

现代生物育种技术在牛品种培育中的选择与应用

袁 洋¹，魏金销²，赵广英³，张 伟¹，韦光辉^{1*}，郭利亚^{1*}

(1.河南科技学院，河南新乡 453003；2.河南省种业发展中心，河南郑州 450008；3.河南花花牛集团，河南郑州 450000)

摘 要：随着现代生物技术的迅猛发展，基因编辑、基因组选择和比较基因组学等生物育种技术在牛品种改良中发挥着越来越重要的作用。本文系统梳理了上述3种主要生物育种技术的基本原理、技术特点及其在牛育种中的应用现状，分析了各技术在提升生长性能、乳肉品质、抗病能力及繁殖效率等方面的优势与局限，并结合近年来的研究成果，探讨了其在实际育种实践中的选择策略与应用路径。文章旨在为牛新品种培育、品系改良及产业化应用提供理论依据和技术参考，推动我国养牛业向高效、精准、可持续方向发展。

关键词：基因编辑；基因组选择；比较基因组学；牛；育种技术

文章编号：1671-4393（2026）03-0019-06

DOI:10.12377/1671-4393.26.03.03

Application of Modern Biological Breeding Technologies in Cattle Breeding

YUAN Yang¹，WEI jinxiao²，ZHAO Guangying³，ZHANG Wei¹，WEI Guanghui^{1*}，
GUO Liya^{1*}

(1.Henan Institute of Science and Technology, Xinxiang Henan 453003；2.Seed Industry Development Center of Henan, Zhengzhou Henan 450008；3.Henan Huahuaniu Group, Zhengzhou Henan 450000)

Abstract: Modern biotechnologies are playing an increasingly vital role in the genetic improvement of cattle. This paper reviewed the principles, characteristics, and applications of three major biological breeding techniques—gene editing, genomic selection, and comparative genomics in cattle breeding. It evaluated their advantages and limitations in enhancing growth performance, milk and meat quality, disease resistance, and reproductive

基金项目：河南省重点研发（241111110100）；河南省科技攻关（252102111037、232102110003）；河南大学生创新训练计划（S202510467050）；校级教改项目（2025JG22）

作者简介：袁 洋（2004-），男，河南漯河人，在读本科，研究方向为动物生产与生长调控；
魏金销（1966-），女，河南邓州人，高级兽医师，研究方向为草食动物遗传改良与推广；
赵广英（1971-），女，河南郑州人，硕士，工程师，研究方向为畜产品生产与乳品质量安全控制；
张 伟（1981-），男，河南焦作人，博士，研究方向为动物生殖生理与调控。

通讯作者：韦光辉（1982-），男，河南临颖人，博士，研究方向动物生产与生长调控；
郭利亚（1983-），男，河南郑州人，博士，研究方向为反刍动物生产及畜产品品质调控。

efficiency. Based on recent research advances, the paper also discussed strategies for selecting and applying these technologies in practical breeding programs. The goal is to provide theoretical support and technical guidance for the development of new cattle breeds and lines, thereby promoting efficient, precise, and sustainable cattle production.

Keywords: gene editing; genomic selection; comparative genomics; cattle; breeding technology

牛奶和牛肉是动物性食物的重要组成部分，为人体提供优质蛋白质、必需脂肪酸、维生素及矿物质，是平衡膳食和保障国民营养健康的重要饮食来源，也是居民“菜篮子”工程的两大核心产品。

优质高效的牛奶与牛肉生产，依赖于牛种的遗传潜力挖掘与系统性育种创新。在牛品种资源中，荷斯坦牛以超高泌乳性能成为全球养殖范围最广、存栏量最大的乳用品种；夏洛来牛、安格斯牛等肉用品种，因肌肉生长效率高、肉质特性优良成为种源产业的核心竞争品种；西门塔尔牛兼具乳用和肉用双重生产价值，且生产效率、环境适应性突出，成为养殖者青睐的乳肉兼用型品种代表。品种是奶牛肉牛产业发展的核心原动力，牛品种培育不仅是提升奶牛、肉牛生产性能的基础核心工作，更是应对饲料资源约束、疾病防控及环境适应等产业挑战的关键路径。传统育种多依赖表型选择和系谱记录，存在育种周期长、遗传进展缓慢的短板，而现代生物技术的研发与应用，如可靶向修饰乳蛋白合成、脂肪沉积、抗病性等特定功能基因的基因编辑技术，以及可通过高通量SNP芯片快速筛选优良种牛的基因组选择技术等，正重构牛育种技术范式，大幅加速遗传增益，推动奶牛、肉牛生产效率提升与产业模式升级，并结合不同类型牛的选育优化，为产业可持续发展提供了强大技术支撑。

