

# 畜禽血常规分析及其在遗传育种中的应用研究进展

苏岩, 郑伟杰, 贺中鋒, 郭子骄, 韩博, 孙东晓\*

(中国农业大学动物科学技术学院, 北京 100193)

**摘要:** 血常规作为临床医学中最常用的血液学指标, 可以有效评估动物的健康状况、免疫功能及生理反应。不同畜禽物种的血常规指标存在差异, 与物种特性、环境适应性、饲养管理水平以及遗传背景密切相关, 其在畜牧业中的应用已从传统的健康监测逐步扩展到遗传育种领域。本文综述了主要畜禽的血常规指标及其在遗传育种中的应用进展。随着多组学技术的发展, 基因组、转录组和蛋白质组等方法为解析畜禽血常规性状的遗传机制提供了新策略, 也为其作为遗传标记助力畜禽健康与抗病育种开辟了新途径。

**关键词:** 血常规指标; 畜禽; 健康评估; 遗传育种

**中图分类号:** S813

**文献标识码:** A

**DOI 编号:** 10.19556/j.0258-7033.20250221-04

在畜禽育种的历史进程中, 早期的选育目标主要集中在提高产量上, 例如增加产奶量和日增重等。随着产量性状的显著提升, 育种目标逐渐扩展到品质性状, 如改善肉质和乳品质等。然而, 畜禽生产的高度集约化和对高产性能的持续追求, 健康问题逐渐凸显, 表现为疾病易感性增加和繁殖性能下降等, 严重影响了生产效率和经济效益。因此, 健康性状在现代畜禽育种中的重要性日益突出。血常规指标为健康性状与抗病育种提供了新的研究思路, 血常规指标通常分为红细胞 (Red Blood Cell, RBC)、白细胞 (White Blood Cell, WBC) 和血小板 (Platelet, PLT) 三大系统, 其中红细胞中的血红蛋白负责输送氧气和二氧化碳, 并在 pH 调节中发挥关键作用, 红细胞急剧减少常用于判断出血情况<sup>[1-2]</sup>。白细胞则主要负责免疫防御, 参与细菌的吞噬和感染防御<sup>[3]</sup>。血小板不仅在凝血过程中起着至关重要的作用, 还在免疫反应中作为应答细胞

释放免疫应答物质<sup>[4-5]</sup>, 并促进组织修复和再生<sup>[6-7]</sup>。吴清清等<sup>[8]</sup>研究发现患繁殖与呼吸综合征 (Porcine Reproductive and Respiratory Syndrome, PRRS) 猪的血液淋巴细胞百分比等指标与猪繁殖与呼吸综合征病毒 (Porcine Reproductive and Respiratory Syndrome Virus, PRRSV) 染密切相关。张巧霞等<sup>[9]</sup>研究表明选育血红蛋白浓度较高的猪群可以提升生长速度和增强抗病性。随着全基因组关联分析 (Genome Wide Association Study, GWAS)、转录组测序 (Transcriptome Sequencing, RNA-Seq) 等多组学技术的发展, 研究者可以更好地解析畜禽血常规指标的遗传机制, 为健康性状的标记辅助选择或基因组选择提供重要的分子信息。

## 1 畜禽血常规概述

**1.1 基本指标及其意义** 不同畜禽的血液指标存在较大差异, 不仅与其生理特性、种类及年龄有关, 还受到饲养环境和管理方式的影响<sup>[10]</sup>。血常规检测显示猪、牛、羊、鸡的关键血液指标存在不同。

红细胞计数方面, 猪的红细胞数量通常为  $5\sim 8\times 10^{12}/L$ , 血红蛋白浓度为  $100\sim 160\text{ g/L}$ , 其氧气运输能力均衡, 适应其较高的代谢需求。牛的红细胞数量为  $5\sim 10\times 10^{12}/L$ , 血红蛋白浓度为  $80\sim 150\text{ g/L}$ 。卢娜等<sup>[11]</sup>通过对不同品种奶牛的产奶量、乳成分、血清生化指标以及乳钙含量的分析, 发现红细胞比容值高于 40% 时,

收稿日期: 2025-02-21; 修回日期: 2025-03-10

资助项目: 国家重点研发计划项目 (2021YFF1000700); 教育部创新团队发展计划 (IRT\_15R62)

