

# 目次

## 畜牧科学

- 补喂预混料对疆岳驴育成驴生长性能的影响 ..... 肖玉宁,托乎提·阿及德,张国庭,等(1)
- 绵羊妊娠早期 lncRNA BGIG9940\_27548 的表达与分析 ..... 范宇州,杨 怡,刘山川,等(12)
- 同期处理对塔里木双峰驼繁殖性能的影响.....  
..... 纳扎开提·艾尼万尔,张艳花,阿米妮古丽·阿不来孜,等(19)

## 动物医学

- 不同胎次与初产月龄对新疆荷斯坦母牛产奶性能及犊牛生长性能的影响.....  
..... 姚康雨,杜 宇,王志伟,等(26)
- 阿勒泰地区牛结核病感染情况调查分析 ..... 罗鹏飞,吕双燕,赵玉康,等(33)
- 微柱凝胶试验在牛羊布鲁氏菌病诊断中的效能比较及应用策略.....  
..... 杨夷平,张国新,古丽巴哈尔·卡德尔,等(43)

## 综述专论

- 运动马精准饲养研究进展 ..... 骆 予,吴静静,陈新文(50)
- 天然草原区牧户草场利用行为及其演变的研究进展 ..... 董佳宇,林婧雯,史梦瑶(59)
- 硒代蛋氨酸在畜牧生产中的应用研究进展 ..... 武莹莲,秦荣艳,刘艳丰,等(64)
- 新疆羊全基因组选择育种的挑战与机遇 ..... 孙晓梅,刘继强,张佳伟,等(72)

期刊基本参数: CN 65-1108/S\*1980\*b\*A4\*78\*zh\*P\*12.00\*1000\*10\*2026\*01

### 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

The Effect of Supplemental Feeding of Premix on the Growth Performance of Jiangyue Donkeys during the Fattening Period .....	XIAO Yuning, TUOHUTI·Ajide, ZHANG Guoting, et al(1)
Expression and Analysis of lncRNA BGIG9940_27548 during Early Pregnancy of Sheep.....	..... FAN Yuzhou, YANG Yi, LIU Shanchuan, et al(12)
Effect of Estrus Synchronization on the Reproductive Performance of the Tarim Bactrian camels.....	..... NAZAKAITI·Ainiwaner, ZHANG Yanhua, AMINIGULI·Abulaizi, et al(19)
Effects of different Parities and Age at First Calving on Milk Production Performance of Holstein Cows and Growth Performance of Calves in Xinjiang .....	YAO Kangyu, DU Yu, WANG Zhiwei, et al(26)
Investigation and Analysis of Bovine Tuberculosis in Altay Region.....	..... LUO Pengfei, LV Shuangyan, ZHAO Yukang, et al(33)
Performance Comparison of Microcolumn Gel Agglutination Test in Diagnosis of Bovine and Ovine Brucellosis and Its Application Strategy .....	YANG Yiping, ZHANG Guoxin, GULIBAHAER·Kadeer, et al(43)
Research Progress on Precision Feeding of Sport Horses .....	LUO Yu, WU Jingjing, Chen Xinwen(50)
Research Progress on Pasture Utilization Behaviors of Herders in Natural Grassland Areas and Their Evolution .....	..... DONG Jiayu, LIN Jingwen, SHI Mengyao(59)
Research Progress on the Application of Selenomethionine in Livestock Production.....	..... WU Yinglian, QIN Rongyan, LIU Yanfeng, et al(64)
Challenges and Opportunities in Genomic-wide Selection for Sheep in Xinjiang.....	..... SUN Xiaomei, LIU Jiqiang, ZHANG Jiawei, et al(72)

10.16863/j.cnki.1003-6377.2026.01.001

# 补喂预混料对疆岳驴育成驴生长性能的影响

肖玉宁<sup>1</sup>,托乎提·阿及德<sup>2</sup>,张国庭<sup>2</sup>,帕热哈提江·吾甫尔<sup>2</sup>,万晓旭<sup>2</sup>,阿米那木·买买提<sup>3</sup>,  
依布热依木·吾布力<sup>3</sup>,阿力木·艾买提尼亚孜<sup>3</sup>,肖海霞<sup>2\*</sup>,王 琼<sup>2\*</sup>

(1.新疆农业大学,新疆乌鲁木齐 830052;

2.新疆畜牧科学院畜牧研究所,新疆乌鲁木齐 830011;

3.新疆金胡杨牧业有限公司,新疆喀什 844000)

**摘要:**【目的】旨在比较分析6~9月龄疆岳驴育成驴补喂预混料的不同饲喂效果,为实现疆岳驴育成驴营养精准供给和驴群结构合理化配置提供技术参考。【方法】选择94头6~9月龄健康的疆岳驴育成驴,分为6月龄组(22头)、7月龄组(32头)、8月龄组(22头)和9月龄组(18头)共4组,在相同饲养管理条件下补喂预混料(含益生菌、维生素、矿物质等),进行为期90 d的营养试验。通过比较同一月龄下不同性别、同一性别下不同月龄疆岳驴育成驴的体重与体尺指标在试验前后的差异,采用独立样本 $t$ 检验分析各项数据的显著性,进而对试验设计日粮的饲喂效果进行分析与评价。【结果】结果表明,试验前后疆岳驴育成驴母驴6月龄体重、胸深、颈长,7月龄颈长,8月龄尻宽、颈长,9月龄胸宽、颈长均极显著提高( $P<0.01$ );试验前后疆岳驴育成驴公驴6月龄体重、胸深、颈长,7月龄体重、体长、胸围、胸深、头长、颈长,8月龄胸深、颈长均极显著提高( $P<0.01$ );7月龄疆岳驴育成驴公驴的胸围增量极显著高于母驴( $P<0.01$ ),7、8月龄疆岳驴育成驴公驴的胸深增量显著高于疆岳驴育成驴母驴( $P<0.05$ );6~9月龄疆岳驴育成驴在补喂预混料后,日均增重范围为0.20~0.27 kg,同月龄不同性别间日增重差异不显著( $P>0.05$ )。【结论】补喂预混料对6、7月龄疆岳驴育成驴具有显著增重效果,且不受性别影响,试验确定的日粮配方有望成为6、7月龄疆岳驴育成驴的专用育肥配方。

**关键词:**疆岳驴;育成驴;预混料;体尺;体重;育肥

中图分类号:S822.5

文献标识码:A

文章编号:1003-6377(2026)01-0001-11

伴随现代畜牧业机械化与智能化进程的加速推进,我国驴产业规模化养殖持续扩大,驴产业结构由传统役用向肉用、乳用方向转型。新疆作为我国重要的驴种质资源保护与繁育基地,驴养殖历史悠久,既是传统畜牧产业的核心构成要素,也是构建特色畜牧经济带的重要资源。新疆毛驴品种疆岳驴性情温顺、抗病力强、耐干旱炎热气候、生产性能好、遗传力稳定<sup>[1]</sup>,并且饲养成本低于牛和马<sup>[2]</sup>。预混料中含有动物体内不可或缺的微量元素,如钙、磷、铁、锰等。在日粮中添加预混料,可为家畜补充营养、强化基础日粮、促进动物生长、提高饲料利用率、改善畜产品品质、提高经济效益<sup>[3]</sup>。

**基金项目:**新疆维吾尔自治区“天山英才”培养计划项目(2022TSYCLJ0015);新疆维吾尔自治区乡村振兴项目(2024NC027)

**作者简介:**肖玉宁(2001—),女,硕士,主要从事动物遗传育种及生产关键技术研究工作。E-mail:1934694856@qq.com

**通信作者:**肖海霞(1975—),女,博士,研究员,主要从事马属动物遗传育种与繁殖及饲养管理技术研究工作。

E-mail:307663492@qq.com

王琼(1988—),女,博士,高级畜牧师,主要从事马属动物遗传育种及生产关键技术研究工作。

E-mail:461383229@qq.com

收稿日期:2025-10-06,修回日期:2025-12-16

杨乔青等<sup>[4]</sup>在日粮中添加2%复合预混料使育肥羊体重显著增加。赵健康等<sup>[5]</sup>在育肥羊的精料中添加预混料发现,育肥羊的增重效果及料重比都得到显著提高。已有研究表明,补喂颗粒料添加复合酶制剂可显著提高哺乳期驴驹的体斜长、胸围和管围等体尺指标的总增长量<sup>[6]</sup>。但目前对于6~9月龄这一重要生长阶段的疆岳驴育成驴含精补料(精料基础上添加预混料)的专用饲粮研究较为有限。本研究以6~9月龄疆岳驴育成驴为研究对象,比较分析补喂预混料的育肥效果,旨在为驴场提升疆岳驴育成驴经济效益提供科学依据。

## 1 材料与方法

### 1.1 试验动物

本研究选取了94头6~9月龄健康的疆岳驴育成驴进行试验。

### 1.2 试验地点

新疆维吾尔自治区喀什地区泽普县新疆金胡杨牧业有限公司规模驴场。

### 1.3 试验设计

本试验选取94头6~9月龄健康的疆岳驴育成驴,分为6月龄组(22头)、7月龄组(32头)、8月龄组(22头)和9月龄组(18头)共4组,在相同饲养条件下分别补喂预混料(含益生菌、维生素、矿物质等),进行为期90 d的营养试验。6月龄育成驴母驴和育成驴公驴的初始体重分别为84.00±4.90 kg、76.86±11.61 kg,7月龄育成驴母驴和育成驴公驴的初始体重分别为88.17±16.45 kg、88.10±11.16 kg,8月龄育成驴母驴和育成驴公驴的初始体重分别为104.33±16.55 kg、93.00±17.79 kg,9月龄育成驴母驴和育成驴公驴的初始体重分别为99.25±15.39 kg、102.75±16.52 kg。试验日粮组成及营养指标,见表1。

表1 试验日粮组成及营养指标

日粮组成	配比/%	营养水平	含量
玉米	47.67	总能/MJ·kg <sup>-1</sup>	15.98
麦麸	3.42	干物质/%	86.98
豆粕	11.99	粗蛋白/%	11.90
苜蓿	15.71	粗脂肪/%	2.26
玉米秸秆	15.71	粗灰分/%	4.40
预混料	5.50	中性洗涤纤维/%	26.38
合计	100	酸性洗涤纤维/%	17.88
		钙/%	0.40
		总磷/%	0.27
		硒/%	0.10

注:1. 预混料为每千克饲粮提供VA 4 200 IU, VB<sub>1</sub> 0.4 mg, VB<sub>2</sub> 2 mg, VB<sub>6</sub> 1.2 mg, VC 20 mg, VD<sub>3</sub> 880 IU, VE 500 IU, 泛酸10 mg, 烟酰胺100 mg, 铜25 mg, 铁107 mg, 锰81 mg, 锌74 mg, 碘6 mg, 硒14 mg, 钴3 mg, 氯化胆碱120 mg; 2. 营养水平均为实测值。

### 1.4 饲养管理

疆岳驴育成驴饲养采用全舍饲饲养方式。每日饲喂6次,饲喂顺序为先喂粗饲料,后喂精补料。粗饲料饲喂时间分别为11:00、16:00和22:00,精补料饲喂时间分别为12:30、17:00和23:30,记录每日采食情况。

## 1.5 数据统计与分析

采用Excel软件录入并整理测定数据,独立样本 $t$ 检验分析采用SPSS 23.0软件进行。 $P>0.05$ 表示差异不显著, $P<0.05$ 表示差异显著, $P<0.01$ 表示差异极显著。

## 2 结果

### 2.1 6~9月龄疆岳驴育成驴的体重及体尺指标

比较6月龄疆岳驴育成驴的体重及体尺发现,补喂预混料后,6月龄疆岳驴育成驴的体重平均值由79.455 kg提高至98.364 kg,增长率23.80%;体高平均值由105.000 cm提高至108.364 cm,增长率3.20%;体长平均值由91.636 cm提高至98.727 cm,增长率7.74%;胸围平均值由102.727 cm提高至111.727 cm,增长率8.76%;管围平均值由12.636 cm提高至13.364 cm,增长率5.76%。6月龄疆岳驴育成驴的体重及体尺变异系数(Coefficient of Variation, CV)绝大部分低于10%,即便极个别数值偏大,也未超过13%,说明试验驴的体重和体尺数据具有极高的稳定性与一致性,可用于后续分析,见表2。

表2 6月龄疆岳驴育成驴的体重及体尺指标

6月龄	指标	样本量	最小值	最大值	平均值	标准差	中位数	变异系数(CV)/%
试验前	体高/cm	22	95.000	115.000	105.000	6.229	105.000	5.932
	体长/cm	22	80.000	97.000	91.636	4.802	90.000	5.240
	胸围/cm	22	90.000	110.000	102.727	7.198	105.000	7.007
	管围/cm	22	12.000	13.000	12.636	0.505	13.000	3.993
	头长/cm	22	35.000	43.000	39.818	1.834	40.000	4.606
	颈长/cm	22	30.000	40.000	34.545	3.503	35.000	10.141
	胸宽/cm	22	20.000	25.000	23.091	2.212	24.000	9.578
	胸深/cm	22	40.000	45.000	42.273	2.611	40.000	6.177
	尻高/cm	22	95.000	115.000	107.545	6.624	110.000	6.159
	尻长/cm	22	25.000	30.000	28.182	2.523	30.000	8.951
	尻宽/cm	22	25.000	30.000	27.091	2.468	25.000	9.110
	体重/kg	22	64.000	90.000	79.455	10.053	80.000	12.653
	试验后	体高/cm	22	98.000	117.000	108.364	6.961	110.000
体长/cm		22	90.000	106.000	98.727	4.268	100.000	4.323
胸围/cm		22	100.000	122.000	111.727	6.467	113.000	5.788
管围/cm		22	12.000	14.000	13.364	0.809	14.000	6.054
头长/cm		22	38.000	45.000	42.091	2.548	42.000	6.053
颈长/cm		22	40.000	50.000	45.727	3.349	45.000	7.325
胸宽/cm		22	22.000	26.000	24.909	1.136	25.000	4.561
胸深/cm		22	45.000	65.000	51.727	5.140	50.000	9.936
尻高/cm		22	95.000	119.000	109.818	8.097	110.000	7.373
尻长/cm		22	30.000	33.000	31.273	1.348	31.000	4.312
尻宽/cm		22	28.000	32.000	30.364	1.206	30.000	3.972
体重/kg		22	84.000	110.000	98.364	9.615	101.000	9.775

比较7月龄疆岳驴育成驴的体重及体尺发现,补喂预混料后,7月龄疆岳驴育成驴的体重平均值由88.125 kg提高至111.063 kg,增长率26.03%;体高平均值由110.063 cm提高至113.063 cm,增长率2.73%;体长平均值由95.313 cm提高至105.313 cm,增长率10.49%;胸围平均值由107.813 cm提高至115.563 cm,增长率7.19%;管围平均值由12.813 cm提高至13.500 cm,增长率5.36%。7月龄疆岳驴育成驴的体重及体尺变异系数绝大部分低于10%,即便极个别数值偏大,也未超过15%,说明试验驴的体重和体尺数据具有极高的稳定性与一致性,可用于后续分析,见表3。

表3 7月龄疆岳驴育成驴的体重及体尺指标

7月龄	指标	样本量	最小值	最大值	平均值	标准差	中位数	变异系数(CV)/%
试验前	体高/cm	32	101.000	120.000	110.063	5.446	110.000	4.948
	体长/cm	32	90.000	110.000	95.313	6.183	95.000	6.487
	胸围/cm	32	100.000	115.000	107.813	3.637	110.000	3.374
	管围/cm	32	11.000	14.000	12.813	0.834	13.000	6.511
	头长/cm	32	40.000	45.000	40.625	1.708	40.000	4.204
	颈长/cm	32	35.000	40.000	36.563	2.394	35.000	6.547
	胸宽/cm	32	20.000	25.000	22.813	2.198	23.500	9.633
	胸深/cm	32	40.000	50.000	43.438	3.010	45.000	6.930
	尻高/cm	32	102.000	120.000	111.750	5.066	110.000	4.534
	尻长/cm	32	25.000	35.000	29.688	2.213	30.000	7.453
	尻宽/cm	32	25.000	33.000	27.625	2.825	27.000	10.228
	体重/kg	32	72.000	113.000	88.125	12.842	86.000	14.572
试验后	体高/cm	32	107.000	123.000	113.063	4.479	111.500	3.962
	体长/cm	32	95.000	117.000	105.313	6.405	103.500	6.082
	胸围/cm	32	105.000	124.000	115.563	4.604	115.000	3.984
	管围/cm	32	13.000	16.000	13.500	0.816	13.000	6.048
	头长/cm	32	40.000	50.000	44.000	2.477	45.000	5.629
	颈长/cm	32	41.000	54.000	47.563	3.286	47.000	6.908
	胸宽/cm	32	20.000	27.000	24.625	1.586	25.000	6.442
	胸深/cm	32	45.000	60.000	51.563	4.487	50.000	8.701
	尻高/cm	32	105.000	125.000	114.625	4.924	115.000	4.296
	尻长/cm	32	30.000	35.000	31.875	1.708	32.000	5.358
	尻宽/cm	32	27.000	35.000	30.000	1.862	30.000	6.206
	体重/kg	32	89.000	147.000	111.063	14.658	108.000	13.198

比较8月龄疆岳驴育成驴的体重及体尺发现,补喂预混料后,8月龄疆岳驴育成驴体重平均值由99.182 kg提高至119.545 kg,增长率20.53%;体高平均值由113.273 cm提高至116.182 cm,增长率2.57%;体长平均值由99.182 cm提高至106.182 cm,增长率7.06%;胸围平均值由109.545 cm提高至

119.091 cm,增长率8.71%;管围平均值由12.909 cm提高至13.364 cm,增长率3.53%。8月龄疆岳驴育成驴的体重及体尺变异系数绝大部分低于10%,即便极个别数值偏大,也未超过18%,说明试验驴的体重和体尺数据具有极高的稳定性与一致性,可用于后续分析,见表4。

表4 8月龄疆岳驴育成驴的体重及体尺指标

8月龄	指标	样本量	最小值	最大值	平均值	标准差	中位数	变异系数(CV)/%
试验前	体高/cm	22	104.000	125.000	113.273	7.511	113.000	6.631
	体长/cm	22	90.000	110.000	99.182	6.194	100.000	6.245
	胸围/cm	22	100.000	120.000	109.545	7.230	110.000	6.600
	管围/cm	22	12.000	14.000	12.909	0.701	13.000	5.428
	头长/cm	22	25.000	45.000	41.273	5.901	44.000	14.297
	颈长/cm	22	35.000	45.000	39.545	2.697	40.000	6.819
	胸宽/cm	22	20.000	25.000	23.818	1.779	25.000	7.468
	胸深/cm	22	45.000	50.000	47.182	2.523	45.000	5.347
	尻高/cm	22	105.000	125.000	113.636	7.298	113.000	6.422
	尻长/cm	22	28.000	35.000	31.909	2.700	30.000	8.462
	尻宽/cm	22	25.000	32.000	29.091	2.212	30.000	7.602
	体重/kg	22	74.000	124.000	99.182	17.279	102.000	17.422
试验后	体高/cm	22	105.000	125.000	116.182	6.431	115.000	5.536
	体长/cm	22	95.000	117.000	106.182	6.824	105.000	6.426
	胸围/cm	22	112.000	128.000	119.091	5.486	116.000	4.606
	管围/cm	22	12.000	15.000	13.364	0.924	13.000	6.917
	头长/cm	22	40.000	48.000	45.091	2.256	45.000	5.004
	颈长/cm	22	43.000	55.000	48.545	3.328	50.000	6.855
	胸宽/cm	22	25.000	28.000	26.000	1.183	26.000	4.551
	胸深/cm	22	48.000	60.000	53.455	4.034	53.000	7.546
	尻高/cm	22	105.000	130.000	117.455	7.712	117.000	6.566
	尻长/cm	22	30.000	37.000	33.273	2.533	35.000	7.614
	尻宽/cm	22	27.000	35.000	31.273	2.284	30.000	7.305
	体重/kg	22	93.000	150.000	119.545	18.013	120.000	15.068

比较9月龄疆岳驴育成驴的体重及体尺发现,补喂预混料后,9月龄疆岳驴育成驴体重平均值由101.000 kg提高至123.750 kg,增长率22.52%;体高平均值由114.500 cm提高至117.125 cm,增长率2.29%;体长平均值由101.625 cm提高至110.250 cm,增长率8.49%;胸围平均值由110.375 cm提高至117.375 cm,增长率6.34%;管围平均值由13.000 cm提高至13.375 cm,增长率2.88%。9月龄疆岳驴育成驴的体重及体尺变异系数绝大部分低于10%,即便极个别数值偏大,也未超过15%,说明试验驴的体重和体尺数据具有极高的稳定性与一致性,可用于后续分析,见表5。

表5 9月龄疆岳驴育成驴的体重及体尺指标

9月龄	指标	样本量	最小值	最大值	平均值	标准差	中位数	变异系数(CV)/%
试验前	体高/cm	18	106.000	120.000	114.500	5.398	115.000	4.715
	体长/cm	18	95.000	105.000	101.625	3.926	102.500	3.863
	胸围/cm	18	105.000	120.000	110.375	5.829	110.000	5.281
	管围/cm	18	13.000	13.000	13.000	0.000	13.000	0.000
	头长/cm	18	40.000	45.000	43.125	2.588	45.000	6.001
	颈长/cm	18	35.000	45.000	40.000	2.673	40.000	6.682
	胸宽/cm	18	24.000	25.000	24.875	0.354	25.000	1.421
	胸深/cm	18	45.000	55.000	46.875	3.720	45.000	7.936
	尻高/cm	18	110.000	125.000	116.000	5.682	116.500	4.898
	尻长/cm	18	30.000	35.000	32.250	2.493	31.500	7.730
	尻宽/cm	18	25.000	33.000	29.375	2.925	30.000	9.956
	体重/kg	18	82.000	127.000	101.000	14.900	97.000	14.752
试验后	体高/cm	18	110.000	122.000	117.125	4.016	117.500	3.428
	体长/cm	18	100.000	120.000	110.250	6.205	110.000	5.628
	胸围/cm	18	112.000	122.000	117.375	3.889	119.000	3.313
	管围/cm	18	13.000	14.000	13.375	0.518	13.000	3.870
	头长/cm	18	45.000	47.000	45.500	0.756	45.000	1.661
	颈长/cm	18	45.000	51.000	48.750	2.121	50.000	4.351
	胸宽/cm	18	25.000	28.000	26.000	1.069	26.000	4.112
	胸深/cm	18	48.000	56.000	52.750	2.765	53.000	5.241
	尻高/cm	18	115.000	126.000	119.750	4.652	118.500	3.885
	尻长/cm	18	33.000	37.000	34.500	1.414	35.000	4.099
	尻宽/cm	18	30.000	36.000	31.875	2.357	31.000	7.393
	体重/kg	18	107.000	147.000	123.750	13.562	121.500	10.959

综合以上6、7、8、9月龄疆岳驴育成驴体重及体尺指标的描述性统计分析,结果表明,在精料中添加预混料,群体体重平均值均上升,并且有效减少了个体间的生长差异,使群体趋向均质化,增重效果显著。体长增长可反映躯干骨骼和肌肉的纵向发育,可能与饲料中纤维和蛋白比例优化有关。

## 2.2 补喂预混料对不同月龄疆岳驴育成驴母驴体重及体尺的影响

对不同月龄疆岳驴育成驴母驴的体重及体尺变化分析发现,补喂预混料后,6月龄疆岳驴育成驴母驴的体重、胸深、颈长均呈极显著提高( $P<0.01$ ),体长、胸围、尻长、胸宽均呈显著提高( $P<0.05$ );7月龄疆岳驴育成驴母驴的颈长呈极显著提高( $P<0.01$ ),体重、头长、胸深、尻长均呈显著提高( $P<0.05$ );8月龄疆岳驴育成驴母驴的尻宽、颈长均呈极显著提高( $P<0.01$ ),胸宽、胸深均呈显著提高( $P<0.05$ );9月龄疆岳驴育成驴母驴的胸宽、颈长均呈极显著提高( $P<0.01$ ),胸深呈显著提高( $P<0.05$ ),见表6。

表6 不同月龄疆岳驴育成驴母驴的体重及体尺差异比较

母驴 指标	6月龄		7月龄		8月龄		9月龄	
	试验前	试验后	试验前	试验后	试验前	试验后	试验前	试验后
体高/cm	108.75±4.79	112.50±4.65	110.83±5.85	114.50±5.39	116.17±7.41	118.83±5.31	116.25±4.79	118.75±3.59
体长/cm	94.25±2.99 <sup>ab</sup>	99.75±2.06 <sup>ab</sup>	96.67±6.06 <sup>ab</sup>	107.33±5.72 <sup>ab</sup>	102.50±5.24	108.67±5.09	102.00±3.56	109.00±7.07
胸围/cm	105.00±5.77 <sup>ab</sup>	113.00±1.63 <sup>ab</sup>	108.33±5.16	112.17±4.79	110.83±7.36	117.17±4.96	109.50±6.14	115.50±4.12
管围/cm	13.00±0.00	13.25±0.50	12.67±1.03	13.50±0.55	13.00±0.63	13.33±0.82	13.00±0.00	13.25±0.50
头长/cm	40.75±1.50	43.25±2.06	40.83±2.04 <sup>ab</sup>	43.67±1.63 <sup>ab</sup>	40.67±7.92	46.00±2.00	43.75±2.50	46.00±0.82
颈长/cm	35.00±0.00 <sup>bb</sup>	44.00±1.83 <sup>ab</sup>	37.50±2.74 <sup>bb</sup>	47.00±3.52 <sup>ab</sup>	40.83±2.04 <sup>bb</sup>	48.50±2.07 <sup>ab</sup>	40.00±0.00 <sup>bb</sup>	48.75±2.06 <sup>ab</sup>
胸宽/cm	24.50±1.00 <sup>ab</sup>	25.75±0.50 <sup>ab</sup>	23.50±1.87	25.33±1.03	24.17±2.04 <sup>ab</sup>	26.83±0.98 <sup>ab</sup>	25.00±0.00 <sup>bb</sup>	26.25±0.50 <sup>ab</sup>
胸深/cm	42.50±2.89 <sup>bb</sup>	51.00±2.45 <sup>ab</sup>	44.17±3.76 <sup>ab</sup>	49.00±3.74 <sup>ab</sup>	47.33±2.58 <sup>ab</sup>	51.67±2.73 <sup>ab</sup>	46.25±2.50 <sup>ab</sup>	52.00±3.27 <sup>ab</sup>
尻高/cm	111.25±4.79	114.25±4.92	113.33±5.16	116.67±5.32	116.17±7.63	122.00±5.76	118.75±6.29	121.50±4.43
尻长/cm	28.75±2.50 <sup>ab</sup>	32.50±1.00 <sup>ab</sup>	29.17±2.04 <sup>ab</sup>	32.50±1.87 <sup>ab</sup>	33.00±2.45	34.83±1.60	32.50±2.89	34.50±1.91
尻宽/cm	27.00±2.45 <sup>ab</sup>	31.50±1.00 <sup>ab</sup>	27.83±3.37	30.17±2.79	30.33±0.82 <sup>bb</sup>	32.83±1.60 <sup>ab</sup>	29.25±2.99	32.50±2.38
体重/kg	84.00±4.90 <sup>bb</sup>	102.50±3.87 <sup>ab</sup>	88.17±16.45 <sup>ab</sup>	110.83±16.61 <sup>ab</sup>	104.33±16.55	126.83±18.63	99.25±15.39	123.50±13.53

注:同一月龄同行数据肩标不同大写字母代表差异极显著( $P<0.01$ ),肩标不同小写字母代表差异显著( $P<0.05$ ),相同字母或无字母表示差异不显著( $P>0.05$ ),下同。

### 2.3 补喂预混料对不同月龄疆岳驴育成驴公驴体重及体尺的影响

不同月龄疆岳驴育成驴公驴的体重及体尺变化分析发现,补喂预混料后,6月龄疆岳驴育成驴公驴的体重、胸深、颈长均呈极显著提高( $P<0.01$ ),体长、胸围、管围、尻长、尻宽均呈显著提高( $P<0.05$ );7月龄疆岳驴育成驴公驴的体重、体长、胸围、胸深、头长、颈长均呈极显著提高( $P<0.01$ ),尻宽呈显著提高( $P<0.05$ );8月龄疆岳驴育成驴公驴的胸深、颈长均呈极显著提高( $P<0.01$ ),胸围、胸宽均呈显著提高( $P<0.05$ );9月龄疆岳驴育成驴公驴的体长、颈长均呈显著提高( $P<0.05$ ),见表7。

表7 不同月龄疆岳驴育成驴公驴的体重及体尺差异比较

公驴 指标	6月龄		7月龄		8月龄		9月龄	
	试验前	试验后	试验前	试验后	试验前	试验后	试验前	试验后
体高/cm	102.86±6.20	106.00±7.21	109.60±5.46	112.20±3.88	109.80±6.69	113.00±6.71	112.75±6.08	115.50±4.20
体长/cm	90.14±5.18 <sup>ab</sup>	98.14±5.21 <sup>ab</sup>	94.50±6.43 <sup>bb</sup>	104.10±6.77 <sup>ab</sup>	95.20±5.02	103.20±7.98	101.25±4.79 <sup>ab</sup>	111.50±5.97 <sup>ab</sup>
胸围/cm	101.43±8.02 <sup>ab</sup>	111.00±8.16 <sup>ab</sup>	107.50±2.64 <sup>bb</sup>	117.60±3.20 <sup>ab</sup>	108.00±7.58 <sup>ab</sup>	121.40±5.68 <sup>ab</sup>	111.25±6.29	119.25±2.99
管围/cm	12.43±0.53 <sup>ab</sup>	13.43±0.98 <sup>ab</sup>	12.90±0.74	13.50±0.97	12.80±0.84	13.40±1.14	13.00±0.00	13.50±0.58
头长/cm	39.29±1.89	41.43±2.70	40.50±1.58 <sup>bb</sup>	44.20±2.94 <sup>ab</sup>	42.00±2.74	44.00±2.24	42.50±2.89	45.00±0.00
颈长/cm	34.29±4.50 <sup>bb</sup>	46.71±3.73 <sup>ab</sup>	36.00±2.11 <sup>bb</sup>	47.90±3.28 <sup>ab</sup>	38.00±2.74 <sup>bb</sup>	48.60±4.72 <sup>ab</sup>	40.00±4.08 <sup>ab</sup>	48.75±2.50 <sup>ab</sup>
胸宽/cm	22.29±2.36	24.43±1.13	22.40±2.37	24.20±1.75	23.40±1.52 <sup>ab</sup>	25.00±0.00 <sup>ab</sup>	24.75±0.50	25.75±1.50
胸深/cm	42.14±2.67 <sup>bb</sup>	52.14±6.36 <sup>ab</sup>	43.00±2.58 <sup>bb</sup>	53.10±4.33 <sup>ab</sup>	47.00±2.74 <sup>bb</sup>	55.60±4.56 <sup>ab</sup>	47.50±5.00	53.50±2.38
尻高/cm	105.43±6.88	107.29±8.75	110.80±5.03	113.40±4.50	110.60±6.27	112.00±6.24	113.25±3.95	118.00±4.76
尻长/cm	27.86±2.67 <sup>ab</sup>	30.57±0.98 <sup>ab</sup>	30.00±2.36	31.50±1.58	30.60±2.61	31.40±2.19	32.00±2.45	34.50±1.00
尻宽/cm	27.14±2.67 <sup>ab</sup>	29.71±0.76 <sup>ab</sup>	27.50±2.64 <sup>ab</sup>	29.90±1.20 <sup>ab</sup>	27.60±2.51	29.40±1.34	29.50±3.32	31.25±2.50
体重/kg	76.86±11.61 <sup>bb</sup>	96.00±11.34 <sup>ab</sup>	88.10±11.16 <sup>bb</sup>	111.20±14.31 <sup>ab</sup>	93.00±17.79	110.80±14.22	102.75±16.52	124.00±15.68

## 2.4 补喂预混料对同一月龄不同性别疆岳驴育成驴体重及体尺的影响

对同一月龄不同性别疆岳驴育成驴的体重及体尺变化分析发现,6月龄疆岳驴育成驴公驴的颈长增量显著高于疆岳驴育成驴母驴( $P<0.05$ );7月龄疆岳驴育成驴公驴的胸围增量、胸深增量分别极显著、显著高于疆岳驴育成驴母驴( $P<0.01$ 、 $P<0.05$ );8月龄疆岳驴育成驴公驴的胸围增量、胸深增量均显著高于疆岳驴育成驴母驴( $P<0.05$ ),尻高增量显著低于疆岳驴育成驴母驴( $P<0.05$ );9月龄疆岳驴育成驴公、母驴的各项数据增量均差异不显著( $P>0.05$ );6~9月龄疆岳驴育成驴公、母驴的日均增重差异不显著( $P>0.05$ ),见表8。

表8 同一月龄不同性别疆岳驴育成驴的体重及体尺增量差异比较

指标	6月龄		7月龄		8月龄		9月龄	
	母驴(n=8)	公驴(n=14)	母驴(n=12)	公驴(n=20)	母驴(n=12)	公驴(n=10)	母驴(n=8)	公驴(n=10)
体高增量/cm	3.75±2.50	3.14±3.72	3.67±2.88	2.60±2.91	2.67±2.80	3.20±2.86	2.50±1.29	2.75±3.40
体长增量/cm	5.50±1.91	8.00±6.06	10.67±5.54	9.60±4.88	6.17±3.92	8.00±7.11	7.00±3.74	10.25±5.50
胸围增量/cm	8.00±6.00	9.57±5.86	3.83±3.60 <sup>bb</sup>	10.10±3.73 <sup>aa</sup>	6.33±3.61 <sup>ab</sup>	13.40±3.91 <sup>aa</sup>	6.00±2.71	8.00±6.78
管围增量/cm	0.25±0.50	1.00±0.82	0.83±0.75	0.60±0.70	0.33±0.52	0.60±0.55	0.25±0.50	0.50±0.58
头长增量/cm	2.50±1.73	2.14±2.27	2.83±1.47	3.70±2.16	5.33±7.23	2.00±2.74	2.25±3.20	2.50±2.89
颈长增量/cm	9.00±1.83 <sup>ab</sup>	12.43±2.51 <sup>aa</sup>	9.50±2.43	11.90±3.41	7.67±2.34	10.60±4.93	8.75±2.06	8.75±4.79
胸宽增量/cm	1.25±1.26	2.14±1.95	1.83±1.17	1.80±2.10	2.67±1.86	1.60±1.52	1.25±0.50	1.00±1.41
胸深增量/cm	8.50±4.20	10.00±7.64	4.83±1.47 <sup>ab</sup>	10.10±5.72 <sup>aa</sup>	4.33±2.34 <sup>ab</sup>	8.60±2.51 <sup>aa</sup>	5.75±4.11	6.00±4.55
尻高增量/cm	3.00±2.16	1.86±2.48	3.33±2.88	2.60±2.67	5.83±2.99 <sup>aa</sup>	1.40±1.14 <sup>ab</sup>	2.75±2.75	4.75±3.30
尻长增量/cm	3.75±1.50	2.71±2.29	3.33±2.16	1.50±2.17	1.83±1.83	0.80±1.10	2.00±1.41	2.50±2.08
尻宽增量/cm	4.50±2.89	2.57±2.51	2.33±2.07	2.40±2.37	2.50±1.22	1.80±2.05	3.25±2.87	1.75±2.36
体重增量/kg	18.50±3.87	19.14±2.61	22.67±5.28	23.10±6.31	22.50±4.28	17.80±5.07	24.25±3.59	21.25±2.75
日均增重/kg	0.21±0.04	0.21±0.03	0.25±0.06	0.26±0.07	0.25±0.05	0.20±0.06	0.27±0.04	0.24±0.03

通过疆岳驴育成驴公、母驴体重增长折线图可知,育成驴公驴在6~7月龄体重有明显增长,但是育成驴母驴在7~8月龄期间体重增长幅度更大,根据图片综合判断育成驴母驴生长最快的阶段是6~8月龄,见图1。

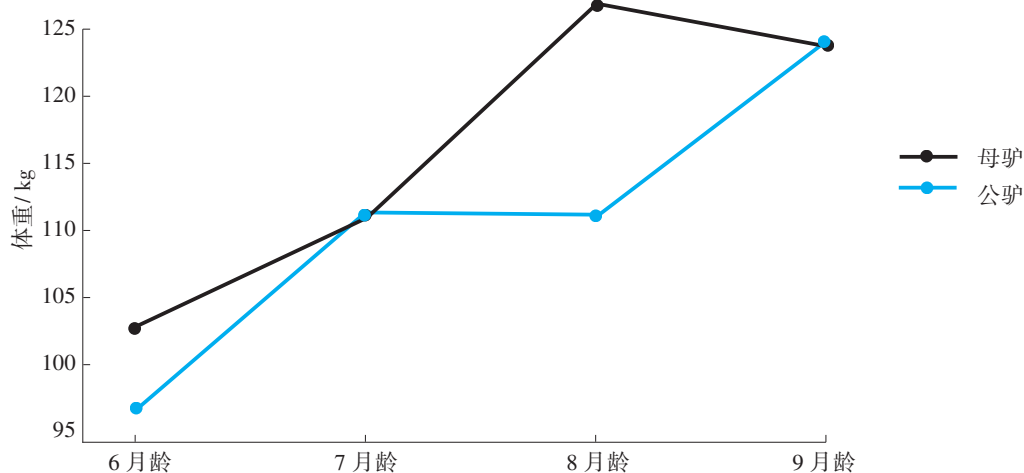


图1 试验期疆岳驴育成驴公、母驴体重增长动态折线图

### 3 讨论

#### 3.1 6~9月龄疆岳驴育成驴的体重及体尺指标

预混料是添加剂预混合饲料的简称。集约化规模饲养条件下,配制全价配合饲料,预混料必不可少。预混料是由含多种微量元素的饲料添加剂(如维生素、矿物质、氨基酸、酶制剂等)按科学配比与载体或稀释剂均匀混合而成的中间型饲料产品<sup>[7]</sup>。主要功能是通过精准补充必需营养或功能性成分,优化动物日粮的生物学效价。预混料可以补充动物日粮中所缺乏的微量元素,PIRZADO S A等<sup>[8]</sup>研究表明日粮中的氨基酸、维生素及矿物质元素的组成及其水平对动物生长发育具有显著影响。

当前针对驴幼龄阶段(6月龄以内)的营养研究聚焦于早期营养对生长发育的调控机制,但断奶后的6~9月龄同样是需要关注的生长期,有研究表明此阶段驴仍呈现快速生长特性,此阶段的饲养管理对驴产业经济效益具有决定性作用<sup>[9]</sup>,但目前针对6~9月龄育成驴的营养需求及相关研究仍显不足。

