用于牛、羊布病检测,上述方法应用于骆驼布病检测的准确性和适用性还需大量的研究数据加以验证。

3.2 SAT微量法可进行推广应用

本研究关于SAT不同操作方法的检测结果表明,SAT微量法在检测准确性方面与SAT常量法高度一致。SAT常量法是传统试管凝集试验方法,但操作步骤繁琐、试剂用量大,且检测时间较长,不利于大批量样本的快速检测。相比之下,SAT微量法在检测效率上具有明显优势^[11],既显著缩短了操作时间、降低了试剂消耗,又在结果判定上与SAT常量法结果保持高度一致。基层兽医实验室普遍存在人力和资源受限的情况,SAT微量法在满足检测准确性的同时,更适用于基层兽医实验室及流行病学调查的实际需求。

3.3 骆驼与牛羊混养的风险

骆驼拥有独特的免疫系统,其血液中含有的特殊抗体——骆驼免疫球蛋白,具有强大的抗原结合能力^[12],可以识别并中和多种病原体,包括细菌、病毒和真菌。此外,骆驼可以自主生产一种名为“重链抗体”的抗体,这种抗体具有更高的亲和力、稳定性和渗透性,可以更好地穿透组织和细胞,以抵御病原体的入侵^[13]。骆驼虽具备一定的免疫特点,但仍是布病的宿主和潜在传播者。

在新疆部分地区的养殖模式中,骆驼常与牛羊混养,并且共享牧场、水源和饲草料资源,这种养殖方式极大地增加了布病交叉传播的可能性,进而增加骆驼群体的布病流行风险^[14]。为有效降低风险,骆驼与其他牲畜应禁止混养,要建立独立的饲养区域,并对圈舍、牧场等环境进行定期消毒。优化饲料与饮水管理,确保饲草料和饮用水的安全性,避免污染源的引入。定期对骆驼群体进行布鲁氏菌病的筛查,及时发现并隔离阳性个体,防止病原体扩散。对养殖户进行布病相关知识的普及和培训,以提高其对人畜共患病的防控意识。

3.4 科学、严谨地开展骆驼布病防控工作

本研究检测发现,骆驼布病的阳性率达到5.80%,但由于骆驼档案信息不完整,无法准确评估布病在骆驼群体中的真实流行情况。根据2023年新疆地区的血清学调查数据显示,骆驼布病血清学阳性率为1.55%(31/2000),病原学检测骆驼乳阳性率为1.63%(5/307)^[15]。为更高效地开展骆驼布病防控工作,首先要对开展免疫工作的必要性进行客观评估和研判,明确是否有必要推行大规模的免疫策略。其次,在免疫工作开展前,应进行全面的区域摸底调查,综合运用血清学和病原学检测手段,准确掌握布病的流行率以及优势菌株的分布特征,结合流行病学调查数据科学制定免疫方案^[16];最后,在疫苗选择方面,建议优先使用基因缺失疫苗,方便后续开展鉴别诊断工作。例如,目前用于牛布病免疫的A19- Δ VirB12^[17,18]、羊布病免疫的M5-90 Δ 26株^[19,20]等,都可以实现自然感染动物和疫苗免疫动物的有效鉴别。

开展骆驼布病防控工作的基础是清晰、准确和全面的骆驼养殖档案数据库。每头骆驼的年龄、生产情况、个体特征、免疫接种史和疫病感染史等信息,可为布病流行趋势分析提供可靠数据。当疫病发生时,科学完善的档案系统能够及时发现异常发病情况,快速锁定疫源地,分析判断传播途径,有效评估疫情风险等级。基于真实可靠的档案数据,相关部门才能够为布病防控制定差异化的防控策略,优化疫苗接种方案,从而进一步提高应急处置效率,有效评估防控措施效果。建议养殖户建立完善的骆驼养殖档案信息。这是科学养殖管理的重要手段,不仅可以提高骆驼的健康水平和生产性能,还能有效降低疫病传播风险,保障养殖效益和公共卫生安全。

4 结 论

本研究通过应用RBT、SAT常量法和SAT微量法对骆驼布病进行检测,结果存在一定的差异。RBT方法检出的阳性率高于SAT常量法和SAT微量法,能够快速筛查布病疑似阳性个体;而SAT微量法与

SAT常量法的检测结果无差异,但微量法具有试剂消耗少、操作简便及检测效率高等优势,更适合基层兽医实验室推广应用。然而,单一检测方法均无法准确判断骆驼是否感染布病,须按照我国《布鲁氏菌病防治技术规范》的核心要求^[21],在实际生产中严格按照“先初筛后确诊”两步法进行检测,即通过高敏感性方法快速锁定风险群体,再以高特异性方法精准确诊,以提高检测结果的准确性和可靠性。在检测试剂选择方面,应优先选择明确标注适用于骆驼的检测产品,若必须使用牛羊试剂,建议结合分子生物学检测方法进行复核。此外,值得注意的是,骆驼与牛羊混养模式加剧了布病的传播风险。因此,加强科学检测、优化养殖管理、强化疫病防控措施,对降低骆驼布病的发生率具有重要意义。

参考文献

- [1] 张华,李敏,王磊. 布鲁氏菌病实验室诊断技术及其流行病学研究进展[J]. 中国人兽共患病学报,2023,39(5): 432-438.
- [2] 世界动物卫生组织(OIE).《布鲁氏菌病手册》[M]. 巴黎:世界动物卫生组织,2020.
- [3] PAPPAS G, PAPANITRIOU P, AKRITIDIS N, et al. The new global map of human brucellosis[J]. The Lancet Infectious Diseases,2006,6(2): 91-99.
- [4] 热合木江·艾比布拉,加拉力丁·哈斯木. 新疆骆驼产业发展现状及对策[J]. 中国草食动物科学,2015,35(2): 45-47.
- [5] 董玉艳,苏艳玲,于铁锋,等. 内蒙古通辽地区骆驼布鲁氏菌病血清学调查[J]. 中国动物检疫,2019,36(7): 23-26.
- [6] 李敏,王建国,张华. 布鲁氏菌病血清学检测技术体系构建及其在牛羊养殖中的应用评价[J]. 中国人兽共患病学报,2024,40(3): 245-251.
- [7] 蔡一非,钟旗,伊日盖,等. 两奶牛场布氏杆菌分离鉴定及四种血清学检测方法比较[J]. 中国人兽共患病学报,2009,25(5): 456-459.
- [8] 高娃,赵生国,巴图,等. 骆驼布鲁氏杆菌病研究进展[J]. 中国畜牧兽医,2020,47(5): 1577-1582.
- [9] 陈创夫,努尔加马力·马合沙提,王远志,等. 牛布鲁氏菌病不同血清学检测方法的比较研究[J]. 中国动物传染病学报,2014,22(2): 40-44.
- [10] 陆承平. 兽医传染病学[M]. 北京:中国农业出版社,2018.
- [11] 王琴,鲁会军,金宁一,等. 基层兽医实验室检测技术研究进展与思考[J]. 中国人兽共患病学报,2012,28(3):326-329.
- [12] HAMERS-CASTERMAN C, ATARHOUCHE T, MUYLDERMANS S, et al. Naturally occurring antibodies devoid of light chains [J]. Nature,1993,363(6428): 446-448.
- [13] WESOŁOWSKI J, ALZOGARAY V, REYELT J, et al. Single domain antibodies: promising experimental and therapeutic tools in infection and immunity[J]. Medical Microbiology and Immunology,2009,198(3): 157-174.
- [14] 王晶钰,周碧君,文明,等. 某奶牛场布病流行情况调查及综合防控措施[J]. 中国奶牛,2010(2): 44-47.
- [15] 新疆地区骆驼布鲁氏菌病流行病学调查报告[R]. 乌鲁木齐:新疆维吾尔自治区动物疾病预防控制中心,2023.
- [16] 崔步云,董强,丁天兵,等. 布鲁氏菌基因缺失疫苗的构建及其免疫保护效果评价[J]. 中国人兽共患病学报,2021,37(1): 57-63.
- [17] 吴冬玲,贺笋,任立松,等. 布鲁氏菌病活疫苗(A19-ΔVirB12株)的安全性及免疫效果研究[J]. 草食家畜,2020(6): 24-31.
- [18] 易新萍,谷文喜,吴冬玲,等. 流产布鲁氏菌疫苗A19-ΔVirB12突变株生物学特性研究[J]. 中国人兽共患病学报,2013,29(9): 836-840.
- [19] 邱东旭,吕浪,皮向成,等. 羊用布鲁氏菌病疫苗研究进展[J]. 中国畜牧兽医,2024,51(9): 4043-4051.
- [20] 孙志鹏,吕亮亮,白智明,等. 羊免疫布鲁氏菌病基因缺失活疫苗(M5-90Δ26株)与弱毒疫苗(S2株)效果对比分析[J]. 兽医导刊,2023(3): 57-60.
- [21] 布鲁氏菌病防控技术要点(第一版)[J]. 新疆畜牧业,2023,39(5): 7-12.

Comparative Analysis on Three Detection Techniques for Brucellosis in Camel Populations

CHE Fengqin¹, DING Keqi², REN Ming³, NUERBAIHETI·Nuerdan⁴, GUNUER·Tueroxun⁴,

LIU Liya^{4*}, XUE Xiaobo^{5*}

(1. Xinyuan County Animal Husbandry and Veterinary Development Center, Yili, Xinjiang 835800, China;

2. Nilek County Animal Husbandry and Veterinary Development Center, Yili, Xinjiang 835700, China;

3. Kemeng Township Animal Husbandry and Veterinary Station, Yili, Xinjiang 835702, China;

4. Xinjiang Key Laboratory of Animal Disease Research / Institute of Veterinary Medicine, Xinjiang Academy of Animal Science, Urumqi 830011, China; 5. Institute of Animal Husbandry Economics and Information, Xinjiang Academy of Animal Science, Urumqi 830011, China)

Abstracts: **【Objective】** Brucellosis is an important zoonotic disease that causes severe public health and economic losses globally. The aim of this study was to evaluate the practical application effect of three commonly used diagnostic methods for brucellosis in camel, which were Rose Bengal plate agglutination test (RBT, an initial screening method), standard tube agglutination test (SAT, macro method), and the microtube agglutination test (SAT, micro method), to provide data references for accurate detection. **【Methods】** 345 serum samples from Bactrian camels from several regions were collected from 2022 to 2024. The samples were tested using RBT, SAT macro method, and SAT micro method, followed by comparative analysis of the results. **【Results】** The positive rates of camel brucellosis detected by RBT, SAT macro method and SAT micro method were 7.83% (27/345), 5.80% (20/345) and 5.80% (20/345), respectively. Among the 27 RBT-positive samples, 74.07% (20/27) were confirmed as positive by both SAT macro and micro methods. All SAT-positive samples originated from the RBT screening-positive samples. **【Conclusion】** There were discrepancies in the detection results among different methods for camel brucellosis. RBT had a higher positivity rate than SAT macro and micro methods and can quickly screen out suspected positive individuals. Although the SAT macro and micro methods had similar detection results, the micro method had advantages such as less reagent consumption, simpler operation, and higher testing efficiency, making it more suitable for promotion and application. A single detection method cannot accurately determine the brucellosis infection status in camels. Therefore, in practical application, a highly sensitive method should be used for initial screening, followed by confirmation of the positive samples using a specific method, to improve the accuracy and reliability of the test results.

Key words: camel; brucellosis; Rose Bengal plate agglutination test; tube agglutination test

10.16863/j.cnki.1003-6377.2025.05.007

哈密市羊布鲁氏菌病群间传播风险 因素病例对照研究

范冰洁¹, 张国新², 艾日登才次克¹, 玉努斯·阿不都³, 杨夷平², 张斐^{1*}

(1. 新疆维吾尔自治区动物疫病预防控制中心, 乌鲁木齐 830000;

2. 哈密市动物疫病预防控制中心, 新疆 哈密 839000;

3. 伊州区动物疫病预防控制中心, 新疆 哈密 839000)

摘要:【目的】旨在探索哈密市羊群间传播布鲁氏菌病的风险因素,为下一步制定布病防控策略提供依据。【方法】采用匹配设计的病例对照研究方法,依据2023—2024年哈密市的布病监测数据,筛选出82个羊布鲁氏菌感染抗体检测呈阳性的养殖户,按照与阳性养殖户同属一个行政村且养殖规模相似的原则,按1:1比例匹配羊布鲁氏菌感染抗体检测呈阴性的养殖户,通过问卷调查收集数据,并采用Logistic回归模型进行分析。【结果】数据显示,哈密市羊群间传播布鲁氏菌病的主要风险因素为“代牧”(OR=3.01,95%CI=1.34~6.74)和“配种时共用或交换种公羊”(OR=5.60,95%CI=2.33~13.47)。【结论】代牧时需注意避免将本年度或历史监测阳性的种群与其他种群混群放牧,以降低易感动物群体间交叉传播的风险。建议定期对种公羊进行全面监测,特别是配种前、引进或调入后等关键时期,需对种公羊进行血清学和病原学检测,确定无病后方可进行配种或隔离观察后再混群饲养。研究可为当地制定羊布鲁氏菌病防控策略提供依据。

关键词:羊;布鲁氏菌病;风险因素;病例对照研究

中图分类号:S851.3

文献标识码:A

文章编号:1003-6377(2025)05-0044-06

布病是由布鲁氏菌引起的一种重要人畜共患病,我国将其列为二类动物疫病^[1]。布病也是《全国畜间人兽共患病防治规划(2022—2030年)》中重点防治的8种动物疫病之一^[2]。布病防控与各地的经济发展水平、地理条件、民俗特点及畜牧业养殖量密切相关。该病的主要传播途径是接触患病动物及其分泌物污染的场地。新疆是牛羊养殖大区,同时也是布病高发流行区、布病老疫区、全国重病区,是全国少数兼具这四方面特点的省区。目前,新疆有15个县市为布病检疫净化区,其余地区为强制免疫区。

哈密市自2016年以来,实施布病检疫净化工作已取得较好成绩。2017年至2022年,羊布病个体阳性率从1.23%下降至0.76%,牛布病个体阳性率从1.23%下降至0.68%^[3]。但受日益增长的牲畜

基金项目:新疆维吾尔自治区自然科学基金资助项目“新疆检疫净化县布鲁氏菌病检疫净化效果评估方法的建立及初步应用”(2022D01B48)

作者简介:范冰洁(1989-),女,硕士研究生,兽医师,研究方向为动物流行病学。E-mail:534260986@qq.com

通信作者:张斐(1989-),男,硕士研究生,高级兽医师,研究方向为预防兽医学。E-mail:317575789@qq.com

收稿日期:2025-06-15,修回日期:2025-08-25

存栏量、复杂的代牧混牧形势以及频繁的调运流通等因素影响,当前畜间布病检疫净化效果陷入瓶颈状态,难以进一步提升。因此,本研究以哈密市伊州区为对象,于2024年7月,通过问卷形式开展病例对照研究,旨在进一步分析当地布病流行特点和疫病主要传播风险因素,为当地下一步布病防控策略的制定提供依据。

1 材料与方法

1.1 研究区域

哈密市共两县一区,其中伊州区位于哈密市南部,天山山脉横贯其北部,与巴里坤哈萨克自治县、伊吾县相连,区域总面积8.56万 km^2 ,占哈密市总面积的60.24%,是新疆的东大门,动物进入新疆的第一站。伊州区下辖17个乡镇(镇、园区),拥有哈密市唯一一个活畜交易市场,其辖区与布病免疫区的地界相互交错,牛羊以散养为主,养殖模式多变;加之兵地交接范围广、牲畜流通频繁;多重因素叠加导致布病防控难度较大。布病防控极具代表性,因此将其作为研究对象。