作者简介: 苏岩 (2002-), 女, 河北石家庄人, 博士研究生, 主要从事奶牛分子遗传育种研究, E-mail: 1846121966@qq.com

\* 通信作者: 孙东晓 (1972-), 女, 河北衡水人, 博士, 教授, 主要从事动物分子数量遗传学与奶牛育种方面的研究, E-mail: sundx@cau.edu.cn

乳蛋白含量显著增加, 且与奶量的相关性达到 0.75。羊的红细胞数量为  $9\sim 15\times 10^{12}/\text{L}$ , 血红蛋白浓度高达  $150\text{ g/L}$ , 使羊在氧结合能力上具有显著优势。鸡的红细胞数量为  $2.5\sim 4\times 10^{12}/\text{L}$ , 血红蛋白浓度为  $80\sim 120\text{ g/L}$ , 虽然禽类的红细胞数量较少, 但适中的血红蛋白浓度可能与其较高的代谢率相适应<sup>[12]</sup>。

血小板计数亦有所不同, 猪的血小板计数在  $200\sim 500\times 10^9/\text{L}$  之间, 具有较强的凝血能力。牛和羊的血小板计数范围较广, 均为  $100\sim 800\times 10^9/\text{L}$ 。鸡血液中没有血小板, 但具有功能相同的凝血细胞, 每升血液中含有  $20\sim 50\times 10^9$  个。这一差异反映了不同畜禽在凝血功能方面的显著不同<sup>[12]</sup>。

白细胞计数作为免疫系统的重要指标, 猪的白细胞计数通常为  $11\sim 22\times 10^9/\text{L}$ , 且中性粒细胞比例较高, 对细菌性和急性炎症反应的抵抗力较强, 免疫系统能够快速应对细菌感染, 适应较为复杂的生活环境。牛的血细胞计数为  $4\sim 12\times 10^9/\text{L}$ , 淋巴细胞比例较高, 中性粒细胞比例较低, 表明牛的体液免疫和细胞免疫较为活跃, 但对急性细菌感染的反应较弱。羊的白细胞计数为  $4\sim 12\times 10^9/\text{L}$ , 其淋巴细胞和中性粒细胞比例相对平衡, 具有较强的特异性免疫和非特异性免疫能力, 能较好地适应多种病原体。鸡的白细胞总数较高, 为  $10\sim 30\times 10^9/\text{L}$ , 主要由于禽类具有较强的非特异性免疫系统, 且以淋巴细胞为主, 异嗜性白细胞次之, 这使得其在抗病毒和寄生虫方面具有较强的抵抗力<sup>[13]</sup>。

**1.2 血常规分析在畜禽健康评估中的基础作用** 异常的血常规指标通常是畜禽面临疾病或生理问题的预兆, 可为及时实施预防和治疗措施提供重要参考<sup>[14]</sup>。具体而言, 红细胞计数和血红蛋白浓度的下降是贫血和慢性疾病的常见标志。多种因素可导致红细胞压积发生变化, 腹泻可导致红细胞压积升高, 而贫血则会导致其下降。结合红细胞压积、平均体积、血红蛋白浓度和分布宽度等指标, 可更准确地判断奶牛的健康状况。当奶牛在患有血红蛋白尿时, 血液中的红细胞数量、血红蛋白和红细胞压积会明显下降<sup>[16]</sup>。

白细胞计数是评估动物免疫状态的重要指标。奶牛患乳腺炎时, 白细胞总数显著升高, 尤其是中性粒细胞比例增加, 表明机体对细菌感染的免疫反应增强<sup>[17]</sup>。蹄叶炎病牛的血细胞计数显著高于健康奶牛, 且炎症严重程度与白细胞计数呈正相关。不同类型的白细胞比例

(如中性粒细胞、淋巴细胞和单核细胞) 在感染时常会发生变化, 尤其是中性粒细胞增多 ( $>70\%$ ) 常预示着细菌感染, 而淋巴细胞的减少则可能与病毒感染相关<sup>[18]</sup>。在猪瘟病毒感染初期, 中性粒细胞的数量和比例显著增高, 而淋巴细胞的比例显著下降, 表明机体对病毒感染的免疫反应失衡<sup>[19-20]</sup>。家禽的白细胞参数在分类上具有显著差异, 特别是异嗜性白细胞比例较高, 血常规检测在家禽传染病如新城疫和禽流感的早期诊断中具有重要意义。通常, 新城疫和禽流感等病毒性传染病表现为白细胞总数减少和异嗜性白细胞比例增加<sup>[21]</sup>, 这些变化有助于实现对疫情的早期发现和干预。

