

多组学技术驱动下奶牛营养免疫精准调控研究进展

张文学

(利津县动物疫病预防控制中心, 山东东营 257447)

摘要: 奶牛营养免疫调控是保障奶牛健康、提升生产性能的核心环节, 精准营养干预已成为现代奶牛养殖的重要发展方向。多组学技术的快速发展, 为解析奶牛营养与免疫之间的复杂调控机制提供了有效的工具。本文系统综述了多组学技术在奶牛肠道微生态与免疫互动、关键营养素的免疫调控机制、营养应激应对及精准营养方案制定等方面的应用进展, 深入探讨了多组学技术在推动奶牛营养免疫精准调控中的核心作用, 为奶牛健康养殖和产业高质量发展提供参考。

关键词: 多组学技术; 奶牛; 营养免疫; 精准调控; 调控机制

文章编号: 1671-4393(2026)06-0049-07

DOI:10.12377/1671-4393.26.06.06

Research Progress on Precision Regulation of Nutritional Immunity in Dairy Cows Driven by Multi-omics Technologies

ZHANG Wenxue

(Lijin County Animal Disease Prevention and Control Center, Dongying Shandong 257447)

Abstract: The regulation of nutritional immunity in dairy cows is a core aspect of ensuring herd health and enhancing production performance, and precision nutritional intervention has become an important direction in modern dairy farming. The rapid development of multi-omics technologies has provided effective tools for deciphering the complex regulatory mechanisms between nutrition and immunity in dairy cows. This paper systematically reviewed the application progress of multi-omics technologies in areas such as intestinal microecology-immune interactions, immunoregulatory mechanisms of key nutrients, nutritional stress responses, and the formulation of precision nutritional strategies. It further explored the central role of multi-omics technologies in advancing precision regulation of nutritional immunity in dairy cows, offering a reference for healthy dairy farming and high-quality industry development.

Keywords: multi-omics technologies; dairy cows; nutritional immunity; precision regulation; regulatory mechanisms

作者简介: 张文学 (1979-), 男, 山东利津人, 本科, 兽医师, 研究方向为畜牧兽医。

奶牛养殖业是我国畜牧业的重要组成部分，其健康状况直接关系到乳制品质量和产业经济效益。在奶牛养殖过程中，产犊期、断奶期等关键生理阶段以及营养失衡、环境应激等易导致奶牛免疫功能下降，引发肠道疾病、代谢紊乱等，严重影响奶牛生产性能和养殖效益^[1, 2]。营养作为调控奶牛免疫功能的关键手段，可有效改善奶牛肠道微生态平衡、增强肠道屏障功能、提升机体免疫水平^[3, 4]。但传统营养调控模式多基于群体水平的经验性干预，缺乏对个体差异的精准考量，难以实现营养资源的最优利用和免疫功能的精准调控。

多组学技术以其系统性、整体性的优势，能够从基因、转录、代谢、微生物等多个层面解析奶牛营养代谢与免疫调控的分子机制，识别关键调控因子和信号通路^[5, 6]。近年来，多组学技术在奶牛营养免疫研究中的应用日益广泛，已成为揭示营养-微生物-免疫互作网络、开发精准营养干预策略的核心技术支撑。本文结合已有的研究成果，重点阐述多组学技术在奶牛营养免疫调控领域的应用现状，分析其在关键营养素作用机制解析、营养应激应对及精准营养方案制定中的核心价值，为推动奶牛营养免疫研究向精准化、智能化方向发展提供参考。

1 奶牛营养免疫调控的核心基础

肠道是奶牛最大的免疫器官，肠道微生态系统与宿主免疫系统之间存在复杂的互作关系，其平衡状态直接影响奶牛免疫稳态和健康状况。多组学技术的应用，使得深入解析肠道微生物与奶牛免疫之间的调控网络成为可能。

1.1 奶牛肠道微生态组成及核心功能

奶牛肠道微生物群以厚壁菌门（Firmicutes）和拟杆菌门（Bacteroidetes）为主导，构成了丰富且功能多样的生态系统^[7]。山羊肠道微生物基因目录研究揭示，肠道微生物包含超过几千万个非冗余预测基因和千余个共享物种，其中91个菌类特异性定殖于羊肠道，编码多糖利用位点，能够降解糖链和黏蛋白，体现出微生物对肠道营养代谢和免疫防御的深