病例组样本来自2023—2024年哈密市伊州区布病血清学检测结果呈阳性的养殖户,其养殖规模为散养。阳性户为未进行布病免疫且经虎红平板试验初筛,试管凝集试验或c-ELISA试验确诊,并至少检出2只阳性羊的养殖户。对照组为在相邻行政村,具有相似养殖规模且近2年各级动物疫病预防控制机构监测数据均为阴性的养殖户。

1.2 样本量计算

本研究采用匹配设计的病例对照研究方法^[4,5]。通过咨询专家,发现对照组中“代牧”的比例约为40%,设定“代牧”作为主要风险因素,OR值为3,检验水准 $\alpha=0.05$,把握度 $1-\beta=0.90$,病例组和对照组的匹配比例为1:1。通过Epicalc软件计算得出,病例组和对照组各74户,共148户。考虑10%的无应答率,最终确定需调查164名养殖户,其中病例组和对照组各82户。

1.3 调查内容

设计“羊布病流行病学调查问卷”,内容包括基本信息、饲养管理、生物安全措施、对布病的知晓情况等22项。制作电子调查问卷,以便问卷收集及数据汇总。

1.4 调查质量控制

2024年4月开展预调查,通过预调查结果完善调查问卷并分析主要风险因素。在进行正式问卷调查前,需开展专题培训。调查由新疆维吾尔自治区兽医现场流行病学二期培训班的学员、乡镇官方兽医和村级防疫员负责,并采取面对面的方式进行调查。每组配一名少数民族学员负责使用少数民族语言进行询问交流;另一名学员负责现场观察,从旁验证问卷答案的真实性。

1.5 数据分析

通过电子问卷收集数据,在Excel软件中建立数据库并进行初步整理,应用SPSS和Zstatsv1.0软件对数据进行统计分析。首先,对病例组和对照组的分组情况进行分组均衡性分析,计量资料和计数资料分别采用 t 检验和卡方检验。其次,筛选调查问卷中的相关因素作为暴露因素,同时采用单因素、多因素Logistic回归模型进行关联性分析^[6]。

2 结果与分析

2.1 调查对象与问卷收集情况

病例组和对照组共回收问卷202份。根据分组标准,剔除阳性数为1的无效病例及相应对照8对,剔除缺失答案的无效对照及相应病例11对,共38份。保留有效问卷164份,问卷合格率81.19%。

2.2 研究群基本特征描述

病例组和对照组在养羊持续的时间、存栏量、养殖类型、养殖方式、自宰自食上的差异无统计学意义($P>0.05$),表明在上述因素的构成上具有均衡性。在圈舍面积($P<0.01$)和饲养羊品种($P=0.014$)上存在统计学差异。见表1。

表1 病例组和对照组的一般情况比较(n=164)

变量	分类	合计(n=164)	对照组(n=82)	病例组(n=82)	Statistic	P
圈舍面积(Mean±SD)		194.55 ± 221.57	251.33 ± 293.43	137.07 ± 74.77	t=3.42	<0.001*
养羊持续时间 占比/%	≤10年	10(6.10)	8(9.76)	2(2.44)	$\chi^2=4.23$	0.237
	11~20年	39(23.78)	20(24.39)	19(23.17)		
	21~30年	32(19.51)	14(17.07)	18(21.95)		
	>30年	83(50.61)	40(48.78)	43(52.44)		
饲养品种 占比/%	仅山羊	11(6.71)	7(8.54)	4(4.88)	$\chi^2=8.52$	0.014*
	仅绵羊	62(37.80)	22(26.83)	40(48.78)		
	山羊绵羊皆有	91(55.49)	53(64.63)	38(46.34)		
存栏在11~200只 占比/%	否	8(4.88)	5(6.10)	3(3.66)	$\chi^2=0.13$	0.717
	是	156(95.12)	77(93.90)	79(96.34)		
短期育肥 占比/%	否	112(68.29)	58(70.73)	54(65.85)	$\chi^2=0.45$	0.502
	是	52(31.71)	24(29.27)	28(34.15)		
自繁自养 占比/%	否	141(85.98)	67(81.71)	74(90.24)	$\chi^2=2.48$	0.115
	是	23(14.02)	15(18.29)	8(9.76)		
半舍半牧 占比/%	否	8(4.88)	6(7.32)	2(2.44)	$\chi^2=1.18$	0.277
	是	156(95.12)	76(92.68)	80(97.56)		
自宰自食 占比/%	否	7(4.27)	3(3.66)	4(4.88)	$\chi^2=0.00$	1
	是	157(95.73)	79(96.34)	78(95.12)		

注:“*”表示有统计学意义($P<0.05$)。

2.3 单因素风险分析

筛选出调查问卷中的9项因素作为场间传播风险因素,采用单因素 Logistic 回归模型,分析各因素与羊患布病的关联性,并计算 OR 值和 95%CI。哈密市羊布病与风险因素关联性分析结果显示,其中5项因素与羊患布病存在统计学关联($P<0.05$),分别为草场与布病免疫区草场接壤(OR=3.05, 95%CI=1.34~6.93)、代牧(OR=3.42, 95%CI=1.76~6.64)、共用或交换种公羊(OR=2.89, 95%CI=1.53~5.48)、外人可以进羊圈(OR=3.73, 95%CI=1.30~10.74)、使用车辆转场(OR=0.36, 95%CI=0.16~0.81)。见表2。

表2 群间布病传播影响因素的单因素分析

变量	分组	病例组	对照组	P	OR(95%CI)
草场情况	没有草场	10	24		1.00(Reference)
	草场和免疫区接壤	66	52	0.008*	3.05(1.34~6.93)
	草场和免疫区不接壤	6	6	0.204	2.40(0.62~9.27)

续表

变量	分组	病例组	对照组	P	OR(95%CI)
半舍半牧	否	2	6		1.00(Reference)
	是	80	76	0.167	3.16(0.62~16.13)
代牧	否	20	43		1.00(Reference)
	是	62	39	<0.001*	3.42(1.76~6.64)
短期育肥	否	54	58		1.00(Reference)
	是	28	24	0.502	1.25(0.65~2.42)
共用或交换种公羊	否	35	56		1.00(Reference)
	是	47	26	0.001*	2.89(1.53~5.48)
外人可以进圈	否	5	16		1.00(Reference)
	是	77	66	0.015*	3.73(1.30~10.74)
放牧点和圈养点的距离	<10 km	5	6		1.00(Reference)
	11~99 km	67	47	0.398	1.71(0.49~5.94)
	>100 km	10	29	0.213	0.41(0.10~1.66)
用车辆转场	否	23	10		1.00(Reference)
	是	59	72	0.013*	0.36(0.16~0.81)
运输车情况	自有	28	35		1.00(Reference)
	租借他人	54	47	0.262	1.44(0.76~2.70)

注：“*”表示有统计学意义($P<0.05$),Reference为参照组。

2.4 多因素风险分析

以是否检出布病为因变量,将单因素分析中的风险因素同时进行双向逐步多因素 Logistic 回归模型分析,该模型显示“代牧”(OR=3.01,95%CI=1.34~6.74)、“配种时共用或交换种公羊”(OR=5.60,95%CI=2.33~13.47)2项因素增加了布病发生的风险。“使用车辆运输”的方式进行转场相比“一路放牧”的方式降低了布病发生的风险(OR=0.27,95%CI=0.09~0.77)。该模型的-2对数似然值(-2Loglikelihood)为158.10,模型ROC曲线下面积为0.792。见表3。

表3 群间布病传播影响因素的多因素分析

变量	分组	β	SE	Z	P	OR(95%CI)
代牧	否					1.00(Reference)
	是	1.10	0.41	2.68	0.007*	3.01(1.34~6.74)
共用或交换种公羊	否					1.00(Reference)
	是	1.72	0.45	3.85	<.001*	5.60(2.33~13.47)
转场方式	一路放牧					1.00(Reference)
	用车运输	-1.32	0.54	-2.45	0.014*	0.27(0.09~0.77)

注：“*”表示有统计学意义($P<0.05$),Reference为参照组。

3 讨论

哈密市自2017年实施检疫净化措施以来,防控工作取得阶段性成效。截至2024年10月,数据显示,全市牛羊布病个体阳性率下降至0.51%,牛羊布病群体阳性率下降至5.15%。然而,受家畜频繁调运、代牧混牧及交叉放牧等因素影响,个别区县和部分乡镇的布病个体及群体阳性率时有反弹。

人感染布病主要源于患病动物及其产品。在我国,与人布病有关的主要传染源是患病羊、牛^[7]。羊种布鲁氏菌是国内最流行的菌种,主要感染山羊和绵羊,也可感染牛。临床数据显示,从人体分离的布鲁氏菌株中,90%以上为羊种布鲁氏菌^[8]。本次调查发现,羊养殖户对布病的知晓率较高(84.76%,139/164),并具备一定的个人防护意识(如接生时佩戴口罩、手套等)。然而,养殖人员布病感染比例却相对较高(19.51%,32/164)。

在本次调查对象中,有61.59%(101/164)的养殖户采用代牧方式进行放牧。“代牧”通常由1个养殖户同时放3—5户养殖户的羊,混群后羊群体规模为100—500只,不同养殖户的羊群混群后一起放牧,增加了羊群互相接触感染布病的风险(OR=3.01,95%CI=1.34~6.74)。羊种布鲁氏菌在牛、羊和野生动物中循环传播,最终感染人群^[10]。本次调查发现,家畜在转场途中除常见的牛、羊、马外,还会接触骆驼、驴、野山羊、黄羊、野猪、狼及狐狸等野生动物。野生动物疫病监测的不足以及放牧点难以有效避免羊群与其他家畜及野生动物的接触,进而增加了疫病传播的风险。而当放牧点距离较远时(大于100 km),相比牛羊自行转场,养殖户更加倾向用车辆进行转场,从而减少羊群和其他羊群、畜群、野生动物接触的概率,降低羊群布病传播的风险(OR=0.27,95%CI=0.09~0.77)。

研究证实,感染布病的动物流产后的胎盘、胎液和阴道分泌物,以及乳汁、精液是最主要的布病传染源^[9]。本次调查羊群的繁殖方式较为传统,87.20%(143/164)的养殖户采用自然交配的方式进行配种,44.51%(73/164)的养殖户会和其他养殖户共用种公羊。分析表明,“配种时共用或交换种公羊”是羊群布病传播的重要风险因素(OR=5.60,95%CI=2.33~13.47),这与刘礼杰、谢印乾等^[10,11]流行病学调查结论一致。

4 结论

哈密市大部分养殖户采用半舍半牧的养殖模式。因此,在放牧阶段,应尽量使用专用的运输工具进行转场,代牧时注意避免将本年度或历史监测中布病阳性群体混群放牧,进而降低易感动物群体间布病互相传播的风险。建议定期对种公羊进行全面监测,特别是配种前、引进或调入后等关键时期,要对种公羊进行血清学和病原学检测,确定无病后方可进行配种或隔离后混群饲养。

病例对照研究仅能初步探究风险因素与阳性事件之间的因果关系,且存在回忆偏倚。尽管本次调查之初对参与者进行了培训,但在调查时仍存在不同语言之间的理解偏差问题,可能会对本次调查结果有一定影响。“代牧”和“配种时共用或交换种公羊”是哈密市羊群间布病传播的重要风险因素,建议在布病防控中,加大调运监管和对风险群体的检测力度,加强对养殖户的布病防控宣传,避免与风险群体混群饲养、放牧。

参考文献

- [1] 新疆维吾尔自治区实施《中华人民共和国动物防疫法》办法[J]. 新疆畜牧业, 2022, 37(5): 4-7.
- [2] 农业农村部. 农业农村部关于印发《全国畜间人兽共患病防治规划(2022—2030年)》的通知[J]. 中华人民共和国农业农村部公报, 2022(10): 17-25.
- [3] 张国新, 陈建豪, 张志新, 等. 2022年新疆哈密市畜间布鲁氏菌病防控效果评估[J]. 中国动物检疫, 2023, 40(5): 16-20.
- [4] 陈峰, 刘平, 张栋, 等. 山东省羊场布鲁氏菌病病例对照研究[J]. 中国动物检疫, 2023, 40(4): 30-36.
- [5] 杨涛, 虎银, 张国俊, 等. 宁夏彭阳县肉牛布鲁氏菌病风险因素病例对照研究[J]. 中国动物检疫, 2022, 39(7): 44-48.
- [6] 许汝福. Logistic回归变量筛选及回归方法选择实例分析[J]. 中国循证医学杂志, 2016, 16(11): 1360-1364.
- [7] 朱良全, 秦玉明, 丁家波. 我国家畜布鲁氏菌病防控面临形势及思考[J]. 中国兽医杂志, 2020, 56(6): 137-140.
- [8] 邱东旭, 吕浪, 皮向成, 等. 羊用布鲁氏菌病疫苗研究进展[J]. 中国畜牧兽医, 2024, 51(9): 4043-4051.
- [9] 景添, 王天星, 陈曦, 等. 羊布鲁氏菌病及其国内外防控净化措施[J]. 动物医学进展, 2022, 43(2): 116-120.
- [10] 刘礼杰, 盛敏, 李蛟, 等. 河南省某县羊群布鲁氏菌病横断面调查及感染风险因素分析[J]. 中国动物检疫, 2019, 36(7): 10-14.
- [11] 谢印乾, 王桂花, 康京丽. 陕西省绥德县规模羊场羊布鲁氏菌病流行病学研究[J]. 中国动物检疫, 2020, 37(1): 6-10.

Case-Control Study on Risk Factors for Inter-Herd Transmission of Ovine Brucellosis in Hami City, Xinjiang

FAN Bingjie¹, ZHANG Guoxin², AIRDENGCAI CIKE¹, YUNUSI·Abudu³, YANG Yiping², ZHANG Fei^{1*}

(1. Animal Disease Prevention and Control Center of Xinjiang Uygur Autonomous Region, Urumqi 830000, China; 2. Animal Disease Prevention and Control Center of Hami City, Hami, Xinjiang 839000, China; 3. Animal Disease Prevention and Control Center of Yizhou District, Hami, Xinjiang 839000, China)

Abstracts: **【Objective】** This study aimed to identify risk factors for inter-herd transmission of *Brucella* in sheep populations in Hami City of Xinjiang to provide evidence for formulating brucellosis prevention and control strategies. **【Methods】** A matched case-control study was conducted. Based on brucellosis surveillance data of 2023 to 2024 in the city, 82 sheep households with seropositive results for *Brucella* infection were screened out and matched numerically (1:1) with seronegative controls from the same village with comparable herd sizes. Data were collected through questionnaires and analyzed via Logistic regression. **【Results】** The key risk factors included contract grazing (OR=3.01, 95%CI=1.34~6.74) and shared/exchanged breeding rams (OR=5.60, 95% CI=2.33~13.47). **【Conclusion】** For the purpose of decreasing cross-transmission, it was recommended to avoid mixing seropositive flocks (either current-year or historically tested positive) with other herds during contract grazing. Regular comprehensive monitoring of breeding rams should be implemented, particularly during critical periods such as pre-breeding, introduction, or post-transfer. Serological and pathogenic testing must be conducted to confirm disease-free status before allowing mating or co-grazing after quarantine. Scientific basis was provided for formulating local brucellosis control strategies.

