泌乳早期奶牛发情与乏情的代谢特征及生殖调控策略

李玉森

宁津县畜牧业发展中心，山东德州 253400

摘　要：泌乳早期奶牛常因代谢失衡导致发情异常或乏情，严重影响繁殖效率。本研究通过文献分析，对比了发情与乏情奶牛的代谢及生殖机能差异。结果表明：发情期奶牛血糖（4.2~5.6 mmol/L）、血脂（甘油三酯升高12%~18%）及蛋白质代谢增强，卵巢活动活跃（LH峰值15~20 IU/L），受胎率达55%~60%；而乏情期奶牛因能量负平衡（血糖<3.8 mmol/L，NEFA>1.2 mmol/L）及矿物质缺乏（血钙<2.2 mmol/L），导致卵巢静止（卵泡直径<10 mm）和激素水平降低（FSH<5 IU/L）。通过日粮添加过瘤胃脂肪（7%~8%）、GnRH联合PGF2α处理可显著改善繁殖性能。本研究为泌乳早期奶牛的营养与繁殖管理提供了理论依据。

关键词：泌乳早期；能量负平衡；生殖激素；营养调控；卵巢静止

文章编号：1671–4393（2025）06–0087–06　　DOI:10.12377/1671–4393.25.06.15

中国乳业线上阅读

0 引言

泌乳早期奶牛需同时满足乳汁分泌与机体健康需求，这对其新陈代谢和生殖机能影响显著[1]。此阶段乳腺组织合成乳汁活跃，营养与能量需求激增，机体代谢水平随之改变。养殖户为提升泌乳量需增加饲料投入，通过脂质和糖原合成补充能量，但高强度代谢会抑制生殖功能，导致卵巢活动减弱、卵泡发育受阻，进而引发发情周期紊乱或乏情[2]。发情周期受下丘脑 – 垂体 – 卵巢轴调控，卵泡刺激素（FSH）促进卵泡发育与雌激素分泌，黄体生成素（LH）诱导排卵与黄体形成。高能量代谢、营养匮乏等因素会导致生殖激素失衡，影响卵巢功能与排卵；同时，血糖、脂质代谢异常也会干扰生殖机能[3]。

1 泌乳早期发情奶牛的机体代谢与生殖机能变化

1.1 机体代谢水平变化

1.1.1 血糖浓度变化

在泌乳早期发情期，奶牛的血糖呈现出明显的暂时性波动。这一波动的产生，是多种生理因素共同作用的结果。首先，发情期奶牛的活动量会显著

作者简介：李玉森（1969–），男，山东德州人，本科，高级畜牧师，研究方向为畜牧兽医。

增加，它们会表现出频繁的走动、爬跨等行为，这使得能量消耗急剧上升。为了满足额外的能量需求，机体需要动员更多的能量储备，而血糖作为重要的供能物质，其代谢过程也相应发生改变[4]。

与此同时，雌激素浓度在发情期的升高是导致血糖调节失衡的另一关键因素[5, 6]。雌激素会加剧胰岛素抵抗，使得胰岛素促进细胞摄取和利用葡萄糖的能力下降。胰岛素抵抗发生时，外周组织对胰岛素的敏感性降低，原本正常剂量的胰岛素无法发挥有效的降糖作用，从而导致血糖水平升高。研究表明，发情奶牛血糖浓度较非发情期升高5%~8%，尽管存在波动，但仍能维持在4.2~5.6 mmol/L 的生理范围之内[7]。这一血糖水平的维持，是机体通过神经－体液调节机制，对肝脏糖原分解、糖异生以及组织细胞对葡萄糖摄取利用等多个环节进行精细调控的结果，以满足发情期奶牛特殊的能量需求。相关研究进一步指出，血糖的这种波动特性，对于维持奶牛发情行为和生殖生理过程的正常进行具有重要意义，但也对奶牛的能量平衡管理提出了更高要求[8]。