#### 3.2 补喂预混料对疆岳驴育成驴的体重及体尺影响

体重和体尺是反映动物生长发育情况的重要依据<sup>[10]</sup>。宏鑫等<sup>[11]</sup>研究发现,在育成驴母驴日粮中添加预混料后,育成驴母驴体重得到显著提高。另有研究表明,在补饲精补料后空怀母驴的体尺、体重指标得到显著提高<sup>[12]</sup>。本试验研究发现,补喂预混料后,6~7月龄疆岳驴育成驴母驴的体重和体尺指标得到显著提升( $P<0.05$ ),同样6~7月龄疆岳驴育成驴公驴的体重和体尺指标也得到显著提升( $P<0.05$ )。此生长阶段作为育肥关键营养干预窗口期,其作用机制可能与预混料中益生菌调控肠道微生态平衡有关,从而提升了饲料的转化效率。王晓明等<sup>[13]</sup>通过给育肥猪饲喂不同配方的预混料发现,相同比例的情况下增重效果和料重比表现出一致性( $P>0.05$ ),虽然不同预混料在增重效果上可能无显著差异,但在肌肉品质等关键经济性状上表现出明显优势,这与本试验结果有所差异,可能是由于饲料配方差异较大或动物品种不同所致。而虎占武等<sup>[14]</sup>研究证实,优质预混料能显著改善肉牛的体型发育和体重增长。这与本试验结果一致。这表明预混料的应用效果具有动物物种特异性和配方特异性,在实际生产中应结合养殖目标科学选择预混料配方。

#### 3.3 补喂预混料对同一月龄不同性别疆岳驴育成驴体重及体尺的影响

张宏博等<sup>[15]</sup>研究发现,巴美羔羊在4月龄时生长性能方面公、母羊并无差异,但从6月龄时开始,公羊生长速度及宰前活重等均高于母羊。陈艳美等<sup>[16]</sup>研究发现,从出生至6月龄,公牛的生长速度和生长强度都高于母牛,并且6月龄时公牛体重显著高于母牛。李璇玥<sup>[17]</sup>等通过测定不同月龄疆岳驴的体重和体尺数据发现,6~24月龄公驴的体重和体斜长高于母驴。本研究结果表明,6~8月龄育成驴公驴的体尺发育指标均显著高于同月龄疆岳驴育成驴母驴,且育成驴公驴在该生长阶段呈现出更快的生长发育速度。

杨丽等<sup>[18]</sup>研究发现,德州驴6月龄后同月龄育成驴公驴的体重累积生长值、绝对生长值和相对生长值等生长性能指标均高于育成驴母驴。从生理机制来看,有研究指出马属动物睾丸在个体发育阶段通过分泌雄激素(如睾酮)诱导垂体生长激素(GH)分泌细胞分化,该生理机制直接导致公马血清GH浓度较同年龄段母马呈现显著升高趋势<sup>[19-21]</sup>。拉希玛<sup>[22]</sup>等研究发现,幼龄动物的生长发育进程主要由生长激素与胰岛素样生长因子(IGF-1)共同主导。本研究中,7、8月龄疆岳驴育成驴公驴的胸围增量、胸深增量均显著高于同月龄疆岳驴育成驴母驴,分析原因可能是随着月龄的增长,

公驴雄性激素不断升高,促进了骨骼纵向生长加速、肌纤维增粗。6、7月龄疆岳驴育成驴母驴的体高增量高于同月龄疆岳驴育成驴公驴,但8、9月龄低于同月龄疆岳驴育成驴公驴,这一现象可能与育成驴母驴体内雌激素的提升有关,早期雌激素水平较低,对生长的抑制作用较弱,母驴生长速度更快;随着月龄增加,雌激素水平上升,进而导致体高生长速度减慢。8月龄疆岳驴育成驴母驴的尻高增量显著高于同月龄育成驴公驴,这可能是由于雌激素提升导致皮下脂肪增厚、后躯逐渐丰满所致。

#### 4 结论

本试验条件下,在精料中添加预混料对6~7月龄疆岳驴育成驴的体重增长具有极显著促进作用;对6~9月龄的疆岳驴育成驴日均增重的促进作用未呈现性别差异。本试验确定的日粮配方表现优异,有望成为6、7月龄疆岳驴育成驴的专用育肥配方。

#### 参考文献

- [1] 胡小明,阿依提·克里木,姜锋韬,等.岳普湖关中驴在喀什的利用与发展[J].黑龙江动物繁殖,2004,12(4):26-27.
- [2] 陆东林,周小玲,李景芳,等.新疆疆岳驴培育和进展[J].新疆畜牧业,2019,34(3):17-23.
- [3] 王博.放牧绵羊补饲复合预混料应用效果研究[D].石河子:石河子大学,2015.
- [4] 杨乔青,王照忠.“牛羊壮”复合预混料对育肥羊增重的效果分析[J].养殖与饲料,2008,7(8):35-36.
- [5] 赵健康,王春梅,熊峰冰,等.羊用添加剂预混料在农户育肥羊中的应用[J].新疆畜牧业,2013(11):32-33,34.
- [6] 李璇玥.疆岳驴生长发育及补饲对其影响的研究[D].乌鲁木齐:新疆农业大学,2022.
- [7] 李涛,常斌,刘瑞巧,等.预混料在蛋鸡养殖应用中的注意事项[J].中国禽业导刊,2024,41(2):5355.
- [8] PIRZADO S A. Effect of different levels of protein diets on growth performance and carcass yield of pateri male goat kids[J]. Pure and Applied Biology,2016,5(4):31-39.
- [9] 帕热哈提江·吾甫尔,肖海霞,努尔尼沙,等.保证驴驹健康生长发育的关键[J].中国动物保健,2021,23(1):75-76.
- [10] SALARI F, LICITRA R, ALTOMONTE I, et al. Donkey feeding during maintenance, pregnancy, and lactation: effects on body weight, milk production, and foal growth[J]. Journal of Equine Veterinary Science, 2020(91):103131.
- [11] 经宏鑫,李晓斌,李璇玥,等.日粮粗蛋白水平和预混料对配种前期母驴体重、血液生化指标及激素水平影响的研究[J].畜牧与兽医,2023,55(1):41-46.
- [12] 王琼,张国庭,托乎提·阿及德,等.补喂精料补充料对疆岳驴空怀母驴育肥效果的影响[J].现代畜牧科技,2025(3):64-67.
- [13] 王晓明,胡常雄,常志勇.试验预混料对肥育猪增重和肌肉品质影响的研究[J].中国畜牧兽医,2008,35(4):131-133.
- [14] 虎占武,宋世忠,杨彦军,等.康巴肉603A牛用复合预混料育肥杂交肉牛的效果试验[J].养殖与饲料,2008,7(1):48-49.
- [15] 张宏博,刘树军,靳焯,等.性别因素对巴美肉羊屠宰品质的影响[J].食品科学,2014,35(19):82-85.
- [16] 陈艳美,史建伟,杨凯,等.云岭牛早期生长性能及生长曲线拟合研究[J].黑龙江畜牧兽医,2024(22):47-52.
- [17] 李璇玥,肖海霞,李超,等.不同月龄段公、母疆岳驴体重、体尺变化分析的研究[J].中国畜牧杂志,2022,58(7):162-167.
- [18] 杨莉,张新浩,冯培祥,等.德州驴生长发育与繁殖规律研究[J].中国畜牧杂志,2020,56(7):91-95,103.
- [19] THOMPSON JR D L, RAHMANIAN M S, DEPEW C L, et al. Growth hormone in mares and stallions: pulsatile secretion, response to growth hormone-releasing hormone, and effects of exercise, sexual stimulation, and pharmacological agents[J]. Journal of animal science, 1992, 70(4):1201-1207.
- [20] STEWART F, GOODE J A, ALLEN W R. Growth hormone secretion in the horse: unusual pattern at birth and pulsatile secretion through to maturity[J]. Journal of Endocrinology, 1993, 138(1):81-89.

[21] 谭建华, 安铁洙, 万忠海, 等. 阉割对公马促性腺激素细胞及血中促性腺激素水平的影响[J]. 中国兽医学报, 2004, 24(5):482-484.

[22] 拉希玛, 白东义, 谈格斯, 等. 蒙古斑点马年龄、性别与体尺指标的相关性研究[J]. 中国畜牧杂志, 2020, 56(2):59-63.

## The Effect of Supplemental Feeding of Premix on the Growth Performance of Jiangyue Donkeys during the Fattening Period

XIAO Yuning<sup>1</sup>, TUOHUTI·Ajide<sup>2</sup>, ZHANG Guoting<sup>2</sup>, PAREHATIJIANG·Wufuer<sup>2</sup>, WAN Xiaoxu<sup>2</sup>, AMINAMU·Maimaiti<sup>3</sup>, YIBUREYIMU·Wubuli<sup>3</sup>, ALIMU·Aimaitiniyazi<sup>3</sup>, XIAO Haixia<sup>2\*</sup>, WANG Qiong<sup>2\*</sup>

(1. Xinjiang Agricultural University, Urumqi, Xinjiang 830052, China;

2. Institute of Animal Husbandry, Xinjiang Academy of Animal Science, Urumqi, Xinjiang 830011, China;

3. Xinjiang Jinhuyang Animal Husbandry Co., Ltd., Kashgar, Xinjiang 844000, China)

**Abstract:** [Objective] This study aimed to compare and analyze the feeding effects of premix supplementation for young Jiangyue donkeys aged 6 to 9 months, providing technical references for achieving precise nutritional supply for Jiangyue donkeys during the fattening stage and for rational allocation of donkey herd structure. [Methods] A total of 94 healthy Jiangyue donkeys aged 6 to 9 months were selected and divided into four groups: the 6-month-old group (22 donkeys), the 7-month-old group (32 donkeys), the 8-month-old group (22 donkeys), and the 9-month-old group (18 donkeys). Under the same feeding and management conditions, premix (containing probiotics, vitamins, minerals, etc.) were supplemented for experimental donkeys and a 90-day nutritional experiment was conducted. By comparing the differences in body size and body weight indicators of donkeys before and after the experiment based on different genders (within the same age group) and different ages (within the same gender), the significance of data was analyzed using the independent samples *t*-test, and then the feeding effect of the designed diet was analyzed and evaluated. [Results] The results showed as follows: for the female donkeys, the body weight, chest depth and neck length at 6 months of age, the neck length at 7 months of age, the rump width and neck length at 8 months of age, and the chest width and neck length at 9 months of age showed extremely significant increase after the experiment ( $P < 0.01$ ); for the male donkeys, the body weight, chest depth and neck length at 6 months of age, the body weight, body length, chest circumference, chest depth, head length, and neck length at 7 months of age; and the chest depth and neck length at 8 months of age showed extremely significant increase ( $P < 0.01$ ); the increase in chest circumference of 7-month-old male donkeys was extremely significantly higher than that of female donkeys ( $P < 0.01$ ), and the increase in chest depth of 7- and 8-month-old male donkeys was significantly higher than that of female donkeys ( $P < 0.05$ ); after supplemental feeding of premix to donkeys at the age of 6 to 9 months, the average daily weight gain ranged from 0.20 kg to 0.27 kg, and the difference was not significant between different genders of the same month of age ( $P > 0.05$ ). [Conclusion] Supplementary feeding of premix significantly increased the weight of 6- and 7-month-old Jiangyue donkeys, and the effect was not influenced by gender. The diet formula of this experiment was expected to serve as a special fattening formula for 6- and 7-month old donkeys.

**Key words:** Jiangyue donkey; fattening donkey; premix; body size; body weight; fattening

10.16863/j.cnki.1003-6377.2026.01.002

# 绵羊妊娠早期 lncRNA BGIG9940\_27548 的表达与分析

范宇州<sup>1</sup>, 杨 怡<sup>1</sup>, 刘山川<sup>1</sup>, 王娟红<sup>1</sup>, 郝桂英<sup>1,2\*</sup>, 常卫华<sup>1,3</sup>

(1. 西昌学院动物科学学院, 四川西昌 615013;

2. 四川攀西动物疫病检测与防控实验室, 四川西昌 615013;

3. 四川地方特色山羊重点实验室, 四川西昌 615013)

**摘要:**【目的】为分析 lncRNA (long non-coding RNA) 在绵羊妊娠早期时的调控作用, 研究动物早期妊娠诊断新技术。【方法】试验通过高通量测序技术对妊娠期和未妊娠的绵羊卵巢组织进行转录组分析, 并结合生物信息学方法获得差异 lncRNA; 通过顺式和反式关系分析出差异 lncRNA 靶基因, 并对靶基因做 GO 和 KEGG 通路分析, 利用 qRT-PCR 分析其 lncRNA 表达模式。【结果】试验数据差异表达分析表明 lncRNA BGIG9940\_27548 在妊娠期表达量显著升高, GO 和 KEGG 通路分析证实 lncRNA BGIG9940\_27548 参与了早期胎儿发育及调控相关过程; qRT-PCR 分析结果表明 lncRNA BGIG9940\_27548 表达量与测序数据一致, 在妊娠期极显著升高 ( $P < 0.01$ )。【结论】试验表明 lncRNA BGIG9940\_27548 在妊娠期表达量极显著升高, 可作为早期妊娠诊断的潜在候选生物标志物。该研究对绵羊早期妊娠诊断、提高绵羊繁殖效率及养殖经济效益具有十分重要的意义。

**关键词:** lncRNA; 生物标志物; 妊娠; qRT-PCR; lncRNA BGIG9940\_27548

中图分类号: S826

文献标识码: A

文章编号: 1003-6377(2026)01-0012-07

近年来我国畜牧业通过新型技术的应用极大提高了养殖效率, 降低了生产成本, 同时也提高了畜产品的质量安全水平。养羊业作为我国畜牧业的重要组成部分, 发展成效显著, 成为许多地区的重要经济支柱产业。黑绵羊作为全国畜禽十大优异种质资源之一, 具有很高的饲养价值, 但其一直受限于繁殖效率低, 导致发展速度相对缓慢。

繁殖效率受多种因素影响, 如公羊的精液质量、配种技术等<sup>[1]</sup>, 而受胎率作为母羊繁殖效率的重要指标之一, 直接影响羊场的生产效益。为此, 绝大部分羊场通过人工授精的方式提高绵羊的受胎率<sup>[2]</sup>。但无论是本交还是人工授精都会出现空怀情况, 因此通过早期妊娠诊断排查和鉴别羊群内的

**基金项目:**国家自然科学基金资助项目“卵巢 oar-miR-214\_3p 对凉山黑绵羊发情调控作用的机制研究”(32360905); 畜禽生物育种全国重点实验室开放课题项目(2025SKLAB6-04); 中国农业大学对口支援西昌学院联合基金项目“凉山黑绵羊高效快繁与利用保护”(2024TC080, ZXL202403)

**作者简介:** 范宇州(2005—), 男, 本科, 研究方向为动物医学。E-mail: 2829559165@qq.com

**通信作者:** 郝桂英(1980—), 女, 博士, 教授, 研究方向为动物健康养殖。E-mail: haoguiying@163.com

**收稿日期:** 2025-10-16, **修回日期:** 2025-12-07

空怀母羊和妊娠母羊,可对妊娠母羊进行分群隔离饲喂、提供营养保障,对空怀母羊进行再孕处理,从而提高母羊的繁殖效率,简化养殖管理流程,提高羊场整体经济效益。目前常用的母羊早期妊娠诊断技术有阴道检查法、腹腔检查法、免疫测定法、超声波检测等<sup>[3]</sup>,但这些方法存在劳动强度大、对操作人员专业技能要求高、检测成本较高等不足,推广应用难度较大。因此亟需开发一种操作简便、检测精准、成本低廉的早期妊娠诊断技术,提高羊场的繁殖效益。高通量测序技术作为一种新型分子检测技术,已应用于抗药性机理研究<sup>[4]</sup>、解析食物网<sup>[5]</sup>和动物源性物种鉴定等多个研究领域<sup>[6]</sup>。

团队前期通过高通量测序技术获得了绵羊卵巢组织的lncRNA表达谱,并通过顺式和反式关系以及GO和KEGG通路分析,筛选出与绵羊妊娠相关的候选lncRNA BGIG9940\_27548。在此基础上,试验通过实时荧光定量PCR验证了该候选lncRNA的表达水平,确保了结果的准确性。据此,本研究通过提取妊娠期和未妊娠的母羊血液内的RNA,反转录成cDNA,再通过实时荧光定量PCR测定lncRNA BGIG9940\_27548的表达水平。本研究对于绵羊早期妊娠诊断有着重要意义,对促进凉山黑绵羊繁殖效率提升具有积极推动作用。

## 1 材料与方法

### 1.1 主要材料

全血总RNA提取试剂盒购自杭州新景生物试剂开发有限公司;RNA反转录试剂盒、荧光定量PCR试剂盒购自山东思科捷生物技术有限公司;引物由生工生物工程(上海)股份有限公司合成。

### 1.2 lncRNA BGIG9940\_27548 筛选依据

前期通过高通量测序技术和生物信息学方法对不同生理周期的绵羊卵巢进行转录组分析,差异表达分析表明lncRNA BGIG9940\_27548在P45期极显著上调。通过顺式和反式异构关系分析出差异lncRNA靶基因,并对靶基因进行GO和KEGG通路分析,结果显示lncRNA BGIG9940\_27548参与心内膜发育、周围神经系统发育、脑神经发育等生物学过程,据此确定候选lncRNA BGIG9940\_27548,在此基础上开展后续工作,见表1、表2。

表1 lncRNA BGIG9940\_27548 差异表达分析

名称	log2 (FP/LP)	Qvalue (FP/LP)	log2 (P30/LP)	Qvalue (P30/LP)	log2 (P45/LP)	Qvalue (P45/LP)	log2 (P30/FP)	Qvalue (P30/FP)	log2 (P45/FP)	Qvalue (P45/FP)	log2 (P45/P30)	Qvalue (P45/P30)
BGIG9940_27548	-0.470074	0.9868254	0.1678534	0.9974926	-0.818346	0.000794	0.3009314	0.9998173	-0.334577	0.9259726	-0.640211	0.9948342
	705	19	81	53	829		31	18	52	64	733	16

表2 lncRNA BGIG9940\_27548 中的靶基因 GO 与 KEGG 通路分析

lncRNA	靶基因	GO	KEGG
BGIG9940_27548	<i>ERBB3</i>	GO:0003197(endocardial cushion development);GO:0007422(peripheral nervous system development);GO:0021545(cranial nerve development);GO:0051402(neuron apoptotic process);GO:0055025(positive regulation of cardiac muscle tissue development);GO:0097192(extrinsic apoptotic signaling pathway in absence of ligand)	01521(EGFR tyrosine kinase inhibitor resistance);04010(MAPK signaling pathway);04012(ErbB signaling pathway);04020(Calcium signaling pathway);04151(PI3K-Akt signaling pathway);05205(Proteoglycans in cancer)

### 1.3 试验动物及样本采集

在四川省布拖县凉山黑绵羊原种场选择身体健康、年龄相近的妊娠母羊(妊娠25~35 d)30只和未妊娠母羊10只,采集颈静脉血液共40份,采集后血液按照全血总RNA提取试剂盒说明书步骤进行预处理,置于-20℃保存备用。

### 1.4 RNA提取

按照全血总RNA提取试剂盒说明书进行血液RNA提取,用NanoDrop 2000(Thermo Fisher Scientific, Wilmington, DE)测量RNA浓度与纯度。

### 1.5 反转录及qRT-PCR

在无RNA酶管中加入RNA 4 μL, gDNA Eraser 1 μL, RNase-free dd H<sub>2</sub>O 5 μL, 吹打混匀后42℃孵育5 min。反应结束后置冰上加入2×SPARKscript II RT Plus Master Mix 10 μL, 轻轻混匀后离心, 50℃孵育15 min, 85℃加热5 min, 反转录成cDNA。qRT-PCR反应体系20 μL: 2×SYBR qPCR Mix 10 μL, 上、下游引物(2 μmol/L)各0.4 μL, cDNA 1.2 μL, RNase-Free dd H<sub>2</sub>O 8 μL。qRT-PCR反应条件: 94℃ 3 min; 94℃ 10 s, 60℃ 30 s, 共40个循环, 见表3。

表3 实时荧光定量PCR引物序列及参数

名称	引物序列(5'-3')	产物长度/bp
BGIG9940_27548	F:TTTGAGAAACCTCTGCGCCA R:AGGCATGCAGTCCACACTTT	183
GAPDH	F:GTCGGAGTGAACGGATTTGG R:CATTGATGACGAGCTTCCCG	196

### 1.6 标准曲线及熔解曲线的绘制

以前期筛选出与绵羊妊娠相关的5个基因中最短的基因序列RPS28合成质粒, 将其按( $1 \times 10^6 \sim 1 \times 10^1$  Copies/mL)进行连续梯度稀释, 作为标准曲线模板进行荧光定量PCR, 每样设3次重复, 反应结束后绘制标准曲线, 同时, 通过熔解曲线分析引物特异性, 见表4。

表4 标准品质粒引物序列

名称	引物序列(5'-3')	产物长度/bp
RPS28	F:ACTGCCATTTCTGAGCCGAT R:GTTTGTATCTCGAAGCAGCAGG	121

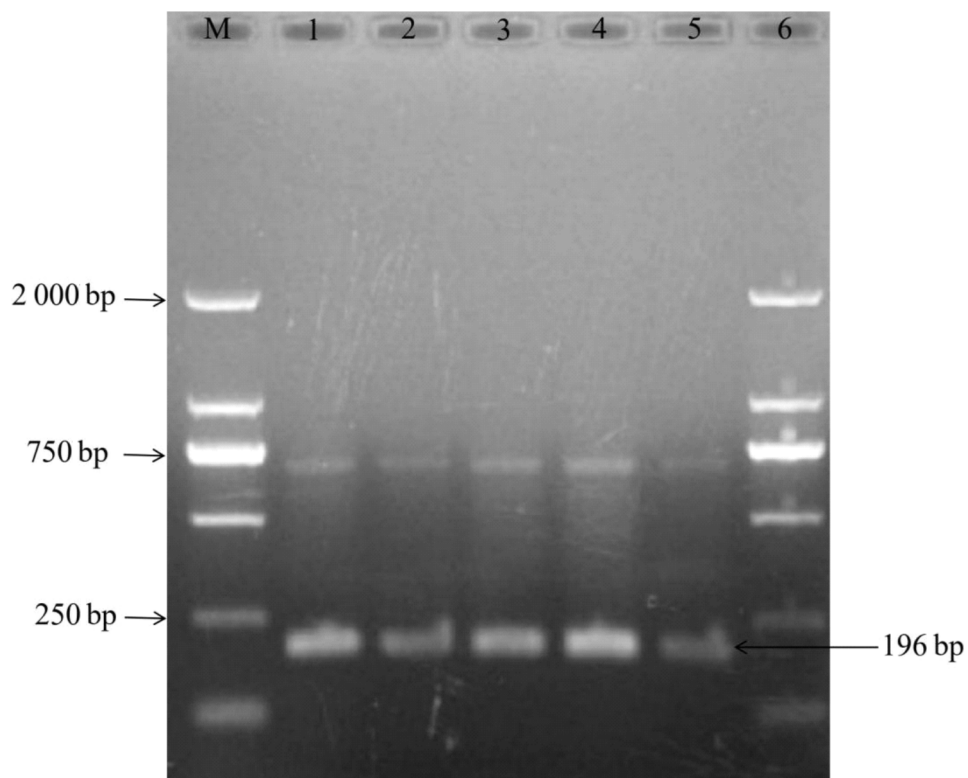
### 1.7 数据分析

荧光PCR测定数据通过SPSS 27软件进行差异显著性分析,  $P < 0.05$ 表示差异显著,  $P < 0.01$ 表示差异极显著, 数据以“平均值 ± 标准误”表示。

## 2 结果与分析

### 2.1 PCR扩增检测cDNA的完整性

随机挑选5个cDNA模板进行PCR扩增, 将扩增后的PCR产物经1%琼脂糖凝胶电泳, 结果显示与预期条带大小一致, 且条带清晰, 该cDNA可以用于后续试验, 见图1。

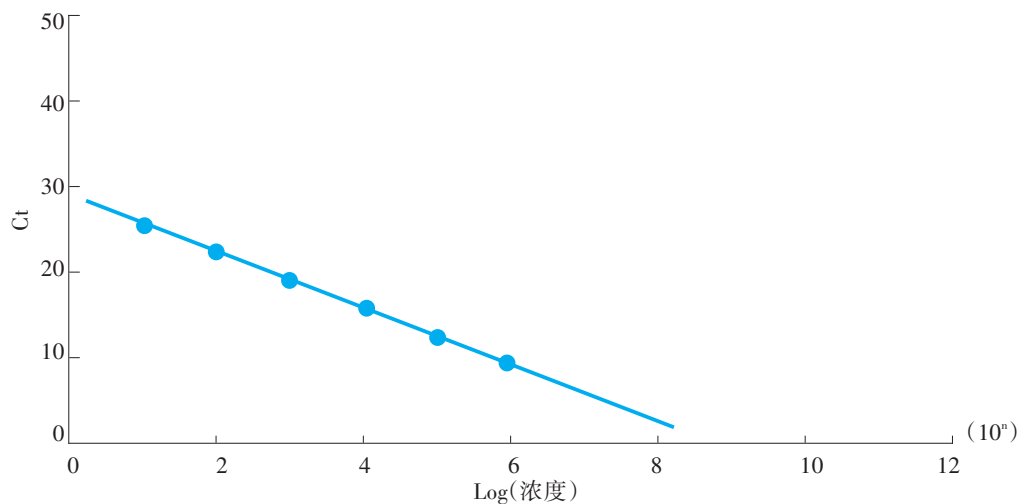


注: M为DNA Marker DL2 000; 1、2、3、4、5为样本PCR产物。

图1 PCR产物经1%琼脂糖凝胶电泳结果

## 2.2 lncRNA BGIG9940\_27548 绝对定量分析

试验结果表明初始模板浓度和Ct值具有良好的线性相关性,其回归式为 $y=-3.36x+27.74$ ,  $R^2=0.98$ ,效率为98.44%。熔解曲线单峰,说明无引物二聚体及非特异性扩增。荧光定量PCR结果显示妊娠母羊血液样本中lncRNA BGIG9940\_27548表达量极显著高于未妊娠母羊血液样本( $P<0.01$ ),见图2、图3、图4、表5。



注: X轴代表Log值为 $10^n$ (Copies/mL); Y轴代表Ct值。

图2 标准曲线

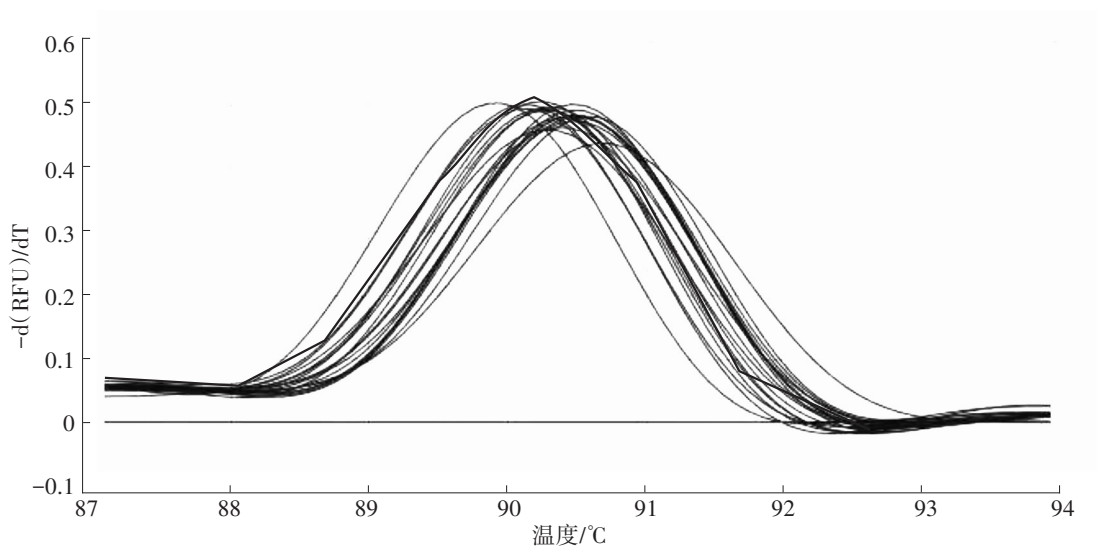
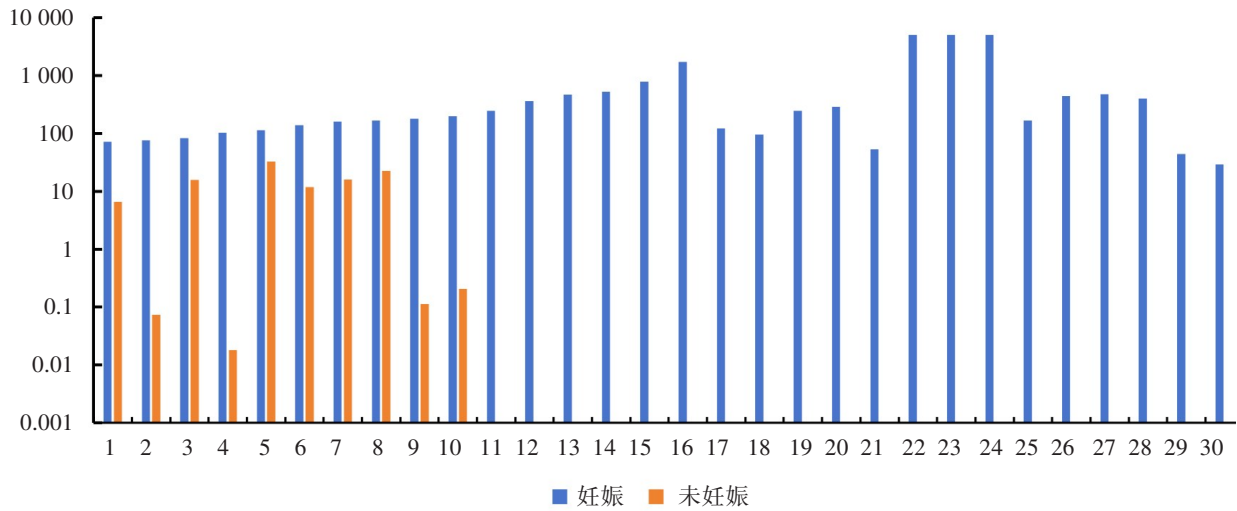


图3 熔解峰曲线



注: X轴代表不同样本; Y轴代表lncRNA BGIG9940\_27548表达量(Copies/mL)。

图4 lncRNA BGIG9940\_27548表达量

表5 显著性分析

类别	平均值	标准差	标准误差	显著性
未妊娠母羊	10.15	13.74	2.55	P<0.01
妊娠母羊	791.83	1 633.07	176.10	

### 3 讨论

凉山黑绵羊具有肉用性能优良,遗传稳定性强,耐粗饲,适应能力强,肉毛兼用等特性,但其长期受限于繁殖效率低,导致产业发展速度缓慢。凉山黑绵羊以产单羔为主,受胎率是其繁殖效率的核心影响因素之一,而早期妊娠诊断能及时鉴别空怀母羊,从而进行再孕处理,有效提高凉山黑绵羊的繁殖效率。然而,目前仍缺乏精准高效的早期妊娠诊断技术。

随着分子生物学技术的快速发展,lncRNA在生物体内的调控作用日益受到关注,有研究者开展

了畜禽部分经济性状相关 lncRNA 的研究,为畜禽育种提供理论基础<sup>[7]</sup>;杨帆等通过分析不同绵羊品种发情期卵巢组织 lncRNA 差异表达谱,筛选出繁殖相关的共有基因<sup>[8]</sup>;雷宇航发现 lncRNA 也对畜禽产仔数具有调控作用<sup>[9]</sup>,由此可见 lncRNA 在生物体内发挥着重要的调控作用。随着畜牧业的发展,精准畜牧的需求受到广泛关注,本研究旨在探索 lncRNA 作为绵羊早期妊娠诊断的生物标志物的可行性,进而提高养殖经济效益。试验通过采集妊娠期和未妊娠母羊的卵巢组织样本,将其通过高通量测序技术、顺式与反式关系以及 GO 和 KEGG 通路分析,筛选出可能与妊娠相关的 lncRNA BGIG9940\_27548。lncRNA BGIG9940\_27548 中的靶基因 *ErbB3* 是受体酪氨酸激酶 ERBB 家族的一员,研究发现 *ErbB3* 可抑制奶牛乳腺上皮细胞增殖<sup>[10]</sup>;研究表明 *ErbB3* 在大鼠肝再生过程中可促进肝细胞存活<sup>[11]</sup>;龙敏等研究发现 *ErbB3* 下游信号通路的激活对细胞增殖与发育具有重要意义,同时也是胚胎发育与器官形成的关键调控因子<sup>[12]</sup>。由此可以看出靶基因 *ErbB3* 会影响胚胎发育和细胞增殖,并参与了绵羊妊娠过程的调控。

B超检测法作为早期妊娠诊断的检测技术已有多年历史,在1976年就被用于绵羊早期妊娠诊断<sup>[13]</sup>,但该技术存在设备价格昂贵、体积庞大、对检测人员专业技能要求高、短期内难以大规模推广应用等不足<sup>[14]</sup>。而荧光定量 PCR 技术具有敏感性高、特异性强、可批量检测等优势,现已成功用于猫细小病毒和猫冠状病毒的鉴定<sup>[15]</sup>,以及酸枣仁药材真伪鉴别<sup>[16]</sup>。试验通过采集妊娠与未妊娠绵羊的血液样本并提取 RNA,再转录成 cDNA,然后进行荧光定量 PCR。结果显示,妊娠期母羊 lncRNA BGIG9940\_27548 表达量极显著高于未妊娠母羊,由此可进一步预测 lncRNA BGIG9940\_27548 可能参与绵羊妊娠过程的调控,具有作为绵羊早期妊娠诊断候选生物标志物的潜力。

本研究分析了 lncRNA BGIG9940\_27548 在绵羊妊娠早期的生理调控作用,对了解哺乳动物的生理调控方面有一定意义,同时也对提高绵羊的繁殖效率有着重要意义。

## 4 结 论

试验通过高通量测序及 GO 和 KEGG 通路分析发现凉山黑绵羊血液中 lncRNA BGIG9940\_27548 可能参与调控早期胚胎发育过程,荧光定量 PCR 结果证实该 lncRNA 在妊娠期表达量极显著提高 ( $P < 0.01$ )。试验结果表明 lncRNA BGIG9940\_27548 有望成为绵羊早期妊娠诊断的候选生物标志物,对推动绵羊养殖产业提质增效具有重要意义。

## 参考文献

- [1] 朱爱文,刘海霞,德庆卓嘎,等. *HSPA2* 和 *SPATA6* 在彭波半细毛羊睾丸组织中的细胞定位及表达差异分析[J]. 草业科学, 2024, 41(4):967-974.
- [2] 王霄悦. 提高绵羊人工授精受胎率的主要措施[J]. 中国畜牧业, 2023(22):59-60.
- [3] 卞苏舒,余波,蓝徐民,等. 多胎 B 超在湖羊繁殖体系中的应用[J]. 浙江农业科学, 2024, 65(7):1695-1699.
- [4] 杨静,张愉英,高越,等. 高通量测序技术在害虫和害螨抗药性研究中的应用[J]. 植物保护学报, 2022, 49(1):383-388.
- [5] 王雪芹,王光华,乔飞,等. 高通量测序及其在食物网解析中的应用进展[J]. 生态学报, 2017, 37(8):2530-2539.
- [6] 周燕霞,曹悦,王青龙,等. 高通量测序技术在动物源性物种鉴定中的研究[J]. 食品科技, 2024, 49(1):303-309.
- [7] 马梦珂,陈孟杰,江明生,等. lncRNA 在畜禽育种中的研究现状与发展前景[J]. 基因组学与应用生物学, 2023, 42(10):1015-1027.
- [8] 杨帆,姚晓磊,李康,等. 不同绵羊品种发情期卵巢组织 lncRNA 和 mRNA 的差异表达分析[J]. 南京农业大学学报, 2023, 46(6):1142-1152.

- [9] 雷宇航, 黄志洋, 谭娅, 等. lncRNA参与农业动物产仔数调控的研究进展[J]. 中国畜牧杂志, 2022, 58(6):12-16.
- [10] 刘丽华, 钟震宇, 郑玉杰, 等. lncRNA EPB41L4A-AS通过调控 *ErbB3* 抑制奶牛乳腺上皮细胞增殖的研究[J]. 畜牧兽医学报, 2022, 53(7):2152-2159.
- [11] 王彬彬. *CRH*、*BCR*、*RANK*、*ErbB2-ErbB3* 和 *IGF-1* 信号通路在大鼠肝再生中对肝细胞存活的调节作用研究[D]. 新乡:河南师范大学, 2013.
- [12] 龙敏. 不同生殖时期牦牛子宫肉阜动脉构筑特征及血管生成相关因子的表达研究[D]. 兰州:甘肃农业大学, 2023.
- [13] 黄佐兴, 倪建宏, 刘长彬, 等. 两种不同妊娠诊断方法在多胎萨福克肉羊上的应用[J]. 新疆农垦科技, 2023, 46(5):54-56.
- [14] 张广卫. 法系大约克母猪膘情调控及其对繁殖性能的影响[D]. 扬州:扬州大学, 2021.
- [15] 郭存杰, 王蕾, 毕振威, 等. 猫冠状病毒和猫细小病毒双重荧光定量 PCR 方法的建立[J]. 中国动物检疫, 2024, 41(4):91-95.
- [16] 索晓雄, 李柯帆, 赵一萌, 等. 利用实时荧光定量PCR技术鉴定酸枣仁药材真伪[J]. 分子植物育种, 2024(04):1-24.

## Expression and Analysis of lncRNA BGIG9940\_27548 during Early Pregnancy of Sheep

FAN Yuzhou<sup>1</sup>, YANG Yi<sup>1</sup>, LIU Shanchuan<sup>1</sup>, WANG Juanhong<sup>1</sup>, HAO Guiying<sup>1,2\*</sup>, CHANG Weihua<sup>1,3</sup>

(1. College of Animal Science, Xichang University, Xichang, Sichuan 615013, China;

2. Laboratory for Animal Disease Detection and Prevention in Panxi District, Xichang, Sichuan 615013, China;

3. Key Laboratory of Sichuan Local Special Goat, Xichang, Sichuan 615013, China)

**Abstract:** [Objective] In order to investigate the regulatory role of long non-coding RNA (lncRNA) during early pregnancy in sheep, and to develop a novel diagnostic method for early pregnancy diagnosis in sheep. [Methods] Transcriptomic analysis of ovarian tissues from pregnant and non-pregnant sheep was performed using high-throughput sequencing. Combined with bioinformatics methods, differentially expressed lncRNAs were identified, followed by prediction of their target genes through both cis- and trans-regulation analyses. Subsequent functional annotation included Gene Ontology (GO) enrichment and KEGG pathway analyses of the predicted target genes. Validation of lncRNA expression patterns was performed using qRT-PCR method. [Results] Differential expression analysis revealed that lncRNA BGIG9940\_27548 was significantly up-regulated during pregnancy. Functional annotation through GO and KEGG pathway analyses demonstrated its involvement in early fetal development and associated regulatory processes. Quantitative validation by qRT-PCR confirmed strong concordance with sequencing data, showing extremely significant upregulation of lncRNA BGIG9940\_27548 in pregnant ewes ( $P < 0.01$ ). [Conclusion] lncRNA BGIG9940\_27548 exhibited extremely significant upregulation during pregnancy ( $P < 0.01$ ), suggesting its potential as a candidate biomarker for early pregnancy diagnosis. Substantial importance was offered for early pregnancy diagnosis in sheep, improvement of ovine reproductive efficiency and enhancement of economic returns.