血小板计数通常用于监测凝血功能与炎症反应, 其数值的异常升高或降低往往提示潜在的病理状况, 因此该指标对种群健康评估和遗传选择具有重要影响<sup>[22]</sup>。此外, 血小板计数对出血性疾病的判断尤为关键, 血小板减少症可能由骨髓抑制、免疫介导的血小板破坏以及感染性疾病引起的血小板消耗所致<sup>[18]</sup>。Lunney 等<sup>[23]</sup> 研究指出 PRRS 感染可导致血小板减少和免疫功能紊乱<sup>[24]</sup>。

在畜禽复杂疾病的诊断过程中, 血常规检测可显著提高疾病诊断的准确性。通过回归分析等统计方法, 建立贝叶斯网络预测模型, 结合血常规数据与临床症状及流行病学信息, 可精准预测疾病的发生<sup>[25]</sup>。

## 2 血常规性状在畜禽遗传育种中的应用

**2.1 畜禽血常规性状的 GWAS 研究** GWAS 是鉴定复杂性状功能基因及遗传变异位点的强大工具。血常规参数是反映动物机体免疫状态和健康的重要指标, 并在 GWAS 中用作生物学指标<sup>[26]</sup>。近年来, GWAS 已广泛应用在人体健康与癌症的相关研究中, 通过对欧洲人、日本人和非裔美国人的血常规进行分析, 定位到 60 多个血液性状的 SNP 位点和染色体区域<sup>[27-34]</sup>。

在动物遗传育种领域, 猪的抗病力研究起步较早<sup>[35]</sup>。Zhang 等<sup>[36]</sup> 基于白色杜洛克猪与二花脸猪  $F_2$  代杂交个体的 GWAS 研究, 发现了与 18 个血常规指标显著相关的 185 个 SNP 位点, 鉴定到 *CRP*、*NFATC2* 等多个候选基因, 这些基因在免疫和血液学特征中发挥重要作用。Ballester 等<sup>[37]</sup> 通过 GWAS 分析, 发现与血液性状显著关联的 SNP 位点和候选基因 *CRP*、*NFATC2*、*PRDX1*、*SLA*、*ST3GAL1*、*VPS4A*, 可用于解释免疫和血液学特征的变异。Maroille 等<sup>[38]</sup> 通过猪外周血

转录组表达数据的 eGWAS 分析, 发现了与免疫反应和血液生成相关的基因 (*HBB*、*TLR4* 和 *IL6*)。Bovo 等<sup>[39]</sup>通过 3 种 GWAS 方法分析了 843 头意大利大白猪的 15 种血液学和 15 种临床生化性状, 鉴定到 52 个 QTL 与 29 个血液参数相关, 其中 14 号染色体上的 QTL 与嗜碱性粒细胞计数关联最显著。Bai 等<sup>[1]</sup>通过分析血常规与猪抗病性之间的联系, 发现了与抗病性相关的 *SPTA1* 和 *TRIM58* 等候选基因。Yang 等<sup>[41]</sup>整合 GWAS、RNA-seq 和已有报道数据, 发现了 *ACRBP*、*ADAMTS3*、*CANT1*、*CCM2L*、*CNN3*、*CPLANE1*、*GPAT3*、*GRIP2*、*PLAGL2*、*RTL6*、*SOX4*、*WDFY3* 和 *NF614* 等与荷斯坦奶牛血液学参数相关的候选基因。王哲<sup>[42]</sup>对荷斯坦奶牛的 20 个血常规性状进行 GWAS 分析, 鉴定到了影响白细胞计数和淋巴计数的 *CDK14*、*FZD1*、*MTERF1*、*AKAP9* 和 *CYP51A1* 基因, 影响红细胞体积分布宽度的 *POLR2M*、*MYZAP* 和 *CGNL1* 基因, 影响血小板分布宽度的 *CDCA7* 和 *MAP3K20* 基因, 这些基因富集到细胞周期、转录过程等信号通路。Zhu 等<sup>[43]</sup>对 498 只阿尔卑斯美利奴羊的 6 个红细胞性状进行 GWAS, 确定了 *DHCR24*、*SPATA9*、*FLI1*、*PLCB1*、*EFNB2* 和 *SH2B3* 为潜在的目标基因, *FLI1* 和 *PLCB1* 分别与造血和红细胞生成相关。