Key words: sheep; brucellosis; risk factor; case-control study

10.16863/j.cnki.1003-6377.2025.05.008

哈密市某区县羊布鲁氏菌病群体血清 流行率横断面调查

张晓晓¹, 张国新¹, 张志新¹, 玉努斯·阿不都², 何波², 马春江^{1*}, 范冰冰洁^{3*}

(1.哈密市动物疫病预防控制中心, 新疆 哈密 839000;

2.伊州区动物疫病预防控制中心, 新疆 哈密 839000;

3.新疆维吾尔自治区动物疫病预防控制中心, 乌鲁木齐 830000)

摘要:【目的】研究旨在评估2024年上半年哈密市某区县羊布鲁氏菌病的流行现状及检疫净化效果。【方法】选用虎红平板凝集初筛和竞争酶联免疫吸附复核的垂直试验方法, 对该区县17个乡镇94个村的7351户非免疫养羊场(户)进行布鲁氏菌感染抗体检测, 并对不同乡镇、不同规模、不同养殖类型的养羊场(户)进行统计分析。【结果】该区县羊布鲁氏菌病群体表观流行率为5.85%(430/7351), 群体真实流行率为3.31%, 个体阳性率为0.65%(1549/238821)。不同乡镇羊布鲁氏菌病群体表观流行率为0.00%~29.60%。牧区羊布鲁氏菌病群体表观流行率较高, 达到14.01%(310/2213), 与农区和半农半牧区相比, 差异均具有统计学意义($P<0.05$)。存栏量101—500只羊的羊群布鲁氏菌病的群体表观流行率较高, 达到20.99%(102/486), 与存栏量 ≤ 50 只和 ≥ 501 只羊的羊群相比, 差异均具有统计学意义($P<0.05$)。【结论】哈密市该区县总体防控效果较好, 发生区域性疫情的风险较低, 但个别乡镇仍存在传播风险。建议针对高风险区域实施精准防控措施, 推广分区代牧制度, 禁止混牧行为, 加大监测力度并广泛宣传防控知识, 以增强检疫净化效果。

关键词: 羊; 布鲁氏菌病; 群体表观流行率; 横断面调查

中图分类号: S851.3

文献标识码: A

文章编号: 1003-6377(2025)05-0050-08

布鲁氏菌病(简称“布病”)是由布鲁氏菌属细菌引起的一种人畜共患病, 具有传染性和变态反应性特征。在家畜中, 母畜感染后易出现流产和乳房炎, 公畜则可能引发睾丸炎、附睾炎、关节炎以及多种组织病变^[1]。人类感染布病后, 临床上主要表现为间歇性发热、多汗、乏力、关节疼痛以及肝脾和淋巴结肿大等症状, 重症患者甚至丧失劳动能力和生育能力^[2], 感染多由接触患病牲畜及其产品或污染物所致。该病不仅危害个体健康, 还对畜牧业、旅游业、国际贸易乃至整个经济发展构成严重威胁^[3]。研究表明^[4], 羊布病造成的经济损失严重, 单只羊布病直接经济损失平均高达4557元

基金项目:新疆维吾尔自治区自然科学基金青年科学基金项目“新疆检疫净化县布鲁氏菌病检疫净化效果评估方法的建立及初步应用”(2022D01B48);哈密市委组织部“兴农人才扶持工程-现代农牧业发展高层次人才”项目(2024XNRC-001)

作者简介:张晓晓(1995-),女,硕士,兽医师,研究方向为动物疫病防控。E-mail:1025450663@qq.com

通信作者:马春江(1972-),男,本科,推广研究员,研究方向为动物疫病防控。E-mail:1580109196@qq.com

范冰冰洁(1989-),女,硕士,兽医师,主要从事动物细菌性疾病诊断和流行病学调查工作。E-mail:534260986@qq.com

收稿日期:2025-06-20,修回日期:2025-08-18

(不含奶羊),各省份羊布病损失达到1.8亿—20.4亿元,且布病防控效益成本比为5:1—38:1。布病的流行范围广泛,目前,全球约有200个国家和地区报告有人畜间布病疫情^[5]。我国将其列为二类动物疫病。并依据《全国畜间人兽共患病防治规划(2022—2030年)》和《畜间布鲁氏菌病防控五年行动方案(2022—2026年)》等文件要求,积极推进布病防控工作。哈密市该区县严格执行“认、检、杀、消、管、宣”的防控思路,采取“检测-扑杀”的技术路线,使布病得到一定控制^[6],但仍存在零星散发病例,部分乡镇的羊布病群体阳性率甚至出现反弹,对羊产业发展构成威胁。

为系统评估2024年上半年该区县羊布鲁氏菌病的流行现状及检疫净化效果,本研究采用横断面调查方法,对辖区羊群开展布病抗体检测。该研究旨在准确掌握羊布病在该区县的流行现状,为科学防控提供依据,并为后续的研究和干预措施提供数据支持。

1 材料与方 法

1.1 抽样方法与研究对象

2024年上半年,采用普查抽样方法,选取该区县17个乡镇94个行政村的7 351个养羊场(户)作为研究对象。除场群内5月龄以下羔羊和孕畜外,其余羊只全部采样,共采集血清样品238 821份。

1.2 实验室检测

按照 GB/T 18646—2018《动物布鲁氏菌病诊断技术》标准,选用虎红平板凝集试验(RBPT)进行初筛,其抗原购自石家庄圣博生物科技有限公司,并用竞争酶联免疫吸附试验(cELISA)进行复核确诊,试剂盒购自青岛立见生物科技有限公司。经查阅资料, RBPT 和 cELISA 垂直试验的敏感性为89%,特异性为97%^[7]。

1.3 病例定义

阳性场(户):至少有1只羊通过垂直试验检测结果为阳性的养羊场(户)。

阴性场(户):所有羊只经虎红平板凝集试验(RBPT)进行初筛结果均为阴性的养羊场(户)^[8]。

1.4 数据分析

1.4.1 羊布病群体血清流行率

通过实验室检测,获得该区县不同乡镇的羊布病群体表观流行率,利用公式 $TP=(AP+Sp-1)/(Se+Sp-1)$ 计算其群体真实流行率。其中,TP代表真实流行率,AP代表表观流行率,Se代表垂直试验敏感性,Sp代表垂直试验特异性^[9]。应用 IBM SPSS Statistics 26 对收集的数据进行统计学分析,应用卡方检验比较不同流行率的差异显著性。 $P<0.05$ 代表差异具有统计学意义。同时,应用 Origin7.0 软件来分析和可视化布病阳性养羊场(户)在不同乡镇和不同养殖规模中的分布情况。通过收集并整理该区所有养羊场(户)的分布数据及其实验室检测结果,统计分析每个类别中的阳性场(户)数量并绘制分布图。

2 结果与分析

2.1 该区养羊基本情况

该区域17个乡镇7 351个养羊场(户)中,大部分为散养户。其中,存栏量 ≥ 501 只羊的场(户)共17个,羊存栏量总数为10 708只;存栏量在101—500只羊的场(户)有486个,其羊存栏量总数为96 704只;存栏量在51—100只羊的场(户)有421个,其羊存栏量总数为30 218只;存栏量 ≤ 50 只羊的场(户)有6 427个,其羊存栏量总数为101 191只,占全区养羊场(户)羊存栏量总数的42.37%。在

17个乡镇中,C、D、E、H和J五个乡镇的小规模养羊场(户)(存栏量 ≤ 50 只)数量均超过500户。根据地理环境和资源条件的差异,该区县的羊养殖模式被划分为农区、牧区和半农半牧区三种类型。见表1。

表1 不同乡镇养羊的基本情况

不同乡镇	不同存栏量养羊场(户)数				养殖类型
	≤ 50 只/个	51—100只/个	101—500只/个	≥ 501 只/个	
A	368	41	64	0	牧区
B	20	4	7	0	牧区
C	966	46	48	0	半农半牧区
D	680	15	5	0	半农半牧区
E	903	40	22	3	半农半牧区
F	228	41	73	5	牧区
G	465	35	45	2	牧区
H	559	56	6	0	农区
I	352	9	3	0	农区
J	728	37	12	4	半农半牧区
K	391	38	66	3	牧区
L	30	3	4	0	农区
M	82	3	39	0	牧区
N	98	19	76	0	牧区
O	100	10	5	0	农区
P	288	10	0	0	农区
Q	169	14	11	0	农区
合计	6 427	421	486	17	/

2.2 该区县不同乡镇养羊场(户)羊群布病流行率

该区共检测7 351场(户),采集样品238 821份,检出阳性血清1 549份,阳性群430个,群体表观流行率为5.85%(95%CI:5.32%~6.41%),群体真实流行率为3.31%(95%CI:2.9%~3.7%),个体流行率为0.65%(95%CI:0.62%~0.68%)。不同乡镇养羊场(户)中,布病群体表观流行率在0.00%~29.60%之间。群体真实流行率在0.00%~30.93%之间。见表2。

表2 不同乡镇养羊场(户)羊群布病血清学检测结果

乡镇	养羊场(户)/个	羊阳性场(户)/个	群体表观流行率/%	95%CI/%	群体真实流行率/%	95%CI/%
A	473	140	29.60	25.52~33.94	30.93	26.8~35.1
B	31	9	29.03	14.22~48.04	30.27	13.9~46.6
C	1 060	15	1.42	0.79~2.32	0.00	0.0~0.0
D	700	11	1.57	0.79~2.79	0.00	0.0~0.0

续表

乡镇	养羊场 (户)/个	羊阳性场 (户)/个	群体表观 流行率/%	95%CI/%	群体真实 流行率/%	95%CI/%
E	968	10	1.03	0.50 ~ 1.89	0.00	0.0 ~ 0.0
F	347	38	10.95	7.87 ~ 14.72	9.25	6.2 ~ 12.3
G	547	56	10.24	7.83 ~ 13.09	8.42	6.1 ~ 10.8
H	621	10	1.61	0.77 ~ 2.94	0.00	0.0 ~ 0.0
I	364	8	2.2	0.95 ~ 4.28	0.00	0.0 ~ 0.0
J	781	44	5.63	4.12 ~ 7.49	3.06	1.8 ~ 4.3
K	498	48	9.64	7.19 ~ 12.58	7.72	5.4 ~ 10.1
L	37	0	0.00	0.00 ~ 9.49	0.00	0.0 ~ 0.0
M	124	7	5.65	2.30 ~ 11.29	3.08	0.0 ~ 6.2
N	193	12	6.22	3.25 ~ 10.61	3.74	1.0 ~ 6.4
O	115	1	0.87	0.02 ~ 4.75	0.00	0.0 ~ 0.0
P	298	6	2.01	0.74 ~ 4.33	0.00	0.0 ~ 0.0
Q	194	15	7.73	4.39 ~ 12.43	5.50	2.3 ~ 8.7
合计	7 351	430	5.85	5.32 ~ 6.41	3.31	2.9 ~ 3.7

2.3 不同养殖类型场(户)羊群布病流行率

该区县在不同养殖类型中,羊布病群体表观流行率在2.28%~14.01%之间不等,群体真实流行率介于0.00%~12.80%之间。其中,牧区布病群体表观流行率最高,为14.01%(95%CI:12.59%~15.52%),与农区和半农半牧区的差异均有统计学意义($P<0.05$)。结果表明,牧区感染情况最严重。见表3。

表3 不同养殖类型场(户)羊群布病血清学检测结果

不同养殖类型	养羊场 (户)/个	羊阳性场 (户)/个	群体表观 流行率/%	95%CI/%	群体真实 流行率/%	95%CI/%
农区(a)	1 629	40	2.46	1.76 ~ 3.33	0.00	0.0 ~ 0.0
半农半牧(b)	3 509	80	2.28	1.81 ~ 2.83	0.00	0.0 ~ 0.0
牧区(c)	2 213	310	14.01	12.59 ~ 15.52	12.80	11.4 ~ 14.2

注:a与b比较, $\chi^2=0.15$, $P=0.698$;a与c比较, $\chi^2=151.24$, $P<0.001$;b与c比较, $\chi^2=293.91$, $P<0.001$ 。

2.4 不同养殖规模场(户)羊群布病流行率

该区县不同养殖规模场(户)羊布病群体表观流行率在0.00%~20.99%不等,羊布病群体真实流行率介于0.00%~20.92%之间。存栏量101—500只羊的场(户)羊布病群体表观流行率最高,为20.99%(95%CI:17.45%~24.88%),与存栏量 ≤ 50 只和存栏量 ≥ 501 只羊的场(户)羊布病群体表观流行率差异均有统计学意义($P<0.05$)。结果表明,存栏量101—500只羊的场(户)羊布病群体感染情况最严重。不同养殖规模场(户)羊群布病血清学检测结果见表4。

表4 不同养殖规模场(户)羊群布病血清学检测结果

存栏量/只	养羊场(户)/个	羊阳性场(户)/个	群体表观流行率/%	95%CI/%	群体真实流行率/%	95%CI/%
≤50(a)	6 427	261	4.06	3.59 ~ 4.57	1.23	1.0 ~ 1.5
51—100(b)	421	67	15.91	12.55 ~ 19.77	15.02	11.6 ~ 18.4
101—500(c)	486	102	20.99	17.45 ~ 24.88	20.92	17.3 ~ 24.5
≥501(d)	17	0	0.00	0.00 ~ 19.51	0.00	0.0 ~ 0.3

注:a与b比较, $\chi^2 = 121.73, P < 0.001$; a与c比较, $\chi^2 = 260.20, P < 0.001$; a与d比较, $\chi^2 = 0.72, P = 0.396$; b与c比较, $\chi^2 = 3.83, P = 0.05$; b与d比较, $\chi^2 = 3.19, P = 0.074$; c与d比较, $\chi^2 = 4.48, P = 0.034$ 。

羊布病阳性场(户)在不同乡镇和不同养殖规模分布有所不同。其中,A镇的布病阳性场(户)数量最多,而L乡镇布病阳性场(户)数为0。在17个乡镇中,O和P两个乡镇的布病阳性场(户)主要集中在存栏量少于100只羊的小型养羊场(户)中。此外,所有布病阳性场(户)均为存栏量不超过500只羊的养羊场(户)。见图1。