围绕乳品质、肉品质、生长性能等关键指标，牛的品种培育与选育是反刍家畜育种工作的重要内容。近年来，随着科学技术的持续发展，各类新型生物技术不断涌现，为牛品种培育提供了新的思路与方法。其中，基因编辑技术、基因组选择技术、比较基因组学技术是当前牛品种培育中应用较广

泛、研究较热门的现代生物育种技术，这些技术的应用不仅能显著提升牛只的生长发育、乳肉生产、抗病繁殖等综合性能，还能为品种遗传改良、育种方案优化提供高效手段与路径^[1]。本文将系统阐述上述技术在牛品种培育中的选择与应用，分析其应用效果、优势及不足，以期为优质畜产品生产为目标的牛品种培育、品系选育提供基础理论知识及技术应用支撑。

1 牛品种培育中基因编辑技术的选择与应用

1.1 基因编辑技术的内涵及特点

基因编辑技术是通过重组DNA或RNA对目标基因进行精准修改、敲除或替换的分子生物技术，可直接改变生物个体的基因组序列，是家畜育种中高效的遗传改良手段，在牛育种中应用广泛，主要包括CRISPR/Cas9技术、ZFN技术和TALEN技术等实现方式^[2]。该技术通过修饰生物体的DNA序列调控生物性状，既可强化肌肉生长、乳腺发育、泌乳性能等有益性状，也可减弱或消除疾病易感性等有害性状。在肉牛品种培育中，基因编辑技术可在育种早期定向塑造肉牛理想的遗传品质与性状，不仅能提高肉牛的产肉率和肉品质，还能降低养殖过程中的疾病风险，适当缩短繁殖周期，通过早干预、早筛选提升肉牛繁殖能力与生产表现，有效降低养殖风险与经济成本，提高养殖综合经济效益。

1.2 基因编辑技术的应用

基因编辑技术可在优化牛生长速度、肌肉发育、疾病抗性、瘤胃消化效率、乳成分合成、饲料转化率等方面发挥关键作用，以此提升畜产品生产效率，尤其可用于筛选高产肉、高产奶性状的遗传因子，并通过定向编辑调控遗传因子表达，改善

牛的生产性能^[1, 3]。例如, 编辑生长激素受体基因 (GHR), 可使牛在生长过程中持续高效利用生长激素, 增加肌肉蛋白质含量与肌肉质量, 实现育肥增效; 该基因在牛生长早期的表达水平提升, 可促进生长激素分泌, 加快肌肉生长速度, 此效应会随牛只日龄增加逐渐减弱。对结构性蛋白基因进行编辑, 可提升肉质中结构性蛋白的含量与稳定性, 进而改善肉质品质; 结构性蛋白是肉质的核心组成蛋白, 其含量与稳定性直接影响肉质特性。编辑肌肉发育相关基因, 可调控肌肉纤维的增殖、生长与稳态维持, 增加肌肉纤维的数量与直径, 显著提高肌肉质量与养殖生产效益。近年来, 已有研究利用 CRISPR/Cas9 技术编辑牛 IGF1R 基因, 成功改良了牛的产肉性状; 同时, 研究者通过基因编辑技术调控牛品种中特定基因的表达, 有效提升了牛只的生长性能、繁育功能与肉质特性^[3, 4]。

1.3 基因编辑技术选择应用的优点

与牛的常规育种方法相比, 基因编辑技术在多个方面具有显著优势与应用潜能。一是高效性, 基因编辑技术可直接对基因碱基进行剪切、敲除、插入等操作, 实现目标性状的高效改良。例如, 针对牛生长性能、饲料转化率等相关目标基因进行科学精准的编辑, 可有效改善牛配套系的相关性能; 尤其对奶牛、肉牛的乳肉营养指标、产量、色泽等性状进行精准预测、分析与调控, 大幅提升牛只生产表现, 快速实现目标性状的表达与提升, 高效推进育种工作开展。二是精准性, 该技术可精准靶向编辑牛只基因组的特定区域, 编辑精度高、靶向性强, 对其他基因表达的影响极小, 能显著降低牛只遗传缺陷的发生风险。针对肉牛品种中肉质、皮毛发育不良等遗传缺陷, 可通过基因编辑技术删除或修饰不良基因, 从基因层面彻底解决该问题, 有效减少遗传缺陷的代际传递。三是快速性, 相比传统育种方法, 基因编辑技术的品种改良速度更快, 育种目标更明确, 基因改良周期更短, 品种改良效果更显著, 遗传改良效率大幅提升, 为牛品种的科学选育提供了高效手段, 显著加快牛品种的改良进程^[2, 6]。