1.1.2 脂质代谢水平变化

发情期奶牛的脂质代谢会发生显著增强，这一变化在血清甘油三酯和总胆固醇水平上有着直观的体现，二者分别升高12%~18%和8%~15%[9]。能量消耗的增加促使脂肪组织分解加速，脂肪细胞中的甘油三酯被水解为游离脂肪酸和甘油，游离脂肪酸大量释放入血，成为血液中脂质成分增加的重要来源[10]。

雌激素在脂质代谢过程中也扮演着重要角色。它不仅能够促进肝脏甘油三酯的合成，使肝脏将更多的脂肪酸合成甘油三酯并分泌到血液中，还能抑制胆固醇的降解过程[11]。胆固醇在体内的代谢涉及合成、转化和排泄等多个环节，雌激素通过影响相关酶的活性和表达，阻碍胆固醇向胆汁酸等可排泄形式的转化，进而导致血清总胆固醇水平升高[12]。然而，这种持续的高血脂状态并非毫无风险。长期处于高血脂状态，会使奶牛肝脏内脂肪过度沉积，增加脂肪肝的发病风险。脂肪肝会损害肝脏的正常功能，影响营养物质的代谢和转化，同时还会对奶牛的繁殖性能产生负面影响，如降低卵子质量、影响胚胎着床等[13]。

1.1.3 蛋白质代谢水平变化

发情期奶牛血清蛋白水平会因摄食行为的改变而出现波动。一方面，活动量的增加使得机体对蛋白质的需求显著上升[14]。蛋白质是构成细胞和组织的重要成分，对于维持机体正常的生理功能、修复和更新组织细胞具有不可替代的作用[15]。在发情期，奶牛的肌肉活动增加、生殖器官的生理变化等都需要更多的蛋白质参与。另一方面，雌激素在蛋白质代谢过程中发挥着积极的调节作用。雌激素能够激活肝脏蛋白合成通路，通过调节相关基因的表达，促进肝脏细胞合成白蛋白等血清蛋白。研究显示，发情期奶牛白蛋白浓度可升高10%~12%[16]。维持正常的蛋白质代谢对于保障奶牛免疫系统的正常功能至关重要，充足的蛋白质供应有助于合成免疫球蛋白等免疫活性物质，增强奶牛的抗病能力；同时，正常的蛋白质代谢也是维持生殖上皮细胞健康的关键，对于保障卵子的正常发育和生殖道的生理功能具有重要意义。

1.2 生殖机能变化

卵巢活动是发情奶牛生殖机能的核心所在，其周期性变化驱动着发情周期的有序进行。在泌乳早期，奶牛的发情周期平均为21 天，这一周期可细分为卵泡发育、排卵、黄体形成与退化等多个阶段，每个阶段都伴随着复杂的生理变化和激素调控[17]。

在发情前期，卵泡发育是最为关键的生理过程。卵泡直径会从初始的5 mm逐渐发育至18~22 mm，这一过程涉及卵泡细胞的增殖、分化以及卵泡液的不断积累[18]。随着卵泡的发育，雌激素水平也会从20 pg/mL急剧升至80 pg/mL。高水平的雌激素会促使奶牛出现一系列发情症状，如爬跨其他奶牛或接受其他奶牛爬跨、外阴红肿、阴道分泌物增多等。这些症状是奶牛发情行为的外在表现，也是养殖户判断奶牛发情状态的重要依据。

排卵过程是发情周期中的关键环节，通常持续

中国乳业编辑部

1~2 天。排卵的发生依赖于促黄体生成素（LH）的峰值刺激，当LH达到 15~20 IU/L的峰值时，会触发卵泡壁破裂，使成熟卵子排出。此时进行人工授精，受胎率可达55%~60%[19]。这一阶段对于奶牛的繁殖至关重要，准确把握排卵时机进行配种，是提高受孕率的关键。养殖户可通过监测阴道黏液黏度和直肠检查卵泡张力等方法来判断排卵时机。在发情盛期，阴道黏液黏度通常≥3 cm，此时黏液呈现出拉丝状，且卵泡张力增大，质地较硬，这些特征都表明奶牛即将排卵或正处于排卵阶段[20]。