**Key words:** lncRNA; biomarker; pregnancy; qRT-PCR; lncRNA BGIG9940\_27548

10.16863/j.cnki.1003-6377.2026.01.003

## 同期处理对塔里木双峰驼繁殖性能的影响

纳扎开提·艾尼瓦尔<sup>1,2</sup>,张艳花<sup>2</sup>,阿米妮古丽·阿不来孜<sup>2</sup>,海里且木·买买提依明<sup>2</sup>,  
吴云龙<sup>3</sup>,董红<sup>2</sup>,古丽努尔·马哈提<sup>2</sup>,师培森<sup>2</sup>,罗春彦<sup>1,2</sup>,白锋<sup>1,2</sup>,  
克依木江·吾斯曼<sup>4</sup>,拉扎特·艾尼瓦尔<sup>2\*</sup>,阿扎提·祖力皮卡尔<sup>2\*</sup>

(1.新疆农业大学动物科学学院,新疆乌鲁木齐 830052;

2.新疆畜牧科学院畜牧研究所,新疆乌鲁木齐 830026;

3.阿克苏柯坪县新疆优驼骆驼养殖业农民专业合作社,新疆柯坪 843600;

4.鄯善县农业农村局,新疆鄯善 838200)

**摘要:**【目的】旨在研究同期发情处理对塔里木双峰驼繁殖性能的影响。【方法】在繁殖季节,随机选取32峰空怀且未发情的母驼为试验对象,将其分为自然发情对照组和同期处理试验组。对照组母驼自然发情后与公驼自由交配。试验组母驼再分为两个亚组,分别接受不同剂量的促性腺激素释放激素(GnRH)处理。在试验开始当天记为第0d,两个亚组的母驼分别肌肉注射1.5 mL和2.0 mL的GnRH,同时注射5.0 mL的维生素AD。第12d,试验组母驼肌肉注射2.5 mL的前列腺素F<sub>2a</sub>(PGF<sub>2a</sub>);第14d,再次按照第0d的方式处理试验组,即分别注射1.5 mL和2.0 mL的GnRH以及5.0 mL的维生素AD。第15d,使用兽用B超仪观察试验组母驼的卵泡发育情况,并记录不同时间段发情的母驼数量,同时安排发情母驼与公驼自然交配。【结果】结果显示,同期处理组比对照组发情更集中,在相同的时间内同期处理的母驼发情率为87.5%( $P<0.01$ ),受胎率为75.0%,妊娠母驼的产羔率可达到91.6%。【结论】同期发情处理能有效提高母驼的繁殖性能。此外,两种剂量的GnRH对卵泡发育的影响不显著( $P>0.05$ )。

**关键词:**塔里木双峰驼;同期处理;繁殖性能

中图分类号:S824

文献标识码:A

文章编号:1003-6377(2026)01-0019-07

塔里木双峰驼分布于塔里木盆地边缘及天山南坡的荒漠草原区,核心产区在新疆维吾尔自治区南疆地区柯坪县一带<sup>[1]</sup>。骆驼全身都是宝,骆驼奶的营养价值与母乳接近,营养价值优于牛奶<sup>[2]</sup>,驼肉中的胆固醇含量低且富含矿物质和优质蛋白,对一些疾病具有很好的食疗作用<sup>[3]</sup>,驼绒的质地细腻柔软,暖而不厚重,价格亲民<sup>[4,5]</sup>。随着公众健康生活观念的不断深化,对于骆驼奶和骆驼肉的需求量越来越大。在科学饲养条件下,母驼年产奶量可达300 kg,其挤奶周期可达到13~14个月,养一峰产奶骆驼的收益为1.0万~1.5万元<sup>[6]</sup>。双峰驼产业已成为牧民增收的重要途径,因此,骆驼从“沙

基金项目:新疆维吾尔自治区重大科技专项“驼、兔高效繁殖技术研究”(2023A02011)

作者简介:纳扎开提·艾尼瓦尔(1999—),女,硕士,研究方向为动物遗传育种与繁殖。E-mail:3346990339@qq.com

通信作者:拉扎特·艾尼瓦尔(1973—),女,本科,正高级实验师,研究方向为动物遗传育种与繁殖。E-mail:1468966436@qq.com

阿扎提·祖力皮卡尔(1967—),男,博士,研究员,研究方向为动物遗传育种与繁殖。E-mail:1041526965@qq.com

收稿日期:2025-10-18,修回日期:2025-12-03

漠之舟”开始转变为牧民脱贫致富的“希望之舟”。

母驼发情持续时间较长,约为10 d,发情间歇期为20~25 d。公驼发情比母驼早15~20 d,发情季节集中在11月下旬至次年3月底,时长约130 d,且仅在此期间产生性欲<sup>[7]</sup>。双峰驼是诱导排卵性动物,其排卵机制与其他家畜不同,是由精清诱导排卵,精清中富含的卵巢诱导因子(OIF)类似于黄体生成素(LH)和促性腺激素释放激素(GnRH)<sup>[8,9]</sup>。母驼发情时表现为食欲减退,公驼接近时会卧地接受交配,或卧倒后接受公驼及其他母驼的爬跨。双峰驼的生殖周期较长,母驼的平均妊娠期为 $405.5\pm 8.3$  d,妊娠期范围为394~420 d。双峰驼不仅生长较为缓慢,通常在3~4岁时达到性成熟,而且繁殖性能低,多为2年1胎或3年2胎<sup>[10,11]</sup>。

母驼自然发情周期较长、变异性大,一般每年只出现1~2次短时发情,这对养殖管理和规模化养殖的推进造成了极大阻碍。在这种情况下,利用人工诱导发情技术来调控母驼的发情周期是较为理想的解决方法之一。

通过同期发情可以在某一固定时间内促使母驼排卵,便于安排其交配,提高繁殖效率。然而,目前国内针对双峰驼同期发情的研究尚属空白,国外单峰驼的相关研究报道较多。MANJUNATHA B M等<sup>[12]</sup>选取单峰驼为试验对象,采用“GnRH+PGF<sub>2α</sub>+GnRH”方案,在第0 d注射100 μg GnRH,第7 d注射500 μg 前列腺素F<sub>2α</sub>(PGF<sub>2α</sub>),第10 d注射100 μg GnRH,该方案不仅实现了卵泡波的不同步化,还实现了89.8%的排卵率以及68.4%的妊娠率。SKIDMORE J A等人<sup>[13]</sup>将75峰单峰母驼随机分为4组,分别采取4种同期发情方案进行处理。第1组母驼第0 d注射5 mg 雌二醇(E<sub>2</sub>)和100 mg 孕酮(P<sub>4</sub>),第14 d注射20 μg GnRH;第2组母驼于第0 d注射20 μg GnRH,第14 d再注射20 μg GnRH;第3组母驼于第0 d注射20 μg GnRH,第7 d注射500 μg 氯前列醇(PG),第14 d再注射20 μg GnRH;第4组母驼于第0 d用阴道超声消融卵泡,第14 d注射20 μg GnRH。结果显示,GnRH组和GnRH联合PG处理组的排卵率最高,是单峰驼同期发情中最有效的方案。鉴于上述研究结果,本试验采用“GnRH+PGF<sub>2α</sub>+GnRH”方案,探究其对双峰驼繁殖性能的影响,旨在填补双峰驼同期发情方面的研究空白。通过科学合理的激素干预方案,不仅能调控母驼发情与排卵,还能改善卵泡发育状况和子宫内环境,使母驼配种受胎率得以提升,进而达到提高繁殖效率的目的。这一技术路径是提高骆驼产业的经济效益、推动现代化驼业向专业化、规模化发展的重要支撑,对于推动骆驼产业的发展有着十分重要的意义。

## 1 材料与方法

### 1.1 试验动物

本试验于2024年2—6月在新疆维吾尔自治区阿克苏地区柯坪县新疆优驼骆驼养殖业农民专业合作社内完成。随机选取32峰6~11岁、健康状态良好、未发情、经产(产1胎及以上)且未怀孕的母驼作为试验对象,所有母驼初始体重相近(均值±SD:485±22 kg)。在试验过程中,每日8:00和19:30投喂基础日粮,经B超确诊怀孕后,在基础日粮中补加妊娠专用精料(额外增加1.2 kg DM/峰/d),以满足母驼妊娠期营养需求,并全程保证充足、清洁的饮水供应。

### 1.2 试验试剂

注射用戈那瑞林注射液(人工合成的GnRH)、前列腺素F<sub>2α</sub>、氯前列醇钠注射液(人工合成的前列腺素F<sub>2α</sub>)均购自宁波三生生物科技股份有限公司,维生素AD注射液购自西乡长江动物药品有限责任公

司,所有药品均在4℃条件下保存;兽用B超仪购自徐州派尔电子有限公司。

### 1.3 试验方法

#### 1.3.1 试验设计

在母驼繁殖季节随机选取32峰空怀且未发情的母驼,将其分为2组,每组16峰。其中,第1组为自然发情对照组,母驼自然发情后与公驼自由交配;第2组为同期处理试验组,并进一步细分为两个亚组(每组8峰),采用不同剂量的GnRH进行处理。试验开始时(记为第0d),将同期处理组的第1亚组每峰注射1.5 mL GnRH和5.0 mL维生素AD,第2亚组每峰注射2.0 mL GnRH和5.0 mL维生素AD;第12d,所有同期处理组母驼注射2.5 mL PGF<sub>2α</sub>;第14d,再次按照第0d的方式处理,对同期处理组的两个亚组分别注射相应剂量的GnRH和维生素AD,以上所有的注射方式均为肌肉注射。此后,密切观察母驼的发情情况,见图1。



图1 同期发情处理方案流程图

#### 1.3.2 卵泡发育情况观察、发情鉴定及配种

在试验的第15d,使用兽用B超仪,通过直肠检测法对同期处理组母驼的卵泡发育情况进行观察。同时,选择1峰发育良好且性欲旺盛的公驼,将其混入两组母驼群中,以观察母驼的发情表现。母驼发情鉴定标准如下:若公驼主动接近母驼并尝试爬跨,而母驼未表现出反抗行为,或者观察到母驼主动爬跨其他母驼,或接受其他母驼的爬跨,则判定该母驼处于发情状态。在发情鉴定过程中,详细记录自然发情的母驼和同期处理后的母驼在不同时间段内发情的数量。具体划分为0~24 h、24~48 h、48~72 h共3个时间段,分别统计每个时间段内发情的母驼数量,并按照公式(发情母驼数量/同期发情处理母驼数×100%)计算各时间段的发情率。对于经鉴定确认为发情的母驼,安排其与公驼进行自然交配。

#### 1.3.3 妊娠诊断与繁殖性能评估

在母驼与公驼成功交配后的第50d,利用兽用B超仪,通过直肠检查法对母驼的妊娠状况进行检查以准确判断母驼是否妊娠。基于检查结果,计算受胎率,公式为:受胎率(%)=(妊娠母驼数/参加配种母驼数)×100%。此外,在母驼配种后的第432d(自然发情的母驼生产完成后),即产羔期,统计产羔率,公式为:产羔率(%)=(产羔数/妊娠母驼数)×100%。

#### 1.3.4 数据分析

采用SPSS 26.0软件对试验数据进行分析,运用独立样本 $t$ 检验评估各组数据间的差异。其中, $P<0.05$ 表示差异显著, $P>0.05$ 表示差异不显著。

## 2 结果与分析

### 2.1 不同剂量GnRH对母驼卵泡发育的影响

采用便携式B超仪(型号:Easi-Scan,配备7.5 MHz线性直肠探头)经直肠对母驼卵巢进行实时

扫描。图像冻结后,在冻结帧上沿卵泡最大横截面,用仪器自带电子游标测量最大纵径与最大横径,取二者的平均值作为该卵泡的直径。每枚卵泡重复测量3次,取平均值以减少操作误差。部分母驼左右两侧卵巢均可见发育中的卵泡,所有母驼均未观察到黄体存在。分析表明,不同剂量的GnRH处理(1.5 mL与2.0 mL)对母驼左右两侧卵巢的卵泡直径及卵泡数量均无显著影响( $P>0.05$ )。此外,相同剂量GnRH处理下,母驼左右两侧卵巢的卵泡数量及卵泡直径亦无显著差异( $P>0.05$ ),见表1。

表1 不同剂量GnRH处理对母驼卵泡发育情况的影响

组别	左侧卵巢卵泡直径/cm	左侧卵巢卵泡数量/个	右侧卵巢卵泡直径/cm	右侧卵巢卵泡数量/个
1.5 mL组	0.25±0.22	0.63±0.52	0.24±0.23	0.63±0.52
2.0 mL组	0.44±0.35	0.75±0.46	0.39±0.34	0.63±0.52

注:表中数据为“均值±标准差”,“\*\*”表示差异极显著( $P<0.01$ ),“\*”表示差异显著( $P<0.05$ ),无“\*”表示无显著差异( $P>0.05$ ),下同。

## 2.2 同期处理组与对照组发情情况对比

在观察母驼发情表现时,同期处理组母驼的发情时间高度集中,在0~24 h开始出现发情表现,24~48 h同期处理组母驼全部进入发情状态。而自然发情组母驼的发情时间较分散,0~72 h仅有6峰母驼发情,其余母驼均在几日内陆续发情,总体不集中。以0~72 h为统计范围,同期处理组母驼同期发情率为87.5%,是自然发情组同期发情率(37.5%)的2.3倍,组间差异极显著,见表2。

表2 不同处理组母驼各时间段发情情况及发情率对比

组别	0~24 h 发情母驼数/峰	24~48 h 发情母驼数/峰	48~72 h 发情母驼数/峰	总发情母驼数/峰	发情率/%
自然发情对照组	0	2	4	6	37.5**
同期处理组	3	11	0	14	87.5**

## 2.3 不同处理方法对母驼繁殖性能的影响

相较于自然发情对照组母驼的受胎率62.5%,同期处理后母驼的受胎率更高,为75.0%;在产羔率上,同期处理组高于自然发情对照组,自然发情对照组产羔率为80.0%,同期处理组为91.6%;因此,同期处理能够有效提高母驼的繁殖性能,见图2、表3。

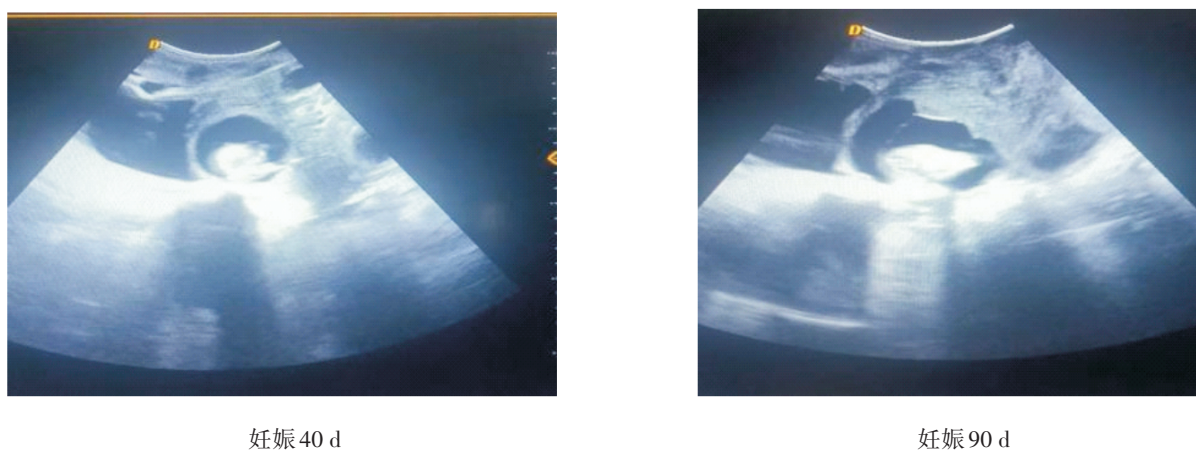


图2 骆驼胚胎发育超声影像图

表3 不同处理方法对母驼繁殖性能的影响

组别	参加配种母驼数/峰	妊娠母驼数/峰	产羔数/峰	受胎率/%	产羔率/%
自然发情对照组	16	10	8	62.5	80.0
同期处理组	16	12	11	75.0	91.6

### 3 讨论

#### 3.1 不同剂量的GnRH处理对母驼卵泡发育的影响

关于GnRH剂量对卵泡发育的影响,目前尚未见有关双峰驼和单峰驼的报道,而牛和羊有相关研究的报道。DARE T A等<sup>[14]</sup>研究了不同剂量的GnRH(50 μg和100 μg)对不同品种牛(Bunaji和Friesian × Bunaji)卵泡发育的影响,结果显示两组间不同剂量GnRH处理后的卵泡直径并无显著差异( $P>0.05$ )。HASHEM N M等<sup>[15]</sup>使用1 mL的GnRH处理Rahmani母羊,结果发现GnRH处理后卵泡数无显著差异。以上研究表明,在一定剂量范围内,继续增大剂量并不能进一步显著增强GnRH对卵泡发育的影响。在本研究中,两种剂量的GnRH(1.5 mL和2.0 mL)对母驼卵泡发育均无显著影响( $P>0.05$ )。尽管2.0 mL组的卵泡直径、卵泡数量大于1.5 mL组,但二者之间无显著差异,和DARE T A、HASHEM N M的研究结果相似,表明GnRH对卵泡发育的促进作用在一定剂量范围内可能已达阈值效应。

此外,本研究中GnRH对双峰驼两侧卵巢中卵泡的数量无显著影响,这与董红等<sup>[16]</sup>观察到的结果有所不同,他们的结果是双峰驼左侧卵巢中大卵泡的数量多于右侧卵巢。造成这种差异的原因可能是本次试验所用母驼数量较少,且未观察其他时期的卵泡发育情况。因此,需要进一步动态监测不同时间点的双峰驼卵巢以便更全面地了解其生理机制。

NIKJOU D等<sup>[17]</sup>的研究发现,在首次注射GnRH后,双峰驼黄体在第 $5.6\pm 0.4$  d开始发育,并到第 $9.6\pm 0.51$  d时达到最大直径( $24.7\pm 2.14$  mm)。在本研究中,第12 d注射PGF<sub>2α</sub>后,第15 d使用兽用B超仪观察卵泡发育情况时并未观察到黄体,说明PGF<sub>2α</sub>已经有效溶解黄体,为新一轮卵泡发育创造了条件。

#### 3.2 同期处理对母驼繁殖性能的影响

本研究的同期处理组有效地提高了母驼的发情率和受胎率,改善了其繁殖性能。试验结果显示,同期处理组母驼的发情率为87.5%,极显著高于自然发情组母驼37.5%的发情率( $P<0.01$ )。说明同期处理可以很好地调节双峰驼生殖内分泌系统,将双峰驼发情时间相对集中,有利于提高繁殖性能;同时,同期处理组母驼的受胎率为75%,也明显高于自然发情组母驼62.5%的受胎率,这可能是由于同期处理优化了卵泡发育和子宫内环境,提高了卵子受精率。MANJUNATHA B M等<sup>[12]</sup>对单峰驼应用“GnRH+PGF<sub>2α</sub>+GnRH”方法处理,实现了89.8%的排卵率和68.4%的妊娠率。本研究所用的同期处理方案在双峰驼上的应用也取得了较好的效果,其受胎率为75.0%,产羔率为91.6%,说明上述同期处理方案同样适用于双峰驼的繁殖。

此外,本研究中配合注射的维生素AD可能通过改善母驼整体代谢状态和生殖系统功能,进而提高其繁殖性能。李雪等<sup>[18]</sup>在奶牛同期发情处理中联合注射维生素ADE注射液,结果显示,维生素ADE与GnRH及PGF<sub>2α</sub>联合处理可显著提高奶牛的同期发情率和受胎率,这与本研究的结果一致。

## 4 结 论

本研究通过采用“GnRH+PGF<sub>2α</sub>+GnRH”的同期处理方案诱导处于繁殖季节未发情的母驼。该方案使母驼发情时间集中化,并且显著提高其受胎率和产羔率。因此,通过合理的同期处理方案,可以有效调控母驼的发情和排卵过程,优化卵泡的发育和子宫内环境,从而提高繁殖效率。此外,在一定范围内增加GnRH的剂量对卵泡发育的影响并不显著,而维生素AD作为辅助试剂在母驼的同期发情中有潜在的应用价值。本研究为塔里木双峰驼的繁殖管理提供了科学依据和技术支持,有助于推动骆驼养殖业的可持续发展。

## 参考文献

- [1] 陈军, 邓晓锋, 乔春华, 等. 新疆地区双峰驼品种来源及开发利用现状[J]. 黑龙江动物繁殖, 2021, 29(3):47-49, 54.
- [2] HO T M, ZOU Z Z, BANSAL N. Camel milk: a review of its nutritional value, heat stability, and potential food products[J]. Food Research International, 2022(153):110870.
- [3] SULIMAN G M. Camel meat as a future promising protein source[J]. Animal Frontiers, 2023, 13(6):53-55.
- [4] 张舒亮, 杨广鑫, 任笑鸽, 等. 驼绒纤维品质性状研究[J]. 黑龙江畜牧兽医, 2022(14):129-133.
- [5] 聂琼, 徐凤, 贺小燕, 等. 新疆驼绒纤维结构与性能的研究[J]. 轻纺工业与技术, 2011, 40(6):49-50, 62.
- [6] 玉散·麦提提. 新疆柯坪县骆驼养殖现状与发展建议[J]. 中文科技期刊数据库(全文版)农业科学, 2023(9):43-47.
- [7] 税世荣. 骆驼的繁殖行为与管理[J]. 家畜生态, 1989, 10(1):16-18.
- [8] 王琪. 双峰驼精清诱导排卵分子调控机制的研究[D]. 兰州:甘肃农业大学, 2020.
- [9] 陈北亨, 康承伦, 员志贤, 等. 骆驼的繁殖生理(第二报)骆驼的性活动[J]. 畜牧兽医学报, 1980, 11(2):65-76.
- [10] 陈北亨, 康承伦, 员志贤, 等. 骆驼的繁殖生理(第一报)骆驼生殖器官的解剖[J]. 畜牧兽医学报, 1980, 11(1):1-8.
- [11] 张映宽. 骆驼的发情特征及配种方式[J]. 当代畜牧, 1995(3):31-38.
- [12] MANJUNATHA B M, AL-BULUSHI S, PRATAP N. Synchronisation of the follicular wave with GnRH and PGF<sub>2α</sub> analogue for a timed breeding programme in dromedary camels (*Camelus dromedarius*)[J]. Animal Reproduction Science, 2015(160):23-29.
- [13] SKIDMORE J A, ADAMS G P, BILLAH M. Synchronisation of ovarian follicular waves in the dromedary camel (*Camelus dromedarius*)[J]. Animal Reproduction Science, 2009, 114(1/2/3):249-255.
- [14] DARE T A, MAMMAN M, KAWU M U, et al. The effect of reduced GnRH dose on ovulation and follicular dynamics in ovsynch programme of pure and bunaji-crossbred cows[J]. Tropical Animal Health and Production, 2024, 56(2):103.
- [15] HASHEM N M, EL-AZRAK K M, NOUR EL-DIN A N M, et al. Effect of GnRH treatment on ovarian activity and reproductive performance of low-prolific Rahmani ewes[J]. Theriogenology, 2015, 83(2):192-198.
- [16] 董红, 陈静波, 刘宏, 等. 双峰驼卵巢的形态观察[J]. 黑龙江动物繁殖, 2011, 19(2):6-10.
- [17] NIKJOU D, NIASARI-NASLAJI A, SKIDMORE J A, et al. Synchronization of follicular wave emergence prior to superovulation in Bactrian camel (*Camelus bactrianus*)[J]. Theriogenology, 2008, 69(4):491-500.
- [18] 李雪, 扈登强, 周学章. 维生素ADE注射液联合GnRH和PGF<sub>2α</sub>诱导奶牛同期发情的研究[J]. 中国奶牛, 2016(1):23-25.

## Effect of Estrus Synchronization on the Reproductive Performance of the Tarim Bactrian camels

NAZAKAITI·Ainiwaner<sup>1,2</sup>, ZHANG Yanhua<sup>2</sup>, AMINIGULI·Abulaizi<sup>2</sup>, HAILIQIEMU·Maimaitiyimin<sup>2</sup>,  
WU Yunlong<sup>3</sup>, DONG Hong<sup>2</sup>, GULINUER·Mahati<sup>2</sup>, SHI Peisen<sup>2</sup>, LUO Chunyan<sup>1,2</sup>, BAI Feng<sup>1,2</sup>,  
KEYIMUJIANG·Wusiman<sup>4</sup>, LAZAT·Ainiwaner<sup>2\*</sup>, AZATI·Zulipikaer<sup>2\*</sup>

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

2. Institute of Animal Husbandry, Xinjiang Academy of Animal Science, Urumqi, Xinjiang 830026, China;

3. Xinjiang Youtuo Camel Breeding Farmers' Specialized Cooperative of Keping County, Keping, Xinjiang 843600, China;

4. Shanshan County Agriculture and Rural Affairs Bureau, Shanshan, Xinjiang 838200, China)

**Abstract:** **【Objective】** This study aimed to explore the effect of estrus synchronization treatments on the reproductive performance of Tarim Bactrian camels (*Camelus bactrianus*). **【Methods】** During the breeding season, 32 non-pregnant and non-estrus female camels were randomly selected as the experimental subjects and divided into a natural estrus control group and a hormone-treated experimental group. In the control group, female camels naturally came into heat and freely mated with male camels. The female camels in the experimental group were further divided into two subgroups, each receiving treatment of different doses of GnRH. On the first day of the experiment (denoted as day 0), the female camels in the two subgroups were intramuscularly injected with 1.5 mL and 2.0 mL of GnRH respectively, and simultaneously injected with 5.0 mL of vitamin AD. On day 12, the female camels in the experimental group were intramuscularly injected with 2.5 mL of PGF<sub>2α</sub>. On day 14, the camels in experimental group were treated again in the same way as on day 0, that was, 1.5 mL or 2.0 mL of GnRH and 5.0 mL of vitamin AD were injected respectively. On day 15, the follicular development of the female camels in the experimental group was observed using a veterinary B-ultrasound instrument, and the number of female camels in estrus at different time periods was recorded. At the same time, natural mating between the female camels in estrus and the male camels was arranged. **【Results】** The results showed that camels in the hormone-treated group exhibited more concentrated estrus than those in the control group. The estrus rate of female camels in the hormone-treated group within the same period was 87.5% ( $P < 0.01$ ), the conception rate was 75.0%, and the calving rate of pregnant female camels reached 91.6%. Estrus synchronization could effectively improve the reproductive performance of female camels. **【Conclusion】** In addition, the effects of two doses of GnRH on follicular development were not significant ( $P > 0.05$ ).

**Key words:** Tarim Bactrian camel; estrus synchronization; reproductive performance

10.16863/j.cnki.1003-6377.2026.01.004

# 不同胎次与初产月龄对新疆荷斯坦母牛产奶性能及犊牛生长性能的影响

姚康雨<sup>1</sup>, 杜宇<sup>2</sup>, 王志伟<sup>3</sup>, 史浩<sup>3</sup>, 魏勇<sup>3\*</sup>

(1. 新疆农业大学, 新疆乌鲁木齐 830052;

2. 新疆生产建设兵团畜牧兽医工作总站, 新疆乌鲁木齐 830063;

3. 新疆天润乳业股份有限公司, 新疆乌鲁木齐 830000)

**摘要:**【目的】旨在探讨新疆天润乳业旗下9个规模化牧场荷斯坦奶牛不同胎次和初产月龄对母牛产奶性能和犊牛生长性能的影响。【方法】将采集数据指标中的初产月龄分为6个水平:<22月龄、22~23月龄、23~24月龄、24~25月龄、25~26月龄、≥26月龄;胎次分为3个水平:1胎、2胎、3胎,采用SPSS 19.0统计分析软件对日均产奶量、乳蛋白、乳脂率、犊牛初生重和断奶平均日增重进行单因素方差分析,采用Duncan's法进行多重比较,分析不同产犊月龄和胎次对母牛产奶性能和犊牛生长性能的影响。【结果】初产月龄≥26月龄母牛的日均产奶量最高,达到38.11 kg,显著高于<22月龄和22~23月龄2个水平;初产月龄对犊牛初生重和断奶平均日增重也有显著影响,初产月龄≥26月龄时犊牛初生重最高,而23~24月龄时,犊牛断奶平均日增重显著高于其他水平。胎次方面,3胎母牛的日均产奶量、犊牛初生重和断奶平均日增重最高,而2胎母牛的乳脂率和乳蛋白显著高于1胎和3胎母牛。【结论】适宜的初产月龄有助于提高母牛产奶性能和犊牛生长性能,胎次对母牛产奶性能和犊牛生长性能具有显著影响。

**关键词:**胎次;初产月龄;产奶性能;生长性能;乳成分

中图分类号:S823

文献标识码:A

文章编号:1003-6377(2026)01-0026-07

荷斯坦奶牛作为全球最主要的乳用牛品种,其产奶性能的优化对乳业经济效益提升和可持续发展具有重要意义。初产月龄是衡量青年母牛繁殖管理效率的关键指标,直接影响首胎产奶性能及终生生产潜力<sup>[1]</sup>;胎次作为反映母牛生理成熟度与生产经验的参数,与泌乳周期调控、乳腺功能维持密切相关<sup>[2,3]</sup>;日均产奶量、乳蛋白及乳脂率是评价奶牛生产效率和乳品质的核心指标<sup>[4]</sup>,同时犊牛初生重与断奶平均日增重直接关系到牛群遗传改良效率与后备牛培育成本<sup>[5]</sup>。近年来,国内外学者围绕奶牛产奶性能的影响因素进行了系统研究。研究结果表明在初产月龄方面,荷斯坦牛初产月龄过早可能导致乳腺发育不足,降低首胎日均产奶量<sup>[6]</sup>。多数研究证实2~3胎母牛产奶量达到峰值<sup>[7,8]</sup>,但乳蛋白随胎次增加呈下降趋势。本研究聚焦新疆规模化牧场荷斯坦牛群体,探究初产月

**基金项目:**新疆维吾尔自治区自然科学基金资助项目(2022D01D10);新疆维吾尔自治区奶产业技术体系资助项目(XJARS-11);新疆生产建设兵团第十二师“揭榜挂帅”项目(SRS2022001)

**作者简介:**姚康雨(1999—),男,硕士,研究方向为动物生产。E-mail:1966028114@qq.com

**通信作者:**魏勇(1980—),男,博士,高级畜牧师,研究方向为奶牛营养调控。E-mail:627606567@qq.com

**收稿日期:**2025-11-13,修回日期:2025-12-13

龄、胎次对日均产奶量、乳成分指标及犊牛生长性能的影响,旨在为生产实践中荷斯坦母牛群的周转优化、提高母牛产奶性能提供理论参考。

## 1 材料与方法

### 1.1 数据来源

供试数据选自新疆天润乳业股份有限公司下属营养水平基本一致的9个规模化牧场中2 630头荷斯坦母牛的生产数据,主要包括不同胎次和初产月龄水平下,母牛日均产奶量、乳脂率、乳蛋白、犊牛初生重和断奶平均日增重等数据。

### 1.2 统计分析

试验的原始数据用Excel 2007软件进行初步处理,对不同因素进行阶段分组,产犊月龄分为6个水平:<22月龄、22~23月龄、23~24月龄、24~25月龄、25~26月龄、≥26月龄;胎次分为3个水平:1胎、2胎、3胎,采用SPSS 19.0统计分析软件进行单因素方差分析,采用Duncan's法进行多重比较,以 $P<0.05$ 为差异显著水平, $P<0.01$ 为差异极显著水平, $P>0.05$ 为差异不显著水平,表格中数据使用“平均值±标准差”表示。通过GraphPad Prism 9对日均产奶量、乳脂率、乳蛋白、犊牛初生重、断奶平均日增重使用Pearson相关系数进行相关性分析,蓝色代表正相关,红色代表负相关,颜色越深代表相关性越强。

## 2 结果与分析

### 2.1 描述性统计结果

不同胎次之间的日均产奶量随着胎次的增加而升高,在3胎时达到最高;1胎与3胎母牛产奶的乳脂率无显著差异( $P>0.05$ );2胎时母牛产奶乳蛋白水平最高,其次是3胎,1胎时最低;不同胎次之间的犊牛初生重随着胎次增加而升高,在3胎时达到最高;不同胎次之间的犊牛断奶平均日增重随着胎次增加而上升,在3胎时达到最高。不同胎次荷斯坦母牛日均产奶量、乳脂率、乳蛋白、犊牛初生重、断奶平均日增重描述性统计结果,见表1。

表1 不同胎次荷斯坦母牛日均产奶量、乳品质、犊牛初生重、断奶平均日增重描述性统计

指标	胎次	数据量	均值	标准差	最小值	最大值	变异系数/%
日均产奶量/kg	1胎	751	31.49	5.30	17.17	43.08	0.17
	2胎	896	34.00	5.06	25.68	48.42	0.15
	3胎	983	37.40	4.98	27.25	51.80	0.13
	总计	2 630	35.17	5.12	17.17	51.80	0.15
乳脂率/%	1胎	751	3.72	0.22	3.40	3.82	0.06
	2胎	896	3.84	0.21	3.52	3.92	0.05
	3胎	983	3.71	0.24	3.47	3.84	0.06
	总计	2 630	3.71	0.19	3.40	3.92	0.05
乳蛋白/%	1胎	751	3.06	0.25	2.95	3.25	0.08
	2胎	896	3.33	0.31	3.10	3.53	0.09
	3胎	983	3.12	0.34	2.95	3.53	0.11
	总计	2 630	3.22	0.35	2.95	3.53	0.11

续表

指标	胎次	数据量	均值	标准差	最小值	最大值	变异系数/%
犊牛 初生重/kg	1胎	751	36.75	4.35	31.05	50.35	0.12
	2胎	896	40.43	3.53	32.00	48.50	0.09
	3胎	983	41.24	3.22	33.20	49.50	0.08
	总计	2 630	40.28	4.43	31.05	50.35	0.11
断奶平均日 增重/g	1胎	751	930.50	115.73	720.50	1 210.00	0.12
	2胎	896	936.35	121.12	750.50	1 260.00	0.13
	3胎	983	942.50	119.48	730.00	1 380.00	0.13
	总计	2 630	937.50	124.55	720.50	1 380.00	0.13

## 2.2 日均产奶量、乳蛋白、乳脂率、犊牛初生重和断奶平均日增重的相关性分析

日均产奶量与乳蛋白、乳脂率和犊牛初生重呈负相关趋势,相关性系数分别为-0.47、-0.53和-0.17,和断奶平均日增重相关性较弱,相关性系数为-0.01;乳蛋白与乳脂率呈正相关趋势,相关性系数为0.43,与犊牛初生重和断奶平均日增重相关性较弱,相关性系数分别为-0.12、0.08;乳脂率与犊牛初生重和断奶平均日增重呈负相关趋势,相关性系数分别为-0.08、-0.22;犊牛初生重和断奶平均日增重呈正相关趋势,相关性系数为0.11,见图1。

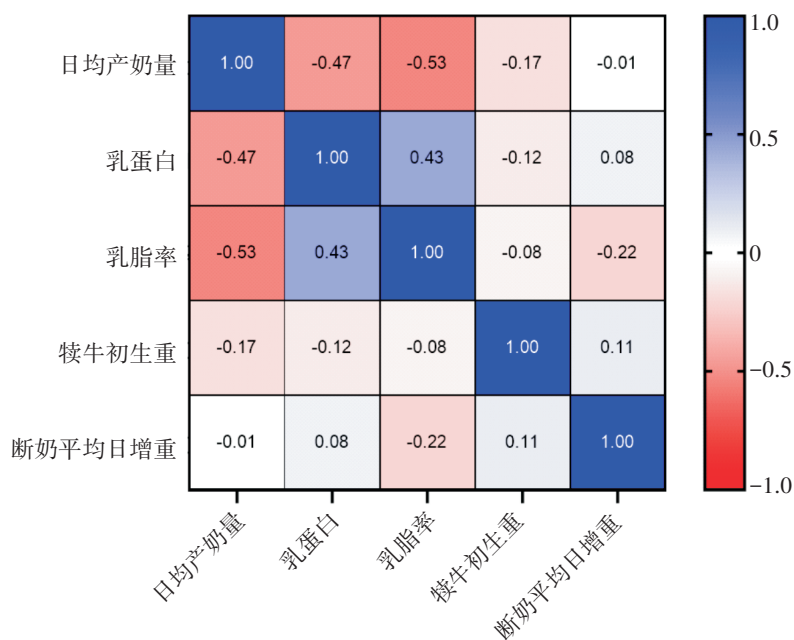


图1 相关性分析图

## 2.3 不同初产月龄和胎次对荷斯坦母牛产奶性能和犊牛生长性能的影响

初产月龄对母牛的日均产奶量影响显著,初产月龄在24月龄开始达到高产平台期,初产月龄 $\geq 26$ 月龄时,母牛日均产奶量显著高于 $< 22$ 月龄和22~23月龄2个水平,达到38.11 kg;初产月龄对乳脂率和乳蛋白影响不显著;初产月龄对犊牛初生重影响显著,初产月龄 $\geq 26$ 月龄时犊牛初生重显著高于22月龄、22~23月龄和23~24月龄3个水平,达到了38.23 kg;初产月龄对犊牛断奶平均日增重影响显著,23~24月龄水平显著高于其他水平,达到了940.33 g。不同胎次对母牛日均产奶量、乳脂率、乳蛋白、犊牛初生重、断奶平均日增重均有显著影响,日均产奶量、犊牛初生重和断奶平均日增重

在3胎水平最高,母牛产奶的乳脂率和乳蛋白在2胎水平最高,见表2。

表2 不同初产月龄和胎次荷斯坦母牛日均产奶量、乳品质及犊牛初生重、断奶平均日增重的影响

效应	水平	数据量	日均产奶量/kg	乳脂率/%	乳蛋白/%	犊牛初生重/kg	断奶平均日增重/g
初产月龄	<22	246	32.55±5.24 <sup>c</sup>	3.80±0.25	3.23±0.29	36.10±3.34 <sup>bc</sup>	924.95±143.76 <sup>bc</sup>
	22~23	436	36.18±5.37 <sup>b</sup>	3.79±0.30	3.22±0.19	35.87±3.20 <sup>c</sup>	935.68±101.56 <sup>b</sup>
	23~24	649	37.31±5.31 <sup>ab</sup>	3.83±0.35	3.25±0.26	36.80±3.87 <sup>b</sup>	940.33±131.21 <sup>a</sup>
	24~25	536	37.84±5.25 <sup>a</sup>	3.80±0.33	3.22±0.25	37.60±3.56 <sup>ab</sup>	920.19±119.71 <sup>c</sup>
	25~26	455	37.43±6.20 <sup>ab</sup>	3.81±0.28	3.24±0.30	37.98±3.21 <sup>ab</sup>	912.59±112.72 <sup>d</sup>
	≥26	308	38.11±6.10 <sup>a</sup>	3.79±0.26	3.21±0.28	38.23±3.52 <sup>a</sup>	908.77±112.30 <sup>d</sup>
胎次	1胎	751	31.44±5.28 <sup>b</sup>	3.72±0.33 <sup>b</sup>	3.06±0.27 <sup>b</sup>	36.75±4.99 <sup>c</sup>	930.50±120.76 <sup>c</sup>
	2胎	896	33.95±5.03 <sup>b</sup>	3.84±0.27 <sup>a</sup>	3.33±0.39 <sup>a</sup>	40.43±3.78 <sup>b</sup>	936.35±126.32 <sup>b</sup>
	3胎	983	36.40±4.95 <sup>a</sup>	3.71±0.31 <sup>b</sup>	3.12±0.34 <sup>b</sup>	41.24±3.66 <sup>a</sup>	942.88±125.68 <sup>a</sup>

