

引用格式:

范斯琴, 周宇桥, 李虹佳, 龚新宇, 雍丛燕, 屈金涛, 简耀威, 杨玲媛. 羊奶体细胞数与奶山羊瘤胃微生物区系的相关性[J]. 湖南农业大学学报(自然科学版), 2024, 50(3): 76–82.

FAN S Q, ZHOU Y Q, LI H J, GONG X Y, YONG C Y, QU J T, JIAN Y W, YANG L Y. The correlation between somatic cell count in goat milk and rumen microflora of dairy goats[J]. Journal of Hunan Agricultural University(Natural Sciences), 2024, 50(3): 76–82.

投稿网址: <http://xb.hunau.edu.cn>



羊奶体细胞数与奶山羊瘤胃微生物区系的相关性

范斯琴¹, 周宇桥¹, 李虹佳¹, 龚新宇¹, 雍丛燕¹, 屈金涛^{1,2}, 简耀威¹, 杨玲媛^{1*}

(1.湖南农业大学动物科学技术学院, 湖南长沙 410128; 2.湖南彝牧牧业有限公司, 湖南城步 422500)

摘要: 选择 120 只(2.5±0.2)胎次、体质量(54.84±4.21) kg、泌乳日龄(72.0±3.5) d 的健康西农萨能奶山羊, 饲养 42 d 后收集奶样, 测定羊奶中体细胞数(SCC), 按照 SCC 将奶山羊分为 3 组, L-SCC 组(SCC<5.0×10⁵ 个/mL), M-SCC 组(5.0×10⁵ 个/mL≤SCC<1.0×10⁶ 个/mL), H-SCC 组(SCC≥1.0×10⁶ 个/mL), 从每组随机选取 15 只奶山羊, 收集瘤胃液, 测定瘤胃的微生物多样性, 分析羊奶体细胞数与瘤胃微生物的相关性。结果表明: 1) 不同 SCC 水平奶山羊瘤胃微生物的 α 多样性、 β 多样性和优势菌群的差异不显著; L-SCC 组放线菌门(Actinobacteriota)相对丰度显著高于 M-SCC 组和 H-SCC 组的, 主要的差异菌属有解琥珀酸菌属(*Succinilasticum*)、普氏菌 UCG-003 属(*Prevotellaceae_UCG-003*)、厌氧弧菌属(*Anaerovibrio*)、Gastranaerophilales_unclassified、双歧杆菌属(*Bifidobacterium*)、p-251-o5_unclassified、大肠杆菌-志贺菌属(*Escherichia-Shigella*)、夏普氏菌属(*Sharpea*)、乳杆菌属(*Lactobacillus*)、肠球菌属(*Enterococcus*); 2) 羊奶 SCC 与瘤胃解琥珀酸菌属的相对丰度呈显著正相关($P<0.05$), 与普氏菌 UCG-003 属的相对丰度呈极显著正相关($P<0.01$)。

关键词: 奶山羊; 羊奶体细胞数; 瘤胃微生物区系; 相关性

中图分类号: S858.272.6

文献标志码: A

文章编号: 1007-1032(2024)03-0076-07

The correlation between somatic cell count in goat milk and rumen microflora of dairy goats

FAN Siqin¹, ZHOU Yuqiao¹, LI Hongjia¹, GONG Xinyu¹, YONG Congyan¹,
QU Jintao^{1,2}, JIAN Yaowei¹, YANG Lingyuan^{1*}

(1.College of Animal Science and Technology, Hunan Agricultural University, Changsha, Hunan 410128, China; 2.Hunan Shanmu Husbandry Co. Ltd, Chengbu, Hunan 422500, China)

Abstract: 120 healthy Xinong Saanen dairy goats with similar parity(2.5±0.2), body weight(54.84±4.21) kg, and lactation age(72.0±3.5) days were selected. After feeding 42 days, milk samples were collected and somatic cell counts(SCC) were determined. Based on SCC, the dairy goats were categorized into three groups: L-SCC group(SCC<5.0×10⁵ /mL), M-SCC group(5.0×10⁵≤SCC<1.0×10⁶ /mL), and H-SCC group(SCC>1.0×10⁶ /mL). Fifteen goats were randomly selected from each group Rumen fluid was collected from these goats to assess rumen microbial diversity and analyze the correlation between somatic cell count in goat milk and rumen microflora. The results indicated that: 1) there were no significant differences in α -diversity, β -diversity, and dominant bacterial groups in the rumen microbiota among dairy goats with different SCC levels. At the phylum level, the Actinobacteriota in the L-SCC group was significantly higher than that in the M-SCC and H-SCC groups. At the genus level, notable differences were observed in