排卵后，黄体形成阶段随即开始，该阶段持续7~9 天。黄体细胞会分泌孕酮，孕酮是维持妊娠的重要激素，它能够使子宫内膜增厚，为胚胎着床和发育创造良好的条件。若奶牛未受孕，黄体则会进入退化阶段，历时3~4 天[21]。随着黄体的退化，其分泌的孕酮水平逐渐下降，雌激素水平也随之回落，奶牛的发情周期结束，进入下一个周期的准备阶段。

2 泌乳早期乏情奶牛的机体代谢与生殖机能变化

2.1 机体代谢变化

2.1.1 血糖和血脂浓度变化

乏情期奶牛血糖浓度较发情期降低15%~20%，常低于3.8 mmol/L，主要因产奶量增加导致每日能量消耗达70~80 MJ，而机体糖原储备仅能满足40%~50%需求[22]。在这种能量负平衡状态下，奶牛会优先保障泌乳所需能量，导致生殖系统供能不足。长期低血糖会抑制胰岛素分泌，胰岛素作为调节细胞摄取葡萄糖的关键激素，其分泌减少使卵泡颗粒细胞葡萄糖摄取减少，而葡萄糖是雌激素合成的重要原料，原料不足直接影响雌激素合成。雌激素对于卵泡发育、发情周期调控至关重要，雌激素合成受阻，奶牛发情活动自然受到抑制。例如，某牧场在冬季饲料营养不均衡时，奶牛乏情率上升，检测发现多数乏情奶牛血糖处于低水平，雌激素含量也显著低于正常发情奶牛[23]。

与此同时，乏情奶牛血清甘油三酯可达1.2~1.8 mmol/L（正常0.5~0.8 mmol/L），能量负平衡促使脂肪分解加速，大量脂肪分解产生的非酯化脂肪酸（NEFA）进入血液循环。当NEFA过量时，会沉积于卵巢组织，造成氧化应激损伤，干扰卵巢细胞的正常代谢和功能，导致卵泡发育停滞。此外，NEFA 还可能通过影响下丘脑-垂体-性腺轴的激素分泌，进一步加重奶牛乏情状况[24]。

2.1.2 血清蛋白水平变化

乏情奶牛血清总蛋白水平较发情期降低8%~12%，白蛋白浓度常低于28 g/L。在泌乳早期，奶牛每日需消耗500~600 g 蛋白质用于乳汁合成，这种高强度的蛋白质需求使得机体处于高度代谢状态[25]。当饲料蛋白供应不足时，机体为维持生命活动和乳汁合成，会启动蛋白质分解机制，分解肌肉蛋白供能，这不仅导致血清氨基酸谱失衡，更严重影响奶牛的生殖功能。尤其是亮氨酸、异亮氨酸缺乏时，会显著抑制卵泡颗粒细胞增殖。卵泡颗粒细胞作为卵泡发育的重要组成部分，其增殖受抑制会直接延缓卵泡发育进程，进而导致奶牛发情周期紊乱，引发乏情现象。例如，在某大规模奶牛养殖场的监测中发现，饲料蛋白长期不足的牛群，其乏情比例显著高于蛋白供应充足的牛群，且乏情奶牛血清中亮氨酸、异亮氨酸水平明显偏低[26]。

2.1.3 矿物质代谢水平变化

血钙水平：乏情奶牛血钙浓度降至2.0~2.2 mmol/L（正常2.3~2.6 mmol/L），奶牛每日泌乳消耗钙30~40 g，这种持续的钙流失对机体钙平衡提出了巨大挑战[27]。当饮食钙摄入不足时，机体通过甲状旁腺激素动员骨骼钙，长期如此会导致骨钙大量流失，同时引起卵巢钙信号传导异常。卵巢钙信号传导对于卵泡的正常发育、成熟以及排卵过程至关重要，信号传导异常会打乱正常的生殖内分泌调控，使奶牛无法正常发情。

血清镁水平：乏情期血清镁低于0.8 mmol/L（正常0.9~1.2 mmol/L），镁作为体内多种酶的激活剂，在生殖生理过程中扮演关键角色[28]。镁缺乏会抑制