注:同一效应同列数据肩标不同小写字母代表差异显著( $P<0.05$ ),肩标相同字母或无字母代表差异不显著( $P>0.05$ )。

### 3 讨论

#### 3.1 不同初产月龄对犊牛生长性能的影响

一般认为荷斯坦母牛在14月龄达到性成熟阶段<sup>[9,10]</sup>,此阶段进行初配,可使其在24月龄左右达到体成熟并顺利产犊<sup>[11]</sup>,此初配月龄也被证实为最佳初配月龄,不仅显著提高母牛后续的产奶性能和繁殖性能,创造更多的养殖经济效益,更对犊牛的生长性能及未来的潜在产奶性能有着显著影响<sup>[12-14]</sup>。本试验发现,当母牛初产月龄≥26月龄时,所产的犊牛初生重最高,推测可能与母牛生殖系统发育程度和营养代谢效率的变化有关,相较于初产月龄低于26月龄的母牛,该水平的母牛有着更充足的发育时间,生理健康状态更加优良,妊娠期对胎儿的营养供应更加充足<sup>[15,16]</sup>。

研究发现,初产月龄适宜的母牛在拥有完善的生殖系统的同时,基础代谢能力更为旺盛,表达出更高的营养转化效率,能为犊牛提供更加优质的初乳和常乳,支撑犊牛早期快速生长<sup>[17]</sup>。周福振等人研究发现,初产月龄在24月龄以下的母牛所产犊牛的断奶日增重显著高于初产月龄大于24月龄母牛所产的犊牛,并且初产月龄与犊牛断奶日增重呈显著负相关<sup>[14]</sup>,这与本试验结果基本一致。

#### 3.2 不同初产月龄对母牛产奶性能的影响

产奶量是衡量母牛产奶性能最重要指标,也是规模化养殖场最核心的盈利来源,母牛的初产月龄对其后续产奶量有着显著的影响,初产月龄过早或过晚都会对产奶量造成不利影响<sup>[18,19]</sup>。研究表明初产月龄在24月龄左右时,相较初产月龄较大的母牛显著提高了产奶量<sup>[20]</sup>。本试验发现,母牛初产月龄在24月龄左右可进入高产平台期,虽然≥26月龄水平日均产奶量最高,但从实际生产角度出发,初产月龄在24月龄的日均产奶量与≥26月龄水平无显著差异( $P>0.05$ ),该初产月龄在保证良好产奶性能的同时,能更优地平衡母牛生长发育和生产性能,有效缩短非生产期,进而提升养殖经济效益。因此,24月龄左右是生产实践中更具管理意义和实践价值的初产关键节点。

初产月龄适宜的母牛乳腺腺泡上皮细胞分化充分,其乳脂合成关键酶及乳蛋白合成相关基因表达水平达到峰值,从而显著增强乳蛋白及乳脂的合成能力<sup>[21,22]</sup>。初产月龄小于22月龄的母牛乳腺导

管系统尚未完全发育,导致乙酸等乳脂前体物质的摄取效率大幅下降<sup>[22,23]</sup>,同时,该阶段母牛仍处于快速生长期,自身生长与泌乳代谢的营养分配存在竞争关系,这可能进一步限制乳蛋白合成<sup>[24]</sup>。而初产月龄大于28月龄的母牛则可能因体脂沉积引发胰岛素敏感性下降,导致葡萄糖向乳糖转化的优先级降低,间接影响乳蛋白分泌<sup>[25]</sup>。

与既往报道相比,本研究发现初产月龄对乳脂率的影响较乳蛋白更为显著( $P<0.01$ ),这与DRACKLEY J K等提出的“乳脂合成对代谢能量平衡更敏感”的假说基本一致<sup>[26]</sup>。初产月龄过早,母牛产奶乳脂率下降可能由于其瘤胃发育不完善,导致瘤胃中产生的乙酸不足有关,而初产月龄较晚的母牛的乳蛋白降低可能由于其肝脏中尿素循环增强,引发机体内氨基酸代谢失衡所致<sup>[27]</sup>。

### 3.3 不同胎次对犊牛生长性能的影响

朱怡慧和代旭等人对不同胎次犊牛初生重研究发现,母牛生产胎次对犊牛初生重存在显著影响,初产母牛所产犊牛初生重最低,并且犊牛初生重随着胎次的增加而增加<sup>[28,29]</sup>,这与本试验结果基本一致。头胎母牛所产犊牛初生重较低可能是由于头胎母牛尚未达到体成熟标准,摄入的能量更多被用于母体的生长发育,与胎牛存在营养竞争现象<sup>[30]</sup>。经产母牛相较于头胎母牛,妊娠期间具有更丰富的繁殖经验和更加良好的身体状况,使其能在妊娠过程中为胎儿提供更稳定的生长环境和更充足的营养物质,从而促进胎儿的生长发育<sup>[31]</sup>。

ŠLYŽIENĖ B等人的研究发现,相较于头胎母牛,经产母牛所产犊牛的断奶平均日增重显著提高,并且与母牛胎次呈正相关<sup>[32]</sup>,这一发现与本试验结果相近。推测由于经产母牛所产犊牛初生重较高,而在犊牛生长发育的过程中,犊牛初生重与其早期生长性能存在正向关联,初生重较高的犊牛在能量储备、抗逆能力及营养吸收效率方面具有先天的生理优势<sup>[33]</sup>。

### 3.4 不同胎次对母牛产奶性能的影响

王海洋等人对不同胎次母牛日均产奶量进行研究,发现母牛的日均产奶量高峰出现在第3胎<sup>[34]</sup>,经产奶牛由于乳腺组织发达,代谢能力更强,产奶性能也更为优异<sup>[35]</sup>,这与本试验的发现一致。初产奶牛较经产奶牛机体尚未完全成熟,能量和营养物质更多被用于自身生长,用于泌乳的营养物质相对减少,从而导致其泌乳能力相对较差<sup>[36]</sup>。

MOREY S D等发现母牛在第2胎次时,乳脂率和乳蛋白显著高于第1、3胎次母牛<sup>[37]</sup>,可能是由于2胎母牛在泌乳初期的能量负平衡较轻,代谢状态较为稳定,能更有效地将营养物质转化为乳成分,而3胎母牛虽然产奶量最高,但由于其能量负平衡现象更为严重,可能导致乳脂和乳蛋白合成效率下降<sup>[38]</sup>。

## 4 结 论

综上所述,初产月龄在24月龄开始达到高产平台期,初产月龄 $\geq 26$ 月龄时,母牛的日均产奶量显著高于 $<22$ 月龄和22~23月龄2个水平;23~24月龄时犊牛断奶平均日增重最高,表明适宜的初产月龄有助于提高母牛泌乳性能和犊牛生长性能。胎次方面,3胎母牛的日均产奶量、犊牛初生重和断奶平均日增重均达到最高,2胎母牛的乳脂率和乳蛋白显著高于1胎和3胎母牛,表明胎次对母牛产奶性能和犊牛生长性能具有显著影响。

## 参考文献

- [1] 刘华. 奶牛初产月龄与其利用年限和生产性能关系的研究[J]. 新疆畜牧业, 2012, 27(6):19-20.
- [2] 魏鹏飞, 张淑君, 滑国华. 不同养殖模式下产犊季节、泌乳季节及胎次对荷斯坦牛产奶量及乳品质的影响[J]. 中国奶牛, 2017(1):21-25.

- [3] 张宇,栗汉松.奶牛乳房炎与产犊胎次的关系及预防管理方式的探讨[J].黑龙江八一农垦大学学报,2023,35(4):45-50.
- [4] SALAMOŃCZYK E. Cow's milk quality and energy value during different lactation stages[J]. *Acta Scientiarum Polonorum. Technologia Alimentaria*, 2013, 12(3):303-310.
- [5] MOUSAVI-HAGHSHENAS M A, HASHEMZADEH F, GHORBANI G R, et al. Trace minerals source in calf starters interacts with birth weights to affect growth performance[J]. *Scientific Reports*, 2022(12):18763.
- [6] VAN EETVELDE M, JONG G D, VERDRU K, et al. A large-scale study on the effect of age at first calving, dam parity, and birth and calving month on first-lactation milk yield in Holstein Friesian dairy cattle[J]. *Journal of Dairy Science*, 2020, 103(12):11515-11523.
- [7] 唐慧,王巍,甘佳,等.影响母牛产奶量的重要因素分析[J].四川畜牧兽医,2015,42(12):34-36.
- [8] 葛文霞,柳旭伟,牛彦兵,等.胎次、产犊月份对新疆北疆地区荷斯坦奶牛产奶量的影响分析[J].黑龙江畜牧兽医,2014(8):28-29.
- [9] 邓健.不同胎次荷斯坦奶牛产奶性能、奶品质和奶氨基酸含量的比较分析[J].中国饲料,2024(18):17-20.
- [10] 孙胜祥,张保中,马青梅,等.青年和成年中国荷斯坦母牛在不同月份的繁殖性能比较[J].中国畜牧杂志,2024,60(6):335-339.
- [11] 安松岩,常瑶,陈群,等.荷斯坦牛与娟姗牛体尺性状生长曲线的比较研究[J].中国畜牧兽医,2023,50(12):4947-4957.
- [12] ARCHBOLD H, SHALLOO L, KENNEDY E, et al. Influence of age, body weight and body condition score before mating start date on the pubertal rate of maiden Holstein - Friesian heifers and implications for subsequent cow performance and profitability[J]. *Animal*, 2012, 6(7):1143-1151.
- [13] KRPÁLKOVÁ L, CABRERA V E, VACEK M, et al. Effect of prepubertal and postpubertal growth and age at first calving on production and reproduction traits during the first 3 lactations in Holstein dairy cattle[J]. *Journal of Dairy Science*, 2014, 97(5):3017-3027.
- [14] 周福振,周部,代旭,等.影响荷斯坦母犊断奶平均日增重的因素分析[J].家畜生态学报,2023,44(2):25-29,70.
- [15] HURLBERT J L, MENEZES A C B, BAUMGAERTNER F, et al. Vitamin and mineral supplementation to beef heifers during gestation: impacts on morphometric measurements of the neonatal calf, vitamin and trace mineral status, blood metabolite and endocrine profiles, and calf organ characteristics at 30 h after birth[J]. *Journal of Animal Science*, 2024(102):116.
- [16] 葛汝方.后备荷斯坦母牛(8~10月龄)饲料中代谢葡萄糖与代谢蛋白需要量研究[D].扬州:扬州大学,2016.
- [17] HAMMON H M, LIERMANN W, FRIETEN D, et al. Review: importance of colostrum supply and milk feeding intensity on gastrointestinal and systemic development in calves[J]. *Animal*, 2020(14):133-143.
- [18] 张彬,刘赫,释凯,等.荷斯坦奶牛首次产犊月龄对其头胎产奶量的影响调查[J].中国畜牧杂志,2018,54(1):131-133.
- [19] 赵善江,帅志强,庞云渭,等.荷斯坦青年牛初次配种妊娠月龄对头胎和二胎产奶量和繁殖性能的影响[J].畜牧兽医学报,2020,51(4):732-742.
- [20] 李霞,刘娜,扎拉嘎,等.初次配种妊娠月龄对荷斯坦奶牛产奶量、繁殖性能和产后健康的影响[J].中国畜牧杂志,2023,59(9):327-331.
- [21] COOKE J S, CHENG Z R, BOURNE N E, et al. Association between growth rates, age at first calving and subsequent fertility, milk production and survival in Holstein-Friesian heifers[J]. *Open Journal of Animal Sciences*, 2013, 3(1):1-12.
- [22] KESEK-WOZNIAK M, DANIELEWICZ K, PARA J, et al. ACACA FASN and SCD gene expression in somatic cells throughout lactation and its relation to fatty acid profile in cow milk[J]. *Animal Science Papers and Reports*, 2023, 41(1):17-26.
- [23] 张莎莎,苗苗,成宇,等.牛奶中乳脂率影响因素研究[J].中国奶牛,2024(10):5-9.
- [24] REDIFER C A, WICHMAN L G, RATHERT-WILLIAMS A R, et al. Nutrient restriction during late gestation reduces milk yield and mammary blood flow in lactating primiparous beef females[J]. *Journal of Animal Science*, 2024(102):016.
- [25] LAGE C F A, AZEVEDO R A, MACHADO F S, et al. Effect of increasing amounts of milk replacer powder added to whole milk on postweaning performance, reproduction, glucose metabolism, and mammary fat pad in dairy heifers[J]. *Journal of Dairy Science*, 2017, 100(11):8967-8976.
- [26] DRACKLEY J K, CARDOSO F C. Prepartum and postpartum nutritional management to optimize fertility in high-yielding dairy cows in confined TMR systems[J]. *Animal*, 2014(8):5-14.
- [27] JI P, DRACKLEY J K, KHAN M J, et al. Inflammation- and lipid metabolism-related gene network expression in visceral

- and subcutaneous adipose depots of Holstein cows[J]. *Journal of Dairy Science*, 2014, 97(6):3441–3448.
- [28] 朱怡慧, 朱小瑞, 邢世宇, 等. 影响荷斯坦犊牛初生重的原因分析[J]. *中国奶牛*, 2014(23):12–15, 16.
- [29] 代旭, 周福振, 周部, 等. 荷斯坦犊牛初生重的影响因素分析[J]. *中国奶牛*, 2021(7):33–37.
- [30] BELLOWS R A, SHORT R E, ANDERSON D C, et al. Cause and effect relationships associated with calving difficulty and calf birth weight[J]. *Journal of Animal Science*, 1971, 33(2):407–415.
- [31] AKBARINEJAD V, GHARAGOZLOU F, VOJGANI M, et al. Nulliparous and primiparous cows produce less fertile female offspring with lesser concentration of anti-Müllerian hormone (AMH) as compared with multiparous cows[J]. *Animal Reproduction Science*, 2018(197):222–230.
- [32] ŠLYŽIENĖ B, MEČIONYTĖ I, ŽILAITIS V, et al. The association between Charolais cows' age at first calving, parity, breeding seasonality, and calf growing performance[J]. *Animals*, 2023, 13(18):2901.
- [33] CARSTENS G E, JOHNSON D E, HOLLAND M D, et al. Effects of prepartum protein nutrition and birth weight on basal metabolism in bovine neonates[J]. *Journal of Animal Science*, 1987, 65(3):745–751.
- [34] 王海洋, 郭梦玲, 梁艳, 等. 荷斯坦牛不同泌乳阶段累计产奶量和305d产奶量的相关性分析[J]. *家畜生态学报*, 2022, 43(3):13–19.
- [35] 马小雪, 龙锐, 何开兵, 等. 基于奶牛生产性能测定体系(DHI)数据的奶牛泌乳性能影响因素分析[J]. *饲料研究*, 2023, 46(24):66–70.
- [36] 张洁, 张程, 侯扶江. 奶牛体况与胎次、泌乳阶段和生产性能的关系[J]. *草业科学*, 2016, 33(4):771–777.
- [37] MOREY S D, MAMEDOVA L K, ANDERSON D E, et al. Effects of encapsulated niacin on metabolism and production of periparturient dairy cows[J]. *Journal of Dairy Science*, 2011, 94(10):5090–5104.
- [38] STORLI K S, HERINGSTAD B, SALTE R. Effect of dams' parity and age on daughters' milk yield in Norwegian Red cows [J]. *Journal of Dairy Science*, 2014, 97(10):6242–6249.

## Effects of different Parities and Age at First Calving on Milk Production Performance of Holstein Cows and Growth Performance of Calves in Xinjiang

YAO Kangyu<sup>1</sup>, DU Yu<sup>2</sup>, WANG Zhiwei<sup>3</sup>, SHI Hao<sup>3</sup>, WEI Yong<sup>3\*</sup>

(1. Xinjiang Agricultural University, Urumqi, Xinjiang 830052, China;

2. Animal Husbandry and Veterinary Work Station of Xinjiang Production and Construction Corps, Urumqi, Xinjiang 830063, China; 3. Xinjiang Terun Dairy Co., Ltd., Urumqi, Xinjiang 830000, China)

**Abstract:** [Objective] This study aimed to investigate the effects of parity and age at first calving on the milk production performance of Holstein cows and calf growth performance across nine large-scale farms under Xinjiang Terun Dairy Co., Ltd. [Methods] Cows were classified by age at first calving in six levels: <22 months, 22 to 23 months, 23 to 24 months, 24 to 25 months, 25 to 26 months, ≥26 months; and by parity in three levels: first parity, second parity, third parity. SPSS 19.0 statistical analysis software was used to conduct one-way analysis of variance (ANOVA) on average daily milk yield, milk protein content, milk fat percentage, calf birth weight, and daily weight gain at weaning. Duncan's multiple range test was adopted to analyze the effects of calving age and parity on cow milk production and calf growth performance. [Results] In terms of age at first calving, cows aged ≥26 months at first calving exhibited the highest average daily milk yield, reaching 38.11 kg, which significantly higher than those of the two groups aged <22 months and 22 to 23 months. Age at first calving significantly influenced calf birth weight and weaning daily gain; calves born to cows aged ≥26 months exhibited the highest birth weights, while those born to cows aged 23 to 24 months showed significantly higher weaning daily gains than other groups. Regarding parity, cows in their third parity exhibited the highest average daily milk yield, calf birth weight, and weaning daily gain. Conversely, while cows in their second parity demonstrated significantly higher milk fat percentage and milk protein content compared to those in their first or third parity. [Conclusion] An appropriate age at first calving contributed to improving the milk production performance of cows and growth performance of calves. Parity also had a significant impact on above two performances.

**Key words:** parity; age at first calving; milk production performance; growth performance; milk composition

10.16863/j.cnki.1003-6377.2026.01.005

# 阿勒泰地区牛结核病感染情况调查分析

罗鹏飞<sup>1</sup>, 吕双燕<sup>1\*</sup>, 赵玉康<sup>1\*</sup>, 叶尔肯·哈布力汗<sup>1</sup>, 赛力克·巴合达吾列提<sup>1</sup>,  
叶勒肯·托留根<sup>1</sup>, 田彦霞<sup>1</sup>, 常禹梁<sup>1</sup>, 郑汝芸<sup>1</sup>, 杜炎斌<sup>2</sup>, 李鑫<sup>3</sup>

(1.阿勒泰地区动物疾病控制与诊断中心, 新疆阿勒泰 836500;

2.伊州区动物疫病预防控制中心, 新疆哈密 839000;

3.黑龙江省动物疫病预防控制中心, 黑龙江哈尔滨 150000)

**摘要:**【目的】牛结核病是由结核分枝杆菌复合群引起的一种慢性消耗性人兽共患病,该病不仅严重制约牛产业健康发展,同时威胁公共卫生安全 and 人民群众身体健康。【方法】本试验参照《动物结核病诊断技术》(GB/T 18645—2020)标准,采用牛型结核菌素皮内变态反应试验对阿勒泰地区7个区域内1 190头不同年龄段奶牛进行初筛普检,锁定结核阳性或疑似阳性奶牛,采用IFN- $\gamma$ 体外检测试验、荧光定量PCR方法进行确诊,分析比较在牛结核病检测中单独或联合使用不同检测方法的优缺点。【结果】结果表明,牛型结核菌素皮内变态反应试验检测牛结核阳性率为1.51%(18/1 190),3~4岁年龄段牛结核感染率最高。对18份阳性样品与其他抽取的301份样品通过IFN- $\gamma$ 体外检测试验、荧光定量PCR方法分别与牛型结核菌素皮内变态反应试验进行对比,得到3种试验方法均检测出结核阳性的奶牛共有15头,Kappa值=0.71,说明检验结果高度一致。IFN- $\gamma$ 体外检测、荧光定量PCR方法分别与牛型结核菌素皮内变态反应试验的阳性符合率均为83.33%(15/18),阴性符合率均为99.00%(298/301),整体符合率高于85.00%,说明检测结果较好。【结论】牛型结核菌素皮内变态反应试验敏感性高但特异性低,可以通过IFN- $\gamma$ 体外检测试验或荧光定量PCR方法加以辅助,从而更加精确地找到结核阳性牛,IFN- $\gamma$ 体外检测试验可以有效发现早期感染结核的牛,从精确性、成本等方面考虑在临床上可以作为牛型结核菌素皮内变态反应试验的辅助确诊方法加以推广使用。

**关键词:**牛结核病;结核菌素; $\gamma$ -干扰素(IFN- $\gamma$ )体外检测;荧光定量PCR

中图分类号:S858.23

文献标识码:A

文章编号:1003-6377(2026)01-0033-10

牛结核病是由结核分枝杆菌复合群引起的一种慢性消耗性人兽共患传染病<sup>[1]</sup>,该病主要侵害机体肺部以及淋巴组织,使其出现干酪性坏死灶和慢性炎性肉芽肿等病变<sup>[2]</sup>;该病主要传染源是患有结核病的牛的分泌物、排泄物和乳汁等,病菌主要通过患病牛咳嗽喷出的飞沫或空气中悬浮的带菌尘埃经呼吸道传播,也可以通过被污染的饲料、饮水经消化道传播,具有高度传染性<sup>[3]</sup>;该病发病部位不同,症状也有所不同,常表现为淋巴结核和肺结核,也可出现乳房结核、生殖器官结核、肠结核和脑膜结核6种组织结核<sup>[4,5]</sup>。牛分枝杆菌和结核分枝杆菌可以在人和牛之间相互传播<sup>[6]</sup>,奶牛和水

**基金项目:**新疆维吾尔自治区自然科学基金地州科学基金项目“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(1987—),男,硕士,高级兽医师,研究方向为基础兽医学。E-mail:altdwjzx@sina.com

**通信作者:**吕双燕(1986—),女,本科,高级兽医师,研究方向为预防兽医学。E-mail:751691576@qq.com

赵玉康(1968—),男,本科,正高级兽医师,研究方向为临床兽医学。E-mail:2205652779@qq.com

收稿日期:2025-10-28,修回日期:2025-12-13

牛最为易感<sup>[7]</sup>。人感染结核病主要通过接触患病牛、吸入含菌气溶胶或食用被污染的牛奶、奶制品以及摄入未煮熟的生肉等<sup>[8]</sup>,通过消化道被感染。畜牧兽医行业的工作人员、屠宰场的工作人员和密切接触牛群的养殖户为结核病易感高危人群<sup>[5]</sup>。

牛结核病在世界各国均有流行,部分国家个体流行率为0.77%~25.57%<sup>[9,10]</sup>。有关报道称中国牛结核病流行率为0%~15%,印度牛结核病流行率为1.6%~25%,非洲国家牛结核病流行率为1%~50%<sup>[11]</sup>。我国是牛结核病发病率较高的国家之一<sup>[12,13]</sup>,该病严重制约养牛业发展,威胁公共卫生安全和人民群众身体健康。世界动物卫生组织将其列为必须通报的动物疫病之一,我国将其列为二类动物疫病<sup>[14]</sup>。《全国畜间人兽共患病防治规划(2022—2030年)》明确牛结核病防治目标为:到2025年25%以上的规模奶牛养殖场达到净化或无疫标准,到2030年50%以上的规模奶牛养殖场达到净化或无疫标准<sup>[15]</sup>。牛结核病在新疆流行历史久远,流行范围十分广泛<sup>[16]</sup>,据相关资料报道,乌鲁木齐市和昌吉回族自治州牛结核病感染率较高<sup>[17]</sup>,近年来随着农业农村经济快速发展,活牛调运和市场交易也越来越频繁,牛结核病发生概率大幅增加。阿勒泰地区近两年没有确切的本地区范围内牛结核病流行率的官方数据。为掌握阿勒泰地区牛结核病的流行情况,本研究对2024—2025年阿勒泰地区7个区域内3~6岁不同年龄段的1190头奶牛感染结核病情况通过牛型结核菌素皮内变态反应试验进行初筛普检,锁定结核阳性或疑似阳性奶牛,并系统随机抽取部分牛型结核菌素皮内变态反应试验阴性奶牛,采用荧光定量PCR、IFN- $\gamma$ 体外检测试验进行确诊对比,分析比较在牛结核病检测中单独或联合使用不同检测方法的优缺点,以期为阿勒泰地区牛结核病防控和净化提供数据支撑。

## 1 材料与方法

### 1.1 检测类型与对象

目标群为阿勒泰地区A—G 7个区域内3个养殖大户(存栏量 $\geq$ 50头)和169个散养户,对象为3~6岁不同年龄段的奶牛1190头。

### 1.2 抽样策略

采用随机数字发生器对3个养殖大户和169个散养户进行随机抽样<sup>[18]</sup>。个体按照发现疫病的方法进行抽样,设预期流行率为10%,试验敏感性为90%,取95%置信水平,10%可接受误差,计算出3个养殖大户抽样242个。养殖大户和散养户按照圈舍进行系统随机抽样,散养户共抽样948个。小于10头奶牛的散养户全检。抽样排除3月龄以内犊牛、怀孕母牛以及瘦弱病牛。

### 1.3 样品采集

对抽样的1190头奶牛全部编号标记,采用牛型结核菌素皮内变态反应试验普检,并无菌采集牛型结核菌素皮内变态反应试验阳性奶牛及疑似阳性奶牛抗凝血。另外,采集部分试验结果为阴性的奶牛抗凝血,常温8 h内送回实验室进行抗原刺激。

### 1.4 主要试剂、耗材与仪器

#### 1.4.1 主要试剂

主要试剂及生产厂家,见表1。

表1 主要试剂

试剂名称	生产厂家
国产提纯结核菌素	哈药集团生物工程有限公司
牛结核 IFN- $\gamma$ ELISA 检测试剂盒	青岛瑞尔生物有限公司

续表

试剂名称	生产厂家
牛结核分枝杆菌荧光定量 PCR 检测试剂盒	广州悦洋生物技术有限公司
刺激抗原	青岛瑞尔生物有限公司
抗原稀释液 RPMI 1 640 Medium(Gibco 72400-013)	赛默飞世尔科技(中国)有限公司

#### 1.4.2 主要耗材

主要耗材及生产厂家,见表2。

表2 主要耗材

耗材名称	生产厂家
剃毛刀及刀片	吉利公司
一次性无菌注射器带针(1 mL)	江西富尔康实业集团有限公司
一次性使用真空贮血管(肝素钠抗凝管)(5 mL)	江苏康捷医疗器械有限公司
一次性采血盛血管(10 mL)	江苏康捷医疗器械有限公司
无菌24孔细胞培养板	Corning 公司
1.5 mL EP管、10 $\mu$ L、200 $\mu$ L 和 1 000 $\mu$ L 吸头	Axygen 公司
1 mL 加长型蓝色灭菌带滤芯吸头	Kirgen 公司
EP管管架、广口塑料瓶(30 mL、70 mL、125 mL)	上海生工生物股份有限公司
5 mL、50 mL 离心管,防护服、鞋套等	南昌市恩惠医疗卫生材料有限公司

#### 1.4.3 主要仪器

主要仪器及生产厂家,见表3。

表3 主要仪器

仪器名称	生产厂家
CFX96 荧光定量 PCR 扩增仪	Red-TimeSystem 公司
电子数显游标卡尺(150 mm)	烟台市绿林工具有限公司
BHC-130011A2 生物安全柜	上海一恒科学仪器有限公司
HPX-160BS-III 恒温箱	上海新苗医疗器械制造有限公司
200 $\mu$ L、1000 $\mu$ L 移液器、300 $\mu$ L 8/12 道移液枪	德国艾本德股份公司
微量振荡器	IKA 公司
Tecan Infinite® F50 酶标仪	瑞士 Tecan 公司
Sigma 离心机	江苏省金坛市医疗仪器有限公司

### 1.5 试验方法

#### 1.5.1 牛型结核菌素皮内变态反应试验

按照《动物结核病诊断技术》(GB/T 18645—2020)要求操作<sup>[19]</sup>。对待检奶牛全部编号,在颈侧中部上 1/3 处剃毛(或提前 1 d 剃毛),直径约 10 cm。用游标卡尺测量注射部位中央皮皱厚度,并做好记录。注射部位应无明显病变。用 75% 的酒精棉或碘伏消毒注射部位,然后皮内注射浓度 2 000 IU/mL

牛型结核菌素 0.1 mL。注意观察有无热痛、红肿等炎性反应,分别于注射前和注射后 72 h 测量皮肤厚度,计算皮厚差。对疑似反应奶牛立即在另一侧以同一批牛型结核菌素进行第二次皮内注射,再经 72 h 观察反应结果。对阴性奶牛和疑似反应奶牛,于注射后 96 h 和 120 h 再分别观察一次,以防止个别奶牛出现迟发性变态反应,记录全部结果,见表 4。

表 4 牛型结核菌素皮内变态反应试验判定标准

结果	判定标准	炎性反应	备注
阳性	皮厚差 $\geq 4.0$ mm	明显	
可疑	$2.0$ mm $\leq$ 皮厚差 $< 4.0$ mm	轻度	判定为可疑奶牛,于 42 d 后进行复检,其结果仍为可疑或阳性的,则判定为阳性
阴性	皮厚差 $< 2.0$ mm	无	

### 1.5.2 IFN- $\gamma$ 体外检测试验

按照《动物结核病诊断技术》(GB/T 18645—2020)要求操作<sup>[19]</sup>。无菌抽取待检奶牛全血 5 mL 以上至肝素钠抗凝管中,颠倒混匀 3~5 次,常温保存,30 h 内送达实验室进行刺激培养。培养试验开始前准备清洁无菌 2 mL 平底离心管和无菌 PBS,将装有抗凝血的采血管上下颠倒 5~10 次,样品无菌分装到 24 孔培养板中,每份样品 3 孔,每孔分装 1 mL,再分别加入 100  $\mu$ L 牛结核菌素(bPPD)、禽结核菌素(aPPD)及 PBS,振荡混匀,使血样与刺激抗原或 PBS 充分混合;置 37  $^{\circ}$ C 培养箱中培育 16~20 h。取上清液 100  $\mu$ L 按序列转入 ELISA 反应板中,37  $^{\circ}$ C 培育 45 min;甩掉板孔中的液体,用洗涤液洗板 3 次,300  $\mu$ L/孔,每次静置 1 min 后倒掉,最后一次拍干。每孔加入兔抗牛 IFN- $\gamma$  多克隆抗体 100  $\mu$ L,37  $^{\circ}$ C 培育 30 min,洗板;每孔加入酶标记物 100  $\mu$ L,37  $^{\circ}$ C 培育 30 min,洗板。加底物,室温避光显色 10 min。每孔加入终止液,10 min 内在酶标仪上测定各孔 OD<sub>630nm</sub> 值。bPPD 血液培养上清孔 OD<sub>630nm</sub> 值记作 OD<sub>bPPD</sub>,aPPD 血液培养上清孔 OD<sub>630nm</sub> 值记作 OD<sub>aPPD</sub>,PBS 血液培养上清孔 OD<sub>630nm</sub> 值记作 OD<sub>PBS</sub>。计算 OD<sub>bPPD</sub>、OD<sub>aPPD</sub>、OD<sub>PBS</sub> 之间的差值,见表 5。

表 5 牛结核 IFN- $\gamma$  体外检测试验判定标准

结果	判定标准
阳性	$OD_{bPPD} - OD_{PBS} \geq 0.2$ , 且 $OD_{bPPD} - OD_{aPPD} \geq 0.2$
阴性	$OD_{bPPD} - OD_{PBS} < 0.2$ , 且 $OD_{bPPD} - OD_{aPPD} < 0.2$

### 1.5.3 荧光定量 PCR 方法

- (1)按照 DNA 提取试剂盒说明书提取 DNA 模板<sup>[20]</sup>。
- (2)在配套荧光定量 PCR 管中配置反应体系,盖紧管盖后瞬时离心 10 s,转移至扩增区,见表 6。

表 6 牛结核荧光定量 PCR 反应体系

成分	体积
TB 反应 A 液	15 $\mu$ L
TB 反应 B 液	5 $\mu$ L
DNA 模板	5 $\mu$ L
总体积	25 $\mu$ L

(3)取配好体系的反应管,放置在样品槽相应位置,记录顺序,按照荧光定量 PCR 扩增体系进行扩增,见表 7。

表7 牛结核荧光定量PCR扩增参数

阶段	温度	时间	循环数	备注
1	95 °C	3 min	1	
2	95 °C	15 s	45	FAM通道采集荧光信号
	60 °C	30 s(采集荧光信号)		

牛结核荧光定量PCR结果判定标准,见表8。

表8 牛结核荧光定量PCR结果判定标准

结果	判定标准	试剂盒有效性判定
阳性	Ct值 ≤38,且曲线有明显的指数增长	FAM通道Ct值 ≤30,有明显指数增长,呈典型的S型曲线
可疑	38 < Ct值 ≤ 45	建议重复试验,重复结果仍为 38 < Ct值 ≤ 45 和明显扩增曲线者为阳性,否则为阴性
阴性	无Ct值	无Ct值,线性为直线或微斜,无明显指数增长

## 1.6 数据分析

文中Kappa系数计算公式如下:

$$\text{Kappa} = \frac{P_o - P_e}{1 - P_e}$$

其中, $P_o$ 为观察符合率, $P_e$ 为机遇符合率。

## 2 结果与分析

### 2.1 牛型结核菌素皮内变态反应试验结果

通过牛型结核菌素皮内变态反应试验对阿勒泰地区A—G 7个区域内1 190头奶牛普检,共检出18头阳性奶牛(含疑似阳性奶牛5头),个体阳性率为1.51%(18/1 190)、场群阳性率为3.49%(6/172)。其中,D区域、F区域、G区域均未检测出结核阳性牛。其余区域牛结核检测个体阳性率分别为A区域3.31%(6/181)、B区域1.11%(2/180)、C区域1.67%(3/180)、E区域4.67%(7/150);群体阳性率分别为A区域6.45%(2/31)、B区域3.57%(1/28)、C区域4.35%(1/23)、E区域10.00%(2/20)。结果表明,不同区域内牛结核病感染率明显不同,见表9。

表9 不同区域牛结核检测结果

区域	检测数/头	阳性数/头	阳性率/%	检测场群数/个	阳性场群数/个	场群阳性率/%
A	181	6	3.31	31	2	6.45
B	180	2	1.11	28	1	3.57
C	180	3	1.67	23	1	4.35
D	130	0	0.00	15	0	0.00
E	150	7	4.67	20	2	10.00
F	249	0	0.00	42	0	0.00

续表

区域	检测数/头	阳性数/头	阳性率/%	检测场群数/个	阳性场群数/个	场群阳性率/%
G	120	0	0.00	13	0	0.00
总计	1 190	18	1.51	172	6	3.49

## 2.2 不同年龄段牛结核感染情况调查结果

通过牛型结核菌素皮内变态反应试验对阿勒泰地区A—G 7个区域内1 190头奶牛进行普检,以年龄段作为讨论因素。共计调查结核阳性奶牛18头,总体阳性率为1.51%(18/1 190);其中, $X < 3$ 年龄段共计阳性奶牛4头,阳性率为1.09%; $3 \leq X < 4$ 年龄段阳性奶牛11头,阳性率为2.46%; $X \geq 4$ 年龄段阳性奶牛3头,阳性率为0.80%。单从本试验数据来看,不同年龄段的牛结核阳性率有所不同,尤其是 $3 \leq X < 4$ 年龄段感染率明显高于其他年龄段,见表10。

表10 不同年龄段奶牛结核检测结果

年龄	检测数/头	阳性数/头	阳性率/%
$X < 3$	367	4	1.09
$3 \leq X < 4$	448	11	2.46
$X \geq 4$	376	3	0.80
总计	1 190	18	1.51

## 2.3 养殖大户牛型结核菌素皮内变态反应试验、IFN- $\gamma$ 体外检测试验、荧光定量PCR方法检测结果

对阿勒泰地区A—G 7个区域内抽样的3个养殖大户242头奶牛通过牛型结核菌素皮内变态反应试验进行筛查,随机抽取牛结核筛查结果为阴性的64头奶牛与4头阳性奶牛(含疑似阳性奶牛2头)样品,通过IFN- $\gamma$ 体外检测试验、荧光定量PCR方法分别与牛型结核菌素皮内变态反应试验对比。牛型结核菌素皮内变态反应试验检出阳性奶牛4头,个体阳性率1.65%(4/242),IFN- $\gamma$ 体外检测试验、荧光定量PCR方法均检出阳性奶牛3头,个体阳性率4.41%(3/68),牛型结核菌素皮内变态反应试验与IFN- $\gamma$ 体外检测试验、荧光定量PCR方法均检出阳性奶牛3头,检测结果均为阴性的奶牛为65头,排除1头疑似阳性奶牛,见表11。

表11 养殖大户牛型结核菌素皮内变态反应、IFN- $\gamma$ 体外检测试验、荧光定量PCR方法检测结果

检测方法	样品数/头	阳性数/头	阴性数/头
牛型结核菌素皮内变态反应	242	4	238
IFN- $\gamma$ 体外检测	68	3	65
荧光定量PCR方法	68	3	65

## 2.4 散养户牛型结核菌素皮内变态反应试验、IFN- $\gamma$ 体外检测试验、荧光定量PCR方法检测结果

对阿勒泰地区A—G 7个区域内抽样的169个散养户948头奶牛通过牛型结核菌素皮内变态反应试验进行筛查,随机抽取牛结核筛查结果为阴性的251头奶牛与14头阳性奶牛(含疑似阳性奶牛3头)样品,通过IFN- $\gamma$ 体外检测试验、荧光定量PCR方法分别与牛型结核菌素皮内变态反应试验对比。牛型结核菌素皮内变态反应试验检出阳性奶牛14头(含疑似阳性奶牛3头),个体阳性率1.48%(14/948),IFN- $\gamma$ 体外检测试验、荧光定量PCR方法均检出阳性奶牛12头,个体阳性率4.78%(12/251),牛型结核菌素皮内变态反应试验与IFN- $\gamma$ 体外检测试验、荧光定量PCR方法均检

出阳性奶牛 12 头,检测结果均为阴性的奶牛为 239 头,排除牛型结核菌素皮内变态反应试验 2 头疑似阳性奶牛,1 头疑似阳性奶牛确诊为阳性,见表 12。

表 12 散养户牛型结核菌素皮内变态反应、IFN- $\gamma$  体外检测试验、荧光定量 PCR 方法检测结果

检测方法	样品数/头	阳性数/头	阴性数/头
牛型结核菌素皮内变态反应	948	14	934
IFN- $\gamma$ 体外检测	251	12	239
荧光定量 PCR 方法	251	12	239