远影响^[8]。类似地，奶牛瘤胃微生物群通过发酵饲料产生短链脂肪酸（SCFAs）等代谢产物，不仅为肠上皮细胞提供能量，还参与调节宿主免疫反应^[4, 9]。

微生物组学技术的应用极大地推动了奶牛肠道微生态研究的深入。通过16S rRNA基因测序、宏基因组测序等技术，研究者能够精准解析奶牛肠道微生物群落结构组成，识别不同生理阶段、营养条件下的优势菌群和功能基因^[6, 8]。例如，Shi等^[6]利用宏基因组学技术研究发现，瘤胃微生物群介导的短链脂肪酸产生和调控机制与奶牛能量代谢和免疫功能密切相关。

1.2 肠道微生物-宿主免疫的互作网络及多组学解析

肠道微生物通过其代谢产物与宿主免疫系统发生广泛互作，维持机体免疫稳态。短链脂肪酸（如乙酸、丙酸和丁酸）作为肠道微生物发酵的主要产物，不仅是肠上皮细胞的主要能量来源，还能调节免疫细胞的增殖与炎症反应，促进肠道屏障功能和黏膜免疫系统的成熟。丁酸通过促进肠上皮细胞的增殖和调节紧密连接蛋白（如claudin-1、occludin及ZO-1）的表达来增强屏障完整性，同时抑制促炎因子的产生，维持免疫稳态，研究表明，SCFA能够激活炎症小体，促进淋巴细胞增殖和肠道黏膜免疫成熟，肠道微生物与宿主免疫系统之间的关键信号分子^[4]。

多组学技术的整合应用为解析肠道微生物-宿主免疫互作机制提供了系统视角。转录组学与代谢组学联合分析发现，肠道微生物代谢产物可通过调控宿主肠道上皮细胞基因表达，影响肠道屏障功能和免疫反应^[5, 10]。此外，肠道菌群可以调节肠道激素的分泌，进而影响免疫反应和代谢功能。在反刍动物中，褪黑素（Melatonin）在瘤胃液中的日节律变化与特定细菌家族（如Prevotellaceae、Muribaculaceae）高度相关，且褪黑素能够调节这些菌群的丰度，表明内源性激素与肠道微生物的互相影响机制，有助于维持肠道生态的动态平衡^[11]。

细胞信号通路在微生物-宿主互作中的调控作用

尤为突出。PI3K信号通路被发现参与肠道上皮细胞的增殖及免疫调节，营养不良状态下PI3K信号被抑制，导致肠道上皮屏障功能受损和免疫反应紊乱^[12]。TRP通道作为感知炎症介质和调节离子流的关键通道，其活性受微生物代谢物及miRNA调控，参与炎症信号的传导和免疫细胞的功能调节^[5]。通过蛋白质组学、磷酸化蛋白质组学等技术，研究者能够精准识别这些信号通路中的关键调控蛋白，解析其在营养免疫调控中的分子机制^[10, 12]。

2 多组学技术在奶牛关键营养素免疫调控机制解析中的应用

关键营养素（如酵母培养物、脂肪酸、氨基酸等）通过调控奶牛肠道微生态组成和代谢产物，进而影响宿主免疫状态和肠道屏障功能^[1, 2, 13]。多组学技术的应用，为深入解析这些营养素的免疫调控机制提供了精准工具。

2.1 酵母培养物的免疫调控机制及多组学解析

2.1.1 酵母培养物的核心成分及免疫活性

酵母培养物是一类富含多种生物活性成分的功能性营养物质，其主要成分包括β-葡聚糖、甘露聚糖、多种酶、氨基酸以及维生素等，这些成分协同作用，显著调节奶牛机体免疫功能^[3]。β-葡聚糖作为酵母细胞壁的主要多糖成分，通过激活巨噬细胞，促进促炎介质如前列腺素E₂（PGE₂）、一氧化氮（NO）、肿瘤坏死因子（TNF）-α及白介素（IL）-6的产生，从而增强宿主的免疫反应和抗菌能力^[14]。甘露聚糖作为另一重要的多糖成分，能够调节巨噬细胞和其他免疫细胞的活性，缓解炎症反应，并在应对内毒素刺激时发挥保护作用^[15]。