2.2 畜禽血常规性状及其免疫机制在转录组学中的研究 将畜禽血常规与转录组分析相结合, 为深入理解畜禽生理、病理机制开辟了新路径。Yang 等<sup>[44]</sup>通过转录组分析, 发现猪外周血单核细胞 (Peripheral Blood Mononuclear Cells, PBMCs) 在病原体刺激下, Toll 样受体和 NF- $\kappa$ B 信号通路显著富集, 鉴定了与猪免疫应答相关的关键基因。Ye 等<sup>[45]</sup>通过 RNA-seq 技术分析 64 头杜洛克猪的外周血转录组, 发现患病猪特异表达 246 个基因, 显著富集在细胞因子-细胞因子受体相互作用通路, 包括 9 个免疫调节相关基因。Fang 等<sup>[46]</sup>比较分析了结核病阳性、阴性和健康牛的 PBMCs 转录组, 发现了结核病牛的基因表达和生物通路变化。Tang 等<sup>[47]</sup>通过对 101 头荷斯坦奶牛泌乳早期至中期 (产犊后 22~150 天) 的全血进行全转录组研究, 发现白细胞中 *FAM83H* 和 *TBC1D17* 基因与产奶性状相关。Wang 等<sup>[48]</sup>通过对荷斯坦奶牛 PBMC 中不同免疫细胞进行单细胞 RNA 测序和单细胞转座酶可及染色质测序, 共测

序约 30 756 个单细胞, 总共检测到约 15 000 个基因, 这些单细胞转录组和染色质可及性数据集, 为进一步了解 PBMCs 的细胞类型和功能提供了有力的数据支撑。Singh 等<sup>[49]</sup>通过转录组分析发现绵羊和山羊感染蓝舌病毒血清型 16 (Bluetongue Virus Serotype 16, BTV-16) 后, PBMCs 中存在大量共同的差异表达基因, 富集于免疫反应、炎症调节、细胞代谢等多个生物过程, 其中干扰素刺激基因表达上调, 部分参与细胞正常代谢的基因表达下调。Yan 等<sup>[50]</sup>整合转录组与血常规数据, 研究发现红细胞生成相关基因 (如 *EPO*) 的表达上调, 促进了红细胞生成和血红蛋白合成, 与血常规中红细胞指标的升高一致; 免疫相关基因的表达变化与血常规中白细胞数量及分类比例的变化相关。

2.3 畜禽血常规与蛋白质组学的结合在疾病诊断中的应用 蛋白质组学技术为畜禽血常规相关疾病的早期诊断、疾病治疗和健康评估提供了有力工具。目前, 双向凝胶电泳 (Two-Dimensional Gel Electrophoresis, 2-DE)、液相色谱-质谱联用 (Liquid Chromatography-Mass Spectrometry/Mass Spectrometry, LC-MS/MS) 和同位素标记相对和绝对定量 (Isobaric Tags for Relative and Absolute Quantitation, iTRAQ) 等技术已广泛应用于畜禽研究。这些技术通过对患病和健康个体的血液、组织等样本进行蛋白质分离、鉴定和定量分析, 获取蛋白质表达信息, 为疾病诊断和育种提供分子依据<sup>[51]</sup>。Deng 等<sup>[52]</sup>通过分析 53 026 名成年人的血浆样本, 绘制了健康与患病状态下的血浆蛋白质组图谱, 鉴定到疾病特异性蛋白标志物及其在炎症、免疫调节和细胞信号传导中的作用机制, 可作为心血管疾病、肿瘤和神经系统疾病早期诊断和预后评估指标。Wang 等<sup>[53]</sup>通过蛋白质组技术, 鉴定了与荷斯坦奶牛乳蛋白合成相关的血浆蛋白, 发现哺乳动物雷帕霉素靶蛋白 (mammalian Target of Rapamycin, mTOR) 信号通路中的关键蛋白与乳蛋白合成相关。Elkhamar 等<sup>[54]</sup>比较了绵羊和人类 PBMCs 的炎症反应, 发现二者在免疫调节和炎症信号传导中的关键蛋白表达相似, 同时也鉴定出物种特异性蛋白。Chiaradi 等<sup>[55]</sup>通过分析绵羊血清蛋白, 鉴定出与免疫防御、能量代谢和生长发育相关的蛋白, 并发现不同品种、生理状态 (如妊娠和患病) 下血清蛋白表达存在差异。