中国乳业线上阅读

腺苷酸环化酶活性，而腺苷酸环化酶活性的降低会使FSH受体表达减少，导致卵泡对促性腺激素敏感性降低。这意味着即使体内促性腺激素水平正常，卵泡也无法有效响应，难以正常生长发育，最终导致奶牛乏情。

血清尿素氮（BUN）：乏情奶牛BUN可达8.0~10.0 mmol/L（正常5.0~7.0 mmol/L），蛋白质分解增强导致氨代谢紊乱，过多的氨会通过干扰下丘脑GnRH脉冲频率影响排卵[29]。下丘脑-垂体-性腺轴是调控奶牛生殖的核心内分泌系统，GnRH脉冲频率的改变会打破这一系统的平衡，使垂体分泌的促性腺激素失调，进而影响卵巢功能，引发奶牛乏情。

2.2 生殖机能变化

泌乳早期乏情指产后50 天仍无发情表现，超声检测显示卵巢静止（无直径>10 mm 卵泡）或黄体持续存在（直径>25 mm）。此阶段机体能量优先分配至乳腺（占总能量60%~70%），卵巢血流减少30%~40%，卵泡发育所需胰岛素样生长因子（IGF-1）水平降低40%[30]。激素检测显示，乏情奶牛 FSH（<5 IU/L）、LH（<8 IU/L）和雌激素（<15 pg/mL）水平显著低于发情期，而生长激素（GH）升高20%~30%，形成“代谢-生殖”能量竞争模式[31]。

管理干预策略：① 营养调控：日粮添加过瘤胃脂肪（占日粮干物质7%~8%），提升能量供给；补充蛋氨酸羟基类似物（MHA）15~20 g/天，改善蛋白质利用。② 激素调节：肌肉注射 GnRH（100 μg）诱导卵泡发育，配合 PGF2α（25 mg）溶解持久黄体。③ 环境优化：牛舍温度控制在10~25 ℃，每日光照16 h，通过计步器监测活动量，确保日均行走1.5~2.0 km[32]。

3 结语

泌乳早期奶牛的代谢状态与生殖机能密切相关，能量负平衡是乏情的主要诱因。未来研究应聚焦以下方向：（1）探索代谢-生殖轴的关键分子机制（如IGF-1与卵泡发育的关联）；（2）开发精准营养调控技术（如动态调整日粮能蛋比）；（3）优化激素干预方案（如GnRH脉冲给药）。建议养殖场通过定期监测血糖、NEFA及矿物质水平（尤其钙、镁），结合计步器与发情监测系统，实现发情揭发率提升15%以上。本文为改善奶牛繁殖效率提供了实践指导，对推动我国奶牛养殖业高质量发展具有重要意义。

参考文献

[1] 冯肖艺，郝海生，杜卫华，等.能量负平衡导致奶牛繁殖力下降的机制进展[J].畜牧兽医学报，2023，54（10）：4050-4060.
[2] 李永，于志鹏，姚军虎，等.改善高产奶牛泌乳初期能量供应的综合调控措施[J].动物营养学报，2020，32（3）：1047-1055.
[3] 吴学林.规模化牧场奶牛安静发情原因分析[J].甘肃畜牧兽医，2023，53（5）：133-135.
[4] 赵善江，郝海生，刘云祥，等.疾病对奶牛繁殖性能的影响及其研究进展Ⅲ：营养代谢性疾病[J].中国畜牧兽医，2020，47（11）：3618-3625.
[5] 石中华，丁虹娟，吴虹. 妊娠期糖尿病血清雌激素水平及其与胰岛素抵抗的相关性[J]. 江苏医药，2014，40（20）：2395-2398.
[6] 夏成，朱玉哲，吴晨晨，等.泌乳早期发情和乏情奶牛机体代谢和生殖机能的变化[J].中国兽医杂志，2010，46（2）：15-17.
[7] 吕维名，钟星明，杨人泽，等.雌激素缓解胰岛素抵抗及对脂代谢的影响[C]//中国医师协会内分泌代谢科医师分会.2008中国医师协会内分泌代谢科医师分会年会论文汇编.赣南医学院第一附属医院内分泌科，赣南医学院第一附属医院药剂科，赣南医学院第一附属医院检验科;赣南医学院第一附属医院妇产科，2008.
[8] 蔡令波，曹志华，王锋. 母牛产后乏情的机理及其治疗[J]. 国外畜牧科技，2002，29（1）： 44-47.
[9] 王彦涛. 奶牛脂肪肝产生的原因、危害、临床症状及其防治[J]. 现代畜牧科技，2017，7： 82.
[10] 刘双鸣，刘敏跃，李鹏，等.围产期奶牛脂肪动员与炎症反应之间的关系[J].饲料工业，2015，36（9）：40-43.
[11] 徐乐，邹世恩.雌激素对胆固醇代谢影响的研究进展[J].现代妇产科进展，2022，31（5）：394-396，400.
[12] 庄谦，董志霞，宛新建.雌激素及其受体影响胆固醇结石形成的研究进展[J].上海交通大学学报（医学版），2021，41