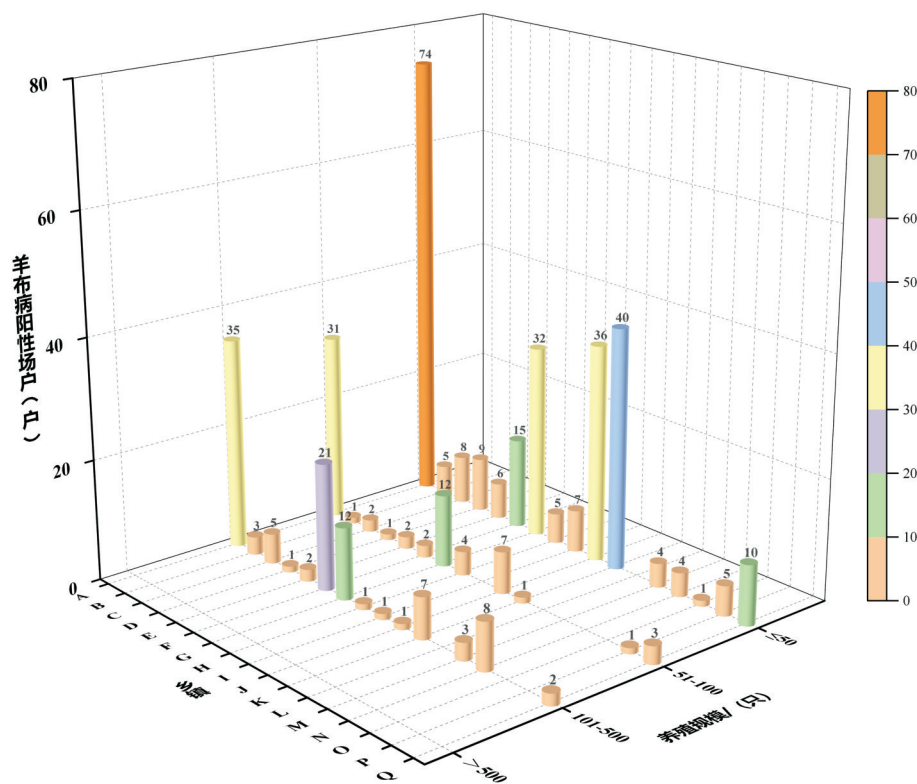


图1 布病阳性场(户)在不同乡镇、不同养殖规模中的分布

3 讨论

据世界动物卫生组织(OIE)统计数据,畜间布病主要在欧洲的地中海地区、中美洲、亚洲和南美洲等地流行。其中,羊布病主要集中在亚洲、东北欧、中东以及南美南部。而西欧、北欧、加拿大、日本、澳大利亚和新西兰等地尚未发现该病^[10,11]。相比之下,中国的布病流行情况以散发形式为主,畜间高发病率省份集中在西北、华北、东北地区^[12]。目前,布病尚无特效治疗方法,预防和控制布病主要依赖疫苗接种和定期检疫净化^[13]。在哈密市该区县,2024年上半年羊布病群体表观流行率为

5.85%(95%CI:5.32%~6.41%)低于国家规定的布病群体阳性率控制区7%的标准,与2023年上半年群体表观流行率8.47%(95%CI:5.32%~6.41%)相比,降低2.62个百分点。这一结果表明,哈密市该区县在布病防控方面取得了一定的成效,但仍需持续关注和加强防控措施,以进一步降低布病的流行风险。

通过对该区县不同乡镇的羊布病群体表观流行率检测结果进行对比分析,发现各乡镇之间存在较大差异。A镇的羊布病群体表观流行率最高,而L乡镇最低。特别是A镇和B镇的羊布病群体阳性率分别为29.60%(95%CI:25.52%~33.94%)和29.03%(95%CI:14.22%~48.04%),均高于新疆维吾尔自治区设定的15%的控制标准。这一结果可能与这两个乡镇都存在代牧和混群现象有关,再加上转场调运频繁,流通监管难度大,导致布病防控形势尤为严峻。由于哈密市该区县采取了“检测—扑杀—监测—净化”的综合防控策略,原则上禁止实施布病免疫^[5],面对流通监管难度大、混牧代牧现象频发的挑战,建议对A镇和B镇实施针对性防控措施,并探索疫苗免疫作为补充策略,以期在地区性差异的基础上实现更有效的防控效果,也为其他地区提供防控经验。

不同规模养羊场(户)羊布病群体表观流行率分析发现,存栏量101—500只羊的场(户)羊布病群体表观流行率较高,为20.99%(95%CI:17.45%~24.88%),而存栏量≤50只羊的场(户)羊布病群体表观流行率偏低,为4.06%(95%CI:3.59%~4.57%),这与张维秋^[14]在山东省某市进行的牛羊布鲁氏菌病横断面调查结果一致。导致这一结果的主要原因可能与存栏量101—500只羊的场(户)频繁出栏和补栏有关。相较于存栏量≥501只羊的场(户),存栏量101—500只羊的场(户)在有效隔离和生物安全等措施方面相对薄弱,从而增加布病感染的风险。从不同养殖规模的羊布病阳性场(户)分布来看,存栏量≤50只羊的羊布病阳性场(户)占比较大(60.70%),导致该区域的布病防控压力较大,可能与存栏量≤50只羊的场(户)羊群管理方式有关。因此,针对不同规模养羊场(户)羊的布病防控,需采取差异化策略。针对存栏量≤50只羊的场(户),应强化布病知识培训,提升农牧民对布病的认知及防控能力;针对存栏量101—500只羊的场(户),则需构建完善的疫病监测预警体系,注重引种检疫与隔离,定期开展布病筛查,以便快速识别并隔离感染个体,降低疫病传播风险。

对不同养殖类型的养羊场(户)羊布病群体表观流行率进行分析发现,牧区养羊场(户)羊布病群体表观流行率较高,为14.01%(95%CI:12.59%~15.52%),而农区养羊场(户)羊布病群体表观流行率较低,为2.46%(95%CI:1.76%~3.33%)。这一现象与人间布病的地域分布特征一致^[15],导致牧区布病流行率较高的主要原因可能与缺乏固定养殖场所、频繁转场调运、流通监管不足,以及普遍的混牧和代牧现象有关,而接触染疫动物或污染物是导致人间感染的主要原因之一。因此,针对该区域的实际情况,强化放牧、代牧及流通监管等防控措施,对降低布病传播风险、提升防控效果至关重要^[16]。

本研究采用横断面调查方法,于2024年上半年对该区县羊布病群体流行现状开展全面调查。针对研究总体规模较小但分布集中的特点,采用普查抽样策略,获取当前羊布病流行率空间分布特征的数据。与需长期追踪的队列研究或依赖历史数据的病例对照研究相比,横断面调查在基层防控实践中更具可操作性。其单一时间点的数据采集模式显著降低了时间与经济成本,同时通过普查抽样策略,能够确保数据的全面性、准确性,并避免抽样误差。研究结果不仅直观反映了羊布病群体流行率特征,更为后续研究及干预措施的制定提供了数据支持。

4 结 论

研究结果从群间(不同养殖规模和类型)与空间(不同乡镇)两个维度,对布病检测结果进行全面分析,详细掌握该区县布病在不同乡镇、不同养殖规模场(户)以及不同养殖类型场(户)的流行和分布状况。针对高风险区域,提出了以下防控措施,实行分区管理,推广划区代牧,杜绝混牧行为,禁止从高风险区域调运牛羊,并加强调运监管和检测力度。此外,强调在引种和代牧活动中,落地前后要进行布病监测和宣传教育,以最大限度降低布病的传播风险。

需要说明的是,作为横断面调查,本研究数据仅反映特定时间段内该区县布病的流行状况和分布特征。建议相关管理部门及时将分析结果应用于布病净化实践,通过采取针对性防控措施,切实保障净化工作成效。

参考文献

- [1] 黄保续. 兽医流行病学[M]. 北京: 中国农业出版社, 2010: 34.
- [2] BOSILKOVSKI M, KRTEVA L, DIMZOVA M, et al. Human brucellosis in Macedonia – 10 years of clinical experience in endemic region[J]. Croatian Medical Journal, 2010, 51(4): 327–336.
- [3] 亚里昆·买买提依明, 赵江山, 王蒞, 等. 2021—2023年新疆维吾尔自治区人间布鲁氏菌病监测数据分析[J]. 疾病监测, 2024, 39(11): 1405–1409.
- [4] 高晟斌, 韦欣捷, 刘爱玲, 等. 羊布鲁氏菌病直接经济损失与防控成本效益分析方法构建及实证研究[J]. 中国动物检疫, 2022, 39(7): 1–6.
- [5] 景添, 王天星, 陈曦, 等. 羊布鲁氏菌病及其国内外防控净化措施[J]. 动物医学进展, 2022, 43(2): 116–120.
- [6] 张国新, 陈建豪, 张志新, 等. 2022年新疆哈密市畜间布鲁氏菌病防控效果评估[J]. 中国动物检疫, 2023, 40(5): 16–20.
- [7] 国家质量监督检验检疫总局, 中国国家标准化管理委员会. 动物布鲁氏菌病诊断技术: GB/T 18646—2018[S]. 北京: 中国标准出版社, 2018.
- [8] HEGAZY Y M, MOAWAD A, OSMAN S, et al. Ruminant brucellosis in the Kafr El Sheikh Governorate of the Nile Delta, Egypt: prevalence of a neglected zoonosis[J]. PLoS Neglected Tropical Diseases, 2011, 5(1): 944.
- [9] 沈朝建, 王幼明. 兽医流行病学调查与监测抽样技术手册[M]. 北京: 中国农业出版社, 2013.
- [10] KURMANOV B, ZINCKE D, SU W W, et al. Assays for identification and differentiation of Brucella species: a review[J]. Microorganisms, 2022, 10(8): 1584.
- [11] 毛开荣. 动物布鲁氏菌病诊断技术[M]. 北京: 中国农业出版社, 2014: 19–24.
- [12] 陈礼朋, 张森, 李新生, 等. 我国人畜间布鲁氏菌病流行状况[J]. 中国动物检疫, 2018, 35(10): 1–5.
- [13] KOTHOWA J P, MFUNE R L, GODFROID J, et al. Documenting the absence of bovine brucellosis in dairy cattle herds in the southern region of Malawi and the associated knowledge, attitudes and practices of farmers[J]. Journal of the South African Veterinary Association, 2021(92):1–7.
- [14] 张维秋, 郑孟加, 蒋文夺, 等. 2023年山东省某市牛羊布鲁氏菌病横断面调查[J]. 中国动物检疫, 2024, 41(2): 1–4.
- [15] 朱燕, 宋志龙, 陈洁婷. 2013—2021年我国西部地区布鲁氏菌病流行趋势及时空分布特征分析[J]. 疾病监测, 2024, 39(11): 1399–1404.
- [16] 陈建豪, 张国新, 张志新, 等. 2023年新疆哈密市牛羊养殖场户布鲁氏菌病防控问卷调查[J]. 中国动物检疫, 2023, 40(11): 8–12.

Cross-Sectional Survey on the Seroprevalence of Brucellosis in Sheep Flocks in a District/County of Hami City

ZHANG Xiaoxiao¹, ZHANG Guoxin¹, ZHANG Zhixin¹, YUNUSI·Abudu²,
HE Bo², MA Chunjiang^{1*}, FAN Bingjie^{3*}

(1. Hami Animal Disease Prevention and Control Center, Hami, Xinjiang 839000, China;

2. Yizhou District Animal Disease Prevention and Control Center, Hami, Xinjiang 839000, China;

3. Animal Disease Prevention and Control Center of Xinjiang Uygur Autonomous Region, Urumqi 830011, China)

Abstract: **[Objective]** This study aimed to assess the prevalence of brucellosis in sheep and the effectiveness of quarantine and purification measures in a district/county of Hami City during the first half of 2024. **[Methods]** A vertical testing method (Rose Bengal plate agglutination test screening followed by competitive ELISA confirmation) was conducted to detect *Brucella* antibodies in sheep flock in 7 351 non-immunized households across 94 villages in 17 townships of the district/county. The detection results were statistically analyzed based on different townships, scales, and breeding types of the farms. **[Results]** The results showed that the apparent flock-level prevalence of sheep brucellosis in the district/county was 5.85% (430/7 351), the true prevalence was 3.31%, and the individual positive rate was 0.65% (1 549/238 821). The apparent flock-level prevalence of sheep brucellosis varied from 0.00% to 29.60% among different townships, and it was relatively high in pastoral areas, reaching 14.01% (310/2 213), which was significantly different from that in agricultural areas as well as semi-agricultural and semi-pastoral areas ($P<0.05$). The apparent flock-level prevalence of brucellosis in sheep flocks with a size of 101 to 500 was relatively high, reaching 20.99% (102/486), which was significantly different from that in flocks with ≤ 50 , 51 to 100, and ≥ 501 sheep ($P<0.05$). **[Conclusion]** The overall prevention and control effect of sheep brucellosis in the district/county of Hami City was good, with a relatively low risk of regional outbreaks, but there was still transmission risks in some townships. It was recommended to implement targeted prevention and control measures in high-risk areas, promote the system of regional grazing, prohibit mixed grazing, strengthen monitoring efforts, and conduct widespread awareness campaigns to improve the effectiveness of quarantine and purification.

Key words: sheep; brucellosis; apparent prevalence; cross-sectional survey

10.16863/j.cnki.1003-6377.2025.05.009

2025年上半年新疆羊产业形势分析及下半年预测

刘娜娜¹, 森巴提·叶尔兰¹, 刘 桑¹, 李立军², 刘 爽³

(1.新疆维吾尔自治区畜牧科学院, 乌鲁木齐 830011;

2.新疆维吾尔自治区草原总站, 乌鲁木齐 830000;

3.新疆农业大学动物科学学院, 乌鲁木齐 830052)

摘要:【目的】旨在分析2025年上半年新疆羊产业形势,并对下半年其发展趋势进行预测。【方法】通过对2025年上半年新疆羊存、出栏量,活羊价格,羊肉价格及饲料原料价格等关键数据进行梳理与分析,为预测下半年羊产业发展趋势提供依据。【结果】研究发现,2025年上半年新疆羊产业呈现以下特点,存栏结构性调整,出栏量稳步推进;活羊、羊肉价格先涨后跌,价格总体上扬;饲料原料价格上涨;规模繁育场养殖收益呈亏损状态,规模育肥场养殖收益呈盈利态势。【结论】展望2025年下半年,随着我国居民肉类消费结构的持续优化,羊肉消费需求仍有较大增长空间,有望推动羊肉市场再度进入繁荣周期。具体来看,羊存栏量将有所增加,出栏量将保持稳定或小幅增长;活羊、羊肉价格将呈现季节性回升的态势;饲料原料价格将保持稳定或小幅上涨;规模化养殖场养殖收益有望提高。为促进羊产业的持续发展并提升其竞争力,建议加强政策支持与落实,提升养殖技术和管理水平,优化饲料供应体系,推动羊肉品牌建设和市场拓展,促进产业融合发展,健全疫病防控体系,并加强市场监测与分析。

关键词:新疆;羊产业;羊肉价格;养殖收益

中图分类号:S8-9

文献标识码:A

文章编号:1003-6377(2025)05-0058-07

新疆作为我国畜牧业的重要产区,羊产业在农业经济中占据举足轻重的地位^[1]。然而,近几年新疆羊产业在复杂多变的市场环境与政策环境中发展,既迎来机遇,也面临诸多挑战^[2]。一方面,随着人们生活水平的提高,对羊肉及相关产品的需求日益增长,为新疆羊产业提供了广阔的市场空间^[3];另一方面,市场价格的波动、养殖成本的上升、疫病防控的压力等因素,也给羊产业发展带来了不确定性^[4]。2024年,新疆羊存栏量4 004.94万只、出栏量3 398.32万只,羊肉产量60.74万t,羊存栏量、出栏量及羊肉产量均呈现下降趋势^[5]。与此同时,新疆维吾尔自治区人民政府出台了一系列政策扶持羊产业发展,2024年8月新疆维吾尔自治区人民政府办公厅印发《稳定肉牛肉羊及奶产业发展九条政策措施》,从能繁母羊补贴、强化信贷政策支持、饲草料补贴、优化政策性养殖业保险等多方面发力,为羊产业发展注入强大动力^[6]。在此背景下,深入分析2025年上半年新疆羊

基金项目:新疆现代农业产业技术体系—羊产业技术体系专项经费项目(XJARS-09);新疆维吾尔自治区公益性科研院所基本科研业务经费项目“新疆肉羊育肥生产模式分析研究”(ky202466)