收稿日期: 2023-10-18

修回日期: 2024-03-10

基金项目: 湖南省草食动物产业技术体系营养与饲料岗位项目(湘农发【2019】105号); 湖南省重大科技专项(2017 NK1020)

作者简介: 范斯琴(1995—), 女, 湖南长沙人, 硕士, 主要从事动物营养与消化道微生物研究, 304638560@qq.com; *通信作者, 杨玲媛, 博士, 副教授, 主要从事动物营养与免疫研究, lyyang@hunau.edu.cn

Succiniblasticum, *Prevotellaceae_UCG-003*, *Anaerovibrio*, *Gastranaerophilales_unclassified*, *Bifidobacterium*, p-251-o5_unclassified, *Escherichia-Shigella*, *Sharpea*, *Lactobacillus*, and *Enterococcus*; 2) SCC showed a significant positive correlation with the relative abundance of *Succiniblasticum* in the rumen and a highly significant positive correlation with the relative abundance of *Prevotellaceae_UCG-003* in goat milk.

Keywords: dairy goats; somatic cells counts in goats milk; rumen microflora; correlation

奶山羊乳房内感染(IMI)的增多和乳品质下降对奶山羊生产将造成极大损失^[1]。乳中体细胞数(SCC)是反映乳房健康状况和生鲜乳卫生质量的重要指标^[2-3]。乳中体细胞数与羊奶中的致病菌含量密切相关,而乳中微生物的增加会导致乳体细胞数增多^[4-5]。关于妊娠期和哺乳期人母乳微生物群经由内源性细胞途径进入乳腺的研究^[6-8]和鼠肠道微生物菌群失衡的相关试验研究^[9-11]表明,肠道微生物和乳腺间可能存在一条内源性作用途径“乳腺—胃肠道轴”。笔者选择 120 只泌乳中期西农萨能奶山羊,测定其羊奶中体细胞数(SCC),并根据 SCC 的多少分成高、中、低 3 个组,采用 16s rDNA 全基因组测序技术,测定奶山羊瘤胃微生物多样性和组成,比较组间差异,并通过相关性分析和 DNA 测序,筛选出与体细胞数显著相关的差异微生物,以期在生产中调控羊奶体细胞数,改善羊奶品质提供依据。

1 材料与方法

1.1 材料

120 只(2.5±0.2)胎次、体质量(54.84±4.21) kg、泌乳日龄(72.0±3.5) d 的健康西农萨能奶山羊,由湖南彝牧牧业有限公司太平牧场提供。

1.2 方法

试验于 2022 年 5 月 30 日至 2022 年 6 月 26 日在湖南彝牧牧业有限公司太平牧场进行。

试验羊采取全舍饲。每天分别于 8:30 和 16:30 饲喂,保证每栏每天有 5% 剩料。试验饲粮参照 NRC(2007)奶山羊营养需要设计(表1)。每天 7:30 挤奶。自由采食、自由饮水,消毒、免疫按牧场常规程序进行。

表 1 奶山羊基础饲粮组成及其营养水平

项目	日粮组成/%	营养水平	数值
青贮玉米	17.00	泌乳净能/(MJ kg ⁻¹)	5.97
苜蓿干草	23.00	粗蛋白质/%	16.50
燕麦干草	25.00	中性洗涤纤维/%	44.52
玉米	8.30	酸性洗涤纤维/%	27.58
麦麸	10.16	钙/%	0.61
豆粕	14.74	磷/%	0.45
石粉	0.09		
磷酸氢钙	0.21		
小苏打	0.50		
预混料	1.00		

每 kg 预混料提供维生素 A 50 000 IU, 维生素 B₁ 25 mg, 维生素 B₂ 95 mg, 维生素 B₅ 40 mg, 维生素 B₆ 25 mg, 维生素 B₁₂ 0.38 mg, 维生素 D₃ 17 500 IU, 维生素 E₁ 100 IU, 维生素 K₃ 12.5 mg, Cu 375 mg, Fe 1 750 mg, Mn 625 mg, Zn 2 000 mg, I 3.50 mg, Se 3.75 mg。