2.1.2 多组学技术揭示酵母培养物的免疫调控机制

微生物组学研究表明，酵母培养物能够促进奶牛肠道内有益菌群如乳酸菌和双歧杆菌的丰度增加，抑制潜在致病菌生长，从而改善肠道微生态平衡^[3]。饲喂富含甘露聚糖的酵母衍生物（MRF）（1 g/只·d）对奶山羊仔的影响研究显示，MRF的补充不仅显著提升了肠道有益菌群的丰度和多样性，

还促进了肠道上皮细胞紧密连接蛋白的表达，进而强化肠道屏障功能^[16]。通过宏基因组测序技术，研究者发现酵母培养物能够调控肠道微生物功能基因表达，促进多糖降解、短链脂肪酸合成等关键代谢通路的激活，为肠道免疫屏障功能提供营养支持^[16, 17]。

转录组学和蛋白质组学技术进一步揭示了酵母培养物对奶牛免疫相关基因和蛋白表达的调控作用。补充酵母培养物后，奶牛血清中免疫球蛋白IgA、IgM和IgG水平均明显升高，巨噬细胞活性和免疫因子表达得到激活^[18]。在断奶应激的犊牛中，酵母培养物显著缓解了断奶诱发的肠道微生态失衡和免疫功能障碍，通过调控肠道上皮细胞中炎症相关基因（如IL-1β、TNF-α、IFN-γ）的表达，降低肠道炎症反应，提高生长性能^[3, 18]。此外，酵母培养物中的β-葡聚糖通过与免疫细胞表面的Dectin-1受体结合，触发下游的mTOR信号通路激活，进而诱导免疫代谢重编程和表观遗传重塑，促进免疫训练，增强机体对病原体的长期免疫记忆^[19]。

代谢组学分析发现，酵母培养物能够促进肠道微生物产生短链脂肪酸等代谢产物，这些代谢产物作为信号分子，通过激活G蛋白偶联受体（如GPR43）及调控细胞内信号通路，促进免疫细胞的发育和功能，维持肠道免疫稳态^[4, 17]。在高能量饲料条件下添加0.5%酵母培养物，可通过调节瘤胃微生物群落结构，减轻高能量饲料引起的瘤胃酸中毒和炎症反应，降低炎症因子如IL-1β、IL-6和TNF-α的血清水平，同时提高免疫球蛋白IgA和IgG的浓度^[20, 21]。

2.2 脂肪酸的免疫调控机制及多组学解析

2.2.1 不同类型脂肪酸的免疫调控作用

脂肪酸作为奶牛重要的营养素，在免疫调控中发挥着关键作用，其中n-3多不饱和脂肪酸（PUFAs）、共轭亚油酸（CLA）、转-硬脂酸（TVA）等功能性脂肪酸的免疫调节效应尤为显著^[1, 22, 23]。n-3 PUFAs能够改善产犊期奶牛免疫功能，增强母体及其后代的免疫系统成熟度，提高抗

体产生和免疫细胞功能^[1, 24]。CLA不仅具有显著的抗炎、免疫调节特性，还能影响乳脂合成，调控乳制品质量和营养价值^[22, 25]。TVA通过特异性拮抗GPR43受体，激活cAMP-PKA-CREB信号轴，显著增强CD8+T细胞的免疫活性，促进细胞免疫功能的提升^[23, 26]。

2.2.2 多组学技术揭示脂肪酸的免疫调控机制

基因组学和转录组学研究表明，脂肪酸通过调控核受体如过氧化物酶体增殖物激活受体（PPARs）家族的表达，调节脂代谢相关基因网络，进而影响乳脂合成和免疫反应^[27, 28]。n-3 PUFAs通过抑制TLR2/MyD88/NF- κ B信号通路，降低炎症细胞浸润和炎症因子的表达，缓解产犊期常见的低度慢性炎症状态^[29]。在绵羊瘤胃上皮细胞系（RECs）中，由50:50的顺-9，反-11 CLA和反-10，顺-12 CLA组成的100 μ M CLA混合物在脂多糖（LPS）刺激下显著下调多种炎症相关基因的表达（如TNF- α 、IL-6、ICAM1等），同时上调细胞增殖相关基因及脂质代谢相关基因，表明CLA通过抑制促炎信号通路和增强脂质代谢，赋予瘤胃上皮细胞保护性免疫调节功能^[25]。