中国乳业线上阅读

（10）：1394–1396.
[13] 田文儒.围产期奶牛脂肪肝与繁殖力关系的研究[J].黑龙江畜牧兽医，1991（1）：1–3，49.
[14] 库尔曼太·吾尔达汗，吐尔逊江·吾木尔艾力，吐来力江·哈木太，等.提高母牛繁殖力的有效措施[J].养殖与饲料，2021，20（9）：60–61.
[15] 李苏日古嘎.配种前不同能量水平补饲对放牧母羊繁殖性能的影响[D].呼和浩特：内蒙古农业大学，2024.
[16] 杨跃杰.催乳素、雌激素和糖皮质激素对奶牛乳腺上皮细胞乳铁蛋白合成分泌的影响[D].大庆：黑龙江八一农垦大学，2024.
[17] 丁志君.同期发情技术在规模化奶牛场中的应用[J].中国乳业，2022（9）：25–28.
[18] 郭冠华.奶牛发情期躯体不同部位活动量变化规律研究[D].太原：山西农业大学，2022.
[19] 刘忠超，翟天嵩，何东健.精准养殖中奶牛个体信息监测研究现状及进展[J].黑龙江畜牧兽医，2019（13）：30–33，38.
[20] 劳剑.农村散养条件下提高牛人工授精受胎率的研究[J].中国畜牧业，2023（2）：56–57.
[21] 孙国瀚，郑浩，杨卓，等.发情期和妊娠早期孕酮对奶牛繁殖的影响及调控方法[J].畜牧兽医学报，2024，55（10）：4241–4249.
[22] 郭冠华.奶牛发情期躯体不同部位活动量变化规律研究[D].太原：山西农业大学，2022.
[23] 冯肖艺，郝海生，杜卫华，等.能量负平衡导致奶牛繁殖力下降的机制进展[J].畜牧兽医学报，2023，54（10）：4050–4060.
[24] 马思佳，张馨蕊，付予，等.产前非酯化脂肪酸水平预测奶牛产后生产性能和疾病研究进展[J].中国畜牧杂志，2025，61（5）：56–61.
[25] 刘伟.中药催情散对奶牛持久黄体的作用观察[D].呼和浩特：内蒙古农业大学，2018.
[26] 王延明.奶牛繁殖障碍的原因分析及综合预防措施[J].畜牧业环境，2024（12）：107–108.
[27] 周渝新，龙雨薇，许莲萍，等.集约化高产奶牛低钙血症及其影响因素调查[J].动物医学进展，2024，45（12）：122–128.
[28] 曹芳，包志强，苏布迪花，等.奶牛不孕症相关病因分析和预防[J].中国动物保健，2024，26（10）：82–84.
[29] 胡羽飚，马龙刚，付琪，等.奶牛牛奶和血液尿素氮含量群体规律及回归关系的研究[J].中国畜牧杂志，2023，59（6）：108–113，119.
[30] 李绍云.浅谈奶牛乏情的原因及预防[J].畜禽业，2018，29（3）：103.
[31] 郭冠华.奶牛发情期躯体不同部位活动量变化规律研究[D].太原：山西农业大学，2022.
[32] 李绍云.浅谈奶牛乏情的原因及预防[J].畜禽业，2018，29（3）：103.
[32] 范涛，张西伟.奶牛生产性能测定及提高产奶量的养殖技术解析[J].吉林畜牧兽医，2024，45（9）：118–120.