1.4 基因编辑技术选择应用的不足

基因编辑技术在牛育种应用中也存在一定局限性。一是技术复杂度高, 该技术的操作需要专业的实验设备、严苛的实验条件, 以及高水平的专业技术人员; 同时, 基因编辑的科技伦理问题需严格审查, 全面规避潜在的伦理与生物安全风险。二是编辑效率有待提升, 目前基因编辑技术主要适用于少数不良基因的编辑, 以及难以通过传统方法改良性状的编辑; 对于需要大规模、多次反复编辑的基因, 该技术难以发挥作用。不同编辑方法的效率存在较大差异, 对复杂目标基因的精准编辑仍存在难度, 且因编辑对象多为局部基因, 肉牛种群中的遗传多样性及基因间的复杂调控关系, 可能导致编辑基因无法正常表达, 无法实现预期育种效果^[7]。三是易受外界因素干扰, 在实际操作过程中, 样品采集质量、实验内外环境、设备运行状态、操作人员的技术熟练程度等因素, 均会直接影响基因编辑技术的应用效果, 可能导致实验失败或育种效果未达预期。

2 牛品种培育中基因组选择技术的选择与应用

2.1 基因组选择技术的内涵及特点

基因组选择技术是基于高通量基因测序与计算机数据分析技术的新型育种方法, 通过对单个或多个基因组中大量 DNA 位点的检测与分析, 挖掘牛品种的有益基因型与表型关联规律, 利用单核苷酸多态性 (SNP) 等基因多态性标记, 预测并选择有利基因组合, 从而提高奶牛、肉牛等不同牛品种的遗传进展与育种效率。该技术属于高通量遗传测序技术, 适用于牛品种及个体的人工定向选择, 通过高通量基因组测序获取并分析遗传数据, 精准解析牛个体的遗传特性, 为精准育种与牛品种优化提供核心支撑。

2.2 基因组选择技术的应用

基因组选择技术可高效筛选出携带优秀遗传标记的牛只, 通过种间或种内杂交等交配方式, 实现牛群遗传品质的优化与提升^[9]。在肉牛育种中, 可精准筛选耐病性相关基因组标记, 评估肉牛的遗传

优劣及疾病基因携带情况，定向繁育抗病性更强的后代，显著提高肉牛的群体耐病能力；在奶牛繁育中，可结合奶牛的生产体系、繁殖状况、泌乳性能等多维度指标综合评估，制定科学的繁殖方案，进一步提高奶牛的生产效益与市场竞争力^[10]。具体应用方面，可用于选育高产奶牛，通过该技术预测奶产量、乳脂肪含量、乳蛋白含量均优的泌乳牛，筛选出核心育种群，加速优良基因的积累与固定；可用于选育优质肉牛，筛选具有低脂肪沉积、高肌肉蛋白质含量的基因组合，确定最优繁殖品种，降低肉牛脂肪含量，提升肉质品质与经济价值；可用于选育抗病牛品种，筛选抵御病毒、细菌感染的抗病基因组合，培育高度抗病的牛品种或品系^[11]。

20世纪初，美国肉牛组织协会率先应用全基因组选择技术，标志着肉牛育种正式进入基因组时代。随后，欧洲反刍动物养殖产业发达的国家陆续推广该技术。近年来，我国正式启动全基因组选择技术的应用，用于青年肉用种公牛和乳用种公牛的选育。2020年以来，该技术在全国范围内被用于牛的基因组遗传评估，推动了技术的示范推广与规模化应用。

基因组选择技术在牛育种中的应用需综合考量育种值估计准确度、变异系数、成本投入和检测效率等因素。研究人员在肉牛平均日增重全基因组育种值估计研究中发现，采用自主开发的集成80 K SNP芯片，结合GBLUP方法进行估计，全基因组育种值的实际应用效果远超预期^[12]。2023年，我国成功研发首款国产中高密度荷斯坦牛育种芯片（126K液相芯片），该芯片包含超12万个基因位点，基因检出率和准确率均超99%；同时，国内外在奶牛基因组育种应用、奶牛平衡选育及种质创新技术领域研究不断深入，育种技术持续整合繁殖、健康、长寿等功能性状的基因组预测模型，实现奶牛高产与养殖高效的平衡发展，我国在牛基因组选择应用领域不断取得理论创新与应用突破^[13]。