代谢组学技术为解析脂肪酸代谢与免疫调控的关联提供了重要支撑。脂肪酸的代谢产物短链脂肪酸通过肠-肝轴调节宿主免疫稳态，促进调节性T细胞（Treg）生成，抑制炎症因子的表达，并通过影响炎症小体NLRP3及TLR信号通路，维持肠道黏膜免疫稳态^[30, 31]。n-3脂肪酸补充可通过调节肠道菌群组成和免疫环境，影响肠道-脑轴功能，进一步促进全身免疫功能的平衡^[24]。此外，脂肪酸代谢相关受体如CD36在免疫细胞中表达广泛，通过介导脂肪酸摄取及代谢调控免疫细胞的分化与活化，影响其免疫抑制功能^[32, 33]。

蛋白质组学研究发现，CLA能够调控细胞氧化应激水平和自噬过程，促进乳腺上皮细胞的功能恢复和脂质代谢平衡^[34]。在奶牛产犊期，补充n-3脂肪酸能够调节免疫细胞膜脂质组成，促进免疫细胞的信号转导和功能发挥，增强机体对病原微生物的抵

抗力^[1]。这些研究表明，多组学技术的整合应用能够从多个层面解析脂肪酸的免疫调控机制，为优化奶牛脂肪酸营养供给提供理论依据。

2.3 氨基酸的免疫调控机制及多组学解析

2.3.1 关键氨基酸的免疫调控作用

氨基酸作为蛋白质合成的基础，在调节奶牛肠道屏障功能、免疫稳态和抗氧化能力中发挥重要作用^[2]。蛋氨酸（Met）作为反刍动物必需氨基酸之一，其保护性供给形式（Rumen-protected Methionine, RPM）能够有效改善肠道的结构完整性，优化肠道微生物群的组成，从而提升宿主免疫功能并减轻炎症反应。在产犊期，蛋氨酸和赖氨酸等关键氨基酸通过调节肝脏代谢功能，支持免疫细胞的活性和抗炎反应，缓解能量负平衡和脂肪动员过度带来的免疫抑制^[2]。

2.3.2 多组学技术揭示氨基酸的免疫调控机制

微生物组学研究表明，补充RPM有助于改善羔羊肠道绒毛形态，降低潜在致病菌如Erysipelotrichaceae_UCG-009和Clostridium_sensu_stricto_1的丰度，同时促进有益菌群的增殖，进一步提升肠道的屏障功能和免疫防御能力^[34]。

转录组学和代谢组学技术揭示了氨基酸对免疫相关基因表达和代谢通路的调控作用。在低蛋白饮食粗蛋白12.5%中添加RPM与赖氨酸（RML）能够显著下调羔羊肠道中促炎细胞因子如IL-1 β 、TNF- α 、IFN- γ 及TLR4、MyD88等炎症通路相关基因的mRNA表达，表明RPM通过抑制肠道炎症通路维护肠道稳态^[35]。蛋氨酸作为谷胱甘肽（GSH）合成的前体，补充后显著提高了反刍动物体内谷胱甘肽过氧化物酶（GPX）活性以及相关抗氧化酶的表达，增强了机体抗氧化能力，缓解了氧化损伤对免疫功能的影响^[36, 37]。

RNA干扰（RNAi）技术作为基因组学研究的重要工具，被广泛应用于揭示氨基酸相关基因在胎盘功能和免疫调控中的作用。通过特异性地降低目标基因表达，研究者成功在体内实现了对绵羊胎盘关键基因的靶向抑制，明确了氨基酸相关基因在