作者简介:刘娜娜(1981-),女,硕士,研究员/正高级畜牧师,研究方向为畜牧业经济。E-mail:85031016@qq.com

通信作者:森巴提·叶尔兰(1995-),女,硕士,畜牧师,研究方向为畜牧业经济。E-mail:1498638388@qq.com

收稿日期:2025-06-20,修回日期:2025-08-15

产业发展形势,对把握产业发展规律、制定科学合理的发展策略,促进新疆羊产业持续、健康、稳定发展具有重要意义。

1 2025年上半年新疆羊产业形势分析

1.1 新疆羊存栏结构性调整,出栏量稳步推进

新疆作为我国重要的羊产业基地,羊存、出栏动态对全国羊肉市场供给有着显著影响^[7]。新疆155家羊养殖企业的监测数据显示,2025年上半年新疆羊产业呈现存栏结构性调整,出栏量稳步推进的特征。存栏方面,第一季度羊存栏量61.33万只,第二季度羊存栏量62.89万只,第二季度较第一季度存栏量有所增加,增幅为2.54%;出栏方面,上半年羊累计出栏量49.63万只,其中,第一季度羊出栏量23.80万只,第二季度羊出栏量25.83万只,第二季度较第一季度出栏量增加2.03万只,增幅达8.53%。

1.2 新疆活羊、羊肉价格呈“先涨后跌,总体上扬”态势

农业农村部监测数据显示,2025年上半年新疆活羊市场价格波动较大,呈前期稳步上升,后期逐渐回落的趋势,但总体呈上扬态势。2025年上半年活羊平均价格为25.58元/kg,同比下降2.07%,上半年价格在23.91元/kg~27.13元/kg之间波动。具体表现为,第1周到第5周,价格维持在24.14元/kg左右,较为平稳;从第5周开始,价格持续上升,至第15周达到26.09元/kg;同时,在第15周之前2025年活羊价格均低于2024年同期价格,在第15周持平;此后,活羊价格再次上涨至第21周的27.13元/kg(上半年活羊价格最高位),第22周持平,第23周开始呈现下跌趋势;虽然后几周活羊价格呈现下降态势,但仍高于年初活羊价格。见图1。

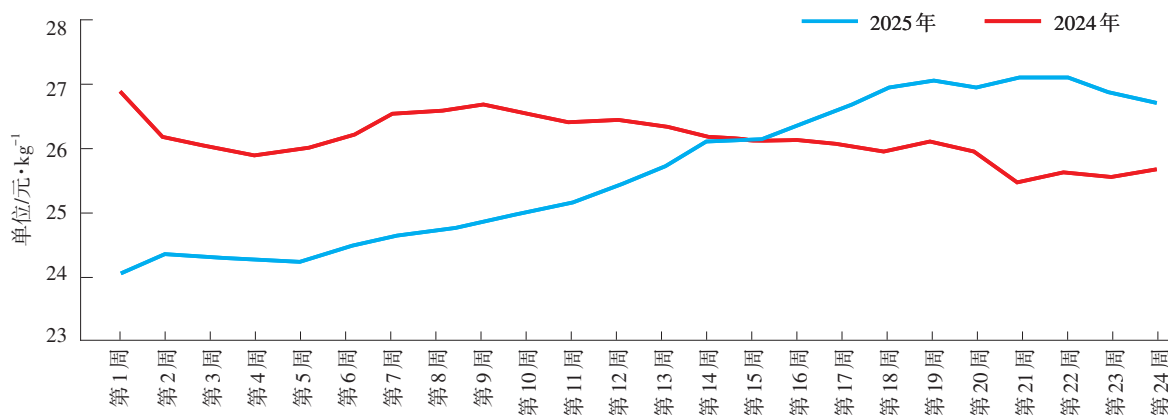


图1 2024年与2025年第1—24周新疆活羊价格走势图

农业农村部监测数据显示,2025年上半年新疆羊肉价格与活羊价格走势一致,呈现“先涨后跌,总体上扬”的态势。2025年上半年新疆羊肉平均价格为59.38元/kg,同比下降3.71%。具体表现为,2025年新疆羊肉价格从第1周到第18周持续上升,从第1周的56.91元/kg逐步上涨至第18周的61.70元/kg左右。2025年第1周至17周羊肉价格呈上升趋势但始终低于2024年同期水平,波动也与2024年走势相反,同时,第14周的价格更接近6月25日农业农村部发布的全国农产品批发市场羊肉平均价格监测数据(59.67元/kg),表明新疆市场对羊肉的需求在逐步增加。之后,羊肉价格从第18周的61.70元/kg(上半年羊肉价格最高位)开始呈现回落态势,反映出市场供需关系发生变化,羊肉消费需求有所减少,导致价格出现一定程度的回落^[8]。见图2。

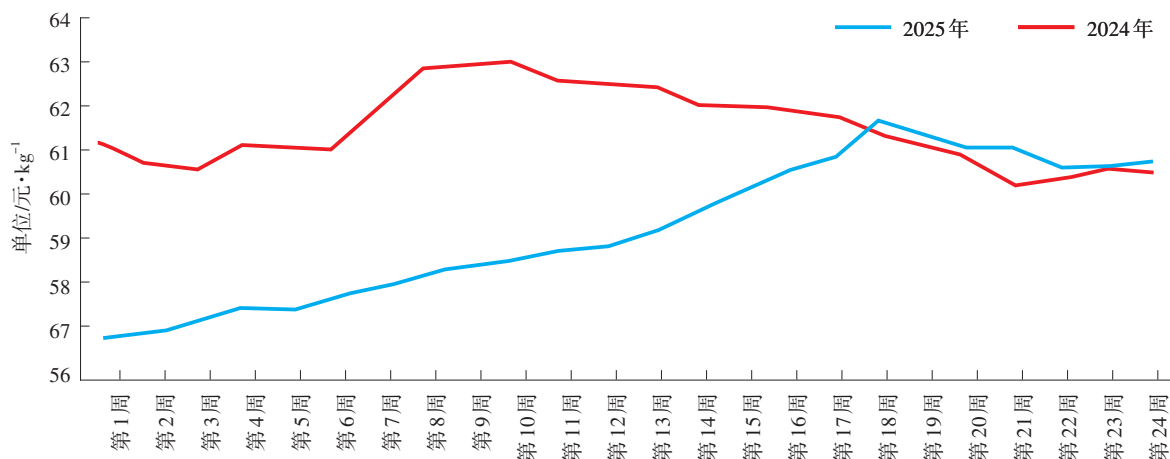


图2 2024年与2025年第1—24周新疆羊肉价格走势图

1.3 新疆主要饲料原料价格上涨

农业农村部监测数据显示,2025年上半年新疆主要饲料原料中玉米、豆粕、小麦麸价格整体呈上升态势,从第1周到第24周分别上涨了17.44%、11.75%和16.67%,但均低于2024年同期水平。具体来看,2025年上半年玉米均价2.11元/kg,较2024年上半年降低了0.44元/kg,降幅达17.25%;豆粕均价3.86元/kg,较2024年上半年降低了0.38元/kg,降幅为9.96%;小麦麸均价1.88元/kg,较2024年上半年降低了0.31元/kg,降幅为14.16%。见图3、图4。

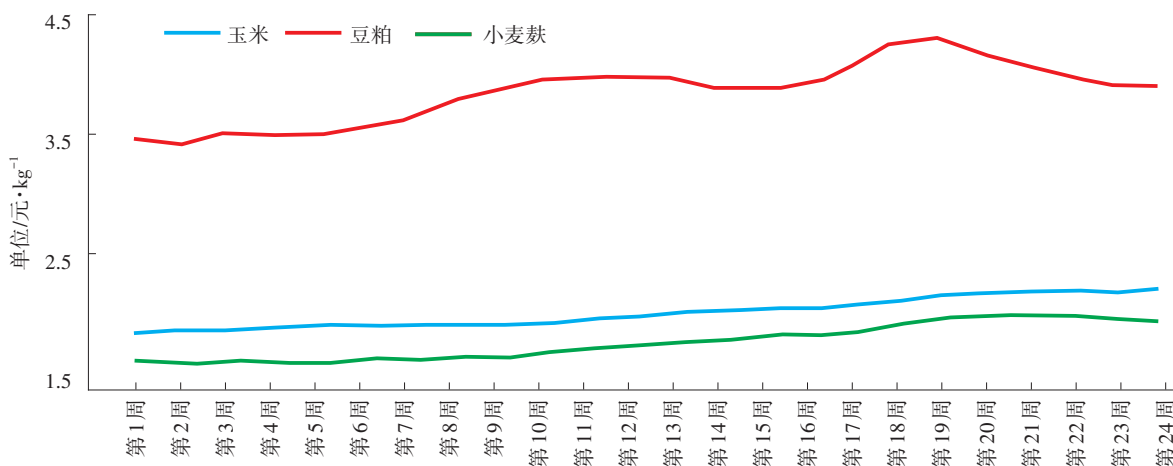


图3 2025年第1—24周新疆主要饲料原料价格走势图

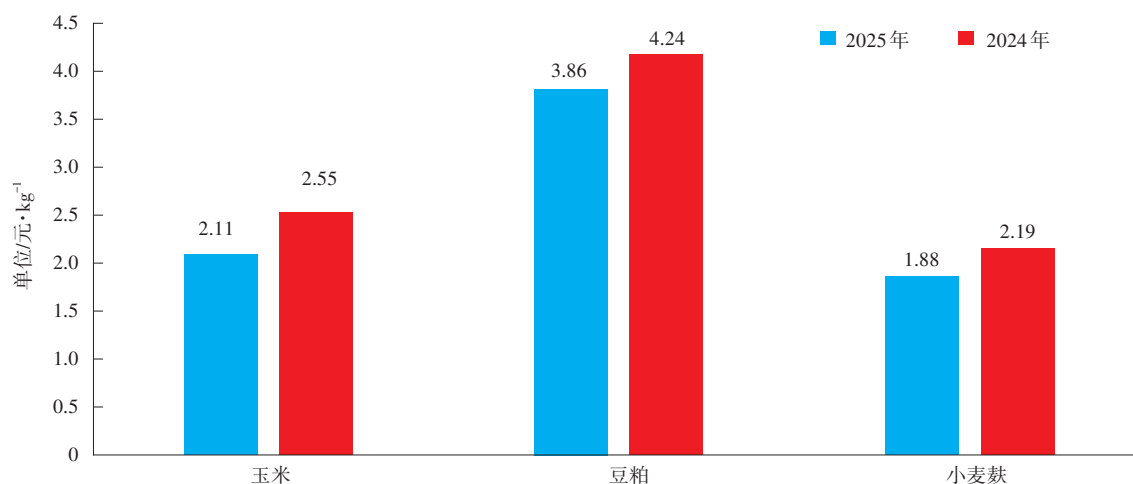


图4 2024年与2025年上半年新疆主要饲料原料价格情况

1.4 新疆规模繁殖场养殖收益呈亏损态势

2025年3—6月新疆11家规模繁殖场的监测数据显示,2025年3—6月新疆规模繁殖场出栏活羊养殖收益呈现持续亏损态势。2025年3—6月养殖收益平均亏损1.15元/kg,其中,4月亏损最低,为0.38元/kg,6月亏损最高,为1.89元/kg,养殖亏损扩大1.51元/kg,从3月到6月养殖亏损增加20.38%。见图5。

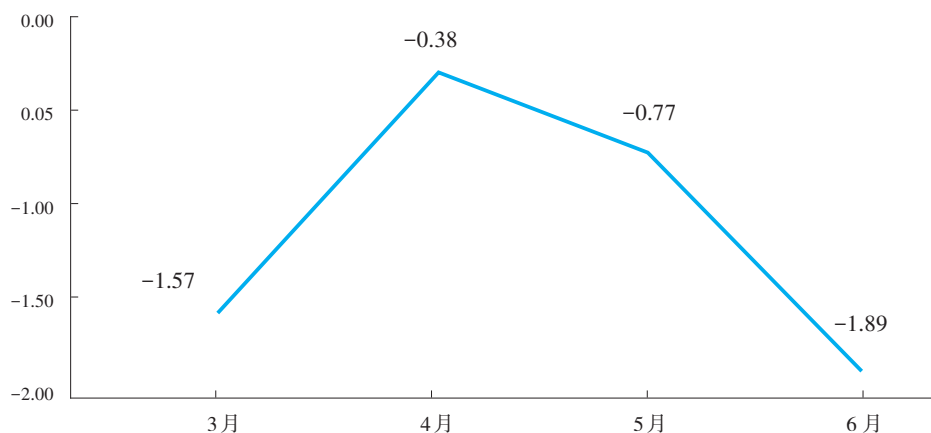


图5 2025年3—6月新疆11家规模繁殖场养殖收益

1.5 新疆规模育肥场养殖收益呈盈利态势

2025年3—6月11家规模育肥场的监测数据显示,2025年3—6月新疆规模育肥场出栏活羊养殖收益呈现盈利态势。2025年3—6月平均收益3.48元/kg,其中,3月收益最低,为2.79元/kg,5月收益最高,为4.29元/kg,收益相差1.50元/kg,从3月到6月养殖收益增长25.45%。见图6。

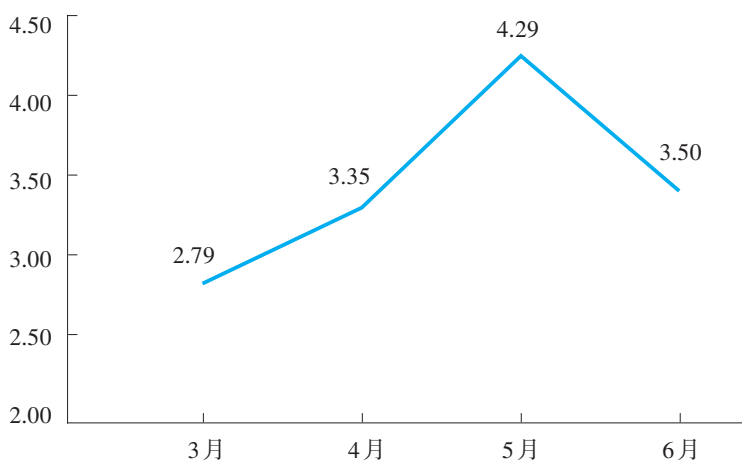


图6 2025年3—6月新疆11家规模育肥场养殖收益

2 2025年下半年新疆羊产业趋势预测

2.1 新疆羊存、出栏量增加

2025年上半年新疆羊产业呈现“存栏结构性调整,出栏量稳步推进”的态势,表明存、出栏结构随市场需求和消费趋势进行了调整。预计2025年下半年随着旅游旺季到来和冬季消费高峰临近,市场需求将进一步扩大;为契合市场需求、激发消费活力,且受相关扶持政策驱动,养殖户的补栏积极性有望进一步提升;此外,前期补栏的羊也将陆续达到出栏标准。因此,预计2025年下半年新疆

羊存栏量将有所增加,出栏量将保持稳定或小幅增长。

2.2 新疆活羊、羊肉价格回升

2025年上半年新疆活羊、羊肉价格呈现“先涨后跌,总体上扬”的态势,在一定程度上反映随着新疆居民肉类消费结构的进一步优化,市场对活羊、羊肉的需求呈增长趋势,表明羊肉消费需求仍有较大增长空间^[9]。预计2025年下半年活羊、羊肉价格将呈现季节性回升的态势。一方面,秋冬季节是羊肉的传统消费旺季,同时新疆的旅游旺季也将吸引大量游客,这将显著增加羊肉的消费需求。另一方面,扶持政策将进一步稳定活羊生产与市场供应,为价格平稳运行提供支撑。然而,市场整体趋于理性增长,活羊价格虽有上涨动力,但涨幅有限。