2.3 基因组选择技术选择应用的优点

基因组选择技术在牛育种中具有多方面应用优势。一是高准确性，该技术可开展大规模基因组测

序分析，获取更全面、可靠的遗传信息，快速精准筛选出携带优良基因型的个体，以此作为杂交亲本，减少品种间交叉配对的次数，提高品种遗传稳定性。二是强稳定性，通过多个 SNP 标记综合预测目标基因组的遗传价值，精准筛选最优基因组合，结果不受个体表型性状波动的影响；同时，相较于其他现代育种技术，基因组选择技术的应用成本相对较低，为肉牛育种提供了兼具实用性与经济性的技术选择。三是育种周期短，可针对奶牛肉牛的乳成分、乳腺结构、肉质、生长性能等表型性状，开展精准的基因型分析，快速判断并筛选出遗传品质优良的个体，大幅缩短育种周期，更快培育出符合育种目标的牛品种^[14]。四是提升遗传选择多样性，可从不同基因型的牛品种中挖掘多样化的有益基因，丰富牛群的遗传资源，提高牛的遗传选择多样性，有效避免个别牛品种的基因丢失，保护牛品种遗传资源的完整性。同时，该技术可在不引入外源基因的基础上实现牛只性状的定向改良，最大程度规避转基因相关的争议。

2.4 基因组选择技术选择应用的不足

基因组选择技术在应用中也存在一定缺陷。一是成本投入较高，该技术应用的高通量测序设备价格昂贵，需要大量的资金投入；同时，设备操作与数据分析需要高水平的专业技术支撑，进一步增加了技术应用的综合成本。二是基因组解析覆盖面有限，该技术的高效应用需建立在对不同牛品种、品系基因组的全面解析基础上，但目前基因组中仍存在大量未被发现的功能基因，且技术应用需整合海量的基因组学、遗传学相关知识，导致该技术对牛基因组的解析与应用覆盖面存在局限。

3 牛品种培育中比较基因组学技术的选择与应用

比较基因组学技术是通过比较不同物种或同一物种不同个体的基因组序列，系统分析其基因组结构与功能的现代生物育种技术，核心研究目标为解析基因组间的进化关系、遗传调控机制。目前，该

技术在肉牛品种培育中主要应用于SNP位点分析领域^[15]。在牛品种培育中,比较基因组学技术可精准分析不同牛品种、个体间的基因差异,挖掘与高产、优质等经济性状相关的遗传因子,推动牛品种演化机制的研究。同时,通过比较不同品种或物种的基因组差异,为基因编辑、基因组选择等育种技术提供基础遗传数据支撑^[16-18]。

以奶牛研究为例,在乳蛋白性状研究中,研究者通过乳蛋白基因的跨物种功能解析,对比分析荷斯坦牛、娟姗牛、水牛等不同牛品种编码酪蛋白、乳清蛋白的乳蛋白基因序列及调控区域,发现娟姗牛的乳蛋白率显著高于荷斯坦牛,其 κ -酪蛋白基因(CSN3)的等位基因变异与酪蛋白胶束稳定性呈正相关;水牛乳 β -乳球蛋白基因的启动子区存在插入缺失突变,导致乳清蛋白组成存在显著差异,该研究明确了调控乳蛋白含量与品质的遗传机制^[19-21]。同时,研究发现乳蛋白基因具有多效性,其表达不仅影响乳蛋白性状,还可能调控繁殖性状,据此提出了乳蛋白性状与繁殖性状的平衡选择技术策略^[22, 23]。

在乳脂性状研究中,研究者通过乳脂合成通路的进化比较,分析DGAT等脂代谢基因在奶牛、牦牛、山羊中的选择信号,精准定位调控乳脂肪酸组成的关键基因变异;发现DGAT1K232A突变在荷斯坦牛中的发生频率超90%,该突变可使乳脂率提升0.5%,但会轻微降低乳蛋白含量^[23-25]。在牦牛中,FABP4基因受正向选择,其乳中的共轭亚油酸(CLA)含量显著高于普通奶牛,据此提出在育种中采用标记辅助选择技术,改良乳脂健康指数,降低乳中饱和脂肪酸的占比^[26]。