胎盘营养转运和免疫调控中的具体机制，为后续通过营养干预调节胎盘功能提供了新的分子靶点和策略^[38]。

3 多组学技术在奶牛精准营养免疫调控方案制定中的应用

精准营养是根据奶牛个体差异，制定个性化的营养供给方案，以实现营养资源最优利用和免疫功能精准调控的目标。多组学技术通过解析奶牛个体在基因、转录、代谢、微生物等层面的差异，为精准营养方案的制定提供了核心技术支撑。

3.1 基于多组学的奶牛个体差异解析

不同品种、年龄、生理阶段的奶牛在营养代谢和免疫功能上存在显著个体差异。基因组学技术能够识别与奶牛营养代谢和免疫功能相关的候选基因，为筛选优良品种、预测个体营养需求提供依据。转录组学和代谢组学研究发现，奶牛在不同生理阶段（如产犊期、断奶期）的基因表达和代谢产物存在显著差异，这些差异直接影响其免疫功能和营养需求^[5, 18]。

微生物组学研究表明，奶牛肠道微生物群组成存在显著个体差异，这种差异与奶牛的营养代谢和免疫功能密切相关^[7, 8]。通过解析奶牛肠道微生物群组成和功能，能够精准识别影响其免疫功能的关键菌群，为个性化营养干预提供靶点。例如，针对肠道有益菌群丰度较低的奶牛，可通过补充特定的益生菌或益生元，改善肠道微生态平衡，增强免疫功能。

3.2 基于多组学的精准营养方案制定

多组学技术的整合应用为奶牛精准营养方案的制定提供了系统方法。通过整合基因组学、转录组学、代谢组学和微生物组学数据，能够全面解析奶牛营养代谢与免疫调控的分子机制，识别关键调控因子和信号通路，进而制定个性化的营养供给方案。例如，针对产犊期奶牛能量负平衡和免疫抑制的问题，基于多组学研究结果，可优化日粮中n-3 PUFAs、瘤胃保护蛋氨酸和赖氨酸的含量，缓解营

养应激，增强免疫功能。

在断奶犊牛精准营养方面，基于微生物组学和转录组学研究发现，补充酵母培养物能够改善肠道微生态平衡，调节炎症相关基因表达，缓解断奶应激。因此，可根据断奶犊牛的个体差异，制定不同剂量的酵母培养物补充方案，实现精准干预。此外，多组学技术还能用于评估营养干预效果，通过监测奶牛基因表达、代谢产物和肠道微生物群的变化，及时调整营养方案，确保干预效果。

3.3 多组学技术在精准营养中的应用前景

随着多组学技术的不断发展，其在奶牛精准营养免疫调控中的应用前景日益广阔。单细胞组学、空间组学及人工智能技术的融合，将进一步揭示营养素调控免疫的时空特异性机制，推动免疫营养学向系统生物学和精准医学方向发展^[6]。通过整合多组学数据和人工智能算法，能够构建奶牛营养需求预测模型，实现营养供给的精准化和智能化。

多组学技术还将在奶牛抗应激、疾病防控及生产性能优化等方面发挥重要作用。例如，通过解析奶牛热应激状态下的多组学变化，能够识别热应激相关的生物标志物，开发针对性的营养干预策略；此外，还能为奶牛功能性饲料添加剂的开发提供理论支撑，推动绿色养殖和减少抗生素使用。

4 结语

多组学技术在奶牛营养免疫精准调控研究中取得了显著进展，但仍存在一些问题亟待解决。首先，多组学数据整合分析难度较大，不同组学数据之间的关联机制尚未完全明确，缺乏有效的整合分析方法和工具。其次，多组学研究多集中在实验室层面，临床应用和产业化转化不足，难以满足实际养殖生产的需求。此外，奶牛营养免疫调控是一个复杂的系统工程，涉及多个层面的互作，现有研究对这些互作机制的解析还不够深入。

未来研究应重点关注以下几个方向：一是开发高效的多组学数据整合分析方法和工具，深入解析奶牛营养-微生物-免疫之间的复杂互作网络。二是

加强多组学技术的临床应用和产业化转化, 建立基于多组学的奶牛精准营养诊断和干预技术体系, 为实际养殖生产提供技术支持。三是开展长期、大样本的田间试验, 验证多组学技术驱动精准营养方案的有效性和稳定性。四是结合基因编辑、合成生物学等新兴技术, 开发新型功能性饲料添加剂和精准营养产品, 推动奶牛营养免疫调控技术的创新发展。