2.3 新疆主要饲料原料价格保持稳定或小幅上涨

2025年上半年新疆主要饲料原料中玉米、豆粕、小麦麸价格均呈上涨态势,但仍低于2024年同期水平,这表明,新疆出台的“牧九条”政策中针对饲草料的补贴措施,对饲料原料价格有一定的稳定作用。尽管如此,受供需基本面影响,饲料原料市场仍存在供不应求的问题。随着市场供需关系的动态平衡以及“牧九条”政策补贴的持续作用,预计2025年下半年新疆主要饲料原料价格将保持稳定或小幅上涨,不过,仍需密切关注市场动态和政策变化,以便及时调整策略。

2.4 新疆羊养殖收益有望提高

2025年上半年新疆规模繁育场、规模育肥场养殖收益分别呈亏损、盈利的态势,而养殖成本是影响养殖收益的关键因素之一,其波动主要受到饲料价格、劳动力成本以及疫病控制等多种因素的影响^[10]。预计2025年下半年新疆主要饲料原料成本将保持稳定或小幅上涨,在这种情况下,如果规模繁育场和规模育肥场能够优化成本控制并加强疫病预防,那么2025年下半年新疆羊养殖收益有望提高,为实现新疆羊产业的可持续发展奠定基础。

3 建议措施

3.1 加强政策支持与落实

相关职能部门应持续加强政策支持与落地效能,通过实施财政补贴、税收优惠和金融支持等措施,减轻养殖户的经济负担,提高养殖户的养殖积极性。如提供养殖、防疫和品种改良补贴,落实税收减免政策,提供低息贷款或贷款贴息,以促进羊产业的规模扩大和转型升级。同时,需制定科学合理的产业发展规划,明确发展目标,优化产业布局,引导产业有序扩张并保持高速发展。

3.2 提升养殖技术和管理水平

提升养殖技术和管理水平是提高养殖效率和经济效益的关键。需加强对养殖户的技术培训,系统推广先进的养殖技术和管理经验,提高养殖效率和经济效益。同时,大力推广规模化、标准化、生态养殖等科学养殖模式,从生产环节保障养殖质量。

3.3 优化饲料供应体系

优化饲料供应体系对于控制养殖成本至关重要。应加强饲料原料的统筹采购和精细化管理,切实降低饲料成本;推广科学饲料配方技术,提高饲料利用率;加大对本地饲料资源的开发和利用,通过种植优质牧草、推进农作物秸秆资源化利用等方式,减少对外部饲料的依赖。

3.4 推动羊肉品牌建设和市场拓展

推动羊肉品牌建设和市场拓展是提升产业附加值和市场竞争力的重要途径。需加大对“疆字号”羊肉品牌的宣传推广力度,提高品牌知名度和市场竞争力;积极拓展销售渠道,加强与疆内外市场的对接合作,提高羊肉的市场占有率。

3.5 促进产业融合发展

促进产业融合发展能有效延长产业链,提高产业附加值。推动羊产业与羊肉加工、冷链物流、餐饮服务等相关产业融合发展,通过延长产业链提高产业附加值。探索“农牧旅”结合模式,发展羊文化旅游、牧区体验游等项目,增加产业的综合效益。

3.6 加强疫病防控体系建设

加强疫病防控体系建设是保障羊群健康和产业稳定发展的基础。应建立健全疫病监测体系,加强对羊疫病的监测和预警,及时发现和处理疫情;严格落实防疫措施,推广标准化疫苗接种和科学防疫方法,全面提高羊群的健康水平。

3.7 加强市场监测和分析

加强市场监测和分析对于应对市场波动、防范经营风险至关重要。需建立健全市场监测体系,重点加强对羊肉市场价格、供求关系等核心信息的监测和分析,及时发布权威市场信息,为养殖户和企业提供决策依据;完善市场风险预警机制,针对市场波动与挑战提前制定应对方案,降低养殖户的市场风险。

4 结 论

展望2025年下半年,随着我国居民肉类消费结构的持续优化,预计新疆羊肉消费需求仍有增长空间,有望推动羊肉市场再度进入繁荣周期。具体来看,羊存栏量将有所增加,出栏量保持稳定或小幅增长;活羊、羊肉价格将呈现季节性回升的态势;主要饲料原料价格保持稳定或小幅上涨;规模化养殖场养殖收益有望提高。

参考文献

- [1] 李红, 赵明亮. 基于产业链视角的新疆羊产业发展模式实证分析[J]. 新疆大学学报(哲学·人文社会科学版), 2009, 37(6): 16-20.
- [2] 李军, 刘永斌, 金海. 2024年我国肉羊产业发展概况、未来发展趋势及建议[J]. 中国畜牧杂志, 2025, 61(3): 388-394.
- [3] 刘国勇. 新疆羊肉价格持续波动上涨的成因及对策[J]. 农业现代化研究, 2014, 35(3): 313-316.
- [4] 王士权, 常倩, 李秉龙. 中国羊肉市场价格动态变化及其关联效应[J]. 北京航空航天大学学报(社会科学版), 2017, 30(5): 65-70.
- [5] 森巴提·叶尔兰, 杨会国, 刘娜娜. 2024年新疆羊产业发展分析及2025年预测[J]. 草食家畜, 2025(2): 39-47.
- [6] 马帛宇. 我区畜牧业生产稳中有进[N]. 新疆日报(汉), 2025-03-04(4).
- [7] 曾树霖, 曾荣. 新疆羊肉产业现状及未来发展趋势[J]. 食品安全导刊, 2022(36): 147-152.
- [8] 鲁云峰, 罗兰, 刘娜娜. 2024年上半年新疆羊肉市场价格分析及下半年展望[J]. 草食家畜, 2024(5): 65-70.
- [9] 刘娜娜, 森巴提·叶尔兰, 杨会国, 等. 新疆肉羊产业2023年度发展分析及2024年度发展趋势预测[J]. 草食家畜, 2024(2): 60-70.
- [10] 王籽辛. 羊养殖效益低的原因分析及对策[J]. 畜禽业, 2023, 34(7): 41-43.

Analysis of the Sheep Industry Situation in Xinjiang for the First Half of 2025 and Predictions for the Second Half

LIU Nana¹, SENBATE·Yerlan¹, LIU Shen¹, Li Lijun², LIU Shuang³

(1. Xinjiang Uyghur Autonomous Region Academy of Animal Sciences, Urumqi 830011, China;

(2. Xinjiang Uyghur Autonomous Region Grassland General Station, Urumqi 830000, China;

(3. College of Animal Science, Xinjiang Agricultural University, Urumqi 830052, China)

Abstracts: **[Objective]** This study aimed to analyze the sheep industry performance in Xinjiang during the first half of 2025 and to forecast its development trends for the second half of the year. **[Methods]** Key data, including sheep inventory, slaughter volume, live sheep prices, mutton prices and feed material prices from the first half of 2025, were systematically collected and analyzed to forecast development trends for the latter half of the year. **[Results]** Sheep industry in Xinjiang exhibited the following characteristics in the first half of 2025, structural adjustments in inventory with steady progress in slaughtering volume; live sheep and mutton prices initially rose then declined, but showed an overall upward trend. Feed material costs increased, with large-scale breeding farms operating at a loss while commercial fattening farms remained profitable. **[Conclusion]** Looking ahead to the second half of 2025, with the ongoing optimization of Chinese residents' meat consumption pattern, mutton consumption demand still retained significant growth potential, and the mutton market was expected to re-enter a growth cycle. Specifically, the sheep inventory was projected to increase, while the slaughter volume was expected to remain stable or experience modest growth. Live sheep and mutton prices were anticipated to show seasonal rebounds, with feed material costs likely to stabilize or rise slightly. Profitability of large-scale farming operations was forecast to improve. For the purpose of promoting the sustainable development of sheep industry and enhancing the competitiveness, it was recommended to strengthen policy support and implementation, improve breeding technologies and management practices, optimize the feed supply system, promote mutton brand building and market expansion, facilitate integrated industrial development, improve the disease prevention and control system, and to enhance market monitoring and analysis.

Key words: Xinjiang; sheep industry; mutton price; farming profitability

10.16863/j.cnki.1003-6377.2025.05.010

文化产业高质量发展视域下畜牧文化资源 活化利用的路径分析

陈俊科^{1,2},李 敬³,王 娇^{3*},胡小宁⁴,崔巍平²,李 欣²

(1.新疆维吾尔自治区发展和改革委员会经济研究院,乌鲁木齐 830000;

2.新疆工程学院,乌鲁木齐 830000;3.新疆农业大学经济管理学院,乌鲁木齐 830000;

4.新疆维吾尔自治区文化馆,乌鲁木齐 830000)

摘要:【目的】深入挖掘和活化利用畜牧业文化资源既是统筹推进乡村振兴发展的重要内容,也是促进文化高质量发展的题中之义,还是提升国家文化软实力的重要组成部分。【方法】采用观察分析法对畜牧业文化资源的开发与利用现状进行深入探讨,识别存在的问题,并提出具有针对性的政策建议。【结果】在畜牧业文化资源向产业转化的过程中,存在资源开发过度激进、文化遗产保护力度不足以及产业衔接生硬和市场匹配度低下等问题。同时,产业创新力薄弱、内容开发不足以及融资渠道狭窄,导致其过度依赖相关行政部门支持。基于此,建议加强文化遗产保护工作,优化产业与市场的衔接机制,提升产业创新能力,丰富产业内容,同时增加对畜牧业文化资源产业化的投资力度。【结论】畜牧业文化资源开发是系统工程,易与草原文化融合而被忽视,但其转化与推广可有效促进文化的保护传承,是相关部门、组织协会、企业等社会多元主体协同推进的重要实践方向。

关键词:畜牧业文化资源;文化产业高质量;畜牧业高质量发展;路径优化

中图分类号:S8-9

文献标识码:A

文章编号:1003-6377(2025)05-0065-06

文化乃国之根基、民族之命脉所在,文化兴则国运兴,文化强则民族强。党的十八大以来,以习近平同志为核心的党中央把文化建设摆在治国理政的突出位置,围绕新时代文化建设提出一系列新思想、新观点、新论断,构成习近平新时代中国特色社会主义思想的文化篇,形成习近平文化思想^[1]。乡村文化振兴是乡村振兴的重要内容,习近平总书记指出:“要把保护传承和开发利用有机结合起来,把我国农耕文明优秀遗产和现代文明要素结合起来,赋予新的时代内涵,让中华优秀传统文化生生不息,让我国历史悠久的农耕文明在新时代展现其魅力和风采。”^[2,3]因此,深入挖掘并活化利用畜牧业文化资源,推动其转化为具有市场竞争力的文化产品,是实现文化产业高质量发展的关键。这便要求社会多元主体在保护畜牧业文化资源的基础上,创新表达方式与传播路径,提升其时代价值与可持续发展能力。

基金项目:新疆维吾尔自治区自然科学基金项目“文化润疆背景下文化产业的空间演变及关联黏性研究”(2022D01A112)

作者简介:陈俊科(1986-),男,博士,副研究员,硕士研究生导师,研究方向为农业经济理论与政策、区域经济发展。

E-mail:lysyxintan057@163.com

通信作者:王娇(1985-),女,博士,讲师,研究方向为农业经济理论与政策、畜牧业经济。E-mail:459559370@QQ.com

收稿日期:2025-06-15,修回日期:2025-08-19

1 畜牧业文化资源向文化产业转化的现状

我国畜牧业文化资源向文化产业转化的过程中,已经取得一定的成果,并在多个领域得到广泛应用,尤其是在文旅融合、非遗传承及影视创作等领域。然而,由于不同地区的历史背景、文化特征和产业发展水平存在一定的差异,其转化程度和发展模式也各不相同。总体来看,东部沿海地区在文化产业体系较为成熟的基础上,积极推动畜牧业文化资源的商业化开发;而中西部地区则更多依赖本土特色畜牧业文化资源,致力于探索文化旅游和非物质文化遗产产业化发展路径。

1.1 文旅结合:打造特色旅游品牌

在品牌建设过程中,要注重文化内涵的融入,使品牌更具吸引力和生命力^[4]。近年来,随着文化旅游市场的快速发展,许多地区依托畜牧业文化资源,打造具有地域特色的旅游品牌。例如,内蒙古自治区依托蒙古族游牧文化,大力发展草原生态旅游,推出骑马、射箭、蒙古包住宿及民族美食等体验项目,吸引大量国内外游客。新疆维吾尔自治区则利用哈萨克族、柯尔克孜族等少数民族的畜牧文化,大力发展牧区旅游和民俗文化节庆活动,从而形成独具特色的文化旅游产业。此外,西藏自治区借助藏族传统畜牧业文化,发展高原生态旅游,推广藏医藏药、牦牛文化及唐卡艺术等文化元素,使旅游业成为当地支柱产业之一。在南方地区,云南、贵州等地的少数民族聚居区也在积极利用畜牧业文化资源发展乡村旅游。例如,彝族、苗族和侗族等民族的传统村落,保留了完整的畜牧生产和生活方式,相关部门和企业通过修缮古村落、建设民族文化展示馆以及举办传统节日庆典等方式,吸引游客参与农耕、放牧和手工制作等活动,从而实现文化资源与旅游经济的深度融合。

1.2 非遗传承:推动传统技艺市场化

非物质文化遗产(以下简称“非遗”)是畜牧业文化资源的重要组成部分,涵盖传统畜牧技艺、民族服饰、民间音乐和饮食文化等多个方面。近年来,地方相关部门和文化机构通过将非遗保护与市场开发相结合的方式,推动与畜牧业相关的非遗项目向产业化方向发展。例如,以蒙古族长调民歌、呼麦及摔跤等为代表的游牧文化被列入国家级乃至世界级非遗名录,并通过文艺演出、技艺培训和文创产品开发等方式实现商业化运营。内蒙古自治区的非遗传承人通过开设培训班,向年轻一代传授蒙古族传统音乐和舞蹈,并将其融入现代舞台表演和影视作品之中,有效地拓展了非遗的传播边界。同样,藏族的牦羊毛纺织技艺、藏医藏药及酥油灯制作等非遗项目也在相关部门扶持下进入市场,成为特色手工艺品和健康养生产品的核心卖点。此外,部分地方相关部门还尝试将畜牧业非遗与数字技术相结合,以增强其市场竞争力。例如,通过短视频平台、电商平台和直播带货等新媒体渠道,推广传统畜牧技艺及其相关产品,使消费者能够在线了解并购买非遗商品。这种方式不仅提升了非遗的知名度,也为其带来稳定的经济效益。

1.3 影视创作:畜牧业文化走向大众视野

近年来,影视作品作为文化传播的重要载体,正逐渐成为畜牧业文化资源转化的重要渠道。众多影视剧、纪录片和动画作品以畜牧业文化为主题,成功将草原文化、牧区生活和民族风情呈现给更广泛的受众群体。例如,《狼图腾》《成吉思汗》等影视作品展现了蒙古族游牧文化的历史风貌,激发了观众对草原生态知识和游牧生活习俗的浓厚兴趣。此外,《舌尖上的中国》《航拍中国》等纪录片节目也多次聚焦畜牧业文化,介绍草原牧场、牧民生活及传统乳制品制作等内容,加深了公众对畜牧业文化的认知和认同。与此同时,一些地方相关部门和文化企业也开始投资拍摄反映畜牧业文化的影视作品,借助数字化手段扩大品牌影响力,并融入地域文化元素以增强品牌附加值^[5]。例