在与基因组选择技术的整合应用方面,研究者利用跨群体参考基因组构建高密度SNP芯片,显著提升了乳用性状的预测准确性;开发适应性综合选择指数,整合临床乳房炎抗性(CMI)和饲料效率(RFI)的基因组评估体系,有效提升了遗传进展速度。同时,结合BovineGenome.org等开放奶牛基因组数据库平台,该平台覆盖超千万个SNP位点,为牛的联合育种提供了海量遗传数据支撑,推动了牛

联合育种的规模化开展^[27-29]。

比较基因组学技术具有三方面核心优势:一是预测性强,可高效、精准区分不同牛品种的遗传差异,快速挖掘与高产肉、高产奶性状相关的遗传因子,为育种基础研究提供核心线索。二是应用成本低,随着高通量测序、生物信息分析等技术的不断发展,比较基因组学技术的实验流程持续优化,检测结果的可靠性稳步提升,检测分析费用不断降低。成本的下降大幅提升了该技术的使用频率,拓展了技术的应用空间。三是筛选效率高,可精准筛选出牛基因组中代表不同品种、个体的差异基因或基因序列,有效排除基因组中的无效序列,提升育种目标基因的筛选效率,进而提高育种工作的生产效率。

该技术也存在一定不足:一是技术操作复杂,实验开展需要专业的实验设计、严苛的实验条件,以及高水平的专业技术人员,同时需配备高精度的实验设备。二是生物数据分析难度大,不同牛品种、个体间的基因组序列存在较大差异,基因组序列的比对分析高度依赖先进的辅助软件与算法,而且基因间的调控关系复杂,大幅增加了生物学数据的整理与分析难度,为技术的规模化应用带来了一定挑战。

4 结语

养牛业是我国畜牧业的核心组成部分,在畜牧业经济贸易、节粮环保、饲草料资源化利用、肉奶产品市场供应、农业碳减排等方面的作用日益凸显^[30]。近年来,现代生物育种技术的规模化应用,在反刍动物尤其是牛品种培育中发挥着越来越重要的作用。基因编辑技术、基因组选择技术、比较基因组学技术作为现代生物育种技术的典型代表,是高效推动牛产业发展、实现牛品种遗传改良的核心手段,大幅加速了牛品种培育、选育与遗传改良的进程;同时,结合现代动物繁殖技术与精细化饲养管理模式,上述技术在牛育种中得到了广泛应用与推广。

不同现代生物育种技术均有其独特的技术特点与应用条件,在牛品种育种实践中,需结合养殖生产实际、育种目标、品种特性及成本投入等因素科

学选择,整合不同技术的优势开展联合育种,最大程度发挥技术的育种效能,实现牛新品种、新品系培育选育的最佳效果,保障优质牛奶、牛肉等畜产品的稳定有效供给,推动我国养牛业向高质量、可持续方向发展。