### 3 小结与展望

动物的血液与机体的免疫功能密切相关,血液中的常规生化指标是反应机体健康状况及抗病力的重要参数。随着畜禽育种目标从产量性状、品质性状逐步扩展到健康性状,血常规指标在遗传育种中的研究将更加深入。随着GWAS、RNA-Seq等多组学技术的不断发展,血常规指标的遗传机制得以解析,为健康性状的遗传改良提供了新的研究思路。未来,随着单细胞测序技术和人工智能算法的发展,可以建立更精准的血常规指标预测模型,血常规指标将更加精准地用于畜禽健康监测、疾病防控以及抗病育种,为实现高效、健康、可持续的畜禽生产提供有力支持。

#### 参考文献:

- [1] Okada Y, Kamatani Y. Common genetic factors for hematology traits in Humans[J]. *J Hum Genet*, 2012, 57(3): 161-169.
- [2] George-Gay B, Parker K. Understanding the complete blood count with differential[J]. *J Perianesth Nurs*, 2003, 18(2): 96-114.
- [3] Hoda S A, Hoda R S. Robbins and cotran pathologic basis of disease[J]. *Am J Clin Pathol*, 2020, 154(6): 869.
- [4] Smyth S S, McEver R P, Weyrich A S, *et al*. Platelet functions beyond hemostasis[J]. *J Thromb Haemost*, 2009, 7(11): 1759-1766.
- [5] Elzey B D, Sprague D L, Ratliff T L. The emerging role of platelets in adaptive immunity[J]. *Cell Immunol*, 2005, 238(1): 1-9.
- [6] Andrae J, Gallini R, Betsholtz C. Role of platelet-derived growth factors in physiology and medicine[J]. *Genes Dev*, 2008, 22(10): 1276-1312.
- [7] Miyazono K. Shear activates platelet-derived latent TGF- $\beta$ [J]. *Blood*, 2008, 112(9): 3533.
- [8] 吴清清, 刘雯悦, 王媛, 等. 猪繁殖与呼吸综合征抗病指示性状的分子标记筛查及检测 [J]. *华中农业大学学报*, 2022, 41(1): 186-193.
- [9] 张巧霞, 张玲妮, 刘飞, 等. 基于GBLUP与惩罚类回归方法的猪血液性状基因组选择研究 [J]. *畜牧兽医学报*, 2017, 48(12): 2258-2267.
- [10] 李潘, 李平, 王兆明, 等. 畜禽血液功能特性及加工适应性研究进展 [J]. *食品研究与开发*, 2023, 44(9): 191-196.
- [11] 卢娜, 刘高飞, 王雅晶, 等. 不同品种奶牛产奶量、乳成分、血清生化指标与乳钙含量的相关性研究 [J]. *动物营养学报*, 2018, 30(8): 3302-3310.
- [12] Feldman B F, Zinkl J G, Jain N C, *et al*. Schalm's veterinary hematology, 5th ed[M]. Hoboken: Blackwell, 2000.
- [13] Al-Khalaifah H, Al-Nasser A. Cytokines as effective elements of the Avian immune system[J]. *J Microbiol Genet*, 2018, 2018(1): 1-7.
- [14] 王娅娜. 现代化畜禽养殖业中动物遗传育种的杂种优势研究 [J]. *科技风*, 2023(29): 167-169.
- [15] 苏丽娟. 畜禽遗传育种资源保护 [J]. *中国畜牧业*, 2023(17): 54-55.
- [16] 夏志. 奶牛乳腺炎炎症因子检测与产奶性能的关联分析 [D]. 杨凌: 西北农林科技大学, 2010.
- [17] Huang C H, Kayano M, Kusaba N. Pathogen and severity-dependent immune responses in bovine mastitis: highlight the dynamics of differential somatic cell count[J]. *Vet Med Sci*, 2024, 86(1): 7-17.
- [18] Brooks M B, Harr K E, Seelig D M, *et al*. Schalm's veterinary hematology, 7th ed [M]. Hoboken: Wiley, 2022.