参考文献

- [1] Fabjanowska J, Kowalczyk-Vasilev E, Klebaniuk R, et al. N-3 polyunsaturated fatty acids as a nutritional support of the reproductive and immune system of cattle-a review[J]. *Animals*, 2023, 13 (22) : 3589.
- [2] Khan MZ, Liu S, Ma Y, et al. Overview of the effect of rumen-protected limiting amino acids (methionine and lysine) and choline on the immunity, antioxidative, and inflammatory status of periparturient ruminants[J]. *Frontiers in Immunology*, 2022, 13: 1042895.
- [3] Liu S, Yang L, Zhang Y, et al. Review of yeast culture concerning the interactions between gut microbiota and young ruminant animals[J]. *Frontiers In Veterinary Science*, 2024, 11: 1335765.
- [4] He Z, Dong H. The roles of short-chain fatty acids derived from colonic bacteria fermentation of non-digestible carbohydrates and exogenous forms in ameliorating intestinal mucosal immunity of young ruminants[J]. *Frontiers in Immunology*, 2023, 14: 1291846.
- [5] Lv W, Sha Y, Liu X, et al. Interaction between rumen epithelial miRNAs-microbiota-metabolites in response to cold-season nutritional stress in Tibetan sheep[J]. *International Journal Of Molecular Sciences*, 2023, 24 (19) : 14489.
- [6] Zhang Y, Thomas JP, Korcsmaros T, et al. Integrating multi-omics to unravel host-microbiome interactions in inflammatory bowel disease[J]. *Cell Reports Medicine*, 2024, 5 (9) : 101738.
- [7] Liu L, Wu P, Guo A, et al. Research progress on the regulation of production traits by gastrointestinal microbiota in dairy cows[J]. *Frontiers In Veterinary Science*, 2023, 10: 1206347.
- [8] Zhang K, He C, Wang L, et al. Compendium of 5810 genomes of sheep and goat gut microbiomes provides new insights into the glycan and mucin utilization[J]. *Microbiome*, 2024, 12 (1) : 104.
- [9] Shi J, Su H, He S, et al. Pan-genomic insights into rumen microbiome-mediated short-chain fatty acid production and regulation in ruminants[J]. *Microorganisms*, 2025, 13 (6) : 1175.
- [10] Yang W, Cong Y. Gut microbiota-derived metabolites in the regulation of host immune responses and immune-related inflammatory diseases[J]. *Cellular & Molecular Immunology*, 2021, 18 (4) : 866–877.
- [11] Ouyang J, Wang M, Bu D, et al. Ruminal microbes exhibit a robust circadian rhythm and are sensitive to melatonin[J]. *Frontiers In Nutrition*, 2021, 8: 760578.
- [12] Wu W, Lu H, Cheng J, et al. Undernutrition disrupts cecal microbiota and epithelium interactions, epithelial metabolism, and immune responses in a pregnant sheep model[J]. *Microbiology Spectrum*, 2023, 11 (2) : e0532022.
- [13] Huo W, Lin Y, Wang C, et al. Methionine and its derivatives in dairy cow nutrition: implications for intestinal barrier function, periparturient performance, and metabolic health[J]. *Frontiers In Veterinary Science*, 2025, 12: 1664853.
- [14] Xin Y, Ji H, Cho E, et al. Immune-enhancing effect of water-soluble beta-glucan derived from enzymatic hydrolysis of yeast glucan[J]. *Biochemistry And Biophysics Reports*, 2022, 30: 101256.
- [15] Sivinski S E, Mamedova L K, Rusk R A, et al. Development of an in vitro macrophage screening system on the immunomodulating effects of feed components[J]. *Journal of Animal Science And Biotechnology*, 2020, 11: 89.
- [16] Hu Q Y, Man J J, Luo J, et al. Early-life supplementation with mannan-rich fraction to regulate rumen microbiota, gut health, immunity, and growth performance in dairy goat kids[J]. *Journal of Dairy Science*, 2024, 107 (11) : 9322–9333.
- [17] Bi R, Abbas W, Li J, et al. Yeast β -glucan ameliorated Salmonella-induced gut impairment in broiler chickens by modulating gut microbiome[J]. *International Journal of Biological Macromolecules*, 2025, 319 (Pt 4) : 145630.
- [18] Li X, Yang X, Liu S, et al. Yeast culture improves growth, antioxidant status, immunity, and gut microbiota homeostasis in preweaning Holstein calves[J]. *Frontiers In Veterinary Science*, 2025, 12: 1670912.
- [19] Horneck Johnston C J H, Ledwith A E, Lundahl M L E, et al. Recognition of yeast β -glucan particles triggers immunometabolic signaling required for trained immunity[J]. *iScience*, 2024, 27 (3) : 109030.
- [20] Qi P, Wang L. Effect of adding yeast cultures to high-grain conditions on production performance, rumen fermentation profile, microbial abundance, and immunity in goats[J].