## 2.5 IFN- $\gamma$ 体外检测试验、荧光定量 PCR 方法符合率

对阿勒泰地区 A—G 7 个区域内牛型结核菌素皮内变态反应试验阳性的 18 头奶牛(含疑似阳性奶牛 5 头)以及抽取牛结核菌素皮内变态反应(PPD)结果为阴性的 301 头奶牛样品通过 IFN- $\gamma$  体外检测试验、荧光定量 PCR 方法分别与牛型结核菌素皮内变态反应试验对比。养殖大户和散养户使用 3 种试验方法均检测出结核阳性奶牛 12 头,IFN- $\gamma$  体外检测试验、荧光定量 PCR 方法检测阳性牛型结核菌素皮内变态反应试验样品,检出阴性奶牛均为 6 头,IFN- $\gamma$  体外检测试验、荧光定量 PCR 方法检测阴性牛型结核菌素皮内变态反应试验样品,检出阳性奶牛均为 3 头,共检测 319 头奶牛,代入 Kappa 计算公式,得到 Kappa 值等于 0.71,检验结果高度一致。IFN- $\gamma$  体外检测试验、荧光定量 PCR 方法分别与牛型结核菌素皮内变态反应试验的阳性符合率均为 83.33%(15/18),阴性符合率均为 99.00%(298/301),符合率高于 85.00%,说明检测结果较好,见表 13。

表 13 IFN- $\gamma$  体外检测试验、荧光定量 PCR 方法与牛型结核菌素皮内变态反应试验对比结果

方法	IFN- $\gamma$ 体外检测		总数/头	荧光定量 PCR 方法		总数/头	
	阳性数/头	阴性数/头		阳性数/头	阴性数/头		
PPD	阳性	12	6	18	12	6	18
	阴性	3	298	301	3	298	301
	总计	15	304	319	15	304	319

## 3 讨 论

随着牛产业的迅速发展,牛结核病感染率在我国普遍增长,规模养殖场被结核病污染的数量也有所增多<sup>[21]</sup>。每年在各规模养殖场和散养户中开展牛型结核菌素皮内变态反应试验检测的同时,针对性地对相关群体通过 IFN- $\gamma$  体外检测试验、荧光定量 PCR 方法进行对比,可以有效提高检测准确性<sup>[22]</sup>。本试验共检测 1 190 头奶牛样品,牛型结核菌素皮内变态反应试验检测阳性奶牛 18 头(含疑似阳性奶牛 5 头),个体阳性率为 1.51%(18/1 190)、场群阳性率为 3.49%(6/172)。3  $\leq$  X < 4 年龄段牛结核病感染率明显高于其他年龄段。对阳性的 18 份样品与其他抽取的 301 头奶牛通过 IFN- $\gamma$  体外检测试验、荧光定量 PCR 方法分别与牛型结核菌素皮内变态反应试验进行对比,在养殖大户和散养户中使用 3 种试验方法均检测出结核阳性的奶牛 15 头,Kappa 值=0.71,说明检验结果高度一致,而 IFN- $\gamma$  体外检测试验、荧光定量 PCR 方法与牛型结核菌素皮内变态反应试验的阳性符合率均为 83.33%(15/18),阴性符合率均为 99.00%(298/301),符合率高于 85.00%,说明检测结果较好。牛型结核菌素皮内变态反应试验敏感性高于 IFN- $\gamma$  体外检测试验、荧光定量 PCR 方法,以上方法的结果较为可靠,这几种方法在实际应用中都可以应用于牛结核病的检测<sup>[23]</sup>。

目前,对于牛结核病的检测筛查在临床上应用最广泛的是牛型结核菌素皮内变态反应试验,该试验一直被世界各国广泛使用<sup>[24]</sup>。该方法具有操作简单、检出率高、耗材和所需试剂费用低等优点<sup>[25]</sup>,敏感性高这一特点适用于基层推广使用。不足之处是该试验检测耗时长达72 h,结果判定上存在较大的主观性,很容易受检测人员主观判断的影响,操作繁琐需要经常校对游标卡尺等测量仪器,感染了其他病原菌的牛会出现假阳性<sup>[26,27]</sup>,特异性差<sup>[28,29]</sup>。目前,很多国家在牛型结核菌素皮内变态反应试验上都开始选择同时接种牛型结核菌素、禽型结核菌素的比较皮内变态反应试验,通过两种结核菌素所产生的不同的反应来区分牛分枝杆菌的感染和其他分枝杆菌的感染。

IFN- $\gamma$ 体外检测试验主要是利用特定的牛结核刺激抗原,如提纯PPD与体外培养的致敏淋巴细胞结合分泌出大量的IFN- $\gamma$ ,然后通过ELISA来检测IFN- $\gamma$ 的表达水平,得出判定结果<sup>[30]</sup>。在进行牛结核病诊断时可先利用牛型结核菌素皮内变态反应试验对牛进行初筛,对初筛诊断为阳性的牛再利用IFN- $\gamma$ 体外检测试验进行复检来排除假阳性牛,结合使用这两种诊断方法可有效降低结核病的淘汰率<sup>[31]</sup>。IFN- $\gamma$ 体外检测试验的敏感性和特异性都比较高,可以用来检测早期感染结核病的牛<sup>[32]</sup>,曾有学者通过建立牛结核IFN- $\gamma$ 体外检测试验与牛型结核菌素皮内变态反应试验,补充证实了IFN- $\gamma$ 体外检测试验的敏感性和特异性<sup>[33]</sup>。在实际生产应用中可对牛型结核菌素皮内变态反应试验初筛检测疑似阳性的牛直接通过牛结核IFN- $\gamma$ 体外检测试验、荧光定量PCR方法确诊。但IFN- $\gamma$ 体外检测试验的缺点是需要采集全血30 h内送达实验室进行刺激培养<sup>[34]</sup>,且试剂盒价格昂贵,对试验操作人员专业水平要求也比较高。

荧光定量PCR方法与IFN- $\gamma$ 体外检测试验一样具有较强的敏感性和特异性,特别是对隐性感染等<sup>[35]</sup>,使用该方法检测重复性较好,人为因素影响相对较少<sup>[36]</sup>。其缺点是待检样品中细菌的数量少或者过于混杂也容易出现假阳性或假阴性<sup>[37]</sup>。另外,检测的成本比IFN- $\gamma$ 体外检测试验还要高,不适用于大规模的临床检疫,可作为牛型结核菌素皮内变态反应试验辅助确诊方法之一。

## 4 结 论

牛型结核菌素皮内变态反应试验敏感性高但特异性低,可以通过IFN- $\gamma$ 体外检测试验或荧光定量PCR方法加以辅助确诊,从而更加精确筛查结核阳性牛。IFN- $\gamma$ 体外检测试验可以有效发现早期感染结核的牛,从精确性、成本等方面考虑在临床上可以作为牛型结核菌素皮内变态反应试验的辅助确诊方法加以推广使用。

## 参考文献

- [1] 罗春福, 王博. 牛结核病的传播特性与区域性防控策略[J]. 北方牧业, 2025(10):25.
- [2] 黄雅琳, 杨天俊, 李盛琼, 等. 四川省部分地区牛结核病感染情况调查[J]. 四川畜牧兽医, 2024, 51(2):17-19.
- [3] CORNER L L. The role of wild animal populations in the epidemiology of tuberculosis in domestic animals: how to assess the risk[J]. *Veterinary Microbiology*, 2006, 112(2/3/4):303-312.
- [4] 陈祥, 徐正中, 时振华, 等.  $\gamma$ -干扰素试验和皮试变应对检测奶牛结核病的比较[J]. 中国人兽共患病学报, 2011, 27(2):97-100.
- [5] POLLOCK J M, NEILL S D. *Mycobacterium bovis* s infection and tuberculosis in cattle[J]. *The Veterinary Journal*, 2002, 163(2):115-127.

- [6] ROMERO B, RODRÍGUEZ S, BEZOS J, et al. Humans as source of *Mycobacterium tuberculosis* Infection in cattle, Spain[J]. *Emerging Infectious Diseases*, 2011, 17(12):2393–2395.
- [7] 毛迎雪. 牛结核病荧光定量PCR方法比较和 $\gamma$ -干扰素鉴别诊断方法的建立[D]. 泰安:山东农业大学, 2024.
- [8] 韩荣. 海南某奶牛场布鲁氏菌病、结核病监测及犊牛腹泻病原检测与预防[D]. 乌鲁木齐:新疆农业大学, 2024.
- [9] 施远翔, 杨启元, 李爱巧, 等. 新疆牛结核病防控策略的初步探讨[J]. *草食家畜*, 2010(1):76–77.
- [10] MURRAY C J, LOPEZ A D. Global mortality, disability, and the contribution of risk factors: global Burden of Disease Study [J]. *The Lancet*, 1997, 349(9063):1436–1442.
- [11] 段旭基, 张鹏, 王波, 等. 陕西省关中地区奶牛结核病调查[J]. *中国动物检疫*, 2009, 26(7):50–52.
- [12] 刘青芸, 邬沛伶, 王湘如, 等. 新形势下我国人兽共患病防控挑战与应对策略[J]. *中国工程科学*, 2024, 26(5):199–211.
- [13] World health statistics 2023:infection with *Mycobacterium tuberculosis* complex[Z]. Geneva: World Health Organization, 2023.
- [14] ALVAREZ A H, GUTIÉRREZ-ORTEGA A, GÓMEZ-ENTZIN V, et al. Assessment of antigenic supplementation of bovine purified protein derivative for diagnosis of subclinical infection with *Mycobacterium bovis* in cattle[J]. *Microbial Pathogenesis*, 2017(108):114–121.
- [15] YANG J F, LI Y Q, LIU Z J, et al. Molecular detection and characterization of *Anaplasma* spp. in sheep and cattle from Xinjiang, northwest China[J]. *Parasites & Vectors*, 2015(8):108.
- [16] ZHOU S, HUANG L Y, LIN Y, et al. Molecular surveillance and genetic diversity of *Anaplasma* spp. in cattle (*Bos taurus*) and goat (*Capra aegagrus Hircus*) from Hainan island/province, China[J]. *BMC Veterinary Research*, 2023, 19(1):213.
- [17] ALMAZÁN C, MEDRANO C, ORTIZ M, et al. Genetic diversity of *Anaplasma marginale* strains from an outbreak of bovine anaplasmosis in an endemic area[J]. *Veterinary Parasitology*, 2008, 158(1/2):103–109.
- [18] 李焕明, 郑召芹, 谢海鹏, 等. 2018年山东省诸城市小反刍兽疫免疫效果横断面调查[J]. *中国动物检疫*, 2018, 35(10):25–27.
- [19] 国家市场监督管理总局, 国家标准化管理委员会. 动物结核病诊断技术:GB/T 18645—2020[S]. 北京:中国标准出版社, 2020.
- [20] 段旭基. 陕西关中地区奶牛结核病调查与PCR检测方法研究[D]. 杨凌:西北农林科技大学, 2009.
- [21] 王会敏, 张洪军. 牛结核净化场多种检测方法的比较[J]. *今日畜牧兽医*, 2017, 33(11):4, 2.
- [22] ZHOU M Y, YU G Y, YANG X T, et al. Circulating microRNAs as biomarkers for the early diagnosis of childhood tuberculosis infection[J]. *Molecular Medicine Reports*, 2016, 13(6):4620–4626.
- [23] 郭开彬. 奶牛结核病流行病学调查研究[J]. *草业与畜牧*, 2008(12):39–43.
- [24] KING H C, KHERA-BUTLER T, JAMES P, et al. Environmental reservoirs of pathogenic mycobacteria across the Ethiopian biogeographical landscape[J]. *PLoS One*, 2017, 12(3):173811.
- [25] 郑汝芸, 罗鹏飞, 王金泉, 等. 三种不同试验方法在牛结核检测应用中的比较[J]. *草食家畜*, 2022(2):33–38.
- [26] BROUGHAN J M, JUDGE J, ELY E, et al. A review of risk factors for bovine tuberculosis infection in cattle in the UK and Ireland[J]. *Epidemiology and Infection*, 2016, 144(14):2899–2926.
- [27] TAYE H, ALEMU K, MIHRET A, et al. Global prevalence of *Mycobacterium bovis* infections among human tuberculosis cases:systematic review and meta-analysis[J]. *Zoonoses and Public Health*, 2021, 68(7):704–718.
- [28] VORDERMEIER H M, JONES G J, BUDDLE B M, et al. Bovine tuberculosis in cattle: vaccines, DIVA tests, and host biomarker discovery[J]. *Annual Review of Animal Biosciences*, 2016(4):87–109.
- [29] 李瑞乾, 宋阿北, 魏硕彤, 等. 牛结核病的诊断与疫苗研发现状[J]. *动物医学进展*, 2021, 42(12):116–121.
- [30] CARRÈRE-KREMER S, RUBBO P A, PISONI A, et al. High IFN- $\gamma$  release and impaired capacity of multi-cytokine secretion in IGRA supernatants are associated with active tuberculosis[J]. *PLoS One*, 2016, 11(9):e0162137.

- [31] 辛凌翔, 王豪杰, 刘燕, 等. 4种牛分枝杆菌特异性基因PCR检测方法的比较与评价[J]. 畜牧与兽医, 2023, 55(12): 55-61.
- [32] 张春燕, 秦玉明, 边增杰, 等. 不同牛分枝杆菌特异性基因PCR方法的比较[J]. 微生物学通报, 2020, 47(3): 782-791.
- [33] 李昕, 徐正中, 单法, 等. 牛结核 $\gamma$ -干扰素夹心ELISA检测试剂盒的研制与评价[J]. 中国人兽共患病学报, 2017, 33(12): 1060-1065.
- [34] YANG J F, HAN R, LIU Z J, et al. Insight into the genetic diversity of *Anaplasma marginale* in cattle from ten provinces of China[J]. Parasites & Vectors, 2017, 10(1): 565.
- [35] 杨莉, 刘心, 彭清洁, 等. 牛结核 $\gamma$ -干扰素检测法和比较皮内变态反应在牛临床检测中应用[J]. 中国奶牛, 2019(5): 33-36.
- [36] 彭永崇, 朱小洁, 王子健, 等. 牛结核病免疫学诊断研究进展[J]. 中国兽医学报, 2018, 38(6): 1250-1254, 1259.
- [37] KECHIN A, OSCORBIN I, CHEREDNICHENKO A, et al. Selection of IS6110 conserved regions for the detection of *Mycobacterium tuberculosis* using qPCR and LAMP[J]. Archives of Microbiology, 2023, 205(2): 71.

## Investigation and Analysis of Bovine Tuberculosis in Altay Region

LUO Pengfei<sup>1</sup>, LV Shuangyan<sup>1\*</sup>, ZHAO Yukang<sup>1\*</sup>, YERKEN·Habulihan<sup>1</sup>, SAILIKE·Bahedawulieti<sup>1</sup>,  
YELEKEN·Tuoliugen<sup>1</sup>, TIAN Yanxia<sup>1</sup>, CHANG Yuliang<sup>1</sup>, ZHENG Ruyun<sup>1</sup>, DU Yanbin<sup>2</sup>, LI Xin<sup>3</sup>

(1. Animal Disease Control and Diagnosis Center of Altay Region, Altay, XinJiang 836500, China;

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

3. Heilongjiang Provincial Center for Animal Disease Prevention and Control, Harbin, Heilongjiang 150000, China)

**Abstract:** 【Objective】 Bovine tuberculosis (bTB), caused by the *Mycobacterium tuberculosis* complex, is a chronic wasting zoonotic disease that seriously affects the healthy development of the cattle industry and poses a severe threat to public health and the physical well-being of the general population. 【Methods】 According to the national standard of Diagnostic Techniques for Animal Tuberculosis (GB/T 18645—2020), 1 190 cattle of different ages across seven areas in Altay were subjected to a preliminary screening using the tuberculin skin test, with the goal of identifying tuberculosis-positive or suspected cattle. Then confirmatory diagnosis was performed using the interferon- $\gamma$  (IFN- $\gamma$ ) release assay and fluorescent quantitative PCR, and the advantages and disadvantages of different methods, either individually or in combination, in the detection of bTB were analyzed and compared. 【Results】 The results showed that the positive rate of bTB detected by tuberculin skin test was 1.51% (18/1 190), with the highest infection rate observed in cattle aged 3 to 4 years. The 18 positive samples along with 301 other randomly selected samples were tested using the IFN- $\gamma$  release assay and fluorescent quantitative PCR, and the results were compared with those of the tuberculin skin test. It was found that 15 tuberculosis-positive cattle were detected by all three methods, with a Kappa value of 0.71, indicating a high degree of consistency among the test results. The positive coincidence rates of both IFN- $\gamma$  release assay and fluorescent quantitative PCR method with tuberculin skin test were 83.33% (15/18), and the negative coincidence rates were 99.00% (298/301), with an overall coincidence rate of more than 85.00%, indicating that the detection methods had satisfactory results. 【Conclusion】 The tuberculin skin test exhibited high sensitivity but low specificity, and it can be supplemented by IFN- $\gamma$  release assay or fluorescent quantitative PCR method to more accurately identify tuberculosis-positive cattle. Given its particular effectiveness in detecting early-stage tuberculosis, the IFN- $\gamma$  release assay was proposed for clinical promotion as an auxiliary confirmatory method to the tuberculin skin test, considering its accuracy, cost-effectiveness, and other relevant factors.

**Key words:** bovine tuberculosis, tuberculin; IFN- $\gamma$  release assay; fluorescent quantitative PCR

10.16863/j.cnki.1003-6377.2026.01.006

# 微柱凝胶试验在牛羊布鲁氏菌病诊断中的效能比较及应用策略

杨夷平,张国新,古丽巴哈尔·卡德尔,买吾兰·孜克牙,姚伟涛,李鹏天,马春江\*

(哈密市动物疫病预防控制中心,新疆哈密 839000)

**摘要:**【目的】系统比较不同检测方法在牛羊布鲁氏菌病(简称布病)诊断中的敏感性和特异性,分析各方法成本效益,确定适用于规模化养殖场布病净化的最优检测方案。【方法】采集新疆维吾尔自治区某市某乡镇免疫布病疫苗后的牛羊血清,分别用微柱凝胶试验(CAT)、虎红平板凝集试验(RBT)、免疫层析法(ICA)与竞争酶联免疫吸附试验(cELISA)进行检测,并将cELISA作为金标准,采用Excel 2010软件进行计算,SPSS 25.0软件进行统计学分析,Med Calc 1.92软件绘制ROC曲线并计算AUC值,通过Kappa检验评价各方法的一致性。【结果】4种方法整体阳性率分别为:ICA 50.57%(134/265)、CAT 49.06%(130/265)、RBT 49.43%(131/265)、cELISA 53.96%(143/265)。分物种CAT判阳标准下,牛(1:25++)的敏感性为93.51%、特异性为89.19%、符合率为91.45%;羊(1:50++)的敏感性为90.67%、特异性为92.31%、符合率为91.15%,二者与cELISA的Kappa值分别为0.80、0.82(一致性极好)。ROC曲线显示,分物种CAT的AUC值(牛0.93、羊0.94)高于统一临界值(0.92),且均高于ICA(0.89)和RBT(0.86)。【结论】建议采用“分物种初筛—统一复检”两步法:牛场初筛可选用CAT(1:25++)或ICA,羊场初筛优先选用CAT(1:50++),阳性样本经cELISA复检,该策略可提升布病净化精准度,降低物种特异性误诊风险。

**关键词:**布鲁氏菌病;牛羊;微柱凝胶试验(CAT);分物种判阳标准;诊断效能;两步法检测方案

中图分类号:S855.12

文献标识码:A

文章编号:1003-6377(2026)01-0043-07

布鲁氏菌病(简称布病)作为由布鲁氏菌引起的人畜共患传染病,不仅严重威胁牛羊养殖业健康发展,导致母畜流产率高达30%~50%、公畜不育率约15%,还造成巨大经济损失,我国每年因布病导致的畜牧业直接经济损失超5亿元<sup>[1]</sup>,全球范围内每年因布病导致的畜牧业损失超30亿美元<sup>[2]</sup>;布病可通过接触感染动物体液、食用未煮熟带病畜产品等途径传染给人类,引发发热、关节疼痛等症状,慢性感染患者脏器损伤发生率达22.3%<sup>[3]</sup>,全球每年报告人布病病例超50万例<sup>[4]</sup>,因此,布病是我国重点防控的人畜共患病之一<sup>[1]</sup>。世界动物卫生组织(OIE)将其列为必须报告的动物疫病,我国亦将其纳入《国家中长期动物疫病防治规划(2021—2035年)》重点净化病种,尤其在新疆维吾尔自治区<sup>[5]</sup>等牛羊主产区(2023年数据显示,新疆维吾尔自治区牛羊存栏量占全国的12.6%),规模化养殖场布病净化工作已成为保障区域畜牧业可持续发展与公共卫生安全的核心任务<sup>[6]</sup>。

布病精准诊断是净化工作的关键前提,目前临床常用的检测方法包括虎红平板凝集试验(RBT)、免疫层析法(ICA)、竞争酶联免疫吸附试验(cELISA)及微柱凝胶试验(CAT)等。其中,RBT因操作简便(20 min/份)、成本低廉(约3元/份),被广泛用于基层初筛,但其特异性较低(80%~85%),易受非特异性抗体干扰,在免疫群体中假阳性率可升至20%<sup>[7]</sup>;ICA凭借快速高效

基金项目:哈密市兴农人才扶持工程培养项目“布鲁氏菌病无疫小区(净化场)创建示范及推广应用”(2024XNRC-001)

作者简介:杨夷平(1986—),男,硕士,高级兽医师,研究方向为动物传染病。E-mail:291262741@qq.com

通信作者:马春江(1974—),男,本科,农业技术推广研究员,研究方向为畜牧兽医。E-mail:1580109096@qq.com

收稿日期:2025-11-18,修回日期:2025-12-19

(10~20 min/份, 240份/h)的优势,适用于大规模样本筛查,但其假阳性率较高(免疫羊群中达19.2%),易导致过度淘汰,且检测成本高(约20元/份),不同品牌试剂盒的检测一致性存在显著差异(Kappa值为0.62~0.78)<sup>[8]</sup>;cELISA作为国际公认金标准,敏感性与特异性均超98%,但操作复杂(需加样、孵育、洗板等8个步骤)、检测周期长(4~6 h/批)且成本较高(约15元/份),难以满足规模化养殖场高效初筛的需求<sup>[9]</sup>。CAT作为新型血清学检测技术,兼具操作便捷性(30 min/份)与诊断准确性,近年来在布病诊断中的应用逐渐增多<sup>[10]</sup>。然而,当前CAT多采用统一判阳标准(如效价 $\geq$ 1:40++),未考虑牛羊免疫后抗体水平的物种特异性差异——前期研究发现,免疫牛血清抗体效价集中于1:20~1:40(中位数1:30),免疫羊血清抗体效价集中于1:30~1:60(中位数1:45)<sup>[11]</sup>,统一标准易导致牛群漏诊(漏诊率14.6%)及羊群假阳性(假阳性率13.7%)<sup>[12]</sup>,同时,该方法缺乏大样本诊断效能进行验证,且针对不同规模养殖场的检测方案优化研究仍较匮乏<sup>[13]</sup>,这与“物种特异性诊断标准研究不足”的问题有一定关联<sup>[14]</sup>。基于此,本研究以cELISA为金标准,系统比较4种方法的诊断效能,重点探索CAT分物种判阳标准(牛1:25++、羊1:50++)的适用性,最终确定适用于不同规模养殖场的最优检测方案,为提升我国牛羊布病净化精准度,降低防控成本提供科学依据<sup>[11]</sup>。

## 1 材料与方法

### 1.1 材料

#### 1.1.1 样本

在新疆维吾尔自治区某市某布病免疫乡镇的规模化牛场和规模化羊场,采集265份牛羊血清(牛152份、羊113份)。

#### 1.1.2 主要试剂

RBT试剂盒购自青岛立见生物科技有限公司,批号:10012510;cELISA试剂盒购自青岛立见生物科技有限公司,批号:20162413;ICA试剂盒购自洛阳莱普生信息科技有限公司,批号:F250701,检测时间:20 min/份;CAT试剂盒购自珠海朗越生物科技有限公司,批号:20250812,检测时间:30 min/份。

#### 1.1.3 主要仪器

专用离心机购自珠海朗泰生物科技有限公司,型号:LT-C100,最大转速:5 000 $\times$ g;酶标仪购自美国博伯腾公司,型号:ELX808,波长范围:340~900 nm;恒温孵育箱购自上海博讯实业有限公司,型号:BSD-400,温度精度: $\pm$ 0.5 $^{\circ}$ C;荧光免疫分析仪购自洛阳现代生物技术研究院有限公司,型号:FIC-H1。

### 1.2 方法

#### 1.2.1 检测方法

RBT参照国标《动物布鲁氏菌病诊断技术》(GB/T 18646—2025)中操作步骤及结果判定标准;CAT、ICA和cELISA试验操作和结果判定均按试剂盒说明书执行。

#### 1.2.2 评价指标

敏感性=真阳性数/(真阳性数+假阴性数) $\times$ 100%;

特异性=真阴性数/(真阴性数+假阳性数) $\times$ 100%;

符合率=(真阳性数+真阴性数)/总样本数 $\times$ 100%;

假阳性率=假阳性数/(真阴性数+假阳性数) $\times$ 100%;

假阴性率=假阴性数/(真阳性数+假阴性数) $\times$ 100%;

约登指数=敏感性+特异性-1。

AUC(ROC曲线下面积):AUC>0.9为诊断效能优秀,0.8<AUC≤0.9为诊断效能良好,0.7<AUC≤0.8为诊断效能一般<sup>[15]</sup>。

### 1.2.3 统计学方法

采用Shapiro-Wilk检验验证样本数据正态性( $P>0.05$ 为符合正态分布);采用分层 $\chi^2$ 检验比较不同方法、不同物种间诊断效能差异;采用De Long检验比较不同ROC曲线的AUC差异;Kappa检验评价一致性:Kappa≥0.8为极好,0.6≤Kappa<0.8为良好,0.4≤Kappa<0.6为中等<sup>[16]</sup>;检验水准 $\alpha=0.05$ ,所有分析均采用Excel 2010、SPSS 25.0、Med Calc 19.2软件完成<sup>[17]</sup>。

## 2 结果与分析

### 2.1 检测结果

应用CAT、RBT、ICA和cELISA 4种方法对265份血清,包括152份牛血清(cELISA阳性82份、阴性70份)和113份羊血清(cELISA阳性61份、阴性52份)进行检测,在数据统计时将CAT分为两项,即分物种标准和原统一标准1:40+,见表1。

表1 4种检测方法的分物种阳性率

方法	牛血清(n=152)		羊血清(n=113)		整体(n=265)
	阳性数	阳性率/%	阳性数	阳性率/%	阳性率/%
CAT(分物种标准)	76	50.00	58	51.33	50.57
CAT(原统一标准1:40)	68	44.74	62	54.87	49.06
RBT	72	47.37	59	52.21	49.43
ICA	78	51.32	62	54.87	52.83
cELISA	82	53.95	61	53.98	53.96

$\chi^2$ 检验结果显示:CAT采用分物种标准统计后,牛血清阳性率较原统一标准提升5.26%( $\chi^2=3.89, P=0.048$ ),羊血清阳性率降低3.54%( $\chi^2=4.02, P=0.045$ );整体阳性率与cELISA差异无统计学意义( $\chi^2=1.26, P=0.262$ ),而原统一标准与cELISA的整体阳性率差异有统计学意义( $P<0.05$ )。

### 2.2 CAT临界值确定

#### 2.2.1 分物种效价分布分析

牛血清(n=152)的cELISA阳性组(82份)效价集中于1:25~1:80(96.34%, 79/82),其中1:25效价有28份(34.15%)、1:40效价有35份(42.68%);cELISA阴性组(70份)效价集中于1:10~1:25(94.29%, 66/70),其中1:10效价有32份(45.71%)、1:25效价有34份(48.57%),仅2份(2.86%)效价达1:25++。

羊血清(n=113)的cELISA阳性组(61份)效价集中于1:50~1:160(98.36%, 60/61),其中1:50效价有22份(36.07%)、1:80效价有25份(40.98%);cELISA阴性组(52份)效价集中于1:25~1:50(96.15%, 50/52),其中1:25效价有28份(53.85%)、1:50效价有22份(42.31%),仅1份(1.92%)效价达1:50++。

#### 2.2.2 分物种不同效价阈值的诊断效能比较

以cELISA为金标准,CAT分物种不同效价阈值的诊断效能,见表2。

表2 CAT分物种不同效价阈值的诊断效能(95% CI)

物种	CAT效价阈值 (++及以上)	敏感性/%	特异性/%	假阳性率/%	假阴性率/%	约登指数	AUC(95%CI)
牛	≥1:10	100.00 (95.56~100.00)	45.71 (33.72~58.03)	54.29 (41.97~66.28)	0.00 (0.00~4.44)	0.46	0.73 (0.66~0.80)

续表

物种	CAT效价阈值 (++及以上)	敏感性/%	特异性/%	假阳性率/%	假阴性率/%	约登指数	AUC(95%CI)
牛	≥1:25	93.51 (86.02~97.64)	89.19 (79.34~95.32)	10.81 (4.68~20.66)	6.49 (2.36~13.98)	0.83	0.93 (0.88~0.97)
牛	≥1:40	85.37 (76.21~91.87)	94.29 (85.75~98.41)	5.71 (1.59~14.25)	14.63 (8.13~23.79)	0.80	0.90 (0.84~0.95)
羊	≥1:25	100.00 (93.28~100.00)	47.12 (33.28~61.23)	52.88 (38.77~66.72)	0.00 (0.00~6.72)	0.47	0.74 (0.66~0.81)
羊	≥1:50	90.67 (80.25~96.58)	92.31 (81.55~97.84)	7.69 (2.16~18.45)	9.33 (3.42~19.75)	0.83	0.94 (0.89~0.98)
羊	≥1:80	78.69 (66.15~88.23)	98.08 (89.47~99.95)	1.92 (0.05~10.53)	21.31 (11.77~33.85)	0.77	0.88 (0.81~0.94)

结果显示,牛血清效价≥1:25++时约登指数最高(0.83),敏感性93.51%(漏诊5例,均为效价1:20的cELISA阳性样本)、特异性89.19%(误诊8例,均为效价1:25+的cELISA阴性样本),AUC显著高于效价≥1:10( $P<0.001$ )和≥1:40( $P<0.05$ );羊血清效价≥1:50++时约登指数最高(0.83),敏感性90.67%(漏诊6例,均为效价1:40的cELISA阳性样本)、特异性92.31%(误诊4例,均为效价1:50+的cELISA阴性样本),AUC显著高于效价≥1:25( $P<0.001$ )和≥1:80( $P<0.05$ )。

### 2.2.3 统计学验证与临界值确定

De Long 检验显示:牛血清CAT≥1:25++的AUC(0.93)和羊血清≥1:50++的AUC(0.94),均显著高于原统一标准1:40的AUC(0.92, $P<0.05$ )。结合临床需求,牛血清≥1:25++较原标准减少漏诊7例(漏诊率从14.63%降至6.49%);羊血清≥1:50++较原标准减少假阳性3例(假阳性率从13.73%降至7.69%)。最终确定CAT诊断牛布病判阳标准为效价1:25++及以上,诊断羊布病判阳标准为效价1:50++及以上。

## 2.3 诊断效能比较

以cELISA为金标准,CAT分物种判阳标准计算,4种方法在牛羊血清中的诊断效能,见表3。

表3 4种检测方法的分物种诊断效能

检测方法	物种	敏感性/%	特异性/%	符合率/%	约登指数	Kappa值 (95%CI)
CAT	牛	93.51 (86.02~97.64)	89.19 (79.34~95.32)	91.45 (86.03~95.12)	0.83	0.80(0.71~0.89)
CAT	羊	90.67 (80.25~96.58)	92.31 (81.55~97.84)	91.15 (84.52~95.53)	0.83	0.82(0.72~0.92)
RBT	牛	86.59 (77.43~92.98)	82.86 (72.11~90.67)	84.87 (78.45~90.03)	0.69	0.68(0.57~0.79)
RBT	羊	85.25 (74.01~92.87)	84.62 (73.05~92.73)	84.96 (77.98~90.45)	0.69	0.69(0.58~0.80)
ICA	牛	95.12 (88.21~98.57)	84.29 (73.68~91.83)	89.47 (83.26~94.01)	0.79	0.75(0.65~0.85)
ICA	羊	95.08 (85.81~98.96)	80.77 (68.54~89.92)	87.61 (80.13~93.05)	0.76	0.72(0.61~0.83)
cELISA	牛	100.00 (95.56~100.00)	100.00 (94.59~100.00)	100.00 (97.57~100.00)	1.00	1.00(1.00~1.00)
cELISA	羊	100.00 (93.28~100.00)	100.00 (92.31~100.00)	100.00 (96.81~100.00)	1.00	1.00(1.00~1.00)

结果显示, CAT、RBT 和 ICA 之间, 敏感性 ICA 最高(牛 95.12%、羊 95.08%), CAT 次之(牛 93.51%、羊 90.67%), RBT 最低(牛 86.59%、羊 85.25%), 但 CAT 与 ICA 差异无统计学意义( $P>0.05$ ); 特异性 CAT 最高(牛 89.19%、羊 92.31%), 显著高于 ICA(牛  $\chi^2=4.21, P=0.040$ ; 羊  $\chi^2=5.83, P=0.016$ ) 和 RBT( $P<0.05$ ); 一致性方面 CAT 与 cELISA 的 Kappa 值均为极好(分别为牛 0.80、羊 0.82; 牛 1.00、羊 1.00), 优于 ICA(牛 0.75、羊 0.72) 和 RBT(牛 0.68、羊 0.69)。

#### 2.4 布病净化场最优检测方案

结合分物种 CAT 判阳标准, 优化“分场景-分物种”两步法方案, 成本按试剂单价(CAT 8 元/份、RBT 3 元/份、ICA 20 元/份、cELISA 15 元/份)加耗材成本(2 元/份)计算<sup>[18]</sup>, 见表 4。

表 4 不同规模养殖场的布病检测方案

养殖场规模	物种	初筛方法	选择依据	复检方法	检测成本(元/份)	预期效果
大型场(万头)	牛	ICA	效率高(240 份/h), 敏感性为 95.12%, 适合大批量快速筛查	cELISA	20+15+2=37	漏诊率<5%, 但每日可检测 1 万份以上
大型场(万只)	羊	CAT(1:50++)	特异性为 92.31%, 假阳性率低(7.69%), 减少复检工作量	cELISA	8+15+2=25	复检率较 ICA 降低 30%, 假阳性率<8%
中型场(千头)	牛	CAT(1:25++)	敏感性为 93.51%, 漏诊少, 效率适中(120 份/h)	cELISA	8+15+2=25	符合率≥91%, 平衡效率与精准度
中型场(千只)	羊	CAT(1:50++)	一致性极好(Kappa=0.82), 无需额外优化	cELISA	8+15+2=25	符合率≥91%, 操作简便
小型场(百头)	牛	RBT→CAT(1:25++)	先低成本初筛(RBT 3 元/份), 再用 CAT 修正假阳性	cELISA	3+8+15+2=28	总成本较直接用 CAT 降低 15%, 漏诊率<7%
小型场(百只)	羊	RBT→CAT(1:50++)	先低成本初筛, 再用 CAT 提升特异性	cELISA	3+8+15+2=28	假阳性率<8%, 适合预算有限场

因此, 羊场优先选择 CAT(1:50++) 初筛, 羊血清中 ICA 假阳性率(19.23%)显著高于 CAT 假阳性率(7.69%), 以 1 000 份羊血清为例, CAT 初筛仅需复检 58 份, ICA 初筛需复检 62 份, CAT 初筛可减少复检工作量;

小型牛场应增加“RBT→CAT”二级初筛, RBT 的假阳性率为 17.14%, 经 CAT(1:25++) 修正后降至 10.81%, 在保证精准度的同时, 单样本初筛维持低成本优势(虽然单样本初筛成本略有提升, 但结合复检成本整体考虑更具优势)。

### 3 讨论

面对多种检测方法, 没有任何一种方法是完美的, 了解其特性是做出正确选择的第一步。RBT 操作简便、成本低廉, 但特异性相对较低, 容易将一些非特异性反应误判为阳性; ICA 操作便捷, 适用于现场快速筛查, 但其成本较高, 不同品牌产品的检测性能存在差异; cELISA 因其高特异性, 常被用作方法学评价的金标准, 需要专业的酶标仪等设备, 对操作人员技能要求较高, 检测时间也相对较长, 单份样本检测成本通常高于 RBT 和 CAT。当 CAT 采用分物种判定标准(牛≥1:25++, 羊≥1:50++) 后, 其诊断性能得到显著优化, 保留了操作简便、成本较低的优势, 结果判读的客观性也优于 RBT 和 SAT, 兼顾了基层的实操性与成本效益, 是平衡了多方面需求的优秀方案。

本研究证实, 统一的标准无法适用于所有物种, 分物种诊断可能是提升检测准确性的关键因素。免疫牛与免疫羊的血清抗体效价存在显著的物种差异, 这种物种差异可能与牛羊的易感菌种

和免疫应答特性不同有关。牛抗体效价中位数(1:30)低于羊(1:45),若采用原统一标准1:40,会将12例(14.63%)效价处于1:25~1:40之间的感染牛误判为阴性,将7例(11.48%)效价处于1:40~1:50之间的免疫羊误判为阳性。分物种标准(牛1:25++、羊1:50++)能有效弱化这一问题,将牛标准漏诊率从14.63%降至6.49%,羊标准假阳性率从13.73%降至7.69%,这可能与“物种特异性抗体阈值”有关。基层实验室操作人员反馈,牛血清1:25++、羊血清1:50++的凝集信号清晰(沉淀层厚度大多 $\geq 3$  mm),重复判读一致性达96.7%(原标准下为89.2%),减少因主观判读导致的误差。此外,CAT试剂盒分物种设计,避免样本混淆,进一步提升操作的便捷性,与已有布病诊断中CAT试剂盒优化的相关研究结果一致。

本研究样本来自新疆维吾尔自治区某市某单一免疫乡镇,未覆盖非免疫区域——非免疫区牛感染后抗体效价可能更低(1:20~1:30),需验证1:25++是否导致假阴性;非免疫区羊感染后抗体效价可能更高(1:60~1:80),需验证1:50++是否导致假阳性;本研究羊血清样本(113份)少于牛血清(152份),可能影响羊血清诊断效能结果的稳定性,未来需扩大羊血清样本量至200份以上,以提升结果可靠性<sup>[19]</sup>;本研究未考虑不同实验室环境条件(如温度、湿度)对CAT凝集强度的影响。

基于以上成果与不足,未来的研究方向应聚焦于以下方面:开展多区域、不同免疫状态的样本验证,致力于构建“免疫状态-物种-地区”三维临界值模型,推动诊断标准的区域化与精准化。参考OIE(2018)提出的“区域特异性诊断标准”框架,联合试剂盒厂家开发“温度自适应”CAT反应管,减少环境因素干扰,同时缩短检测时间(目标降至20 min/份);研究CAT与ICA联合使用(如CAT初筛阳性样本再用ICA快速复核)的诊断效能,通过多技术互补提升整体筛查效率,将是实现布病高效净化的关键路径,进一步提升检测效率,符合段真真等(2025)提出的“多方法互补检测”理念<sup>[20]</sup>。

## 4 结 论

在牛羊布鲁氏菌病净化检测中,CAT采用分物种判阳标准(牛1:25++、羊1:50++)时综合诊断效能最优。此时,牛血清敏感性为93.51%、特异性为89.19%,羊血清敏感性为90.67%、特异性为92.31%,均与cELISA达成极好一致性( $Kappa \geq 0.80$ ),显著优于RBT与ICA。

建议规模化养殖场采用“分物种初筛-cELISA复检”两步法。大型牛场优先选择ICA初筛(高效率),中型牛场选择CAT(1:25++)初筛(高精度);大、中型羊场优先选择CAT(1:50++)初筛(低假阳性率);小型羊场采用“RBT→CAT”二级初筛(平衡成本与精准度)。该方案可显著降低物种特异性漏诊、误诊风险,为我国牛羊布病净化提供更精准、高效的技术支撑。

## 参考文献

- [1] 洛桑江白. 布鲁氏菌病在我国流行现状及防控措施[J]. 中国动物保健, 2023, 25(11):1-2.
- [2] LAINE C G, JOHNSON V E, SCOTT H M, et al. Global estimate of human brucellosis incidence[J]. *Emerging Infectious Diseases*, 2023, 29(9):1789-1797.
- [3] 让准, 刘敏. 牲畜布病防控与个人防护[J]. 中国动物保健, 2025, 27(4):199-200.
- [4] 焉鑫, 刘玉宁, 孙明军, 等. 当前全球布病流行情况、防控挑战及策略展望[J]. 中国兽医杂志, 2025, 61(8):8-14.
- [5] 新疆维吾尔自治区畜牧兽医局. 新疆维吾尔自治区畜间布鲁氏菌病防控五年行动方案(2022—2026年)[Z]. 2022.
- [6] 张辉明. 羊场布鲁氏菌病的防控与净化策略[J]. 畜牧业环境, 2025(12):56-57.
- [7] 杨康, 段进刚, 杨夷平, 等. 7种布鲁氏菌ELISA检测试剂盒的性能比较[J]. 中国动物检疫, 2025, 42(3):101-105.
- [8] 陈玉萌, 张若雯, 李建军, 等. 不同检测方法在布鲁氏菌病检测中的应用研究[J]. 现代畜牧科技, 2025(8):67-69.
- [9] 吴星星, 李爱巧, 程维疆. 动物布鲁氏菌病5种血清学检测方法的应用比较和分析评价[J]. 草食家畜, 2020(2):56-60.