参考文献

- [1] 邢生炎,黄永震,吕世杰,等.生物育种技术及其在畜禽育种中的应用研究进展[J].中国畜牧杂志, 2024, 60 (3): 57-65.
- [2] 张萌萌,蒋颖,李宁.全球基因编辑技术产业化发展分析及其在农业动物育种中的应用[J].农业生物技术学报, 2024, 32 (3): 691-700.
- [3] 刘雯雯,董发明,毕延震.多基因编辑技术的发展及其在畜牧种质创新中的应用[J].畜牧兽医学报, 2024, 55 (8): 3267-3275.
- [4] Somavilla A L, Regitano L, Rosa G, et al. Genome-enabled prediction of breeding values for feedlot average daily weight gain in Nelore cattle[J]. Genes Genomes Genetics, 2017, 7 (6): 1855-1859.
- [5] WANG Z. Genome engineering in cattle: Recent technological advancements[J]. Chromosome Research, 2015, 23 (1): 17-29.
- [6] 陈鹏,何曙光,包玲玲,等.肉牛遗传育种与繁殖技术发展趋势[J].畜牧兽医科技信息, 2025 (3): 106-108.
- [7] 王佳美,李欣淼,高雪,等.精准基因编辑技术在家畜育种中的研究进展[J].中国畜禽种业, 2025, 21 (1): 13-19.
- [8] Su G, Christensen F O, Ostensen T, et al. Estimating additive and non-additive genetic variances and predicting genetic merits using genome-wide dense single nucleotide polymorphism markers[J]. PLoS ONE, 2017, 7 (9): e45293.
- [9] Silva R M O, Fragomeni B O, Lourenco D A L, et al. Accuracies of genomic prediction of feed efficiency traits using different prediction and validation methods in an experimental Nelore cattle population[J]. Journal of Animal Science, 2016, 94 (9): 3613-3623.
- [10] 郭鹏,张建斌,曹晟.肉牛日增重全基因组选择比较研究[J].中国畜牧杂志, 2023, 59 (1): 143-148.
- [11] 张天留,葛菲,朱波,等.肉牛种业科技创新发展现状与趋势分析[J].中国畜禽种业, 2022, 18 (10): 5-16.
- [12] 袁泽湖,葛玲,李发弟,等.整合生物学先验信息的全基因组选择方法及其在家畜育种中的应用进展[J].畜牧兽医学报, 2021, 52 (12): 3323-3334.
- [13] Pacheco A H, Hernandez O R, Chen Y S, et al. Phenotyping strategies and genetic background of dairy cattle behavior in intensive production systems - from trait definition to genomic selection[J]. Journal of dairy science, 2024, 108 (1): 6-32.
- [14] 张顺进,寇浩玮,丁晓婷,等.全基因组选择技术在反刍动物遗传育种中的研究进展及其应用[J].农业生物技术学报, 2021, 29 (3): 571-578.
- [15] Strucken EM, Gudex B, Ferdosi MH, et al. Performance of different SNP panels for parentage testing in two East Asian cattle breeds[J]. Animal Genetics, 2014, 45 (4): 572-575.
- [16] Xu L, Gao N, Wang Z Z, et al. Incorporating genome annotation into genomic prediction for carcass traits in Chinese Simmental beef[J]. Frontiers in Genetics, 2020, 11: 481.
- [17] 郑旭.基于模拟技术的基因组选择和优化选配研究[D].北京:中国农业科学院, 2023.
- [18] Liu J, Wang Z, Su X, et al. Comparative genomics provides insights into the biogeographic and biochemical diversity of meliaceous species[J]. Nature communications, 2025, 16 (1): 2603.
- [19] Wang A, Pokhrel B, Hernandez P G, et al. Regulation of the expression of casein alpha S1 and S2 genes in the bovine mammary epithelial cells by STAT5A.[J]. Journal of dairy science, 2024, 107 (12): 11139-11148.
- [20] Duarte B S D V G, Castillo A J V, Souza K A, et al. Effects of CSN1S1 and CSN3 casein gene polymorphisms on milk protein composition, milk production, and curd yield of water buffaloes[J]. International Dairy Journal, 2024, 149: 105823.
- [21] Ünal Hamiye, Kopuzlu Sinan. The relationships between κ -casein (CSN3) gene polymorphism and some performance traits in Simmental cattle[J]. Archives Animal Breeding, 2022, 65 (1): 129-134.
- [22] 赵孝凤,郭刚,曹杰,等.中国荷斯坦牛健康性状遗传参数估计[J].中国畜牧兽医, 2024, 51 (6): 2501-2507.
- [23] 家瑞科,陈傲,叶雯,等.牛奶主要成分合成的重要调控因子和通路研究进展[J].中国畜牧杂志, 2025, 61 (1): 1-8.
- [24] 王璐璐.中国荷斯坦牛产奶性状基因的精细定位[D].杨凌:西北农林科技大学, 2025.
- [25] 张梦帆,洛桑顿珠,喇永福,等.牦牛FABP4和FABP5基因克隆及生物信息和组织表达分析[J].西北农林科技大学学报(自然科学版), 2025, 53 (7): 9-17.
- [26] 冉世前.脂质组学揭示饲喂 ω -3多不饱和脂肪酸原料对山羊乳脂品质的影响[D].北京:中国农业科学院, 2022.
- [27] K C M, M J S, F D K, et al. Modifiable management practices to improve udder health in dairy cattle during the dry period and early lactation: A scoping review.[J]. Journal of dairy science, 2021, 104 (9): 10143-10157.
- [28] Chase E L, Fortina R. Environmental and economic responses to precision feed management in dairy cattle diets[J]. Agriculture, 2023, 13 (5): 13051032.
- [29] 宋建,贺巾锋,郑伟杰,等.自主研发奶牛13K和40K液相SNP芯片的性能验证及在基因组选择中的应用[J].畜牧兽医学报, 2025, 56 (11): 5502-5511.
- [30] 许尚忠.中国牛产业发展概况及展望[J].畜牧产业, 2021 (7): 35-40.