- Animals, 2024, 14 (12) : 1799.
- [21] Yang X, Wen D, Liu Z, et al. Biofermentation of aquatic plants: potential novel feed ingredients for dairy cattle production[J]. Science of The Total Environment, 2024, 952: 175955.
- [22] Wang K, Xin Z, Chen Z, et al. Progress of conjugated linoleic acid on milk fat metabolism in ruminants and humans[J]. Animals, 2023, 13 (21) : 3429.
- [23] Fan H, Xia S, Xiang J, et al. Trans-vaccenic acid reprograms CD8⁺ T cells and anti-tumour immunity[J]. Nature, 2023, 623 (7989) : 1034–1043.
- [24] Zinkow A, Grodzicki W, Czerwińska M, et al. Molecular mechanisms linking omega-3 fatty acids and the gut-brain axis[J]. Molecules, 2024, 30 (1) : 71.
- [25] Yang C, Lan W, Ye S, et al. Transcriptomic analyses reveal the protective immune regulation of conjugated linoleic acids in sheep ruminal epithelial cells[J]. Frontiers In Physiology, 2020, 11: 588082.
- [26] Trans-vaccenic acid reprograms CD8⁺ T cells and enhances antitumor immunity[J]. Cancer Discovery, 2023. DOI:10.1158/2159-8290.cd-rw2023-192.
- [27] Xu B, Hou X, Wang M, et al. Fatty acids modulate the colorectal cancer immune microenvironment via regulating the interaction and transactivation of PPAR α/δ and P53[J]. Cell Reports, 2025, 44 (12) : 116623.
- [28] Haile A, Oliveira D E, Boisclair Y R, et al. Potential involvement of peroxisome proliferator-activated receptors in the inhibition of mammary lipid synthesis during diet-induced milk fat depression[J]. Journal of Dairy Science, 2025, 108 (2) : 2036–2044.
- [29] Shen S, Yan G, Cao Y, et al. Dietary supplementation of n-3 PUFAs ameliorates LL37-induced rosacea-like skin inflammation via inhibition of TLR2/MyD88/NF- κ B pathway[J]. Biomedicine & Pharmacotherapy, 2022, 157: 114091.
- [30] Liu X F, Shao J H, Liao Y T, et al. Regulation of short-chain fatty acids in the immune system[J]. Frontiers In Immunology, 2023, 14: 1186892.
- [31] Wang J, Zhao Q, Zhang S, et al. Microbial short chain fatty acids: Effective histone deacetylase inhibitors in immune regulation (Review) [J]. International Journal of Molecular Medicine, 2026, 57 (1) : 16.
- [32] Chen Y, Zhang J, Cui W, et al. CD36, a signaling receptor and fatty acid transporter that regulates immune cell metabolism and fate[J]. The Journal of Experimental Medicine, 2022, 219 (6) : e20211314.
- [33] Dhar S, Sarkar T, Bose S, et al. FOXP3 transcriptionally activates fatty acid scavenger receptor CD36 in tumour-induced Treg cells[J]. Immunology, 2025, 174 (3) : 296–309.
- [34] Ma N, Wei G, Zhang H, et al. Cis-9, Trans-11 CLA alleviates lipopolysaccharide-induced depression of fatty acid synthesis by inhibiting oxidative stress and autophagy in bovine mammary epithelial cells[J]. Antioxidants, 2021, 11 (1) : 55.
- [35] Gebeyew K, Yang C, He Z, et al. Low-protein diets supplemented with methionine and lysine alter the gut microbiota composition and improve the immune status of growing lambs[J]. Applied Microbiology and Biotechnology, 2021, 105 (21-22) : 8393–8410.
- [36] Wu Y, Guo X, Zhao D, et al. Effect of methionine supplementation on serum metabolism and the rumen bacterial community of sika deer (Cervus nippon) [J]. Animals, 2022, 12 (15) : 1950.
- [37] Jiang Q, Galvão M C, Thanh L P, et al. Short-term feed restriction induces inflammation and an antioxidant response via cystathionine- β -synthase and glutathione peroxidases in ruminal epithelium from Angus steers[J]. Journal of Animal Science, 2024, 102: skae257.
- [38] Tanner A R, Kennedy V C, Lynch C S, et al. In vivo investigation of ruminant placenta function and physiology-a review[J]. Journal Of Animal Science, 2022, 100 (6) : skac045.