Metabolic Characteristics and Reproductive Regulation Strategies of Early Lactation Dairy Cows in Oestrus and Lack of Oestrus

Li Yusen
Ningjin County Animal Husbandry Development Center，Dezhou Shandong 253400

Abstract： Metabolic imbalance in early lactation dairy cows often leads to abnormal oestrus or lack of oestrus，which seriously affects reproductive efficiency. This study compared the metabolic and reproductive function differences between cows in estrus and anestrus through literature analysis. The results showed that cows in estrus had enhanced blood glucose（4.2~5.6 mmol/L），lipid （triglyceride elevation of 12%~18%）and protein metabolism，and active ovarian activity（LH peak 15~20 IU/L），and the conception rate reached 55%~60%，while cows in anestrus had a negative energy balance （glucose<3.8 mmol/L，NEFA>1.2 mmol/L） and mineral deficiency （blood calcium<1.2 mmol/L），which resulted in abnormal estrus. Mineral deficiencies （blood

中国乳业线上阅读

calcium<2.2 mmol/L） resulted in ovarian quiescence （follicle diameter <10 mm） and reduced hormone levels （FSH<5 IU/L）. Reproductive performance was significantly improved by dietary addition of per rumen fat （7%~8%） and GnRH combined with PGF2α treatment. This study provides a theoretical basis for nutritional and reproductive management of early lactation cows.

Keywords：early lactation；negative energy balance；reproductive hormones；nutritional regulation；ovarian quiescence

▲上接86页

Serotyping，Phylogenetic Clustering and Virulence Gene Distribution of *Escherichia coli* from Dairy Cow Manure

QI Aijie
Yanggu County Animal Husbandry and Veterinary Business Development Center，Yanggu Shandong 252300

Abstract：In order to study the serotyping，phylogenetic clustering and virulence gene distribution of *Escherichia coli* isolated from dairy cow manure with diarrhea in dairy cows，147 fresh feces of dairy cows with diarrhea symptoms were collected from some dairy farms in Shandong Province.The isolated strain was confirmed to be pathogenic *Escherichia coli* by routine bacterial isolation and culture，biochemical test and PCR amplification of bacterial 16S rDNA molecular biology technology.The serotype，phylogenetic clustering and virulence gene of the isolated strain were further detected，and the distribution of virulence gene in the phylogenetic clustering was analyzed.The results showed that 62 strains of *Escherichia coli* were identified and 9 pathogenic serotypes were identified.Among them，intestinal invasion（EIEC），intestinal pathogenicity（EPEC），and enterotoxigenic （ETEC） *E.coli* serotypes accounted for 17.74%，24.19%，and 19.35%，respectively.The dominant serotyping were O125：K70（B15） and O124：K72.18 strains belonged to group A，12 strains belonged to group B1，15 strains belonged to group B2，9 strains belonged to group D，and 8 strains could not determine the phylogenetic clustering.The distribution rates of virulence genes ibeB，mat and fimC were high，which were 100.00%，95.16% and 91.94%，respectively.At least 4 virulence gene and 9 virulence gene combinations were distributed in all strains. The correlation analysis between virulence gene and phylogenetic clustering showed that the distribution rate of ibeB in the four groups was 100%，and 17 virulence gene were detected in group B1.The results showed that the serotyping and phylogenetic clustering of pathogenic *Escherichia coli* in dairy cow with diarrhea in some areas of Shandong Province were diverse，carrying a variety of virulence gene，which should be paid attention to and strengthened monitoring and prevention and control.

Keywords：dairy cow manure；*Escherichia coli*；serotyping；phylogenetic clustering；virulence gene

中国乳业线上阅读