- [19] 高鹏, 叶苗苗, 张永宁, 等. 非洲猪瘟病毒感染与致病机制的研究进展 [J]. *中国兽医杂志*, 2024, 60(7): 77-88.
- [20] 付晓平, 李嘉彬, 猪瘟患猪白细胞与血小板的变化规律 [J]. *中国畜牧兽医文摘*, 2016, 32(4): 46-47.
- [21] Zhang J, Du K, Xie Y, *et al*. Integration of transcriptomic and metabolomic data reveals new tetraploid kiwifruit hybrids with enhanced nutrients[J]. *LWT*, 2022, 170: 114012.
- [22] Stockham S, Scott M A. Fundamentals of veterinary clinical pathology, 3rd ed[M]. Hoboken: Wiley, 2025.
- [23] Lunney J K, Fang Y, Ladinin A, *et al*. Porcine reproductive and respiratory syndrome virus (PRRSV): pathogenesis and interaction with the immune system[J]. *Annu Rev Anim Biosci*, 2016, 4(1): 129-154.
- [24] 卫春晓. 猪繁殖与呼吸综合征病猪的生理生化指标检验 [J]. *中国畜牧兽医文摘*, 2014, 30(12): 45.
- [25] Hong J, Lv J, Wu M, *et al*. The blood routine test holds screening values for influenza A in 2023: a retrospective study [J]. *Transl Pediatr*, 2024, 13(2): 236-247.
- [26] Kamatani Y, Matsuda K, Okada Y, *et al*. Genome-wide association study of hematological and biochemical traits in a Japanese population[J]. *Nat Genet*, 2010, 42(3): 210-215.
- [27] Ganesh S, Zakai N, Rooij F, *et al*. Multiple loci influence erythrocyte phenotypes in the CHARGE consortium[J]. *Nat Genet*, 2009, 41(11): 1191-1198.
- [28] Kamatani Y, Wattanapokayakit S, Ochi H, *et al*. A genome-wide association study identifies variants in the hla-dp locus associated with chronic hepatitis b in Asians[J]. *Nat Genet*, 2009, 41(5): 591-595.
- [29] Li J, Glessner J T, Zhang H T, *et al*. GWAS of blood cell index identifies novel associated loci and epistatic interactions in caucasian and african american children[J]. *Hum Mol Genet*, 2012, 22(7): 641-647.
- [30] Meisinger C, Prokisch H, Gieger C, *et al*. A genome-wide association study identifies three loci associated with mean platelet volume[J]. *Am J Hum Genet*, 2009, 84(1): 66-71.
- [31] Nalls M, Wilson J, Patterson N, *et al*. Admixture mapping of white cell count: genetic locus responsible for lower white blood cell count in the health abc and jackson heart studies[J]. *Am J Hum Genet*, 2008, 82(1): 81-87.
- [32] Soranzo N, Rendon A, Gieger C, *et al*. A novel variant on chromosome 7q22.3 associated with mean platelet volume,