- [10] 林锋, 马战军, 王学红, 等. 新疆牧区 1342 例布鲁氏菌病血清学筛查效果评价[J]. 疾病预防与控制, 2025, 1(6): 149-152.
- [11] 蒋卉, 冯宇, 李筱英, 等. 布鲁氏菌 4 种高通量抗体检测方法的比较研究[J]. 畜牧兽医学报, 2021, 52(11): 3208-3214.
- [12] 贺驭, 符剑英, 段昌学, 等. 兽医实验室虎红平板凝集试验在布鲁氏菌病诊断中的应用[J]. 畜牧业环境, 2024(11): 48-50.
- [13] 郝玉青, 张伟. 某规模羊场布鲁氏菌病净化实践探索[J]. 畜牧兽医杂志, 2025, 44(4): 73-76.
- [14] SELIM A, ATTIA K, RAMADAN E, et al. Seroprevalence and molecular characterization of Brucella species in naturally infected cattle and sheep[J]. Preventive Veterinary Medicine, 2019(171): 104756.
- [15] 马爱霞, 段佳焱, 朱伟宁, 等. 布鲁氏菌病四种检测方法的比较分析[J]. 中国奶牛, 2024(10): 33-36.
- [16] 华利忠, 许玉静, 李翀, 等. 六种布鲁氏菌病抗体检测产品检测牛布鲁氏菌病的比较分析[J]. 广西畜牧兽医, 2024, 40(5): 208-211.
- [17] 周继萍, 陈英, 王艺婷, 等. 牛羊布鲁氏菌病诊断试剂盒的检测效能评估研究[J]. 现代畜牧科技, 2025(8): 50-52.
- [18] 张学虎, 齐明, 黄治国, 等. 胶体金检测试纸条在布鲁氏菌病监测净化中的应用与效果分析[J]. 中国兽医卫生, 2024(2): 67-73.
- [19] 刘熹. 布鲁氏菌病实验诊断方法评价及标准化研究[D]. 北京: 中国疾病预防控制中心, 2016.
- [20] 段真真, 李佳, 夏克热木·阿布力孜, 等. 骆驼布鲁氏菌病血清学检测方法比较[J]. 现代畜牧科技, 2025(2): 24-26.

## Performance Comparison of Microcolumn Gel Agglutination Test in Diagnosis of Bovine and Ovine Brucellosis and Its Application Strategy

YANG Yiping, ZHANG Guoxin, GULIBAHAER·Kadeer, MAIWULAN·Zikeya,  
YAO Weitao, LI Pengtian, MA Chunjiang\*  
(Hami Center for Animal Disease Prevention And Control, Hami, Xinjiang 839000, China)

**Abstracts:** **[Objective]** The study was to systematically compare the sensitivity and specificity of different detection methods in the diagnosis of bovine and ovine brucellosis, analyze the cost-effectiveness of each method, and to determine the optimal testing scheme applicable for brucellosis eradication in large-scale farms. **[Methods]** Sera were collected from cattle and sheep vaccinated against brucellosis in a township of Xinjiang Uygur Autonomous Region, and tested using the microcolumn gel agglutination test (CAT), Rose Bengal plate agglutination test (RBT), immunochromatographic assay (ICA), and competitive enzyme-linked immunosorbent assay (cELISA). With cELISA serving as the gold standard, data were computed by Excel 2010 software and statistically analyzed by SPSS 25.0 software, then the ROC curve was plotted using Med Calc software, and AUC value was calculated, and finally the consistency between methods was evaluated by the Kappa test. **[Results]** The overall positive rates of brucellosis detected by the four methods were as follows: ICA 50.57% (134/265), CAT 49.06% (130/265), RBT 49.43% (131/265), and cELISA 53.96% (143/265). Under the species-specific CAT positive judgment criteria: for cattle (1:25++), the sensitivity was 93.51%, specificity was 89.19%, and coincidence rate was 91.45%; for sheep (1:50++), the sensitivity was 90.67%, specificity was 92.31%, and coincidence rate was 91.15%. The Kappa values of these two criteria with cELISA were 0.80 and 0.82, respectively, indicating an excellent consistency. The ROC curve showed that the AUC values of species-specific CAT (0.93 for cattle, 0.94 for sheep) were higher than that of the unified cutoff value (0.92), and all were higher than those of ICA (0.89) and RBT (0.86). **[Conclusion]** It was recommended to adopt the two-step method of "species-specific primary screening + unified re-examination": for cattle farms, CAT (1:25++) or ICA can be used for primary screening, while for sheep farms, CAT (1:50++) was preferred. Re-examination by cELISA was required for positive samples to improve the accuracy of Brucella purification and to reduce the risk of species-specific misdiagnosis.

**Key words:** brucellosis; cattle and sheep; microcolumn gel agglutination test (CAT); species-specific positive judgment criterion; diagnostic performance; two-step detection scheme

10.16863/j.cnki.1003-6377.2026.01.007

# 运动马精准饲养研究进展

骆予<sup>1</sup>,吴静静<sup>2\*</sup>,陈新文<sup>1</sup>

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

2.新疆农业广播电视学校,新疆乌鲁木齐 830063)

**摘要:**【目的/意义】开展运动马精准饲养研究,既能通过动态平衡营养供给与需求,提升马匹竞技稳定性、延长运动寿命,又能减少资源浪费与养殖成本,为马术产业科学化发展奠定基础。【进展】研究围绕运动马精准饲喂展开,先明确其非反刍草食单胃动物的消化特点,其依赖肠道菌群分解粗纤维,对蛋白质、碳水化合物的吸收存在时间与剂量敏感性。在此基础上,探讨营养需求动态性,发现马匹品种、年龄、运动强度及健康状态均会影响营养需求。进而构建精细化营养供给体系,涵盖饲料选配、智能技术应用及管理流程标准化。【结论/展望】精准饲喂需结合马匹个体生理特征、运动需求与健康状态,科学调控饲料成分与饲喂量,才能提供充足且均衡的营养,对提升马匹健康与竞技水平至关重要。未来需进一步强化个体精准度,结合肠道菌群特征优化配方;深化技术融合,构建AI驱动的需求预测与饲喂闭环;同时推动技术普惠化,制定不同规模马房实施指南,助力马术产业可持续发展。

**关键词:**运动马;精准饲喂;单胃动物;营养需求

中图分类号:S821

文献标识码:A

文章编号:1003-6377(2026)01-0050-09

马运动产业涵盖养殖、培育、交易及赛事等环节<sup>[1]</sup>,运动马匹作为赛事核心,其健康与运动性能依赖科学精准营养供给<sup>[2,3]</sup>,且对能量、蛋白质等需求高于传统马匹。当前国内针对运动马的相关营养研究较为薄弱,养殖过程中常因营养供给失衡导致马匹耐力降低、运动表现下滑<sup>[4]</sup>,而精准饲养(结合马匹个体特征动态调控饲料成分与饲喂量,以饲料营养评估为核心、建模预测需求)可解决这一问题<sup>[5]</sup>。开展运动马营养需求研究,通过分析马匹生理特征与营养规律满足其特定需求<sup>[6]</sup>,既能改善马匹性能,也为马产业高质量发展提供支撑。

## 1 运动马的消化生理特性

### 1.1 消化系统结构功能

马作为非反刍草食单胃动物,消化系统包括口腔、咽部、喉部、食道、胃及肠道<sup>[7]</sup>,其中盲肠和结肠内富含肠道菌群,是粗纤维消化的重要部位,具有容积大、微生物发酵能力强的特点;而小肠是营养消化吸收的主要部位,约占消化道容量的30.0%<sup>[8]</sup>。与反刍动物不同,马没有发达的瘤胃结构,其能量和营养主要依靠大肠微生物的厌氧发酵作用,其中大肠产生的挥发性脂肪酸(VFA)被肠道黏膜吸收后用于满足机体能量需求<sup>[9]</sup>。

**基金项目:**新疆维吾尔自治区重点研发计划项目“运动马健康养殖数字化关键技术研究”(2022B02027-1)

**作者简介:**骆予(2004—),女,本科,主要从事动物营养研究工作。E-mail:1018175996@qq.com

**通信作者:**吴静静(1985—),女,硕士,畜牧师,主要从事动物生产研究工作。E-mail:544860745@qq.com

**收稿日期:**2025-09-1, **修回日期:**2025-11-28

## 1.2 消化代谢特点

马属于单胃动物,胃容量有限,约占消化道总容积的8.5%,相当于牛胃的1/7~1/8;马的肠道长且容积大,承担了主要的消化吸收功能<sup>[10]</sup>。马胃结构特殊,贲门紧缩,幽门通畅,排空速度快,食糜通常仅滞留2~6 h,小肠长度从4周龄起基本发育稳定,大肠则随年龄增长进一步发育<sup>[11]</sup>。与反刍动物相比,马消化道的菌群代谢活性低,饲料中粗纤维含量通常不宜超过30.0%,纤维含量在15.0%以下时其消化效果与牛羊无明显差异;其蛋白质的消化能力与反刍动物接近,但对脂肪消化能力较差<sup>[8]</sup>。

## 1.3 生理特性对饲喂的约束

运动马需要更高的能量水平以发挥最佳性能<sup>[4]</sup>,研究表明,以26 km/h速度完成5 km慢跑后,运动马的代谢能损耗相较于美国NRC(national research council)制定的维持需要量超出20.0%~30.0%<sup>[12]</sup>。基于运动马的消化生理特点,其饲喂策略需满足特定要求,SAASTAMOINEN M等<sup>[13]</sup>研究表明,不同生理状态的马匹对蛋白质的需求与摄入存在差异,活动量较少的马易摄入过量,而运动马、生长马及泌乳期母马则普遍营养摄入不足。随着马匹运动强度的提升,能量消耗加剧的同时,对蛋白质以及多种维生素等各类营养需求量也相应提高<sup>[4]</sup>。

## 2 运动马营养需求

### 2.1 能量代谢需求

能量是马匹运动的基础要素,运动强度对代谢能损耗有显著影响。相较于安静状态,低强度运动时能量消耗增加了20.0%,而高强度运动下,则可达到安静状态能量需求量的2倍<sup>[7]</sup>。运动马能量需求的动态变化,受运动强度、年龄、体重、生理状态等多个因素影响。根据美国NRC(2007)建议,一匹500 kg成年马处于低强度活动时每日需消耗63.39 MJ的维持能量,而高强度工作或训练状态下则需144.31 MJ<sup>[4]</sup>。通过对60匹马每日监测饲料摄入量 and 心率,EBERT M等<sup>[15]</sup>研究指出,运动马的日均代谢能(ME)需求量为0.118 MJ/kg 体重(BW),单次骑行的平均能量消耗为0.023 MJ/kg BW,而在持续一周训练后,其日均代谢能损耗增幅为0.018 MJ/kg BW。此类单位体重的能量消耗研究为制定不同体况马匹的营养标准提供了数据支撑,见表1。

表1 马匹每日的营养需要<sup>[16]</sup>

使役强度	体重/kg	消化能/MJ	粗蛋白/g	钙/g	磷/g	维生素 A/1 000 IU
轻度使役	200	38.91	370	11.0	8.0	9.0
	275	62.47	595	17.8	13.3	15.8
	400	70.29	670	20.0	15.0	18.0
	450	78.24	745	22.5	16.5	20.0
	500	85.77	820	25.0	18.0	22.0
中度使役	200	46.44	444	14.0	10.0	9.0
	275	74.48	714	22.3	15.3	15.8
	400	84.10	804	25.0	17.0	18.0
	475	98.32	939	28.8	20.0	21.0
	500	102.93	984	30.0	21.0	22.0

续表

使役强度	体重/kg	消化能/MJ	粗蛋白/g	钙/g	磷/g	维生素 A/1 000 IU
重度使役	200	61.92	592	18.0	13.0	9.0
	350	87.03	832	25.5	18.0	13.5
	400	112.13	1 072	33.0	23.0	18.0
	450	124.68	1 192	36.5	26.0	20.0
	500	137.24	1 312	40.0	29.0	22.0

根据美国 NRC 标准,可实时计算不同体重马匹的营养需求,以沈秋采<sup>[17]</sup>所建模型为例,在该模型中, $f(w)$ 代表相应营养物质的需要量; $w$ 代表马匹的实际体重,而 $w_1$ 、 $w_2$ 分别对应 NRC 标准中规定的马匹整百体重值;若实际体重 $w$ 介于 $w_1$ 和 $w_2$ 之间,营养物质需要量 $f(w)$ 的计算可参照 NRC 标准中体重为 $w_1$ 时对应的需要量为 $n_1$ 以及体重为 $w_2$ 时对应的需要量为 $n_2$ 。计算公式如下:

$$f(w)=n_1+(n_2-n_1)*\frac{w-w_1}{w_2-w_1}$$

根据公式可知,一匹体重 450 kg 的速度赛用马每日需要消化能 124.68 MJ,粗蛋白质 1 192 g,钙 36.5 g 和磷 26 g。

## 2.2 蛋白质与氨基酸

蛋白质是马匹生长发育、肌肉形成、组织修复和皮毛更新所必需的重要营养素<sup>[8]</sup>。运动马对蛋白质的需求高于普通马,因其运动能力依赖于发达的肌肉组织,而肌肉生长需要肌肉蛋白沉积<sup>[18]</sup>。马无法自主合成肌肉生长所需的氨基酸,需从饲料中摄取,因此需确保日粮中蛋白质与氨基酸的均衡<sup>[4]</sup>。根据美国 NRC(1989)《马营养标准》,维持期成年马的日粮蛋白质含量需达到 7.2%,而轻、中、高强度运动的马匹则分别需要 8.8%、9.4%、10.3%<sup>[19]</sup>,但过量或长期饲喂高蛋白日粮可能会导致马匹汗液增多,耐力下降及肾脏功能受损<sup>[4]</sup>。

## 2.3 微量营养素平衡

处于生长期和高强度运动的马对维生素需求较大,需通过预混料补充<sup>[4]</sup>,但过量补充会适得其反,因此需根据运动强度和生理状态等制定个性化补充方案,确保动态平衡。钙和磷元素有助于马匹骨骼强度和刚性的维持,日粮中二者配比在 1.5:1 至 2:1 最利于消化吸收,比例低于 1:1 易引发骨骼变形与代谢失调<sup>[20]</sup>。维生素和微量元素虽需要量少,却是马匹生长必需的营养物质,通常由精料补充<sup>[21,22]</sup>。在短距离或耐力赛事中,马匹因体能过度消耗而产生过量自由基,会引发脂质过氧化损伤及运动性疲劳,将显著阻碍其运动表现与恢复进程<sup>[23]</sup>。同时,有研究发现,补充维生素、氨基酸与油脂类物质有助于提升运动马的性能与机体恢复能力<sup>[24]</sup>。

## 2.4 水

水是运动马体内占比最大的组成成分,运动状态下大量汗液分泌,体内产热增加,需水量较静息状态提高 1~3 倍<sup>[25]</sup>。高温或高强度训练时,马匹通过汗液和呼吸散失大量水分,因此运动后应及时补水并补充电解质,以维持机体内环境稳态。此外,饮水须清洁无污染,且其中微量元素需符合相关标准,以确保马匹健康。

### 3 精准饲喂资源与技术体系

#### 3.1 饲料原料选配

##### 3.1.1 粗饲料优化

粗饲料是运动马日粮的基础,但马对其消化能力有限,其中对玉米、青草和麦秸的蛋白质消化率分别为76.0%、35.0%和18.0%,老年马的消化效率更低。实际饲喂时,需根据马匹生长阶段与营养需要合理配置粗饲料比例。不同工作强度的马匹,其日粮中粗精饲粮配比存在差异。重役马精料占比较高,可达70.0%,以满足马匹高强度运动的能量消耗,轻役马则以粗饲料为主<sup>[17]</sup>,见表2。

表2 体重450 kg马匹日采食量

使役强度	粗饲料/%		精饲料/%		日采食量占体重百分比/%
	占体重	占日粮	占体重	占日粮	
轻役马	1.0~2.0	65	0.5~1.0	35	1.5~2.5
重役马	0.75~1.50	30	1.0~2.0	70	2.0~2.5

##### 3.1.2 精饲料设计

精饲料具有高能量、高蛋白质及低粗纤维的特性,消化率高,适口性好,其中玉米常用作能量来源,豆粕提供优质蛋白。马匹在采食优质粗饲料的基础上,常需搭配精饲料以平衡营养,然而高精饲料低粗饲料的日粮结构易引发绞痛,据统计每年因绞痛导致的死亡马匹数量占比超过16.0%,因此在配方设计中要根据不同体重、年龄、运动量和生理阶段马的营养需要量,合理搭配精粗饲料配比<sup>[26]</sup>。

##### 3.1.3 微生态调节剂

微生态调节剂主要通过益生菌、益生元及合生元等活性制剂调节肠道菌群,促进消化吸收,增强抗病能力,进而提高生长性能<sup>[27]</sup>。研究表明微生态调节剂在马属动物肠道内的作用包括调节免疫功能,增加定植抗力,改善微量营养素吸收和改善上皮屏障功能等<sup>[28]</sup>。在实际应用中,需注意产品的保存条件、有效期、有效活菌数及与其他饲料添加剂的配伍禁忌,以确保使用效果。

#### 3.2 智能饲喂技术

##### 3.2.1 动态营养调控

动态营养调控是精准饲喂的核心技术,通过实时监测运动马营养代谢状况及生理状态,实现饲料配方的智能调整。通过可穿戴设备,如心率传感器、运动轨迹追踪器等,连续采集马匹运动数据,结合训练计划与环境参数,评估能量消耗与营养需求。根据相关数据,采用机器学习算法构建营养需求预测模型,并自动生成个性化饲料配方。这种动态调控模式能够显著提高营养供给的精准度,减少资源浪费。

##### 3.2.2 数字化管理

物联网技术结合了数据采集、传输、分析和用户界面,创建一个数字化管理系统,精准饲喂以准确评估饲料原料营养成分为核心,辅以先进建模技术预测营养需求<sup>[29]</sup>。智能化饲喂系统、环境监测设备等的应用能够实现饲料精准投喂、环境实时监测与调控,如自动饲喂系统可根据猪只体重、生长阶段等信息,精确控制饲料投喂量等<sup>[30]</sup>。在规模化马场应用中,数字化管理系统可构建全流程饲喂数据库,记录每匹马的饲喂历史、健康档案及赛事表现。通过数据统计分析与挖掘,能够发现饲喂

策略与马匹性能之间的关联,为优化饲喂方案提供依据。

### 3.2.3 加工工艺优化

饲料加工工艺指将原料处理成饲料产品的过程,其方法直接影响饲料的营养价值、消化率及适口性,不同加工工艺所获饲料品质有差异,进而影响动物营养状况<sup>[31]</sup>。孙杰等<sup>[30]</sup>研究指出,采用大料膨胀低温制粒工艺和二次制粒工艺可显著提高断奶仔猪饲料的颗粒耐久性(PDI)与淀粉糊化度,并明显降低料重比。针对运动马饲料不同原料特性,需采用适配的加工方式,同时加工过程中的温湿度等参数需严格控制,避免因过度加工导致营养物质流失。

## 4 困难与展望

### 4.1 当前运动马精准饲养面临的困难

#### 4.1.1 消化生理特性与营养需求匹配的复杂性

运动马非反刍草食单胃的消化生理特征,使其在营养需求与供给匹配上存在天然复杂性,成为精准饲养落地的首要障碍。从消化系统结构来看,运动马无瘤胃,依赖盲肠和结肠内的微生物群落分解粗纤维,但其肠道菌群代谢活性显著低于反刍动物,饲料中粗纤维含量一旦超过30.0%,消化效率便会显著下降<sup>[32]</sup>;同时,其胃容量仅占消化道总容积的8.5%左右,食糜滞留时间短(2~6 h),对单次饲喂量和饲料消化速度提出严格要求<sup>[33]</sup>。这种生理结构导致运动马对饲料的“即时性营养供给”需求更高,例如在高强度训练后,马匹需快速补充能量、蛋白质及氨基酸以修复肌肉损伤,但受限于胃排空速度,又无法通过单次大量饲喂满足需求,只能采取少量多次的饲喂方式,这无疑增加了饲喂管理的操作难度。

从营养需求动态性来看,运动马的能量、蛋白质、矿物质需求受多重因素交叉影响,精准量化难度极大。以能量需求为例,一匹体重500 kg的成年运动马,低强度活动时每日需63.39 MJ维持能量,高强度训练时则需144.31 MJ,能量需求差异达2.28倍;且同一匹马在不同训练周期(如基础训练期、赛前集训期、赛后恢复期)的能量消耗模式存在差异,基础训练期以有氧代谢为主,对易消化碳水化合物需求较高,赛前集训期则需更多脂肪供能以提升耐力,这种动态变化难以通过固定配方满足<sup>[34]</sup>。此外,蛋白质需求与运动强度的关联也存在个体差异,部分运动马在高强度训练下,蛋白质需求量可能较美国NRC标准高出10.0%~15.0%,若仅依据通用标准配制日粮,易出现蛋白质摄入不足导致肌肉修复迟缓,或过量引发肾脏代谢负担加重等问题。

#### 4.1.2 饲料资源选配与加工的局限性

饲料作为精准饲养的物质基础,其选配与加工环节存在的局限性,严重制约了运动马精准饲养技术的推广应用效果<sup>[35]</sup>。在粗饲料选择方面,运动马对不同粗饲料的消化率差异显著,对玉米的蛋白质消化率可达76.0%,而对麦秸仅为18.0%,但实际养殖中,优质粗饲料(如全株玉米青贮、苜蓿干草)的供应受地域、季节及气候因素影响。例如在我国北方冬季,优质苜蓿干草产量减少,价格攀升,部分马场不得不以麦秸、稻草等劣质粗饲料替代,导致粗饲料蛋白质含量下降10.0%~15.0%,粗纤维含量升高20.0%以上,直接打破了日粮营养平衡。同时,老年运动马的消化功能衰退,对粗饲料的消化效率较成年马低15.0%~20.0%,但目前缺乏针对不同年龄段运动马的专用粗饲料产品,只能通过切碎、揉丝等物理加工方式改善适口性,无法从根本上解决消化吸收效率偏低的问题。

#### 4.1.3 智能技术应用的瓶颈

智能技术是实现运动马精准饲养的核心支撑,但当前技术应用仍面临诸多瓶颈,难以构建“精准监测-动态调控-效果反馈”的闭环管理系统。在数据采集环节,现有可穿戴设备(如心率传感器、运动轨迹追踪器)虽能采集马匹的运动数据(如心率、步数、运动速度),但无法直接监测其营养代谢状态。例如,心率传感器可反映马匹的运动强度,却无法判断其是否存在能量、蛋白质及微量元素缺乏;部分设备虽能监测马匹的采食时间和采食量,但无法准确识别采食的饲料种类及营养成分,导致采集的数据无法直接用于营养需求评估。此外,设备的稳定性和适用性也存在明显不足——在高强度训练或高温、暴雨等恶劣天气下,传感器易出现信号中断或数据偏差,数据准确率较理想状态下下降30.0%~40.0%,影响后续营养需求预测的准确性。

### 4.2 运动马精准饲养的未来展望

#### 4.2.1 深化消化生理与营养需求研究,突破匹配难题

未来需从基础研究入手,深入解析运动马的消化生理机制,建立“生理特性-营养需求”的精准关联模型,为精准饲喂提供科学依据。在消化生理研究方面,可借助宏基因组测序、代谢组学等分子生物学技术,分析不同运动强度、年龄、品种运动马的肠道菌群结构(如乳酸菌、双歧杆菌的丰度变化)与代谢产物(如挥发性脂肪酸、氨基酸)的内在关联,揭示肠道菌群对营养物质消化吸收的调控机制。例如,通过对比高强度训练前后运动马的肠道菌群差异,筛选出能够提高粗纤维消化率的特定菌群(如产纤维素酶的梭菌属),为针对性开发微生态调节剂提供靶点。同时,利用体外消化模型(如人工瘤胃、肠道模拟系统),模拟不同饲料在运动马消化道内的消化过程,量化不同饲料原料的消化率、消化速度及营养释放规律,为饲料选配提供精准的消化参数支撑。

此外,应加强针对老年运动马、伤病恢复期运动马等特殊群体的营养需求研究<sup>[36]</sup>。对于老年运动马,需研发低粗纤维、高易消化蛋白的专用日粮,添加关节保护成分和肠道保健成分,以延缓消化功能衰退和关节老化进程;对于伤病恢复期运动马,则需根据伤病类型(如肌肉损伤、骨骼损伤)调整蛋白质、氨基酸及矿物质的供给,如肌肉损伤时增加支链氨基酸(亮氨酸、异亮氨酸)的摄入,促进肌肉修复,骨骼损伤时提高钙磷比例至2:1,加速骨骼愈合<sup>[37]</sup>。

#### 4.2.2 优化饲料资源选配与加工工艺,提升饲料品质

未来需建立运动马专用饲料原料的质量标准体系,推动饲料资源的精准选配。在粗饲料方面,应培育适配运动马的专用牧草品种(如高蛋白质、低粗纤维的苜蓿品种),通过精准灌溉、配方施肥等精准农业技术控制牧草的营养成分,使粗蛋白含量稳定在18.0%~22.0%,粗纤维含量低于30.0%。同时,开发针对不同年龄段、运动强度运动马的专用粗饲料产品,如针对老年运动马的“低纤维高消化率苜蓿干草”,通过酶解、微生物发酵等生物预处理降低15.0%~20.0%的粗纤维含量,提高消化率;针对高强度运动马的“高蛋白苜蓿青贮”,可添加乳酸菌制剂改善发酵品质,使乳酸含量达6.0%~8.0%,pH值稳定在4.2以下,提升粗饲料的能量和蛋白质供给能力。此外,应构建粗饲料的产地溯源和质量检测体系,利用近红外光谱技术快速检测粗饲料的蛋白质、粗纤维、水分含量,确保原料品质的稳定性。

#### 4.2.3 推动智能技术创新与融合,构建闭环管理系统

未来需突破智能技术在数据采集、处理与应用环节的瓶颈,构建“数据采集-需求预测-精准饲

喂-效果反馈”的全链条闭环管理系统。在数据采集方面,开发多功能、高稳定性的可穿戴设备,集成心率、体温、运动轨迹、采食行为、肠道菌群等多维度监测模块<sup>[38]</sup>。例如,通过口腔传感器监测马匹的采食种类和摄入量,结合近红外光谱技术实时分析饲料的营养成分;通过肠道温度传感器和pH传感器,监测肠道消化环境的变化,及时预警肠道健康风险(如pH值低于6.0时提示酸中毒风险)<sup>[39]</sup>。同时,优化设备的抗干扰能力和续航能力,确保在高强度训练、恶劣天气下的数据准确率达到90.0%以上,单次充电续航时间超过7天,满足实际养殖需求。

在数据处理与模型构建方面,建立基于国产运动马品种的专用营养需求预测模型。整合我国伊犁马、三河马等品种的生理特性数据(如基础代谢率、能量代谢效率)、运动表现数据(如比赛成绩、训练强度)和健康数据(如血清生化指标、肠道菌群结构),搭建大型运动马营养数据库,为模型开发提供数据支撑。利用卷积神经网络、长短期记忆网络等深度学习算法,提升模型对动态营养需求的预测精度,例如通过分析马匹连续7天的运动数据和营养摄入数据,预测未来3天的能量、蛋白质需求,将预测误差控制在5.0%以内。同时,开发开放式数据平台,实现不同品牌智能设备的数据互通,打破“数据孤岛”,支持跨设备的数据整合与分析。

此外,应深化产学研协同合作,加速科研成果转化与应用。鼓励高校、科研院所与马场、饲料企业开展协同攻关,聚焦专用饲料产品研发、智能饲喂设备优化、营养需求模型构建等核心技术;在全国范围内选取10~20家不同规模马场作为科研成果示范基地,推广精准饲喂技术,总结形成可复制、可推广的实践经验;通过政策扶持引导,鼓励企业加大运动马精准饲养技术研发投入,推动产业技术升级。

## 5 结论

运动马作为非反刍草食单胃动物,其消化系统结构(盲肠、结肠为主要发酵部位,胃容量小、排空速度快)和消化代谢特点(对粗纤维消化能力有限,蛋白质消化效率接近反刍动物,脂肪消化能力弱)决定了其饲喂策略的特殊性,需根据生理特性匹配营养供给。在营养需求方面,能量、蛋白质、微量营养素及水分需求均呈动态变化,受体重、运动强度、年龄及健康状态的显著影响,如500 kg成年运动马高强度训练时的能量需求是低强度活动时的2.28倍,蛋白质需求随运动强度提升同步提高。

精准饲喂体系已初步形成,涵盖饲料原料选配、智能技术应用及饲养管理标准化,但当前仍面临诸多困难:消化生理与营养需求匹配难度大,饲料选配与加工存在局限性,智能技术应用瓶颈尚未突破。未来需通过深化消化生理与营养需求研究、优化饲料资源配置与加工工艺、推动智能技术创新与融合、完善行业标准并加强人才培养,突破现有发展瓶颈。运动马精准饲养的发展,不仅能实现营养供给与需求的动态平衡,提升运动马竞技表现与健康水平,还能减少资源浪费、降低养殖成本,为马术产业的科学化、可持续发展提供有力支撑,推动我国从马术大国向马术强国迈进。

## 参考文献

- [1] 刘芳枝. 我国马运动产业政策的特征、成效与完善[J]. 武汉商学院学报, 2025, 39(3): 18-25.
- [2] 王子涵. 国际化视野下中国运动马检疫壁垒及其应对策略研究[D]. 太原: 太原理工大学, 2022.
- [3] 曹允, 张洁. 运动马粪样微生物对黑麦草等几种牧草的体外发酵研究[J]. 山东畜牧兽医, 2022, 43(4): 5-8, 13.

- [4] 陈诺, 徐英, 李石友, 等. 浅谈运动马的营养需要与饲养管理[J]. 黑龙江畜牧兽医, 2023(10): 39-43.
- [5] GAUTHIER R, LARGOUËT C, DOURMAD J Y. Prediction of litter performance in lactating sows using machine learning, for precision livestock farming[J]. *Computers and Electronics in Agriculture*, 2022, 196: 106876.
- [6] SU J Y, TAN B E, JIANG Z Y, et al. Accelerating precision feeding with the Internet of Things for livestock: from concept to implementation[J]. *Science Bulletin*, 2024, 69(14): 2156-2160.
- [7] 丁东. 马的肠阻塞疗法[J]. 甘肃畜牧兽医, 2017, 47(2): 83-84.
- [8] 孙玉江, 曹雁行, 芒来. 浅谈马的营养需要[J]. 中国草食动物, 2008, 28(1): 63-65.
- [9] 谢兰, 路挺, 祁兴震, 等. 马属动物肠道微生物的研究进展[J]. 饲料研究, 2024, 47(1): 162-166.
- [10] HINTZ H F, CYMBALUK N F. Nutrition of the horse[J]. *Annual Review of Nutrition*, 1994, 14: 243-267.
- [11] 方美烟. 不同消化能和粗蛋白质水平饲料对泌乳前期伊犁母马消化代谢和血液生化指标的影响[D]. 乌鲁木齐: 新疆农业大学, 2018.
- [12] H.E.Hintz, 左绍群. 马的能量和蛋白质需要(续)[J]. 国外畜牧学(草食家畜), 1987(1): 43-44.
- [13] SAASTAMOINEN M, SÄRKIJÄRVI S, SUOMALA H. Protein source and intake effects on diet digestibility and N excretion in horses—a risk of environmental N load of horses[J]. *Animals*, 2021, 11(12): 3568.
- [14] LAWRENCE L. The nutrient requirements of horses: historical perspectives[J]. *Translational Animal Science*, 2022, 6(1): txac021.
- [15] EBERT M, MOORE-COLYER M J S. The energy requirements of performance horses in training[J]. *Translational Animal Science*, 2020, 4(2): txaa032.
- [16] UNDEFINED M A, GANAI A M, AHMAD H A, et al. Feeding practices and nutritional status of horses in Ganderbal District of Kashmir[J]. *Journal of Livestock Science*, 2022, 13(2): 100.
- [17] 沈秋采. 马饲料配方模型研究与马场信息管理系统设计[D]. 沈阳: 沈阳农业大学, 2018.
- [18] MOK C H, URSCHER K L. Invited Review Amino acid requirements in horses[J]. *Asian-Australasian Journal of Animal Sciences*, 2020, 33(5): 679-695.
- [19] MASTELLAR S L, COLEMAN R J, URSCHER K L. Controlled trial of whole body protein synthesis and plasma amino acid concentrations in yearling horses fed graded amounts of lysine[J]. *The Veterinary Journal*, 2016, 216: 93-100.
- [20] ETEMADI F, TABATABAEI NAEINI A, AMINLARI M. Assessment of calcium, phosphorus, magnesium, vitamin D and PTH levels in sera of lame horses[J]. *Veterinary Medicine and Science*, 2023, 9(5): 2070-2077.
- [21] 索格及力, 托娜, 苏娃. 种公马配种期的饲养管理[J]. 吉林畜牧兽医, 2021, 42(9): 77-78.
- [22] GEMMILL R, AGAR C, FREEMAN S L, et al. Factors affecting owners' choice of nutritional supplements for use in dressage and eventing horses[J]. *Veterinary Record Open*, 2016, 3: e000155.
- [23] 曹莉萍, 臧长江, 徐向君, 等. 日粮中添加氨基酸对焉耆马运动性能、血浆抗氧化能力及代谢指标的影响[J]. 中国畜牧兽医, 2015, 42(4): 896-902.
- [24] 周琛. 添加维生素E、硫辛酸对焉耆马运动性能、血浆抗氧化能力及代谢指标的影响[D]. 乌鲁木齐: 新疆农业大学, 2014.
- [25] 王绍松. 运动用马营养需要特点[J]. 草食家畜, 2000(2): 38-39, 41.
- [26] CURTIS L, BURFORD J H, ENGLAND G C W, et al. Risk factors for acute abdominal pain (colic) in the adult horse: a scoping review of risk factors, and a systematic review of the effect of management-related changes[J]. *PLoS One*, 2019, 14(7): e0219307.
- [27] 中国微生态调节剂临床应用专家共识(2025版)[J]. 中国微生态学杂志, 2025, 37(8): 869-887.
- [28] SCHOSTER A. Probiotic use in equine gastrointestinal disease[J]. *The Veterinary Clinics of North America. Equine Practice*,

- 2018, 34(1): 13-24.
- [29] 苏家宜, 谭碧娥, 蒋宗勇, 等. 应用物联网技术加速畜禽精准饲喂: 从概念到实施[J]. *Science Bulletin*, 2024, 69(14): 2156-2160.
- [30] 孙杰, 张建, 李军国, 等. 不同加工工艺对断奶仔猪颗粒饲料加工质量、生长性能和养分消化率的影响研究[J]. *动物营养学报*, 2015, 27(5): 1501-1510.
- [31] 邢淑敏. 解析加工工艺对饲料营养价值的影响[J]. *畜牧兽医科技信息*, 2022(3): 186-188.
- [32] 刘凯. 不同精粗比对1岁、2岁焉耆马日粮养分消化代谢的影响[D]. 乌鲁木齐: 新疆农业大学, 2015.
- [33] 聂淑梅. 马的饲养与管理[J]. *吉林畜牧兽医*, 2020, 41(11): 82.
- [34] HULTON A T, MALONE J J, CLARKE N D, et al. Energy requirements and nutritional strategies for male soccer players: a review and suggestions for practice[J]. *Nutrients*, 2022, 14(3): 657.
- [35] 任万路, 孟军, 王川坤, 等. 运动马能量供给优化策略初探[J]. *动物营养学报*, 2019, 31(12): 5446-5453.
- [36] WICKENS C, WAITE K, GAREY S, et al. An assessment of the educational needs of Delaware equine owners[J]. *Journal of Equine Veterinary Science*, 2011, 31(5/6): 332-333.
- [37] 岳涛, 樊泰山, 杨光维. 种公马的饲养管理要点与实践策略[J]. *现代畜牧科技*, 2025(7): 87-90.
- [38] 王勇, 王晓铄, 赵旭, 等. 基于智能穿戴的运动马个性化饲喂方案研究[J]. *中国动物保健*, 2024, 26(12): 132-133.
- [39] 雷耿华. 竞技型运动马饲料配方研究[J]. *中国饲料*, 2020(20): 62-64.