如,西藏自治区推出的《冈仁波齐》《喜马拉雅天梯》等纪录片,不仅向观众展示了藏族牧民的生活状态,也推动了当地文化旅游产业的发展。类似的案例还包括云南的《茶马古道》系列纪录片、新疆的《可可托海牧羊人》《我的阿勒泰》等影视作品,它们均在一定程度上促进了畜牧业文化的传播和产业转化。

1.4 地区特征:东部与中西部发展模式差异

尽管畜牧业文化资源的产业化在全国范围内均有不同程度推进,但不同地区的发展模式仍存在明显差异。东部沿海地区由于经济基础雄厚、文化产业发达,通常采取市场化运作模式,依靠成熟的商业机制推动畜牧业文化资源的转化^[6,7]。例如,北京、上海等地的文化企业通过IP授权、品牌联名等方式,将畜牧业文化元素融入时尚、影视和游戏等领域,从而形成多元化的文化消费市场。相比之下,中西部地区更多依赖相关行政部门引导和政策支持,采用文旅融合和非遗保护相结合的方式开发。例如,内蒙古、新疆及青海等地的相关行政部门设立专项资金,支持畜牧业文化景区建设、非遗传承人培养和文创产品研发。同时,一些欠发达地区借助畜牧业文化资源发展特色产业扶贫项目,如西藏等地区的牦牛绒加工、蒙古族银器制作等,既实现了文化资源的合理利用,又促进了当地的经济发展。总体而言,畜牧业文化资源向文化产业的转化已经在多个领域取得初步成效,但仍面临诸多挑战。未来,如何进一步深化文旅融合、完善非遗市场化机制、拓展影视传播渠道,并缩小地区间的发展差距,将是推动畜牧业文化资源可持续转化的重要着力点。

2 畜牧业文化资源向文化产业转化时存在的主要问题

尽管畜牧业文化资源向文化产业的转化已取得一定进展,但在实际推进过程中仍然面临诸多挑战。这些挑战主要集中在文化资源保护不足、市场需求匹配度低、创新能力有限以及资金投入不足等方面,从而制约了畜牧业文化资源的有效转化和可持续发展。

2.1 挖掘开发激进,文化资源保护不足

畜牧业文化资源的保护工作仍存在明显不足,导致部分珍贵的文化遗产面临流失或被过度商业化的风险。一方面,许多传统畜牧技艺、民俗仪式和语言文化因缺乏系统性的记录和整理,正逐渐消失。例如,游牧民族的迁徙方式、传统畜牧工具的使用方法以及口述历史等非物质文化遗产,尚未得到充分的数字化保存和研究,使年轻一代难以深入了解并有效传承这些宝贵的文化遗产。另一方面,部分地区在开发畜牧业文化资源时,过度追求经济效益,而忽视了对文化原真性的保护。例如,一些旅游景点为迎合游客需求,对传统牧区景观进行大规模改造,甚至引入现代建筑风格,削弱了原有文化的独特性和真实性^[8,9]。此外,由于缺乏有效的法律保障和监管机制,部分畜牧业文化资源被不当利用或滥用,如未经授权地将传统服饰、图案及符号等元素用于商业产品,损害了文化持有者的权益。

2.2 演化衔接生硬,市场需求匹配度低

畜牧业文化资源的产业化发展往往面临市场需求匹配度较低的问题,即所提供的文化产品和服务难以精准对接消费者的兴趣和偏好。一方面,部分文化产品过于强调传统性,未能有效结合现代消费需求,导致吸引力不足。例如,一些以畜牧业文化为主题的文创产品设计单一、缺乏创新,难以激发年轻消费者的购买欲。另一方面,市场上关于畜牧业文化的宣传和推广力度不足,使得众多潜在消费者对其缺乏认知。例如,虽然蒙古族、藏族等地的畜牧业文化具有较高的文化价值,但由于传播渠道狭窄,国际市场的认知度较低,进而影响其商业化潜力^[10,11]。此外,一些地方在发展畜牧

业文化旅游时,未能充分考虑游客的实际需求,所提供的体验项目存在严重的同质化现象,缺乏差异化竞争优势,导致游客重游率较低,最终影响长期发展。

2.3 创新能力有限,欠缺丰富内容供给

畜牧业文化资源的产业化发展需要较强的创新能力,以此推动文化内容、表现形式和商业模式的多样化。然而,目前该领域的创新水平整体偏低,主要体现在产品设计、技术应用和营销策略等方面。首先,文化产品创意深度不足。许多文化产品仍然停留在简单的复制和再现层面,缺乏深层次的创意开发。例如,以畜牧业为主题的影视作品、动漫游戏等文化产品较为稀缺,且内容同质化现象突出,难以形成具有影响力的IP。其次,数字化技术应用滞后。未能充分利用虚拟现实(VR)、增强现实(AR)及人工智能(AI)等新兴科技来提升文化体验。例如,相比其他文化产业,畜牧业文化在数字博物馆、沉浸式展览和在线教育等方面的探索较少,限制了其传播范围和影响力。此外,市场营销手段较为传统,未能充分利用社交媒体、短视频平台等新型传播渠道,导致其文化传播效果受限。

2.4 融资渠道缺乏,依赖相关部门扶持性资金投入

资金短缺是畜牧业文化资源向文化产业转化过程中面临的另一大难题。由于畜牧业文化资源的产业化进程尚处于起步阶段,许多项目缺乏足够的财政支持和市场融资渠道。首先,相关部门扶持性资金投入有限,导致基础设施建设和文化项目孵化困难。例如,一些偏远牧区的文化遗址保护、非遗传承基地建设等项目因资金不足而难以推进。其次,社会资本对畜牧业文化项目的关注度及投资意愿较弱。相较于影视、游戏和网络文学等热门文化产业,畜牧业文化的投资回报周期较长,风险高,使得投资者更倾向选择短期收益更高的项目。此外,部分地方缺乏完善的投融资机制,导致文化产业项目难以获得银行贷款或风险投资,从而进一步限制其规模化发展。

3 推动畜牧业文化资源向文化产业转化的对策和建议

针对当前畜牧业文化资源向文化产业转化过程中所存在的问题,相关部门应从加强文化资源保护、优化市场匹配、提升创新能力以及加大资金投入四个方面入手,制定系统性的政策措施,以促进畜牧业文化的可持续发展和有效转化。

3.1 加强文化资源保护工作

畜牧业文化资源的保护是实现其产业化发展的前提条件,必须建立健全保护机制,以确保传统文化的完整性和可持续性。首先,相关部门应加强对畜牧业非物质文化遗产的系统性整理和数字化存档,建立涵盖传统畜牧技艺、民俗仪式、语言文字和服饰工艺等内容的专项数据库,为后续的文化研究和产业开发提供基础资料。其次,相关职能部门应出台专门的法律法规,明确畜牧业文化资源的所有权和使用权,防止文化元素被滥用或不当商业化。例如,可通过知识产权保护制度,规范传统服饰、图案和音乐等文化符号的使用,确保文化持有者能够获得合理的经济收益。此外,应在重点牧区设立文化保护区,限制现代建筑和商业开发对传统牧区景观的破坏,维护文化环境的真实性和完整性。同时,鼓励社区参与文化保护工作,通过设立文化传承基金、提供技能培训等方式,激励牧民积极参与文化传承,以增强其文化认同感和责任感。

3.2 优化产业与市场的衔接机制

要提高畜牧业文化资源的市场价值,必须精准对接消费者需求,提升文化产品的市场适应性和竞争力。首先,应开展市场调研,分析不同消费群体的兴趣偏好,制订差异化的产品策略。例如,针

对年轻消费者,可以开发结合现代审美的文创产品,如以畜牧业文化为主题的服饰、饰品及电子产品配件等;针对高端市场,则可以推出限量版的手工艺品、定制化旅游体验项目等。其次,应加强畜牧业文化的宣传推广,提升其在国内外市场的认知度。相关行政部门和企业可以联合打造畜牧业文化品牌,借助社交媒体、短视频平台以及国际文化交流活动等渠道,向全球受众传播畜牧业文化的独特魅力。此外,应优化旅游产品设计,提升游客体验。例如,在牧区旅游中增加互动性较强的体验项目,包括学习传统畜牧技艺、参与民族节庆活动和品尝特色乳制品等,使游客能够更深入地感受畜牧业文化的价值。

3.3 提升产业创新能力

创新是推动畜牧业文化资源产业化发展的关键动力,应从产品设计、技术应用和商业模式三个方面强化创新实践。首先,在产品设计方面,应鼓励跨界合作,整合设计、艺术及科技等领域的专业力量,打造具有现代感和市场吸引力的文化产品。例如,可以邀请知名设计师与非遗传承人合作,推出融合传统工艺与现代美学的时尚单品;也可以与影视、动漫、游戏行业合作,开发基于畜牧业文化背景的IP内容,增强文化产品的感染力与传播力。其次,在技术应用方面,应积极引入数字技术,提升文化体验的互动性和沉浸感。例如,利用VR和AR技术,打造线上线下的沉浸式文化展览,使观众能够身临其境地感受畜牧业文化的魅力;还可以开发畜牧业文化主题的数字博物馆、在线课程等,以拓展文化传播的覆盖范围。此外,在商业模式创新方面,应探索多元化的发展路径,如建立畜牧业文化众筹平台,吸引社会资本参与文化项目投资;或者发展共享经济模式,如共享牧区民宿、共享文化体验空间等,提高资源利用率和市场活力。

3.4 加大对畜牧业文化资源产业化的投资力度

资金短缺是制约畜牧业文化资源产业化发展的重要因素,应通过相关部门引导、社会资本引入和金融创新等多种方式,拓宽资金来源,增强文化产业的可持续性。首先,相关行政部门应加大对畜牧业文化项目的财政支持力度,设立专项文化发展基金,优先支持非遗传承、文化旅游设施建设以及文创产品研发等重点项目^[12]。例如,在牧区设立文化产业示范区,通过提供税收优惠、租金补贴等政策,吸引更多企业和创业者参与文化产业发展。其次,应鼓励社会资本进入畜牧业文化领域,通过PPP(公私合营)模式、文化投资基金等方式,引导企业和金融机构投资文化项目。例如,设立畜牧业文化主题的股权投资基金,支持并推动优质文化企业的成长;鼓励银行推出文化产业专项贷款,降低融资门槛,提高资金获取的便利性。此外,应探索文化资产证券化、文化版权质押等金融创新模式,使文化资源能够转化为可流通的资本,进而提高其市场价值。例如,可以将优质的畜牧业文化IP进行证券化包装,以吸引资本市场投资,形成良性的文化产业发展循环。

4 结 论

畜牧业文化资源向文化产业的转化,不仅是对传统文化的有效保护和创新利用,更是推动区域经济发展、满足人民群众精神文化需求和提升国家文化软实力的重要路径。面对当前文化资源保护不足、市场需求匹配度低、创新能力有限以及资金投入不足等问题,必须采取系统性的政策措施,确保畜牧业文化资源实现可持续转化和高质量发展。同时,通过文化产业开发,加强畜牧业文化资源的转化和市场推广,是更好促进畜牧业文化资源的保护和传承的重要内容,也是相关部门、行业协会、企业等社会多元主体协同推进的重要实践方向。

参考文献

- [1] 葛永波. 赓续文脉做深地方文化, 出古入新建设文化强省——新时代古籍出版助力安徽文化强省建设的产业探索[J]. 出版广角, 2024(15): 17-21.
- [2] 洪学敏. 治乱—赋权—重塑: 乡村文化的三阶治理逻辑[C]. 河北省公共政策评估研究中心, 河北省地方政府改革与发展研究基地, 燕山大学京津冀协同创新研究中心. 智启雄安—第九届公共政策智库论坛暨乡村振兴与“一带一路”国际研讨会论文集[M]. 内蒙古大学公共管理学院, 2021: 539-548.
- [3] 吴琼, 兰玉. 习近平新时代文化建设观的三维解读[J]. 经济与社会发展, 2018, 16(3): 8-11.
- [4] 陈俊科, 李敬, 马永仁, 等. 新质生产力赋能新疆畜牧业高质量发展的对策建议[J]. 草食家畜, 2024(6): 61-66.
- [5] 沙旦提·阿不都外力, 刘子剑, 森巴提·叶尔兰, 等. 新疆畜产品品牌发展现状与优化路径研究[J]. 草食家畜, 2025(2): 48-53.
- [6] 马永仁, 朱美玲, 王娇, 等. 文化创意营销视角下的现代畜牧业经营研究[J]. 安徽农业科学, 2017, 45(12): 228-230.
- [7] 刘应珍, 陈俊科, 李敬, 等. 乡村振兴战略背景下连队经济发展研究[J]. 安徽农学通报, 2023, 29(2): 1-3, 23.
- [8] 侯智慧, 张宇佳, 萨茹拉, 等. 内蒙古牧文旅产业耦合协调度评价[J]. 现代农业, 2024, 49(6): 52-60.
- [9] 王艳秋. 文化资源是畜牧业高质量发展的重要驱动力——以山东省德州市畜牧业为例[J]. 中国禽业导刊, 2024, 41(5): 39-41.
- [10] 丁彪元, 袁超, 贾春英, 等. 扶持畜牧业高质量发展 持续助推乡村振兴战略[J]. 中国畜牧业, 2022(17): 27-28.
- [11] 蔡尚伟. 文化原创力驱动文化产业高质量发展[J]. 国家治理, 2025(10): 57-63.
- [12] 武虹瑕, 上官文慧. 数字时代农耕文化的活化与传承: 乡村文化产业高质量发展的路径探索[J]. 华北理工大学学报(社会科学版), 2025, 25(3): 112-118.

Path Analysis for the Vitalized Utilization of Animal Husbandry Cultural Resources under the Perspective of High-Quality Development of the Cultural Industry

CHEN Junke^{1,2}, LI Jing³, WANG Jiao^{3*}, HU Xiaoning⁴, CUI Weiping², LI Xin²

(1. Economic Research Institute of Development and Reform Commission of Xinjiang Uygur Autonomous Region, Urumqi 830000, China; 2. Xinjiang Institute of Engineering, Urumqi 830000, China; 3. College of Economics & Management, Xinjiang Agricultural University, Urumqi 830000, China; 4. Cultural Center of Xinjiang Uygur Autonomous Region, Urumqi 830000, China)

Abstract: **[Objective]** It is an important content of promoting rural revitalization and development as a whole to deeply excavate and activate the cultural resources of animal husbandry, and it is also an important part of promoting the high-quality development of culture and enhancing the soft power of national culture. **[Methods]** In this study, the observational analysis method was used to conduct an in-depth exploration of the current status of the development and utilization of animal husbandry cultural resources, identify existing issues, and to propose targeted policy recommendations. **[Results]** In the process of transforming livestock cultural resources into industrialization, issues such as overly aggressive resource exploitation, insufficient cultural heritage protection, rigid industrial integration, and poor market alignment had emerged. Additionally, weak industrial innovation, a lack of content development, and limited financing channels had resulted in excessive reliance on government support. **[Conclusion]** The development of animal husbandry cultural resources was a systematic project, which was easily neglected in combination with grassland culture, but its transformation and promotion can promote the protection and inheritance of culture, which was a critical practice pathway requiring coordinated efforts among government, society and enterprises.