- counts, and function[J]. *Blood*, 2009, 113(16): 3831-3837.
- [33] Soranzo N, Spector T, Mangino M, *et al.* A genome-wide meta-analysis identifies 22 loci associated with eight hematological parameters in the HaemGen consortium[J]. *Nat Genet*, 2009, 41(11): 1182-1190.
- [34] Zhao Y H, Liu Z H, Wang L, *et al.* Expression of the ROR $\alpha$  gene in inner mongolian cashmere goat hair follicles[J]. *Genet Mol Res*, 2015, 14(1): 380-388.
- [35] Keel B, Snelling W, Oliver W, *et al.* Using snp weights derived from gene expression modules to improve gwas power for feed efficiency in pigs[J]. *Front Genet*, 2020, 10(2): 1339.
- [36] Zhang Z Y, Hong Y, Gao J, *et al.* Genome-wide association study reveals constant and specific loci for hematological traits at three times stages in a White Duroc  $\times$  Erhualian F2 resource population[J]. *PLoS One*, 2013, 8(5): e63665.
- [37] Ballester M, Ramayo-Caldas Y, González-Rodríguez O, *et al.* Genetic parameters and associated genomic regions for global immunocompetence and other health-related traits in pigs[J]. *Sci Rep*, 2020, 10(1): 18462.
- [38] Maroille T, Lemonnier G, Lecardonnel J, *et al.* Deciphering the genetic regulation of peripheral blood transcriptome in pigs through expression genome-wide association study and allele-specific expression analysis[J]. *BMC Genomics*, 2017, 18(1): 967.
- [39] Bovo S, Mazzoni G, Bertolini F, *et al.* Genome-wide association studies for 30 haematological and blood clinical-biochemical traits in Large White pigs reveal genomic regions affecting intermediate phenotypes[J]. *Sci Rep*, 2019, 9(1): 7003.
- [40] Bai X C, Yang T F, Putz A M, *et al.* Investigating the genetic architecture of disease resilience in pigs by genome-wide association studies of complete blood count traits collected from a natural disease challenge model[J]. *BMC Genomics*, 2021, 22(1): 535.
- [41] Yang T T, Luo H P, Lou W Q, *et al.* Genetic background of hematological parameters in Holstein cattle based on genome-wide association and RNA sequencing analyses[J]. *J Dairy Sci*, 2024, 107(7): 4772-4792.
- [42] 王哲. 荷斯坦奶牛重要性状 GWAS 及关键基因鉴定 [D]. 北京: 中国农业大学, 2024.
- [43] Zhu S H, Guo T T, Zhao H C, *et al.* Genome-wide association study using individual single-nucleotide polymorphisms and haplotypes for erythrocyte traits in Alpine Merino Sheep[J]. *Front Genet*, 2020, 11: 848.
- [44] Yang J Y, Chen S Q, Ma F P, *et al.* Pathogen stimulations and immune cells synergistically affect the gene expression profile characteristics of porcine peripheral blood mononuclear cells[J]. *BMC Genomics*, 2024, 25(1): 719.
- [45] Ye M H, Bao H, Meng Y, *et al.* Comparative transcriptomic analysis of porcine peripheral blood reveals differentially expressed genes from the cytokine-cytokine receptor interaction pathway related to health status[J]. *Genome*, 2017, 60(12): 1021-1028.
- [46] Fang L C, Lin W D, Jia H, *et al.* Potential diagnostic value of the peripheral blood mononuclear cell transcriptome from cattle with bovine tuberculosis[J]. *Front Vet Sci*, 2020, 7: 295.
- [47] Tang Y J, Zhang J N, Li W L, *et al.* Identification and characterization of whole blood gene expression and splicing quantitative trait loci during early to mid-lactation of dairy cattle[J]. *BMC Genomics*, 2024, 25(1): 445.
- [48] Wang X, Gao Y H, Li C J, *et al.* The single-cell transcriptome and chromatin accessibility datasets of peripheral blood mononuclear cells in Chinese holstein cattle[J]. *BMC Genomic Data*, 2023, 24(1): 39.
- [49] Singh A, Prasad M, Mishra B, *et al.* Transcriptome analysis reveals common differential and global gene expression profiles in bluetongue virus serotype 16 (BTV-16) infected peripheral blood mononuclear cells (PBMCs) in sheep and goats[J]. *Genomics Data*, 2017, 11: 62-72.
- [50] Yan Z, Yang J, Wei W T, *et al.* A time-resolved multi-omics atlas of transcriptional regulation in response to high-altitude hypoxia across whole-body tissues[J]. *Nat Commun*, 2024, 15(1): 3970.
- [51] Alharbi R A. Proteomics approach and techniques in identification of reliable biomarkers for diseases[J]. *Saudi J Biol Sci*, 2020, 27(3): 968-974.
- [52] Deng Y T, You J, He Y, *et al.* Atlas of the plasma proteome in health and disease in 53,026 adults[J]. *Cell*, 2025, 188(1): 253-271.
- [53] Wang X L, Xu J, Han Z Y. Plasma proteomic profiling reveals the regulatory factors of milk protein synthesis in Holstein cows[J]. *Biology*, 2022, 11(8): 1239.
- [54] Elkharnay A, Gerner I, Bileck A, *et al.* Comparative proteomic profiling of the ovine and human PBMC inflammatory response [J]. *Sci Rep*, 2024, 14(1): 14939.
- [55] Chiaradia E, Avellini L, Tartaglia M, *et al.* Proteomic evaluation of sheep serum proteins[J]. *BMC Vet Res*, 2012, 8: 66.