## Research Progress on Precision Feeding of Sport Horses

LUO Yu<sup>1</sup>, WU Jingjing<sup>2\*</sup>, CHEN Xinwen<sup>1</sup>

(1. Institute of Animal Husbandry Quality and Standards, Xinjiang Academy of Animal Sciences, Urumqi, Xinjiang 830011, China; 2. Xinjiang Agricultural TV and Radio School, Urumqi, Xinjiang 830063, China)

**Abstracts:** **[Purpose/Significance]** Conducting research on precision feeding of sport horses can not only dynamically balance nutrient supply and demand to improve the competitive stability of horses and extend their sports lifespan, but also reduce resource waste and breeding costs, laying a foundation for the scientific development of the equestrian industry. **[Progress]** Focusing on precision feeding of sport horses, this study first clarifies their digestive characteristics as monogastric herbivores—relying on intestinal microorganisms to decompose crude fiber, with time and dose sensitivity in the absorption of proteins and carbohydrates. On this basis, the dynamics of nutritional requirements are explored, and it is found that horse breed, age, exercise intensity and health status all affect nutritional needs. Furthermore, a precision feeding system is constructed, covering feed selection, intelligent technology application and management process standardization. **[Conclusion/Prospect]** Precision feeding must combine the individual physiological, sports and health status of horses to scientifically regulate feed composition and feeding amount, so as to provide sufficient and balanced nutrition, which is crucial for improving the health and competitive level of horses. In the future, it is necessary to further enhance individual precision and optimize formulas based on intestinal flora characteristics; deepen technology integration to build an AI-driven demand prediction and feeding closed loop; and promote technology popularization by formulating implementation guidelines for stables of different scales, contributing to the sustainable development of the equestrian industry.

**Key words:** Sport horses; Precision feeding; Monogastric animals; Nutritional requirements

10.16863/j.cnki.1003-6377.2026.01.008

# 天然草原区牧户草场利用行为及其演变的研究进展

董佳宇,林婧雯\*,史梦瑶

(内蒙古农业大学经济管理学院,内蒙古呼和浩特 010013)

**摘要:**【目的】旨在研究锡林郭勒盟部分旗(县)天然草原区牧户草场利用行为及其演变历程,梳理牧户草场利用行为演变中的特点及存在问题,为未来牧户草场利用行为的研究提供思路。【方法】通过2025年多次实地考察及查阅资料等方式,对锡林郭勒盟部分旗(县)天然草原区牧户草场利用行为进行研究。【结果】研究发现,锡林郭勒盟部分旗(县)137户牧户草场利用行为的类型主要有3种,在不同的时期牧户草场利用行为略有不同,同时牧户草场利用行为的演变受多种因素的影响。【结论】经过详细梳理、深入探讨和借鉴,提出牧户草场利用行为未来可能的研究方向及改善牧户草场利用行为的对策建议。

**关键词:**天然草原区;牧户草场利用行为;演变历程;驱动因素

中图分类号:S812

文献标识码:A

文章编号:1003-6377(2026)01-0059-05

天然草原区是地球上重要的生态系统之一,牧户作为草原生态系统的主要使用者和管理者<sup>[1]</sup>,其草场利用行为不仅直接关系到草原生态的可持续性,还影响着牧户自身的生计与福祉。随着数字化技术的进一步发展,牧户草场利用行为呈现智能化发展趋势<sup>[2]</sup>。现有研究多集中在传统牧户草场利用行为的描述性分析,缺乏牧户草场利用行为智能化演变的相关讨论。本文通过对锡林郭勒盟部分旗(县)137户天然草原区牧户的草场利用行为及其演变的研究进展进行全面梳理和综述,剖析牧户草场利用行为演变的影响因素,并提出未来研究锡林郭勒盟部分旗(县)牧户行为的建议以及当地政府推动牧户在草场利用行为中应用数字化技术的可行性对策。

## 1 牧户草场利用行为演变现状与影响因素分析

### 1.1 牧户草场利用行为演变现状

#### 1.1.1 牧户草场利用行为的内涵

基于“理性经济人”假设,农户行为是“有限理性”下的决策,涵盖风险、不确定性、偏好、损失规避、跨期选择、公平和福利等核心维度。农户的行为也可以用来解释牧户的行为<sup>[3]</sup>。计划行为理论(Theory of Planned Behavior, TPB)是研究农户行为的核心理论之一,广泛应用于分析农户决策行为。该理论通过行为态度、主观规范、感知行为控制等核心组成部分,解释农户对某一行为的态度和意愿,并进一步影响其实际行为。

在“理性经济人”假说和计划行为理论框架下,可以对牧户草场利用行为做出以下分析。首先,牧户作为“理性经济人”,其草场利用的首要逻辑是实现自身经济利益的最大化<sup>[4]</sup>。他们会综合考虑草场的自然载畜量,通过合理确定放牧牲畜的数量来获取最大可能的畜牧业产出,以实现畜牧业生

基金项目:2024年国家社科基金西部项目“牧场智慧化、牧户草场利用行为转变与草原过牧治理研究”(24XJY023)

作者简介:董佳宇(1973—),女,博士,副教授,研究方向为牧区综合发展、草原生态补偿制度、牧户生产行为等。

E-mail: dongjiy1973@163.com

通信作者:林婧雯(2000—),女,硕士,研究方向为牧户草场利用行为转变、草原过牧治理等。E-mail: 2978935433@qq.com

收稿日期:2025-05-27,修回日期:2025-06-19

产经济效益的最大化。然而在资源利用过程中,大部分牧户并非单纯追求短期利益,他们同样关注草场资源的可持续利用与生态保护<sup>[5]</sup>。他们会在草场出现退化或植被覆盖度降低时,主动减少牲畜数量或调整放牧方式,以降低草场压力,保护草场生态系统。其次,牧户草场利用行为受多种因素的综合影响。牧户的年龄、受教育程度、风险偏好、职业认知等,共同塑造了他们对草场利用的态度和行为方式<sup>[6]</sup>。年轻、受过教育的牧户可能更易接受新型草场管理技术和经营理念,如轮牧、舍饲圈养等。最后,牧户草场利用行为也受政策法规和社会期望的引导与约束<sup>[7]</sup>。如政府推行草场承包经营与生态补偿政策,牧户会为获取补偿而遵循草场保护政策;同时,会综合考虑社区规范、行业标准及社会对生态保护的价值观念,来调整放牧与管理等行为以契合社会期望和政策要求。

综上,本研究认为牧户草场利用行为是指牧户在放牧过程中,对草场资源进行管理和使用的行为模式。这包括但不限于选择放牧地点、确定放牧时间、控制牲畜数量、实施轮牧制度、草场保护与恢复等,结合锡林郭勒盟部分旗(县)情况,这些活动可以具体分为3类,分别是草场放牧行为、草场修复行为及生产经营行为。同时,这些行为受牧户社会认知、家庭情况、政策法规等因素的影响。

### 1.1.2 牧户草场利用行为的演变历程

关于锡林郭勒盟牧户草场利用行为的演变历程按照时间段可分为3个时期,分别是1950年以前的传统放牧时期、始于20世纪80年代末至90年代初的草场承包到户时期和始于21世纪初的现代放牧时期。

传统放牧时期,草场归部落或民族公有,牧民以大范围四季游牧为主要利用方式。这种方式通过轮牧实现草场自然恢复,牲畜移动范围广,载畜量可灵活调整,符合草原生态的自然特性,此时牧民行为以集体协作和生态适应性为主导,在该阶段牧户对草场的利用行为主要是草场放牧行为<sup>[8]</sup>。

草场承包到户时期,草场划归牧户个体经营,草场围栏普及。牧民经济理性被激发,养殖规模迅速扩大,苏柳方等学者的研究表明,草场细碎化增加了牧户的轮牧成本,促使部分牧户转向放牧替代行为,但同时也降低了减畜意愿<sup>[9]</sup>。在该时期牧户对草场的利用仍以草场放牧为主。

现代放牧时期,牧户的草场利用行为呈现多样化、集约化与生态化趋势,核心是通过技术、政策与市场机制协调生产与生态目标。关键行为包括轮牧、草场流转、补饲种植、数字化管理及参与生态补偿,这些措施共同推动草场可持续利用。牧户将草场划分为多个区块,采用轮牧或间歇放牧来优化草场利用率。但部分牧户仍存在过牧与粗放经营,尤其在中小牧户中因经济压力和政策执行不到位导致超载。此外,自由放牧与围栏管理的选择需权衡生态效益与传统习惯,而轮牧效果也因草场类型和气候差异存在争议<sup>[10]</sup>。

## 1.2 牧户草场利用行为的影响因素

### 1.2.1 社会认知

锡林郭勒盟牧户社会认知较为多样,其中关于数字化技术的认知有着较大不同,在正镶白旗牧户草场利用行为偏向传统放牧方式,较少应用数字化技术,而在阿巴嘎旗牧户对数字化技术认知水平较高,牧户更愿意使用数字化技术来提高生产效率。牧户的社会认知是指牧户对其居住环境、生产方式、生活习惯以及社会组织结构的理解和认识。目前关于牧户社会认知的研究维度较为多元,包括牧户对生态环境、生态畜牧业、社会资本等方面的认知研究。其中,牧户对生态环境的认知不仅会影响牧户草地保护行为<sup>[11]</sup>,还会导致其草场流转意愿与行为出现偏差<sup>[12]</sup>。牧户对生态畜牧业的认知存在较大的地区差异,在生态脆弱区牧户对生态畜牧业的认知水平较低,在北方地区牧户对经济风险和生态风险的敏感性会显著影响其行为选择,不同经济水平的牧户在草场流转和牲畜规模扩大方面表现出不同的适应行为<sup>[13]</sup>。牧户对自身社会资本的认知水平显著影响其草场流转决策<sup>[12]</sup>,社会资本较强的牧户更倾向于通过亲友网络获取草场租赁信息并完成交易,而年轻牧户更依赖互联网等

新型信息渠道。同时,社会网络中的信任体系可以降低合同风险,促进草场流转行为。这些因素都会影响牧户在草场利用行为中对数字化技术的应用。

### 1.2.2 自然因素

自然因素通过影响草地生态系统的承载力、季节性变化、地形地貌、自然灾害以及草地类型和植被特征等多个层面,深刻影响着牧户的草场利用行为。草地退化会导致牧草覆盖度和生物量的减少,牧户不得不通过增加牲畜头数或改变放牧方式来维持生计<sup>[14,15]</sup>。同时,不同类型的草地和植被特征也会影响牧户的草场利用行为,刘增辉等学者<sup>[16]</sup>认为高寒草原区的草地通常具有较高的生物量和物种多样性,适合大规模放牧,而荒漠草原区的草地则因生物量低而限制了放牧规模。同时,有研究表明当草地退化超过生态阈值时,牧户被迫减少牲畜数量或完全转产。根据实地调查,锡林郭勒盟正镶白旗风沙天气频繁,远程监控摄像头等智能化放牧设备的维护成本较高,因此当地牧户更倾向于传统放牧方式,较少使用智能化设备。

### 1.2.3 政策因素

政策制度是指国家和地方政府为应对生态环境问题而采取的一系列措施,主要包括法律法规、管理制度等。这些政策制度通过引导和约束牧户行为来实现保护生态环境的目的,而牧户草场利用行为是其最直接的表现。在草原生态保护与建设工程实施的不同阶段,由于政府的政策措施不同,牧户对草场的利用方式也会发生相应的变化。例如,草原生态保护与建设工程实施初期,牧民以放牧为主要利用方式;政府出台禁牧政策后,牧民的草场利用方式逐步转变为以圈养为主。随着草原生态保护与建设工程实施时间的推移,政府出台了一系列相关政策,如对牲畜数量进行管控、对牧户进行补贴等。在这些政策因素的影响下,牧户对草场的利用方式也发生了相应的变化。

## 2 存在的问题

牧户是天然草原区的基本经营单元,对天然草原区生态系统发挥着至关重要的作用,牧户草场利用行为及其演变的研究对指导草地管理和制定草地可持续发展战略具有重要意义。目前学者关于牧户草场利用行为的研究主要集中在草畜平衡机制、草地管理决策行为、草地退化与草地利用现状以及合理的草地利用方式等方面。尽管学者们研究维度较广,但仍存在诸多不足,同时,政策的实施虽然在一定程度上能够影响牧户的行为,但现有政策仍存在一些不足。

### 2.1 理论模型的局限性

一是跨学科整合不足,现有研究多基于单一学科,缺乏对“社会-生态”系统耦合机制的深入分析,同时经济与生态指标割裂,经济研究强调收入最大化,生态研究关注载畜率,但缺乏统一指标衡量“生态-经济”协同效益。二是忽视社会系统的复杂性,现有研究虽然引入“心理载畜率”和“预防性储蓄理论”,但牧户风险偏好、情感因素对长期行为的影响未进一步探讨,如牧户因“损失厌恶”心理拒绝减畜,但现有模型未纳入此类行为经济学变量,同时理论模型未区分草原类型差异,导致政策建议普适性不足。

### 2.2 研究方法的单一性

一是主观感知与客观数据的割裂,多数研究依赖遥感或统计数据,忽视牧户作为草原直接管理者的经验判断,导致政策设计脱离实际。二是缺乏动态追踪,多数研究基于截面数据,仅反映特定时间点的行为特征,难以捕捉牧户决策的长期演变规律。三是研究区域单一,多聚焦单一区域,忽视不同草原类型的差异性。四是方法手段局限,过度依赖回归模型,未能整合行为经济学实验或质性分析,牧户规模、区域差异对行为的影响机制尚未系统揭示。

### 2.3 政策设计与实践脱节

一是激励适配性不足,补偿标准不合理,未充分覆盖牧户机会成本,导致政策执行效果参差不齐。二是生计与生态目标冲突应对不足,草原补奖政策可能抑制非农就业、加剧牧户生计脆弱性,但缺乏有效的替代性生计支持措施。三是忽视牧户主体性,草畜平衡政策依赖行政监管,牧户主观承载力认知高于科学标准,导致政策执行阻力较大;四是数字化技术应用缺失,政府措施未融入数字化技术,制约政策执行效率。

## 3 对策建议

牧户草场利用行为与政策措施有密切的联系,草原环境和政策措施对牧户行为和家庭生活产生了潜移默化的影响。当前,第四轮补奖政策尚未启动,一方面学者们可以通过深化跨学科协作和创新研究方法等对牧户草场利用行为进一步研究,同时深入分析政策效益日趋递减的原因,以更精准的研究提高政策瞄准性。另一方面未来政策应进一步优化激励机制,加强政策监管,并通过提高牧户的参与度和认同感,实现政策与实践的良性互动。

### 3.1 深化跨学科协作

针对理论模型局限性这一问题,学者们一方面可以构建“社会-生态”系统模型,分析牧户行为与草原退化的双向反馈机制,也可以探索行为经济学与生态学的交叉,统一经济与生态视角,构建“经济-生态”指标,衡量生态与经济的协同效益。另一方面学者们可以联合建立研究团队,如生态学家、经济学家与民族学者相互协作,共同设计“草地修复-生计替代”一体化方案,也可以对牧户社会网络展开专项研究,量化亲缘网络对草场流转的影响,引导建立“合作社主导”的规范化流转市场。最后学者们可以对区域差异化进行建模,按照草原类型划分研究单元,如荒漠草原侧重干旱适应机制,学者们可以根据荒漠草原的独特性来定制政策工具。

### 3.2 创新研究方法

针对当前对于牧户草场利用行为研究方法较为单一的问题,学者们可以利用AI技术融合主客观数据、采用混合研究方法、应用实验经济学方法等方面创新研究手段。在利用AI技术融合主客观数据方面,可以联合牧户感知与遥感数据评估草原健康状况,提升政策适用性。在混合研究方法设计方面,可以结合长期面板数据与遥感技术,提升数据时空连续性,或者进行长期追踪与实验设计,通过面板数据与田野实验捕捉行为变化的动态过程。在实验经济学应用方面,可以采用“情景模拟实验”量化牧户风险偏好,以此来增强行为的预测精度。

### 3.3 优化政策机制

针对政策设计与实践脱节这一问题,政府一方面可以对不同规模的牧户实施差异化的补偿机制,如对小规模牧户提高生态补贴比例,对大规模牧户提供技术升级补贴,可以缓解“减畜不减收”的矛盾。另一方面政府可以创新监管机制,实施参与式监管创新,比如设立“牧户-政府”联合监督小组,利用数字化技术将牧户传统放牧知识纳入科学载畜量标准,让牧户从内心自愿参与草原生态维护。此外相关部门也可以联合学者和社会机构运用智能化平台开发风险对冲工具,推行“草地保险+期货市场”组合,降低价格波动导致的超载冲动,同时政府也应加大对数字化技术的宣传,提高牧户对数字化技术的认识与信任,从而使牧户草场利用行为向着智能化、生态化方向演变。

## 4 结语

随着草原环境与政策措施的变化,牧户草场利用行为已从传统放牧时期单纯的放牧行为,向现代放牧时期多样化、智能化方向演变。此次调查梳理了锡林郭勒盟部分旗(县)天然草原区牧户草场

利用行为的演变历程及其背后的驱动因素,对牧户草场利用行为有了更深刻的认识,但现有研究仍存在理论模型与研究方法较为单一、政策设计与实践衔接不足等问题。因此深化跨学科理论整合和创新研究方法,是研究牧户草场利用行为的新思路,同时政府也可以利用数字化技术实施差异化补偿机制、创新监管机制和开发风险对冲工具等措施来优化政策机制,还可以因地施策宣传数字化技术的应用,提高牧户对数字化技术的认知水平,进而促进牧户草场利用行为向着智能化方向演变。

## 参考文献

- [1] 蒋玉,段鹏飞,孙天合,等.基于牧户视角的草原水资源价值评估与价值实现——来自草地灌溉服务选择实验的证据[J].资源科学,2024,46(8):1493-1507.
- [2] 陆镜名,仇焕广,苏柳方,等.数字能力能否促进牧户增收——来自典型牧区的经验证据[J].国农村经济,2023(12):85-105.
- [3] CAMERER C F. Behavioural studies of strategic thinking in games[J]. Trends in Cognitive Sciences, 2003, 7(5):225-231.
- [4] 黄绚,李敏,徐苗苗.草畜平衡维护行为对牧户家庭福利水平的影响——来自新疆伊犁州的经验证据[J].中国农业资源与区划,2025(02):1-19.
- [5] 韩枫,朱立志.基于草原生态建设的牧户满意度分析——以甘南草原为例[J].农业技术经济,2017(3):120-128.
- [6] 宣文婷,赵一军,李艺妆,等.青藏高原东北缘不同利用率高寒草甸植被构成及种间关联[J].草业科学,2022,39(4):625-633.
- [7] 韩枫,张鑫,周荣柱.草原生态补偿及其对牧户行为影响:综述与展望[J].资源科学,2024,46(8):1447-1459.
- [8] 马永林,党生贵.海北州顺利完成四季草场承包[J].中国畜牧业通讯,2000(11):43.
- [9] 张新时,唐海萍,董孝斌,等.中国草原的困境及其转型[J].科学通报,2016,61(2):165-177.
- [10] 茹雅倩,薛建国,葛萍,等.高频轮牧对典型草原生产生态效果的影响[J].植物生态学报,2024,48(2):171-179.
- [11] 李通,崔丽珍,庄明浩,等.牧民对草地可持续利用的生态认知水平及其影响因素——以黄河源区5个县为例[J].生态学报,2022,42(20):8193-8201.
- [12] 张美艳,葛伟,辛晓平,等.草原流转意愿与行为不一致的影响因素分析[J].干旱区资源与环境,2019,33(12):60-67.
- [13] 侯向阳,尹燕亭,运向军,等.北方草原牧户心理载畜率与草畜平衡模式转移研究[J].中国草地学报,2013,35(1):1-11.
- [14] 赛西雅拉图,白丽艳,张萍.2003—2010年克氏针茅放牧草地资源的变化[J].草业科学,2014,31(4):607-613.
- [15] 韦惠兰,孙婉婉.我国草原生态治理项目对牧民生计影响的研究综述[J].安徽农业科学,2013,41(29):11870-11874.
- [16] 刘增辉,周荣柱,孙维,等.藏北羌塘牧民家庭牲畜存出栏权衡及影响因素分析[J].草地学报,2024,32(11):3591-3601.

## Research Progress on Pasture Utilization Behaviors of Herders in Natural Grassland Areas and Their Evolution

DONG Jiayu, LIN Jingwen\*, SHI Mengyao

(College of Economics and Management, Inner Mongolia Agricultural University, Hohhot, Inner Mongolia 010013, China)

**Abstract:** 【Objective】 This study aimed to investigate the pasture utilization behaviors of herders and their evolution in natural grassland areas in certain banners (counties) of Xilingol League, clarify the evolution process and existing issues in the utilization practices, and to provide insights for future research on herders' pasture utilization behaviors. 【Methods】 Through multiple field investigations and literature reviews conducted in 2025, the pasture utilization behaviors of herders in natural grassland areas in selected banners (counties) of Xilingol League were studied. 【Results】 Three major types of pasture utilization behaviors were identified among 137 herder households in selected banners (counties) of Xilingol League. These behaviors exhibited slight variations across different periods, while their evolution was influenced by multiple contributing factors. 【Conclusion】 Through detailed review, in-depth discussion, and reference to existing work, potential future research directions for herders' pasture utilization behaviors were proposed, along with countermeasures and suggestions for their improvement.

**Key words:** natural grassland; herders' pasture utilization behavior; evolution process; driving factor

10.16863/j.cnki.1003-6377.2026.01.009

# 硒代蛋氨酸在畜牧生产中的应用研究进展

武莹莲<sup>1,2</sup>, 秦荣艳<sup>1,2</sup>, 刘艳丰<sup>1,2</sup>, 张林峰<sup>3\*</sup>, 王文奇<sup>1,2\*</sup>

(1. 新疆维吾尔自治区畜牧科学院饲料研究所, 新疆乌鲁木齐 830011;

2. 新疆草食家畜饲料生物技术重点实验室, 新疆乌鲁木齐 830011;

3. 新疆维吾尔自治区畜牧科学院草业研究所, 新疆乌鲁木齐 830011)

**摘要:**【目的/意义】系统综述硒代蛋氨酸(Se-Met)的理化特性、生物学功能及其在畜牧生产中的应用效果,为Se-Met的科学利用提供理论参考,助力其在畜牧领域的合理应用与推广。【进展】Se-Met作为生物利用率最高的有机硒源,可有效提高动物生长性能、肉蛋品质和繁殖效率。在家禽生产中,能改善肠道健康、缓解热应激、提升鸡肉品质和蛋硒含量;在猪生产中,有助于缓解氧化应激、改善猪肉品质,并促进仔猪生长;在反刍动物生产中,可增强抗氧化能力、提升乳硒含量和肉质指标。其作用机制主要涉及增强硒蛋白活性,调节 Keap1/Nrf2、NF- $\kappa$ B 等信号通路。【结论/展望】Se-Met在畜牧生产中具有显著的应用潜力,能有效替代无机硒源,提升动物健康水平与养殖生产效益。未来需进一步深入研究其具体作用机制,并优化不同动物品种、不同养殖场景下的添加策略,以充分发挥其应用价值。

**关键词:** 硒代蛋氨酸(Se-Met); 生物学功能; 吸收代谢; 畜牧生产

中图分类号: S816

文献标识码: A

文章编号: 1003-6377(2026)01-0064-08

硒作为维持机体正常生命活动的关键微量元素之一,在促进生长、维持健康等方面发挥着关键作用。研究表明,动物缺硒可导致心肌纤维变性、骨骼肌变性和肝坏死等多种病变,严重影响畜牧业健康发展<sup>[1]</sup>。目前畜牧生产中常用的硒源主要包括无机硒和有机硒两大类。无机硒虽成本较低,但存在生物利用率低、毒性高、易与其他矿物元素发生拮抗等缺点,过量使用甚至会对动物健康造成损害。相比之下,有机硒因其更高的生物安全性和利用效率而日益受到重视,其中硒代蛋氨酸(Se-Met)作为生物效价最高的有机硒形式,具备生物利用度高、安全性好和环境友好等优势。Se-Met可通过氨基酸转运途径主动吸收,可非特异性替代蛋氨酸整合入组织蛋白中形成硒储备,在动物发生应激或营养不足时重新释放,为合成谷胱甘肽过氧化物酶等硒蛋白提供硒源,进一步增强机体的抗氧化能力和抗病能力<sup>[2]</sup>。研究表明,Se-Met不仅能有效缓解热应激、霉菌毒素和氨气等不良因素的影响,还在促进动物骨骼发育、提高繁殖性能、改善肉蛋品质以及抗病毒等方面展现出多重生物学功能,因而被视为替代无机硒的理想硒源<sup>[3]</sup>。本文系统综述Se-Met的理化特性、生物学功能、吸收代谢机制及

**基金项目:** 财政部和农业农村部“国家现代农业产业技术体系资助项目”(CARS-38);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(KY202475);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(KY202469)

**作者简介:** 武莹莲(1997—),女,硕士,助理研究员,主要从事反刍动物营养与饲料科学研究。E-mail: 1092304334@qq.com

**通信作者:** 张林峰(1979—),男,本科,高级畜牧师,主要从事畜牧养殖技术研发和推广工作。E-mail: 657819282@qq.com

王文奇(1979—),男,硕士,研究员,主要从事反刍动物营养与饲料科学研究。E-mail: xjslswq@163.com

**收稿日期:** 2025-08-20, **修回日期:** 2025-10-15

其在猪、禽、反刍动物生产中的应用效果,旨在为Se-Met在畜牧生产中的高效应用提供参考依据。

## 1 Se-Met的理化与生物学特性

### 1.1 Se-Met的理化特性

Se-Met是生物效价最高的有机硒化合物之一<sup>[4]</sup>,其结构与蛋氨酸高度相似,由硒原子取代蛋氨酸中的硫原子而形成<sup>[5]</sup>。Se-Met主要以L型、D型及DL-型混旋物3种旋光形式存在。其中,L-Se-Met是自然界中的主要存在形式,常见于谷物以及酵母硒中,酵母硒中约70%~76%的硒以该形式存在,DL-型则为人工合成产物,通常为D型和L型各占50%的混合物。动物饲料中天然硒含量通常低于0.1 mg/kg,因此需额外补充以满足生理需求。其主要来源包括植物性原料、酵母硒和化工合成产品,3类来源均可可为动物提供所需硒元素,其中合成Se-Met纯度可达99%以上<sup>[6]</sup>,其化学结构见图1。

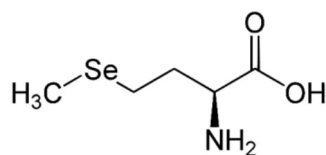


图1 Se-Met的化学结构

### 1.2 Se-Met的生物学特性

#### 1.2.1 Se-Met的抗氧化作用

Se-Met的核心生理功能之一是通过增强机体的抗氧化防御系统来维持动物健康。Se-Met进入机体后可直接参与硒蛋白合成,也可在肝脏中代谢后用于合成多种含硒酶,从而高效发挥抗氧化作用。硒是GSH-Px活性中心的主要成分,Se-Met的抗氧化机制主要依赖于以下几类关键硒酶。首先,GSH-Px家族是体内最重要的抗氧化酶系,其中,GSH-Px1可清除细胞内的过氧化氢和自由基;GSH-Px2在胃肠道高表达,保护肠道上皮免受氧化损伤;GSH-Px3是主要的细胞外抗氧化酶,广泛分布于血浆及腺体组织;而GSH-Px4能特异性还原磷脂氢过氧化物,与维生素E协同保护生物膜结构的完整性<sup>[7,8]</sup>,这些酶共同构成了细胞内外抗氧化防御的第一道防线。其次,硫氧还蛋白还原酶(TrxR)通过还原硫氧还蛋白(Trx),间接清除过氧化物、修复氧化损伤的蛋白质,并在调控细胞增殖与凋亡过程中发挥关键作用<sup>[9]</sup>。

此外,甲状腺素脱碘酶(DIOs)通过调节甲状腺激素代谢,影响机体的能量代谢和整体抗氧化状态<sup>[10]</sup>。研究表明,Se-Met在提升GSH-Px、TrxR、DIOs等酶活性方面显著优于无机硒源,其作用不仅体现在直接参与抗氧化酶的构成,还可通过调控Keap1/Nrf2等信号通路增强抗氧化基因的表达<sup>[11]</sup>。

综上所述,Se-Met通过多种含硒酶系统和信号通路协同增强机体的抗氧化能力,是其改善动物健康和缓解应激的重要机制。

#### 1.2.2 Se-Met的免疫调节功能

Se-Met作为一种高效的有机硒源,对动物免疫系统具有多方面的调节作用,能够显著增强机体的特异性与非特异性免疫反应能力。Se-Met主要通过硒蛋白广泛分布于巨噬细胞、中性粒细胞、淋巴细胞等免疫细胞中,从多个层面提升免疫功能。一方面,它通过促进特异性体液免疫,提高抗体水平;另一方面,它显著增强吞噬细胞的吞噬与杀菌功能,提高先天免疫防御能力。Se-Met的免疫调节机制涉及多条关键信号通路。首先,Se-Met经由抑制核因子 $\kappa$ B(NF- $\kappa$ B)信号通路,从而下调关

键促炎细胞因子的基因表达与蛋白生成,有效缓解炎症反应<sup>[12]</sup>。其次,Se-Met有助于维持辅助性T细胞1(Th1)和T细胞2(Th2)之间的平衡,通过调节IL-4/IFN- $\gamma$ 等细胞因子网络,防止免疫应答失衡,减轻过度炎症造成的组织损伤。此外,Se-Met还可以影响JAK2/STAT3、cGAS/STING等通路,在细胞层面抑制炎症和细胞衰老<sup>[13]</sup>。

值得注意的是,硒缺乏会导致GSH-Px和TrxR的活性降低,进而引起IL-2等关键细胞因子表达下降,最终导致T细胞、B细胞和自然杀伤(NK)细胞活性减弱,机体免疫功能全面受损<sup>[14]</sup>。而补充Se-Met则可逆转这一过程,不仅能显著提高免疫球蛋白和补体水平,还能促进淋巴细胞活化与增殖,全面增强细胞免疫和体液免疫反应。

综上所述,Se-Met通过多靶点、多通路协同作用,有效调节先天性与获得性免疫,是一种具有重要应用价值的免疫调节营养素。

### 1.2.3 Se-Met的抗应激作用

Se-Met在缓解动物热应激方面同样发挥着关键作用,其机制主要涉及调节硒蛋白和热休克蛋白(HSP)的表达。研究表明,在热应激肉鸡中,Se-Met可通过显著上调肝脏GSH-Px4等硒蛋白的转录与表达,增强抗氧化能力,进而实现对线粒体功能障碍、三羧酸循环异常及内质网应激的缓解作用,有助于恢复肝脏中甘油三酯和糖原的正常水平<sup>[15]</sup>。同时,Se-Met通过调控AMPK信号通路,抑制肝脏中脂质和糖原的过度合成,并促进其分解代谢。在细胞层面,Se-Met可降低热应激条件下成肌细胞中HSP70的mRNA和蛋白表达水平,并部分恢复生肌调节因子MYOGENIN的表达,提高GPX1和内质网硒蛋白的表达水平,改善细胞稳态<sup>[16]</sup>。此外,Se-Met可在免疫器官中沉积,通过干预细胞脂质过氧化过程,保护细胞免受应激导致的损伤,从而提高机体整体的抗应激能力<sup>[17]</sup>。

### 1.2.4 Se-Met的抗病毒作用

Se-Met被证实具有一定的抗病毒潜力,尤其在抑制猪德尔塔冠状病毒(PDCoV)复制方面作用显著。其抗病毒机制主要通过两条通路实现:一方面,Se-Met可激活线粒体抗病毒信号蛋白(MAVS)通路,促进干扰素调节因子3(IRF-3)磷酸化,进而刺激I型干扰素(IFN- $\alpha/\beta$ )分泌,增强宿主的先天免疫应答;另一方面,它能够抑制糖酵解途径中的关键限速酶——己糖激酶2(HK2)的活性,削弱病毒复制所需的能量供应,从而间接抑制病毒增殖<sup>[18]</sup>。此外,Se-Met还可提升细胞抗氧化酶活性,辅助缓解病毒感染引发的氧化应激。不过,目前该结论多基于细胞实验,其在动物体内的实际抗病毒效果及应用潜力,仍需进一步在动物体内验证。

## 2 Se-Met的吸收与代谢机制

Se-Met主要通过小肠的钠离子依赖性中性氨基酸转运系统实现主动吸收,因此其在单胃动物体内的吸收率可达90%以上,远高于无机硒的简单扩散方式。吸收后的Se-Met进入血液循环,可被红细胞摄取并还原,也可与血浆蛋白结合运输至肝脏。

Se-Met在机体内主要有两条代谢途径:第一种是Se-Met可非特异性地替代蛋氨酸掺入机体各种组织蛋白中,形成硒的储备库。这一过程是可逆的,在机体缺硒时,这些储存的Se-Met可被重新释放出来供机体利用,这为其作为可持续的硒源提供了基础。第二种是一部分Se-Met在肝脏中通过转硫途径代谢生成硒代半胱氨酸(Se-Cys),进而被降解为硒化物。硒化物可作为合成多种重要硒

蛋白的原料,最终通过硒蛋白发挥广泛的生物学功能。未被利用的硒化物则被甲基化,以二甲基硒醇或三甲基硒离子的形式,通过尿液排出体外,少量通过呼吸排出体外<sup>[19]</sup>。

这种高效的主动吸收和双途径代谢机制,使Se-Met的生物利用率显著高于其他硒源。研究表明,其在肉鸡上的相对生物利用率可达亚硒酸钠的67.8%~471%<sup>[20]</sup>。高吸收率、独特的储存机制以及高效的硒蛋白合成能力,共同奠定了Se-Met作为理想硒补充剂的应用基础,其吸收代谢机制见图2。

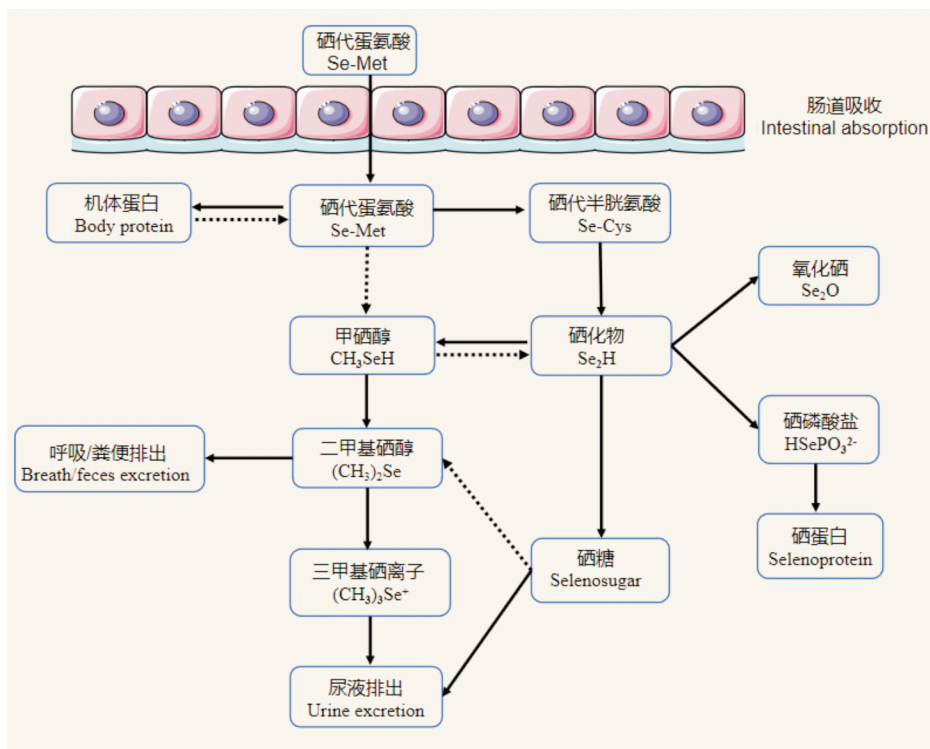


图2 Se-Met的吸收代谢机制

### 3 Se-Met在畜牧生产中的应用效果

#### 3.1 在家禽生产中的应用

在家禽生产中,Se-Met的应用研究取得了显著进展。杨佳等<sup>[21]</sup>研究表明,通过蛋内注射中浓度的Se-Met,可以显著提升雏鸡的抗氧化与免疫功能。这一发现为提高家禽健康水平和生产效率提供了新的思路和方法。另有研究表明,在肉鸡日粮中补充0.15 mg/kg的Se-Met可提高生长性能,这可能归因于Se-Met改善了肉鸡肠道形态、增强了抗氧化和免疫功能,从而缓解了氧化损伤和细胞凋亡<sup>[22]</sup>。WANG J Y等<sup>[23]</sup>研究发现,0.3 mg/kg Se-Met能够缓解热应激导致的肉鸡肝脏脂质代谢紊乱。在热应激和高密度饲养条件下,羟基硒代蛋氨酸(OH-Se-Met)显著提高了肉鸡体重并降低料重比,效果优于亚硒酸钠和酵母硒<sup>[24]</sup>。JING J Z等<sup>[15]</sup>报道,添加0.4 mg/kg Se-Met使42日龄AA肉鸡体重显著提高,料肉比显著下降。

Se-Met还可显著改善鸡肉品质。研究发现,随着Se-Met补充水平提高,白羽肉鸡胸肌滴水损失线性降低<sup>[25]</sup>。另有研究发现,添加0.4~0.6 mg/kg OH-Se-Met,可有效提高黄羽肉鸡的肌肉硒含量,改善胸肌的持水能力、pH值和嫩度等肉质特性,并显著降低剪切力<sup>[26]</sup>。CHEN J F等<sup>[27]</sup>发现,补充0.5 mg/kg Se-Met可提高黄羽肉鸡腿肌抗氧化能力和硒沉积,并增强胸肌红度。

在蛋鸡生产中,Se-Met显著提升了产蛋性能、鸡蛋品质和硒富集水平。MANAFI A等<sup>[28]</sup>研究表明,种鸡日粮中添加0.1 mg/kg OH-Se-Met可使产蛋率、蛋重、孵化率及精子活力显著提高,料蛋比下降。CHEN Y Q等<sup>[29]</sup>发现,添加2 mg/kg Se-Met可使产蛋率提升,蛋硒含量增加,畸形蛋率降低。此外,研究显示,有机硒较无机硒更易在蛋中沉积,尤其是蛋清中,其中Se-Met可直接整合进入蛋白,沉积效率更高<sup>[30]</sup>。

Se-Met还对种鸡繁殖性能和抗氧化能力存在积极影响。研究发现,添加0.5 mg/kg Se-Met可显著提高种公鸡肾脏和睾丸的T-SOD、CAT、GSH-Px活性及超氧阴离子清除能力,降低MDA含量,并上调TrxR2、GPx4及ID1基因表达,从而改善繁殖性能<sup>[31]</sup>。