破解奶畜繁殖育种瓶颈 赋能产业提质增效

近年来，我国奶牛养殖规模化率已突破70%，单产水平显著提高；牦牛存栏量占全球95%以上，特色乳品开发潜力巨大。但与此同时，奶畜繁殖育种领域的瓶颈问题愈发突出。对奶牛而言，夏季热应激及季节交替时期，繁殖效率下降已成为制约牧场效益提升的重要瓶颈；对牦牛而言，高寒牧区母牦牛适龄繁殖率长期徘徊在50%~60%之间，犊牛成活率不足80%，良种扩繁速度缓慢。据粗略估算，因繁殖效率低下导致空怀期延长、世代间隔过大，每年给行业造成的直接经济损失超过数十亿元。

在奶牛领域，夏季高温高湿环境下子宫炎发病率显著升高，热应激导致早期胚胎死亡数量增加，季节性防疫与繁殖管理的协调面临难题；在牦牛领域，冷季漫长、营养匮乏与繁殖季节高度集中的矛盾尤为突出，发情调控、人工授精等高效繁殖技术的应用覆盖率仍然偏低，遗传评估与基因组选择等现代育种手段尚处于起步阶段。科学解决这些问题，对提升我国奶畜养殖整体水平意义重大。特别是在当前饲料成本居高不下、市场竞争不断加剧的背景下，突破繁殖育种管理瓶颈尤为迫切。

宁波三生生物科技有限公司（简称“宁波三生”）作为国内领先的动物繁殖技术企业，多年来深耕奶牛及牦牛繁殖健康与育种技术领域，积累了丰富的技术经验和实践案例。此次，《中国乳业》杂志与宁波三生联合策划“奶/牦牛繁殖育种关键技术提升与实践”系列专栏，旨在为行业提供系统化的解决方案。

本专栏将分四期深入探讨：6月刊聚焦热应激期间母牛繁殖管理，分析热应激对卵泡发育、内分泌及胚胎存活的影响机理，分享营养调控、环境控制与管理优化的综合方案；7月刊专题呈现牦牛繁育技术研究方向，系统阐述牦牛特有生殖生理机制、高效繁殖技术应用及本品种选育与杂交改良策略；8月刊围绕核心牛群繁育策略，探讨遗传评估、基因组选择技术在核心群快速遗传进展中的应用实践；9月刊研究新生犊牛管理及母牛产后护理，从初乳管理、营养程序化饲养到围产期疾病防控，构建全链条健康护理体系。

为确保专业性与实用性相统一，专栏特别邀请了行业权威专家和一线技术人员撰稿。通过系统梳理奶畜繁殖育种的关键技术要点，分享可复制、可推广的成功经验，为行业应对季节性挑战和技术瓶颈提供有力支撑，助力牧场实现“高效繁殖、精准育种、健康可持续”的目标，推动我国奶业高质量发展迈上新台阶。

《中国乳业》杂志社社长

董晓霞