Key words: animal husbandry cultural resource; high-quality development of the cultural industry; high-quality development of animal husbandry; pathway optimization

2026年全国畜牧兽医期刊征订目录

序号	期刊名称	邮发代号	刊期	年定价/元	联系人	电话	地址	邮编	E-mail
1	中国畜牧杂志	82-147	月刊	600.00	池艳伶	010-82893871	北京市海淀区圆明园西路2号院中国农业科学院畜牧兽医研究所牧医6号楼一层C06	100193	chiyanling@boyar.cn
2	畜牧兽医学报	82-453	月刊	600.00	刘凌	010-62815987	北京市海淀区圆明园西路2号中国农业科学院北京畜牧兽医研究所	100193	xmsyxb@caas.cn
3	动物营养学报	80-591	月刊	2160.00	景正芳	010-62817823	北京市海淀区圆明园西路2号中国农业大学动科动医大楼153室编辑部	100193	yyxb@cau.edu.cn
4	中国家禽	28-87	月刊	384.00	汪杏平	0514-87200013	江苏省扬州市邗江区仓颉路58号	225125	zgjqqz@263.net
5	中国禽业导刊	28-153	月刊	240.00	汪杏平	0514-87200013	江苏省扬州市邗江区仓颉路58号	225125	qydk@263.net
6	中国畜牧兽医	2-215	月刊	600.00	白如丽	010-62811226	北京市海淀区圆明园西路2号中国农业科学院北京畜牧兽医研究所	100193	zgxsy@caas.cn
7	畜牧与兽医	28-42	月刊	336.00	陈雯	025-84395701	江苏省南京市江北新区滨江大道666号南京农业大学行政楼A320	211800	muyizz@njau.edu.cn
8	中国兽药杂志	2-924	月刊	144.00	杨思琦	010-62103878	北京市海淀区中关村南大街8号	100081	zgsy@vip.163.com
9	河南畜牧兽医	36-193	半月刊	600.00	张光磊	0371-65778965	河南省郑州市惠济区中州大道223号	450045	276105977@qq.com
10	黑龙江畜牧兽医	14-28	月刊	480.00	朱海虹	0451-51522883	黑龙江省哈尔滨市松北区创新三路800号国际农业科技创新中心13层1316房间黑龙江畜牧兽医编辑部	150023	hljxmsy@163.com
11	现代畜牧兽医	8-75	月刊	180.00	舒斐	024-23226552	辽宁省沈阳市皇姑区金山北路97号	110000	ggb23448255@163.com
12	饲料工业	8-163	半月刊	144.00	张雷	024-86391926	辽宁省沈阳市金沙江街16号6门	110036	747334055@qq.com
13	饲料研究	2-216	半月刊	672.00	吕婧儒	010-86399469	北京市右安门外东滨河路4号	100069	siliaoyanjiu@qq.com
14	饲料博览	14-184	双月刊	90.00	陈瑶	0451-55190639	黑龙江省哈尔滨市香坊区东北农业大学内	150030	slbl@vip.163.com
15	经济动物学报	自办发行	双月刊	150.00	卢晓雪	0431-84533130	吉林省长春市新城大街2888号吉林农业大学	130118	jjdwx@163.com
16	广东饲料	自办发行	月刊	120.00	周风珍	020-37288820	广东省广州市天河区燕岭路89号燕侨大厦2106房	510500	gdfeed@vip.163.com
17	Journal of Animal Science and Biotechnology	自办发行	双月刊	600.00	刘萍	010-62734403	北京市海淀区圆明园西路2号中国农业大学动物科技学院154室	100193	jasbeditor@gmail.com
18	中国兽医科学	54-33	月刊	180.00	张文举	0931-8342195 0931-8310086	甘肃省兰州市盐场堡徐家坪1号	730046	zgsyqx@zgsyqx.com

序号	期刊名称	邮发代号	刊期	年定价/元	联系人	电话	地址	邮编	E-mail
19	中国兽医杂志	2-137	月刊	300.00	黄长钦	010-62733040	北京市海淀区圆明园西路2号 中国农大动物医学院	100193	vetzhi@cau.edu.cn
20	中国乳业	82-764	月刊	240.00	张爱华	010-82106274	北京市海淀区中关村南大街12号	100081	zhgry@caas.cn
21	中国猪业	80-493	双月刊	180.00	张爱华	010-82106274	北京市海淀区中关村南大街12号	100081	zhuye@caas.cn
22	中国牛业科学	52-113	双月刊	108.00	张琪	029-87091423	陕西杨凌西北农林科技大学动物科技学院	712100	huangn2002813@aliyun.com
23	动物医学进展	52-60	月刊	180.00	黄建文	029-87092574	陕西杨凌西北农林科技大学动物医学院	712100	dyjzyilan@263.net
24	家畜生态学报	52-112	月刊	420.00	陈小强	029-87091130	陕西杨凌西北农林科技大学动物科技学院	712100	jest@x263.net
25	畜牧产业	82-612	月刊	180.00	黄伟	010-88388377	北京市西城区西直门外大街112号阳光大厦306室	100081	xmcy@caaa.cn
26	畜牧与饲料科学	16-101	双月刊	90.00	钱红英	0471-5294608	内蒙古呼和浩特市昭君路22号 内蒙古农牧业科学院	010031	cnmxky@vip.163.com
27	内蒙古畜牧业(蒙古文)	16-50	双月刊	42.00	春梅	0471-5259723	内蒙古呼和浩特市玉泉区昭君路22号 内蒙古自治区农牧业科学院综合楼703室 《内蒙古畜牧业(蒙古文)》编辑部	010030	nmgxmy@sohu.com
28	农畜产品加工学报	16-49	季刊	40.00	菅瑞珍	0471-5259377	内蒙古呼和浩特市玉泉区昭君路22号 内蒙古自治区农牧业科学院	010031	nxcpxjxb@163.com
29	四川畜牧兽医	62-43	月刊	180.00	彭蓉	028-85577991	成都市武侯区武侯祠大街17号,兴牧大厦706	610041	scxmsy@sina.com
30	中国动物检疫	24-112	月刊	240.00	吕朝霞	0532-85668345	山东省青岛市南京路369号	266032	zgdwjy2016@cahec.cn
31	中国畜禽种业	80-222	月刊	420.00	卢林其	010-82106255	北京市中关村南大街12号 中国农科院中国畜禽种业编辑部	100081	xqzy@caas.cn
32	家禽科学	24-146	月刊	120.00	孙凯	0531-66657933	山东省济南市历城区工业北路23788号	250100	jqkxzz@163.com
33	青海畜牧兽医杂志	56-10	双月刊	30.00	胡蓉	0971-5318387	青海省西宁市生物园区纬二路1号 青海大学畜牧兽医科学院	810016	qhxmzyzz@163.com
34	草业学报	54-84	月刊	300.00	裴世芳	0931-8913494	甘肃省兰州市城关区兰州大学一分部	730020	cyxb@lzu.edu.cn
35	草原与草坪	54-13	双月刊	60.00	靳奇峰	0931-7631885	甘肃省兰州市安宁区营门村1号 甘肃农业大学	730070	cyycp@gsau.edu.cn
36	贵州畜牧兽医	66-58	双月刊	96.00	刘辉	0851-85400593	贵州省贵阳市南明区小碧乡老里坡	550005	gzxmsy@163.com
37	浙江畜牧兽医	自办发行	双月刊	42.00	张金枝/曾卫东	0571-86971701	杭州市西湖区余杭塘路866号,浙江大学紫金港校区	310058	zjxmsy@zju.edu.cn
38	福建畜牧兽医	34-81	双月刊	48.00	谢新东	0591-87807454	福州市晋安区鼓山镇前横路95弄10号 福建省农业科学院(兴屿路)办公楼302室	350014	fjxmsy@163.com
39	草业科学	54-51	月刊	240.00	张瑾	0931-8912486	甘肃省兰州市城关区嘉峪关西路768号	730020	cykx@lzu.edu.cn

序号	期刊名称	邮发代号	刊期	年定价/元	联系人	电话	地址	邮编	E-mail
40	中国预防兽医学报	14-70	月刊	180.00	彭永刚	0451-51051812	黑龙江省哈尔滨市香坊区哈平路678号	150069	zgyfsyxbhvri@vip.163.com
41	中国草食动物科学	54-57	双月刊	72.00	程胜利	0931-2115279	甘肃省兰州市七里河区硷沟沿335号	730050	xumuchj@163.com
42	中南农业科技	38-352	月刊	240.00	龙小玲	027-87389001	湖北省武汉市洪山区南湖瑶苑2号湖北省农科院农经所内	430064	znnykj@hbaas.com
43	养殖与饲料	38-381	月刊	240.00	汪长春	027-87287074	湖北省武汉市洪山区华中农业大学校内	430070	yzcl@mail.hzau.edu.cn
44	安徽畜牧兽医	自办发行	季刊	免费	王桂军	0551-62658681	安徽省合肥市徽州大道197号农业大厦1601室	230002	ahxmsyxh@163.com
45	今日畜牧兽医	18-339	月刊	96.00	付盈娇	13831198085	河北省石家庄市裕华区富强大街92号	050021	jrxmsy@126.com
46	北方牧业	18-323	半月刊	192.00	孙秀娟	13931175960	河北省石家庄市裕华区富强大街92号	050021	beifangmuye88@sohu.com
47	山东畜牧兽医	24-231	月刊	96.00	孙玲玉	0538-8242644	山东省泰安市山东农业大学(岱宗校区)文理大楼1027室	271018	sdxmsyzzh@163.com
48	中国奶牛	80-401	月刊	240.00	王丽	010 62673764	北京海淀区圆明园西路2号中国农科院北京畜牧兽医研究所牧医3号楼206	100193	zgnn126@126.com
49	中国动物传染病学报	4-748	双月刊	240.00	郑海红	021-34293142	上海市闵行区紫月路518号中国农业科学院上海兽医研究所	200241	bianjibu@shvri.ac.cn
50	中国动物保健	82-991	月刊	300.00	崔帅	010-53677685	北京市朝阳区光华路10号院众秀大厦4306	100020	zgdwbjbjb@163.com
51	现代畜牧科技	14-304	月刊	216.00	金峰	0452-6116741	黑龙江省齐齐哈尔市龙沙区合意大街2号	161005	xdxmkj@126.com
52	中兽医医药杂志	54-55	双月刊	72.00	陆金萍	0931-2115280	甘肃省兰州市七里河区硷沟沿335号	730050	zsyzyzz@caas.cn
53	草食家畜	58-71	双月刊	72.00	杨志	0991-3075315	新疆乌鲁木齐经济技术开发区阿里山街468号新疆维吾尔自治区畜牧科学院	830011	caoshijiachu@sina.cn
54	今日养猪业	80-261	双月刊	210.00	毕淑玲	010-81127768	北京市海淀区曙光花园中路9号北京市农林科学院数据科学与农业经济研究所	100097	pigstoday@baafs.net.cn
55	广西畜牧兽医	48-107	双月刊	30.00	罗林	0771-3235650	广西南宁市秀灵路广西大学东校园	530005	gxsm@chinajournal.net.cn
56	中国兽医学报	12-105	月刊	240.00	李文红	0431-87836534	吉林省长春市西安大路5333号	130062	xbjvjs@jlu.edu.cn
57	当代畜牧	82-338	月刊	240.00	李建秋	010-82070129	北京市朝阳区德胜门外清河南镇洼里乡仓营6号北京奶牛中心	100192	tougao@bjddxm.com
58	畜牧兽医杂志	52-56	双月刊	120.00	潘新社	029-87092806/ 13619258910	陕西省杨陵区西农路22号西北农林科技大学动物科技学院	712100	xmsy2806@163.com/ 369462022@qq.com
59	云南畜牧兽医	自办发行	双月刊	30.00	蒋文俊	0871-65017073	云南省昆明市盘龙区金殿青龙山云南省畜牧兽医科学院	650224	ynxmsy@188.com

序号	期刊名称	邮发代号	刊期	年定价/元	联系人	电话	地址	邮编	E-mail
60	粮食与饲料工业	38-151	双月刊	60.00	梅竹	027-50657638	湖北省武汉市卓刀泉南路3号	430079	lsyslgymz@163.com
61	畜牧兽医科技信息	14-48	月刊	180.00	赵妍	0451-51051813	黑龙江省哈尔滨市香坊区哈平路678号中国农业科学院哈尔滨兽医研究所	150069	xmsykgjxx@caas.cn
62	国外畜牧学-猪与禽	4-361	双月刊	120.00	王晶晶	021-62204554	上海市闵行区北翟路2901号	201106	shzyq2005@126.com
63	中国畜牧兽医报	1-155	周刊	150.00	章老师	010-84395170	北京市朝阳区惠新西街15号	100029	zgxsybj@sina.com
64	养禽与禽病防治	46-9	月刊	60.00	林秋燕	020-85283636	广东省广州市天河区五山路483号华南农业大学兽医学院23号楼210室《养禽与禽病防治》编辑部	510642	sevm@21cn.net
65	湖南畜牧兽医	42-276	双月刊	60.00	文平	0731-84615356	湖南省长沙市芙蓉区长榔路8号湖南省畜牧兽医研究所内	410131	hiavs@163.com
66	广东畜牧兽医科技	自办发行	双月刊	90.00	陈筱影	020-87576452	广东省广州市天河区五山大丰一街1号	510640	gdxsykj@163.com
67	中国农业科学	2-138	半月刊	1440.00	林鉴非	010-82109808	北京市海淀区中关村南大街12号	100081	zgnykx@caas.cn
68	农业大数据学报	80-388	季刊	200.00	刘婷婷	010-82106275	北京市海淀区中关村南大街12号	100081	agbigdata@caas.cn
69	上海畜牧兽医通讯	自办发行	双月刊	90.00	郭佳宏	15801815806	上海市闵行区北翟路2901号	201106	shxmsytx@163.com
70	中国畜牧业	82-855	半月刊	432.00	鹿红敏	010-57266581/ 17701135850	北京市朝阳区惠新东街23号	100029	myfaxing@126.com
71	中国饲料	82-554	半月刊	360.00	李明	13911067530 /010-64640748	北京市海淀区天秀路10号中国农大国际创业园2号楼5019	100193	851423028@qq.com
72	畜牧业环境	82-517	半月刊	960.00	唐湘方	010-64980460	北京市海淀区圆明园西路2号中国农业科学院北京畜牧兽医研究所	100193	tangxiangfang@caas.cn
73	黑龙江动物繁殖	14-264	双月刊	180.00	郜丽萍	0451-51522851	黑龙江省哈尔滨市松北区创新三路800号国际农业科技创新中心13层1317室	150023	hljdwfz010@163.com
74	南方农业学报	48-3	月刊	600.00	兰宗宝	0771-3243905	广西南宁市西乡塘区大学东路174号	530007	nfnyxb@163.com
75	吉林畜牧兽医	12-75	月刊	360.00	王莎莎	0431-86814700	吉林省长春市西安大路4510号吉林牧业大厦	130062	jlxmsy@163.com
76	中国草地学报	16-32	月刊	300.00	胡晓然	0471-4926907/ 4928361	内蒙古呼和浩特市乌兰布东街120号中国农业科学院草原研究所	010010	zgedxb@126.com
77	中国兽医卫生	80-634	双月刊	120.00	李艳华	010-59198880	北京市大兴区生物医药基地天贵大街17号	102618	zgsyws@126.com
78	智慧农业(中英文)	自办发行	双月刊	360.00	齐秀丽	010-82109657	北京市海淀区中关村南大街12号图书馆南门	100081	smartag@caas.cn
79	Animal Advances (动物前沿,全英文)	自办发行	季刊	0.00	苗婧	025-84395314	江苏省南京市卫岗校区理科楼C409	210095	miaojing@njau.edu.cn