综上所述,Se-Met通过增强抗氧化能力、改善组织硒沉积和调节关键基因表达,有效提高了家禽的生产性能、肉蛋品质和抗病能力。

### 3.2 在猪生产中的应用

Se-Met在猪生产中的应用主要表现为通过多种途径提升猪的健康水平与生产性能。ZHANG K等人<sup>[32]</sup>研究发现补充Se-Met可以通过上调硒蛋白来改善仔猪在氧化应激下的肝脏健康和生长性能。有研究进一步表明,L-Se-Met通过调节铁水平、活性氧和抗氧化酶活性,减轻了氨暴露对猪小肠的铁死亡毒性作用。据报道,Se-Met能够显著减轻氨气及呕吐毒素引起的组织自噬、肝功能损伤和细胞凋亡,表明其在改善环境与毒素应激方面具有积极作用<sup>[33]</sup>。在生产母猪的研究中,Se-Met可通过母猪乳汁被仔猪高效吸收利用,显著提高哺乳仔猪的平均日增重<sup>[34]</sup>。然而,有研究结果表明添加0.15和0.3 mg/kg Se-Met对肥育猪生长性能无显著影响。推测认为这种差异可能与基础饲料硒含量、动物生长阶段或饲养管理等因素有关。

在改善猪肉品质方面,多项研究表明Se-Met发挥显著作用。蒋宗勇等<sup>[35]</sup>发现,日粮中添加Se-Met可提高肉色红度值,降低滴水损失,进而改善肉品质。ZHANG K等<sup>[36]</sup>通过HPLC-ICP-MS分析进一步指出,沉积于肌肉中的硒70%以上为Se-Met形式,这为生产富硒猪肉提供了可靠途径。此外,Se-Met对母猪繁殖性能和后代发育也具有积极影响。FALK M等<sup>[37]</sup>报道,添加0.43 mg/kg Se-Met可显著提高泌乳母猪采食量及仔猪血浆硒含量与抗氧化能力。

以上研究结果表明,Se-Met在缓解应激、改善肉品质、增强繁殖性能及推进富硒猪肉生产等方面展现出广泛的应用潜力。

### 3.3 在反刍动物生产中的应用

在荷斯坦奶牛日粮中添加OH-Se-Met的研究表明,其能显著提高血清总硒含量和抗氧化能力,这证实了Se-Met可有效改善奶牛的抗氧化能力,进而说明其在提高反刍动物抗氧化能力与改善乳品质方面的重要作用。据HACHEMI M A等报道,OH-Se-Met能有效促进硒向乳汁转移,提升乳硒含量,并降低牛奶体细胞数,从而改善奶品质<sup>[38]</sup>。

在改善肉品质方面,Se-Met同样显示出良好的应用效果。研究发现,添加酵母硒与Se-Met显著提高了湖羊的日增重和肌肉红度<sup>[39]</sup>。张军<sup>[40]</sup>等人研究表明,Se-Met可提升高山美利奴羊的生产性能,增强机体抗氧化能力,同时改善羊肉品质。康永刚等人<sup>[41]</sup>的试验也进一步表明,徐淮山羊饲料中添加0.3 mg/kg的Se-Met能显著提高日增重、营养物质表观消化率和血液抗氧化指标。此外,MA Y M<sup>[42]</sup>和ZHANG C C等人<sup>[43]</sup>研究发现Se-Met还能减轻病原诱导的乳腺细胞炎症、氧化损伤和凋亡。

综上,Se-Met可通过增强抗氧化能力、改善生产性能、提升乳品和肉品质,全面提高反刍动物的健康水平和养殖效益。

#### 4 总结与展望

Se-Met作为生物利用率最高的有机硒源之一,在畜牧业中展现出显著的应用潜力。与无机硒相比,Se-Met能有效提高猪、鸡、牛等动物的生长性能,增强抗氧化能力与免疫功能,改善肉、蛋和奶品质,并缓解热应激、毒素等不利影响。然而,Se-Met在实际推广中仍面临诸多挑战。未来研究应重点聚焦于优化Se-Met生产工艺以提高稳定性与降低成本,深入阐明其不同动物品种和应激条件下的作用机制,加强Se-Met与其他添加剂的协同效应研究,并推动优质富硒畜禽产品的开发,以促进Se-Met在畜牧业中的规模化、高效化应用。

#### 参考文献

- [1] CHEN F L, GAO J, WU D H, et al. Clinical and pathologic features of a suspected selenium deficiency in captive Plains zebras[J]. *Biological Trace Element Research*, 2017, 176(1):114-119.
- [2] SCHRAUZER G N. The nutritional significance, metabolism and toxicology of selenomethionine[J]. *Advances in Food and Nutrition Research*, 2003, 47:73-112.
- [3] MENG T T, LIU Y L, XIE C Y, et al. Effects of different selenium sources on laying performance, egg selenium concentration, and antioxidant capacity in laying hens[J]. *Biological Trace Element Research*, 2019, 189(2):548-555.
- [4] ZHANG X X, GU L P, CHEN Y, et al. L-selenomethionine inhibits small intestinal ferroptosis caused by ammonia exposure through regulating ROS-mediated iron metabolism[J]. *Ecotoxicology and Environmental Safety*, 2025, 289:117477.
- [5] MEHDI Y, HORNICK J L, ISTASSE L, et al. Selenium in the environment, metabolism and involvement in body functions[J]. *Molecules*, 2013, 18(3):3292-3311.
- [6] MATSUKAWA T, HASEGAWA H, SHINOHARA Y, et al. Synthesis of D- and L-selenomethionine double-labeled with deuterium and selenium-82[J]. *Chemical & Pharmaceutical Bulletin*, 2010, 58(12):1658-1660.
- [7] AHWACH S M, THOMAS M, ONSTEAD-HAAS L, et al. The glutathione mimic ebselen inhibits oxidative stress but not endoplasmic reticulum stress in endothelial cells[J]. *Life Sciences*, 2015, 134:9-15.
- [8] 郭丽莹. 谷胱甘肽过氧化物酶1的聚乙二醇修饰及其表征[D]. 长春:吉林大学, 2018.
- [9] 李宝荣,熊咏民. 硫氧还蛋白还原酶1及其相关信号通路研究进展[J]. *国外医学(医学地理分册)*, 2018, 39(3):272-275.
- [10] VENTURA M, MELO M, CARRILHO F. Selenium and thyroid disease: from pathophysiology to treatment[J]. *International Journal of Endocrinology*, 2017, 17:1297658.
- [11] ZHOU S T, ZHANG X H, FU Q, et al. The use of selenomethionine to reduce ammonia toxicity in porcine spleen by inhibiting endoplasmic reticulum stress and autophagy mediated by oxidative stress[J]. *Ecotoxicology and Environmental Safety*, 2022, 242:113887.
- [12] LIAO W, LIN J X, LEONARD W J. Interleukin-2 at the crossroads of effector responses, tolerance, and immunotherapy[J]. *Immunity*, 2013, 38(1):13-25.
- [13] WANG X F, LU W Z, XIA X Y, et al. Selenomethionine mitigate PM2.5-induced cellular senescence in the lung via attenuating inflammatory response mediated by cGAS/STING/NF- $\kappa$ B pathway[J]. *Ecotoxicology and Environmental Safety*, 2022, 247:114266.
- [14] HOFFMANN F W, HASHIMOTO A C, SHAFER L A, et al. Dietary selenium modulates activation and differentiation of CD4+ T cells in mice through a mechanism involving cellular free thiols[J]. *The Journal of Nutrition*, 2010, 140(6):1155-1161.
- [15] JING J Z, WANG J Y, XIANG X Y, et al. Selenomethionine alleviates chronic heat stress-induced breast muscle injury and

- poor meat quality in broilers via relieving mitochondrial dysfunction and endoplasmic reticulum stress[J]. *Animal Nutrition*, 2024, 16:363–375.
- [16] PAN C L, HUANG K H, ZHAO Y X, et al. Effect of selenium source and level in hen's diet on tissue selenium deposition and egg selenium concentrations[J]. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, 2007, 55(3):1027–1032.
- [17] ZHENG Y H, ZHAO Y Y, HE W J, et al. Novel organic selenium source hydroxy-selenomethionine counteracts the blood-milk barrier disruption and inflammatory response of mice under heat stress[J]. *Frontiers in Immunology*, 2022, 13:1054128.
- [18] REN Z H, JIA G L, HE H Y, et al. Antiviral effect of selenomethionine on porcine deltacoronavirus in pig kidney epithelial cells[J]. *Frontiers in Microbiology*, 2022, 13:846747.
- [19] 石军, 许金新, 李咸良. 微量元素硒的生理功能研究进展[J]. *饲料博览*, 2003(1):4–7.
- [20] LIU G Q, CAO S M, HUANG L, et al. Relative bioavailability of selenium yeast, selenomethionine, hydroxyl-selenomethionine and nano-selenium for broilers[J]. *Frontiers in Veterinary Science*, 2025, 11:1542557.
- [21] 杨佳, 赖世雄, 马维梅, 等. 蛋内注射硒代蛋氨酸对雏鸡生长发育、抗氧化及免疫性能的影响[J]. *中国家禽*, 2023, 45(12):27–33.
- [22] 沈雨甜, 张小东, 张玲, 等. 不同硒源对黄羽肉鸡生长性能和肠道形态及抗氧化功能、免疫功能和细胞凋亡的影响[J]. *动物营养学报*, 2022, 34(12):7711–7722.
- [23] WANG J Y, JING J Z, GONG Z Y, et al. Different dietary sources of selenium alleviate hepatic lipid metabolism disorder of heat-stressed broilers by relieving endoplasmic reticulum stress[J]. *International Journal of Molecular Sciences*, 2023, 24(20):15443.
- [24] SUN H, ZHAO L, XU Z J, et al. Hydroxy-selenomethionine improves the selenium status and helps to maintain broiler performances under a high stocking density and heat stress conditions through a better redox and immune response[J]. *Antioxidants*, 2021, 10(10):1542.
- [25] SILVA V A, CLEMENTE A H S, NOGUEIRA B R F, et al. Supplementation of selenomethionine at different ages and levels on meat quality, tissue deposition, and selenium retention in broiler chickens[J]. *Poultry Science*, 2019, 98(5):2150–2159.
- [26] TANG J Y, HE Z, LIU Y G, et al. Effect of supplementing hydroxy selenomethionine on meat quality of yellow feather broiler [J]. *Poultry Science*, 2021, 100(10):101389.
- [27] CHEN J F, XING Y, NIE M, et al. Comparative effects of various dietary selenium sources on growth performance, meat quality, essential trace elements content, and antioxidant capacity in broilers[J]. *Poultry Science*, 2024, 103(9):104057.
- [28] MANAFI A, EBRAHIMNEZHAD Y, SHAHRYAR H A, et al. The effect of hydroxy-selenomethionine on the productive and reproductive performance of old broiler breeders[J]. *Veterinary Medicine and Science*, 2024, 10(4):1538.
- [29] CHEN Y Q, HE H R, BI X J, et al. Effects of various selenium-enriched yeasts, selenomethionine, and nanoselenium on production performance, quality, and antioxidant capacity in laying hens[J]. *Poultry Science*, 2024, 103(3):103387.
- [30] PAVLOVIĆ Z, MILETIĆ I, JOKIĆ Ž, et al. The effect of dietary selenium source and level on hen production and egg selenium concentration[J]. *Biological Trace Element Research*, 2009, 131(3):263–270.
- [31] LONG C, ZHU G Y, SHENG X H, et al. Dietary supplementation with selenomethionine enhances antioxidant capacity and selenoprotein gene expression in layer breeder roosters[J]. *Poultry Science*, 2022, 101(11):102113.
- [32] ZHANG K, YAN S H, MIAO J H, et al. Proteomic analysis reveals the protective effects of selenomethionine against liver oxidative injury in piglets[J]. *Animals*, 2025, 15(13):1989.
- [33] HUANG Z Y, ZHONG H P, LI T, et al. Selenomethionine alleviates deoxynivalenol-induced oxidative injury in porcine intestinal epithelial cells independent of MAPK pathway regulation[J]. *Antioxidants*, 2024, 13(3):356.
- [34] 徐高骞, 卢丽枝, 段赛星, 等. 不同水平硒源对妊娠母猪生长性能、繁殖性能及血液生理指标的影响研究[J]. *饲料工业*, 2017, 38(12):16–20.
- [35] 蒋宗勇, 王燕, 林映才, 等. 硒代蛋氨酸对肥育猪血浆和组织硒含量及抗氧化能力的影响[J]. *中国农业科学*, 2010, 43(10):2147–2155.

- [36] ZHANG K, GUO X Q, ZHAO Q Y, et al. Development and application of a HPLC-ICP-MS method to determine selenium speciation in muscle of pigs treated with different selenium supplements[J]. Food Chemistry, 2020, 302:125371.
- [37] FALK M, LEBED P, BERNHOFT A, et al. Effects of sodium selenite and L-selenomethionine on feed intake, clinically relevant blood parameters and selenium species in plasma, colostrum and milk from high-yielding sows[J]. Journal of Trace Elements in Medicine and Biology, 2019, 52:176-185.
- [38] HACHEMI M A, SEXTON J R, BRIENS M, et al. Efficacy of feeding hydroxy-selenomethionine on plasma and milk selenium in mid-lactation dairy cows[J]. Journal of Dairy Science, 2023, 106(4):2374-2385.
- [39] 马美蓉, 贾莉, 肖英平, 等. 日粮中添加酵母硒与蛋氨酸硒对湖羊生长性能、羊肉品质及硒沉积的影响[J]. 中国畜牧杂志, 2021, 57(3):155-158.
- [40] 张军, 赵进韬, 徐创青, 等. 蛋氨酸硒对高山美利奴羊生产性能、抗氧化性能和肉质品质的影响[J]. 中国饲料, 2025(8):61-64.
- [41] 康永刚, 廖云琼, 朱广琴. 蛋氨酸硒对徐淮山羊生长性能、肉品质及硒沉积的影响[J]. 饲料研究, 2021, 44(19):26-30.
- [42] MA X M, XU S Y, LI J J, et al. Selenomethionine protected BMECs from inflammatory injury and oxidative damage induced by Klebsiella pneumoniae by inhibiting the NF- $\kappa$ B and activating the Nrf2 signaling pathway[J]. International Immunopharmacology, 2022, 110:109027.
- [43] ZHUANG C C, GAO J, LIU G, et al. Selenomethionine activates selenoprotein S, suppresses Fas/FasL and the mitochondrial pathway, and reduces Escherichia coli-induced apoptosis of bovine mammary epithelial cells[J]. Journal of Dairy Science, 2021, 104(9):10171-10182.

## Research Progress on the Application of Selenomethionine in Livestock Production

WU Yinglian<sup>1,2</sup>, QIN Rongyan<sup>1,2</sup>, LIU Yanfeng<sup>1,2</sup>, ZHANG Linfeng<sup>3\*</sup>, WANG Wenqi<sup>1,2\*</sup>

(1. Feed Research Institute, Xinjiang Academy of Animal Science, Urumqi, Xinjiang 830011, China;

2. Xinjiang Key Laboratory of Feed Biotechnology for Herbivorous Livestock, Urumqi, Xinjiang 830011, China;

3. Grassland Research Institute, Xinjiang Academy of Animal Science, Urumqi, Xinjiang 830011, China)

**Abstracts:** [Objective/Significance] This paper aims to systematically review the physicochemical properties, biological functions, and application effects of selenomethionine (Se-Met) in livestock production, provide a theoretical reference for its scientific utilization, so as to promote its rational application in animal husbandry. [Progress] As the organic selenium source with the highest bioavailability, Se-Met can effectively improve animal growth performance, meat and egg quality, and reproductive efficiency. In poultry production, Se-Met improves intestinal health, alleviates heat stress, and enhances meat quality and egg selenium content; in swine production, it helps mitigate oxidative stress, improves pork quality, and promotes the growth of piglets; in ruminant production, Se-Met enhances antioxidant capacity, increases milk selenium content, and improves meat quality indicators. Its mechanisms of action involve enhancing the activity of selenoproteins and modulating signaling pathways such as Keap1/Nrf2 and NF- $\kappa$ B. [Conclusion/Prospect] Se-Met has great potential in livestock production, where it could effectively replace inorganic selenium sources to enhance animal health and production efficiency. Future research should focus on further elucidating its mechanisms and optimizing supplementation strategies for different animal species and farming systems to maximize its practical value.

**Key words:** selenomethionine; biological function; absorption and metabolism; livestock production

10.16863/j.cnki.1003-6377.2026.01.010

# 新疆羊全基因组选择育种的挑战与机遇

孙晓梅,刘继强,张佳伟,贡鹏,马振新,李小波\*

(新疆康普森生物技术有限公司,新疆昌吉 831100)

**摘要:**【目的】旨在深入探讨新疆羊全基因组选择育种过程中面临的挑战和机遇,为推动新疆羊全基因组选择育种产业的发展提供参考。【方法】通过系统梳理新疆羊全基因组选择育种的研究与应用现状,剖析该技术在实践中的核心难点,挖掘产业发展潜力。【结果】深入分析新疆羊全基因组育种现状,发现精准表型数据收集记录不足、核心参考群体构建困难、算法模型建立与准确性评估存在技术难点、基础设施薄弱和人员能力欠缺等问题,这些因素严重制约了产业的发展规模。然而,新疆羊全基因组选择育种产业仍具有巨大潜力,研究提出智能化性状采集、联合育种、适配算法模型建立及加强基础设施建设和人才培养以促进产业发展。【结论】新疆羊全基因组选择育种正迎来前所未有的发展机遇,攻克育种过程中技术难点,紧跟市场需求,才能推动新疆羊产业可持续发展。

**关键词:**新疆;羊;全基因组选择;生物育种

**中图分类号:**S826

**文献标识码:**A

**文章编号:**1003-6377(2026)01-0072-07

## 1 新疆羊全基因组选择育种的现状

新疆凭借优越的自然资源和生态环境,以及人们对高品质、绿色、安全的羊肉类产品需求的不断增长,肉羊产业已发展成为地区重要的农业产业,更是推动区域经济发展,促进农牧民增收致富的重要支柱。传统的育种方法是在有大量有系谱记录的畜禽群体中进行选育,但该技术对具有重要经济意义的生产性状和适应性性状的遗传改良效率较低,随后全基因组选择(Genomic-wide Selection, GS)育种技术被提出<sup>[1]</sup>,并且在英国、法国、澳大利亚和新西兰等国家的生物育种中得到广泛应用,不仅改变了全球生物育种方式,带来了数亿级的经济、社会和环境效益,还显著提升了生物育种效率。基因组数据与机器学习模型技术相结合的生物育种模式为提高育种效率带来了新的机遇,我国全基因组选择育种手段,已在奶牛、猪和鸡的育种中广泛应用,取得了较好的成效<sup>[2]</sup>。研究表明,采用全基因组选择育种在肉羊和细毛羊群体中进行的模拟研究与传统育种技术相比,全基因组选择育种的应用使肉羊和细毛羊选择指数分别提高30%和40%<sup>[3]</sup>。为改变新疆地区肉羊产业的育种模式,使肉羊育种向更高效、更准确、更经济的趋势发展,需从新疆地区全基因组选择育种技术在羊

**基金项目:**丝绸之路经济带创新驱动发展试验区、乌昌石国家自主创新示范区科技发展计划项目“基因检测生物育种技术在农业育种中的应用与示范推广”(2023112477);昌吉回族自治州科技特派员项目“新疆肉羊低密度育种芯片推广应用”(服务产业类28)

**作者简介:**孙晓梅(1993—),女,硕士,畜牧师,研究方向为动植物分子育种。E-mail:xmsun@kangpusen.com

**通信作者:**李小波(1984—),男,硕士,农艺师,研究方向为动植物分子育种。E-mail:xbli@kangpusen.com

**收稿日期:**2025-08-15,修回日期:2025-10-19

育种应用过程中面临的关键问题入手,掌握发展趋势,以期减轻或消除这些挑战,发掘新疆羊育种新机遇。本文旨在揭示全基因组选择育种技术在新疆羊产业发展中的现状,并提出针对性的解决对策,为新疆羊全基因组选择育种技术的发展提供理论基础,推动新疆羊育种行业发展,见图1。



图1 羊全基因组选择育种基本流程示意图

## 2 新疆羊全基因组选择育种面临的问题

### 2.1 精准表型数据的收集和记录不足

以繁殖力、生长性能、胴体品质等重要经济性状为主的表型数据的获取、管理、分析和利用是畜禽进行基因组和传统育种过程中的主要限制因素。而表型数据类型、测定方法、评价指标、选择依据等缺乏系统性、规范性和准确性,给新疆羊选种、育种带来了一定的盲目性。在新疆进行羊全基因组选择育种的挑战非常深刻且实际,不仅涉及在适当规模的群体中测量全部重要经济性状表型数据的技术和费用问题,还涉及数据记录、保存和使用的难题。

对于新疆农牧区的羊养殖户来说,缺乏表型数据记录意识,也难以做到高效收集和系统记录高度分散的表型数据。对于科研育种人员,一般只依托科研项目进行表型数据记录和收集,仅能记录项目期间的短期数据,数据记录工作的可持续性差。而对于新疆羊育种企业,即使目前可借助表型测定设备采集和整理数据,但仍然面临着诸如成本、数据一致性问题。对于新疆整体羊育种产业来说,使用参考群体或核心群体数据记录可能是一个可行的策略,但这需要各企业联合育种,无疑增加了育种实施的难度。综上,对于表型数据的收集不仅在技术和方法上需要创新,还需要在政策、管理和培训等多个层面探索和努力。只有这样才能克服这些挑战,推动新疆绵羊遗传改良计划取得实质性进展。

### 2.2 核心参考群体构建困难

参考群的建立是全基因组选择育种技术在畜禽中应用的首要工作和核心内容之一,对基因组估计育种值的准确性有重要影响<sup>[4]</sup>。随着基因型测定数据的不断累积,参考群的大小也是限制全基因组选择育种技术应用效率的一个重要因素。一般参考群越大,基因组估计育种值的准确性越

高<sup>[5,6]</sup>。参考种群、资源种群或核心种群的建立需要大量的资金和时间投入,并且需要与商业畜群建立牢固的遗传联系,确实是一个复杂而漫长的过程。

新疆现有绵羊地方品种13个,培育品种5个,引入品种7个,种质资源丰富,多数品种具有耐粗饲、适应性强等特点,是杂交育种和新品种培育的重要基础群体,但新疆纯种地方品种羊群存在育种规模小、性能测定不完善、选育力度不足、种群遗传进展缓慢、种质资源挖掘和保护力度不够等问题,增加了构建核心参考群的难度<sup>[7]</sup>。以跨场联合育种为基础的种畜遗传评估,是当前畜禽育种的主流技术模式,但由于技术、管理和育种模式的差异,难以制定统一的遗传改良计划。在国外,据不完全统计,新西兰以Romney等纯种及Coopworth杂交群体建立了26 448只的参考群体,西班牙的奶绵羊参考群体规模大约1 900只,英国和法国也分别建立了2 400只和2 700只奶山羊全基因组选择参考群体,法国Lacaune奶绵羊参考群体规模达4 800只,澳大利亚建立了多达8 000只的肉用和毛用羊的多品种混合参考群体,其参考资源群体已经达到一定数量且可以共享利用。而在新疆,羊参考群的共享机制尚未建立。因此,建立一定规模具有精准表型的羊参考群体,是新疆羊全基因组选择育种亟需突破的瓶颈。

### 2.3 全基因组选择算法模型建设及准确性评估的技术难点

全基因组选择育种技术已经在奶牛、肉牛、猪、鸡上广泛应用并取得了明显效果<sup>[8]</sup>。在肉羊育种过程中,全基因组选择育种仅在澳大利亚、新西兰和欧洲少数国家实施。我国羊全基因组选择育种仍处于起步阶段,羊经济性状全基因组选择算法模型的建立和准确性评估是当前全基因组选择育种的技术难点。

目前,羊常用的全基因组选择算法模型有:(1)最佳线性无偏预测法(BLUP):通过系谱构建个体间的亲缘关系矩阵(A阵),采用BLUP方法估计育种值;(2)全基因组最佳线性无偏预测法(GBLUP):用全基因组标记基因型构建个体间的关系矩阵(G阵)取代BLUP模型中的A阵,实现基因组育种值的直接估计<sup>[9]</sup>,有研究表明GBLUP估计的育种值准确性更高<sup>[10]</sup>;(3)单步基因组最佳线性无偏预测法(SSGBLUP):通过构建H关系矩阵(对于未进行基因分型的动物,H关系矩阵以A关系矩阵为基础;对于已进行基因分型的动物,H关系矩阵则整合了G和A关系矩阵),既能将全基因组遗传标记用于畜禽遗传评定,又能将没有基因分型检测的个体全部纳入遗传评定模型中,同时估计有基因型和无基因型个体的基因组育种值<sup>[11]</sup>。(4)贝叶斯法(BAYES):包括贝叶斯套索回归(BL)和贝叶斯岭回归(BRR),常用于全基因组选择中的基因效应估计和特征选择。根据具体数据特征和研究目的选择适配算法模型,并优化模型参数,是算法模型建设的核心技术要点。不同的全基因组选择算法模型适用于不同的遗传结构和数据特点,见表1。

表1 常见全基因组选择算法模型对比分析

算法模型	优势	局限性
BLUP	理论基础完善、数据要求相对较低、计算相对简单	无法准确估计复杂遗传性状、难以适应时代需求
GBLUP	利用个体的基因组信息、早期选择准确性高、可预测新环境下的表现	数据要求高、计算复杂度高、模型假设存在局限性
SSGBLUP	整合系谱和基因组信息、灵活性高、遗传评估的一致性高	计算复杂度高、数据整合难度大、对稀有变异的处理能力有限
BAYES	考虑标记效应差异、灵活的模型假设、对复杂性状的预测能力强	计算时间长、模型选择困难、对数据质量要求高

个体真实育种值对基因组估计育种值的准确性预测,对全基因组选择育种的实施及方案制定至关重要<sup>[12]</sup>。基因组估计育种值的准确性受有效群体大小、参考群大小、候选群与参考群之间的遗传关系、遗传力和性状的遗传结构等影响<sup>[13]</sup>。在对法国2892只公奶山羊产奶量等性状的研究中,SSGBLUP能获得的准确性最高为0.47,比传统BLUP方法的准确性0.32提高了约47%。由此可见,基因组信息和个体信息的整合应用,对于提升育种值的估计精度非常重要。

新疆地区羊品种繁杂,各种性状的遗传背景复杂多样,且多数羊养殖场存在系谱记录缺失问题,导致全基因组选择育种技术在新疆羊领域进展缓慢。在新疆羊育种研究工作中,需根据具体数据集和研究目的,建立适配不同品种与评估性状的全基因组选择算法模型,提高育种值的估计精度,进而设计最佳育种方案。

## 2.4 基础设施薄弱和人员能力欠缺

目前,制约新疆羊全基因组选择育种应用还存在两个核心问题:一是缺乏用于羊场管理、表型鉴定、实验室检测、数据采集存储的软硬件配套设施及计算设备;二是在人力资源方面存在不足,尤其是在技术能力、数据分析和培训领域。

新疆的养殖业企业在管理和技术水平上长期落后,新技术仅停留在理论研究和试点阶段<sup>[14]</sup>。新疆肉羊产业在研究投入方面相对不足,缺乏高通量表型数据采集系统和精准测定设备,高精度、低成本、多性状基因组育种技术体系尚未形成,以产业链纵向联合为核心的协同育种机制不完善,是新疆羊育种工作的核心短板<sup>[15]</sup>。此外,新疆羊育种专业技术团队建设方面也存在的问题,科研人才短缺且行业内人才流失严重,制约了育种科技创新能力的提升。政府在羊育种方面提供了一定支持,但政策制定与执行存在衔接不畅问题。这些问题都限制了新疆羊全基因组选择育种的进一步发展,使得新疆羊全基因组选择育种的挑战日益突出。

## 3 新疆羊全基因组选择育种对策

### 3.1 性状采集智能化

育种基础数据的智能化采集,是实现传统经验育种向大数据、智能化育种转变的关键,将成为提高新疆羊产业的生产效率和质量水平的重要途径。随着信息技术和智能设备的快速发展,可通过智能设备自动记录绵羊的体重、体长、毛长等生长参数,以及肉质、毛质等经济性状数据,这些数据对于育种工作来说至关重要。例如,利用自动全混合日粮饲料转化率测定装置,精准测定羊只采食量、采食时间、采食次数和体重,并获得饲料转化率;利用智能化体尺测量系统,可快速精准测量羊只各项体尺数据;利用智能羊只CT扫描系统,可进行活体估算肌肉、骨骼和肌肉与脂肪的比率等指标,物联网技术的应用保障了肉羊生产数据智能化采集的连续性,保证各项数据的准确性、时效性。从确定性状类型、测定时间和方法、智能化和物联网手段应用、数据管理和开放共享等多方面,建立一套科学、准确、规范的表型测定技术规程,能够解决性状数据来源和准确性难题;在遗传评估方面,可以在表型评估的基础上,结合基因型评估和基因组评估,提高遗传评估的准确性,为优秀个体选择提供精准的方法与手段。

深圳市中恒国科奶牛、肉牛、肉羊智能称重分群与三维体况智能分析技术的实际应用,可以提高30%的工作效率,节省人工2~4人/次,数据采集精准度提高25%。该技术可以实现无接触自动测

量牛羊个体尺寸,大幅度提高体尺数据采集工作效率和数据精度,加快种牛筛选、改良和新品种培育的工作进程。在新疆,这种结合应用的潜力尤其巨大。新疆拥有丰富的羊遗传资源,通过引入羊基因组选择育种和智能化性状数据采集设备,可以提高育种效率和准确性,该技术在新疆羊基因组育种中的应用将产生显著的效益,有助于推动当地绵羊产业的升级和发展。

### 3.2 联合育种构建参考群体

通过联合育种,将不同地区具有不同遗传背景和性状表现的羊纳入参考群体,构建大规模的参考群体可以极大地丰富育种材料,更准确地评估目标性状的遗传潜力和稳定性,进而提高育种效率和准确性,筛选出更优秀的育种材料。

研究表明,参考群体数量足够大时会获得较准确的GEBV值。澳大利亚在建立肉牛参考群体时,联合了54个不同牧场群体,对26 000头牛进行了基因分型和10多项表型数据的收集记录,这些表型数据均是由养殖户在进行简单培训后记录的。通过该群体估算出的基因组遗传力与血统记录牛群的遗传力十分相似,同时还验证了不同品种的基因组估算育种值(GEBV)的准确性。新疆需要以政府为主导,鼓励育种龙头企业牵头,联合产业链上下游养殖企业和科研机构组建新型育种协作组织,建立肉羊育种新主体,建立大规模的羊基因组育种参考群体,构建良好的育种联合机制,对新疆羊群体进行科学准确评估,制定符合新疆羊养殖业特色的自主选育体系和评价标准,开展大规模全基因组选择育种。

在新疆,联合育种构建大规模参考群体具有特殊的意义。新疆拥有丰富的羊遗传资源,但由于地域广阔、品种繁多,尚未形成育种合力。通过联合育种构建大规模参考群体,能够汇聚各地优势资源和力量,共同推动新疆羊基因组育种的发展。同时,这也可以促进新疆与其他地区在羊育种方面的合作与交流,共同推动羊产业的进步。

### 3.3 建立合适的算法模型

目前全基因组选择算法模型在各个性状上应用效果不同,暂时没有哪一种模型能广泛适用于所有性状<sup>[16]</sup>。BAYES模型的计算速度和运算效率相对较低。随着生物信息学知识和不同组学数据不断积累,育种值估计时也在结合其他生物学信息分析以期提高其估计准确性<sup>[17]</sup>。如结合GWAS分析结果的BLUPiGA<sup>[18]</sup>、结合组学分析结果的GFBLUP<sup>[19]</sup>、结合生物信息分析结果的sgBLUP<sup>[20]</sup>和BAYESRC<sup>[21]</sup>等。在多品种种群和计算能力有限的情况下使用贝叶斯多效应模型方法进行基因组预测优势明显。增加参考种群数量可以进一步提高GEBV的准确性,不仅有助于跨越地域和国家界限的育种合作,也促进了全球范围内的遗传资源共享和利用。联合表型、加-显效应和多世代的表型代际效应分析流程,可以鉴定与表型性状关联的不同效应位点,而且加-显模型的遗传力高于加性或显性模型遗传力,基于加-显性位点的GBLUP全基因组预测方法预测精度远高于基于加性效应模型GBLUP法。因此,在全基因组选择模型中考虑多种遗传效应将会提高预测准确性。

目前用于家畜全基因组选择的各类算法模型,均无完全适用于羊的通用模型,通过交叉验证和正向验证等方法可提高算法评估的准确性。结合新疆羊群体的遗传特性与目标性状,建立专属的全基因组选择算法模型,将显著提高新疆基因组育种技术的应用效率。

### 3.4 加强基础设施建设及人才队伍建设

先进的分子育种实验室可以确保基因分析和数据处理的高精度和准确性,从而提高育种效率

和准确性。同时,良好的动物饲养设施也能为育种工作提供充足的实验材料和稳定的实验环境。通过培训现有人员和引进高素质的专业人才,构建一支具备现代生物技术和育种知识的专业技术团队,为育种工作提供有力的技术支持。人员能力的提升也将促进育种技术的创新和发展,推动新疆羊基因组育种产业不断取得新的突破和进展。

## 4 结 论

通过对新疆羊全基因组选择育种现状的分析,明确了技术发展瓶颈,确定精准表型数据收集记录不足、核心参考群体构建困难、算法模型建立与准确性评估存在技术难点、基础设施薄弱和人员能力欠缺等问题,均是制约新疆羊基因组选择育种产业发展的关键因素。针对上述问题,本文提出性状采集智能化、联合育种构建参考群体、建立合适的算法模型、强化基础设施建设及人才队伍建设等针对性解决措施,为新疆羊全基因组选择育种产业高质量发展提供可行方案。未来的研究应深入推动技术创新,攻克技术难点,推动新疆羊全基因组选择育种持续取得新突破,为新疆畜牧业的发展注入新的活力。

## 参考文献

- [1] MEUWISSEN T H, HAYES B J, GODDARD M E. Prediction of total genetic value using genome-wide dense marker maps[J]. *Genetics*, 2001, 157(4): 1819-1829.
- [2] 赵志达, 张莉. 基因组选择在绵羊育种中的应用[J]. *遗传*, 2019, 41(4): 293-303.
- [3] Van der Werf, J H J. Potential benefit of genomic selection in sheep. *Proceedings of the Association for the Advancement of Animal Breeding and Genetics (AABG)*, 2009, 18, 38-41.
- [4] PSZCZOLA M, CALUS M P L. Updating the reference population to achieve constant genomic prediction reliability across generations[J]. *Animal*, 2016, 10(6): 1018-1024.
- [5] HAYES B J, VISSCHER P M, GODDARD M E. Increased accuracy of artificial selection by using the realized relationship matrix[J]. *Genetics Research*, 2009, 91(1): 47-60.
- [6] GODDARD M E, HAYES B J, MEUWISSEN T E. Using the genomic relationship matrix to predict the accuracy of genomic selection[J]. *Zeitschrift Fur Tierzucht und Zuchtungsbiologie*, 2011, 128(6): 409-421.
- [7] 加快养羊业转型升级提升产业竞争力[J]. *饲料与畜牧*, 2018(6): 5-9.
- [8] 王凤红, 张磊, 李晓凯, 等. 山羊基因组研究进展[J]. *遗传*, 2019, 41(10): 928-938.
- [9] VANRADEN P M. Efficient methods to compute genomic predictions[J]. *Journal of Dairy Science*, 2008, 91(11): 4414-4423.
- [10] HABIER D, FERNANDO R L, DEKKERS J M. The impact of genetic relationship information on genome-assisted breeding values[J]. *Genetics*, 2007, 177(4): 2389-2397.
- [11] CHRISTENSEN O F, LUND M S. Genomic prediction when some animals are not genotyped[J]. *Genetics Selection Evolution*, 2010, 42(1): 2.
- [12] DAETWYLER H D, VILLANUEVA B, WOOLLIAMS J A. Accuracy of predicting the genetic risk of disease using a genome-wide approach[J]. *PLoS One*, 2008, 3(10): 3395.
- [13] GODDARD M. Genomic selection: prediction of accuracy and maximisation of long term response[J]. *Genetica*, 2009, 136(2): 245-257.
- [14] 玛哈巴·肉孜. 肉羊育种新技术及新品种培育[J]. *畜牧兽医科学(电子版)*, 2022(17): 24-26.

- [15] 杜立新. 2021 乡村振兴与羊产业发展[J]. 畜牧产业, 2021(5): 25–30.
- [16] 邵宝全. 基因组选择一步法在杜洛克猪育种中的应用[D]. 广州: 华南农业大学, 2020.
- [17] 张统雨, 魏霞, 张勤, 等. 基因组选择在羊育种中的应用研究进展[J]. 畜牧兽医学报, 2018, 49(12): 2535–2542.
- [18] ZHANG Z, OBER U, ERBE M, et al. Improving the accuracy of whole genome prediction for complex traits using the results of genome wide association studies[J]. PLoS One, 2014, 9(3): 93017.
- [19] EDWARDS S M, SØRENSEN I F, SARUP P, et al. Genomic prediction for quantitative traits is improved by mapping variants to gene ontology categories in *Drosophila melanogaster*[J]. Genetics, 2016, 203(4): 1871–1883.
- [20] KADARMIDEEN H N. Genomics to systems biology in animal and veterinary sciences: progress, lessons and opportunities[J]. Livestock Science, 2014, 166: 232–248.
- [21] MACLEOD I M, BOWMAN P J, VANDER JAGT C J, et al. Exploiting biological priors and sequence variants enhances QTL discovery and genomic prediction of complex traits[J]. BMC Genomics, 2016, 17: 144.

## Challenges and Opportunities in Genomic-wide Selection for Sheep in Xinjiang

SUN Xiaomei, LIU Jiqiang, ZHANG Jiawei, YUN Peng, MA Zhenxin, LI Xiaobo\*

(Xinjiang Kangpusen Biotechnology Co., Ltd., Changji, Xinjiang 831100, China)

**Abstract:** 【Objective】 This study aimed to explore the challenges and opportunities faced in the process of genomic-wide selection for sheep in Xinjiang, so as to provide a reference for promoting its development. 【Methods】 By systematically reviewing the research and application status of genomic-wide selection for sheep in Xinjiang, the core difficulties in practices were analyzed, and the potential for industrial development was explored. 【Results】 According to in-depth analysis of the current status of genomic-wide selection for sheep, issues were found, such as insufficient collection and recording of precise phenotypic data, difficulties in constructing core reference populations, technical challenges in establishing and evaluating the algorithm model, and deficiencies in infrastructure and personnel capacity, which greatly limited the scale of industrial development. However, the genomic-wide selection for sheep in Xinjiang still held great potential. A series of countermeasures were proposed to promote industrial development, including intelligent trait collection, collaborative breeding, establishment of appropriate algorithm model, and strengthening infrastructure and personnel training. 【Conclusion】 Unprecedented opportunities were faced by the genomic-wide selection for sheep in Xinjiang. Practitioners needed to overcome technical challenges in the breeding process and stay aligned with market demands in order to promote the sustainable development of the Xinjiang sheep industry.

**Key words:** Xinjiang; sheep; genomic-wide selection; biological breeding