## Research Progress on Hematological Analysis of Livestock and Poultry and Its Application in Genetic Breeding

SU Yan, ZHENG Weijie, HE Jinfeng, GUO Zijiao, HAN Bo, SUN Dongxiao\*

(College of Animal Science and Technology, China Agricultural University, Beijing 100193, China)

**Abstract:** As the most commonly used indices in clinical medicine, hematological parameters can effectively evaluate animal

# 猪冷冻精液产业化发展现状、存在问题及对策

张树山<sup>1,2,3</sup>, 韩雪峻<sup>3,4</sup>, 张德福<sup>1,2,3\*</sup>, 戴建军<sup>1,2,3\*</sup>

(1. 上海市农业科学院畜牧兽医研究所, 上海市农业遗传育种重点实验室动物遗传工程研究室, 上海 201106;  
2. 农业农村部畜禽资源(猪)评价利用重点实验室, 上海 201106; 3. 上海种猪工程技术研究中心, 上海 2013021;  
4. 上海祥欣畜禽有限公司, 上海 2013021)

**摘要:** 在当前后非瘟时代, 猪冷冻精液已步入了产业化发展进程。本文通过对猪精液冷冻保存技术发展历程进行回顾, 阐述了我国猪冷冻精液产业化发展现状、存在问题并提出了应对措施。本文旨在为推动我国猪冷冻精液产业化发展提供理论与实践支持。

**关键词:** 猪; 冷冻精液; 产业化

**中图分类号:** S828.2

**文献标识码:** A

**DOI 编号:** 10.19556/j.0258-7033.20250228-01

猪冷冻精液(简称“猪冻精”)产业化前景如何、路向何方? 可以从牛冻精的发展历程找到答案。牛冻精在家畜冻精行业中率先实现了产业化和普及应用, 其发展历程为其他家畜冻精从实验室走向普及应用提供了宝贵的经验。仅从 2020 年肉牛冻精生产和销售规模可以看到猪冻精产业的未来, 全球约 20 000 多个种公牛站中, 生产并销售肉牛冻精的有 19 500 个左右, 共计生产肉牛冻精 25.2 亿支、市场规模为 535 亿美元。牛冻精生产企业除了提供普通冻精外, 还能为客户提供性控

冻精, 从而可将母牛犊出生率提高至 90% 以上<sup>[1]</sup>。

## 1 猪冻精技术的发展和简史

猪冻精技术研究起源和兴起均在欧美发达国家, 包括目前普遍应用的冻精标准化生产相关仪器和设备, 如程控冷冻仪、精液灌装、细管封口、打印以及精子辅助分析系统(CASA)。早期猪冻精研究参照牛的成功经验, 但猪精液有精液量大、容易遭受低温打击等特点, 意味着猪冻精生产工艺和冷冻稀释液配方都需要在牛冻精基础上做大幅度的改进或另起炉灶<sup>[2-3]</sup>。在科学家们不断努力下, 利用离心手段解决了猪精液量大的问题, 分阶段缓慢降温平衡克服低温打击影响, 两步稀释法降低了甘油对精子的毒性作用, 使得猪冻精技术研究取得质的突破<sup>[2]</sup>。好的制作工艺和冷冻稀释液使生产高品质猪冻精成为可能, 人工输精技术则是猪冻精应用的瓶颈。早期冻精的人工输精不容易成功, Polge 等<sup>[4]</sup>采用手术法将猪冻精直接注入输卵管才成功产下仔猪。但手术法输

收稿日期: 2025-02-28; 修回日期: 2025-04-25

资助项目: 国家重点研发计划资助(2021YFD1200300)

作者简介: 张树山(1976-), 男, 山西天镇人, 博士, 副研究员, 研究方向为动物繁殖生物技术, E-mail: smalltreexj@126.com

\* 通信作者: 张德福(1963-), 男, 上海奉贤人, 博士, 研究员, 研究方向为动物繁殖生物技术, E-mail: zhangdefuzdf@163.com; 戴建军(1979-), 男, 江苏靖江人, 博士, 研究员, 研究方向为动物繁殖生物技术, E-mail: blackman0520@126.com

health status, immune function, and physiological responses. These parameters vary among different livestock and poultry species and are closely correlated with species characteristics, environmental adaptability, management practices, and genetic background. As a result, their applications in animal husbandry has gradually expanded from traditional health monitoring to genetic breeding. This paper reviews the hematological parameters of major livestock and poultry species and the research progress of their application in genetic breeding. With the development of multi-omics technologies, utilization of genomics, transcriptomics, and proteomics methods provides novel research strategies for elucidating the genetic mechanisms underlying hematological traits and identifying genetic markers for the genetic improvement of health and disease-resistance traits in farm animals.

**Keywords:** Hematological parameters; Farm animals; Health assessment; Genetic breeding

(责任编辑: 石丽丹)