1.2.1 羊奶体细胞数的测定

每天 7:30 挤奶时采集奶样,参照凌浩^[12]的方法,用体细胞分析仪测定奶山羊个体体细胞数。

1.2.2 瘤胃微生物的测定

于试验结束当日饲喂前 2 h,参照 TANG 等^[13]的方法,用胃管式瘤胃液取样器收集奶山羊瘤胃食糜,置于液氮中带回实验室后于-80 °C 冰箱保存。

瘤胃微生物细菌菌群的 16S rDNA 全长测序交由杭州联川生物技术股份有限公司完成。

1.3 数据统计与分析

运用 SPSS 27.0 单因素方差分析对羊奶中体细胞数进行分析。

瘤胃微生物群落多样性用 α 多样性进行评估,获得群落中物种的丰富度、多样性和覆盖度等信息。用 β 多样性分析反映样本间群落结构的差异。用主成分分析(PCA)、主坐标分析(PCoA)评估各组间微生物群落结构的相似性或差异性。

针对属水平上总丰度在前 20 的微生物进行斯皮尔曼相关性分析,用以确定奶山羊瘤胃微生物与 SCC 之间的潜在联系。

2 结果与分析

2.1 奶山羊鲜奶中的体细胞数

测定 120 只奶山羊奶体细胞数后,依照不同体细胞数判定奶山羊隐性乳腺炎的标准^[14],将奶山羊分为 3 组,其中,体细胞数小于 5×10^5 个/mL 的 56 头奶山羊选入 L-SCC($<5 \times 10^5$ 个/mL)组;体细胞数大于 5×10^5 个/mL 且小于 1×10^6 个/mL 的 30 头奶山羊选入 M-SCC($5 \times 10^5 \sim 1 \times 10^6$ 个/mL)组;体细胞数大于 1×10^6 个/mL 的 34 头奶山羊选入 H-SCC($>1 \times 10^6$ 个/mL)组,如表 2 所示,3 组奶山羊鲜奶中的体细胞数有极显著差异。

表 2 奶山羊鲜乳中体细胞数

组别	山羊数/头	体细胞数/ $\times 10^5$ 个/mL
L-SCC	56	(2.15 ± 1.55)C
M-SCC	30	(6.21 ± 2.90)B
H-SCC	34	(20.10 ± 19.11)A

同列不同字母表示组间体细胞数的差异有统计学意义($P < 0.01$)。

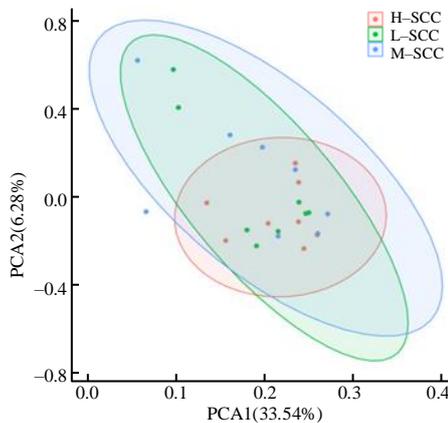


图 1 奶山羊瘤胃微生物的 β 多样性

Fig. 1 β -diversity of rumen microorganisms in dairy goats

2.2 奶山羊瘤胃微生物的多样性

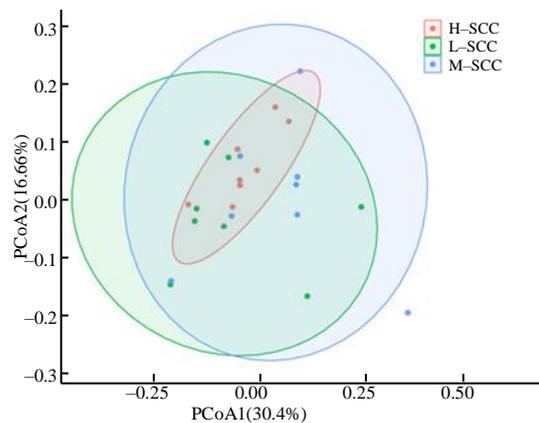
2.2 奶山羊瘤胃微生物的多样性

奶山羊瘤胃微生物的 α 多样性指数列于表 3。由表 3 可知, L-SCC 组、M-SCC 组和 H-SCC 组 α 多样性指数间无显著差异,但随着羊奶体细胞数的增加, Chao1 值和 Shannon 指数均有上升趋势,而 Goods_coverage 值呈下降趋势。

表 3 奶山羊瘤胃微生物的 α 多样性

分组	Chao1	Goods_coverage	Shannon	Simpson
L-SCC	1 770.668	0.979	9.142	0.995
M-SCC	1 894.795	0.977	9.239	0.994
H-SCC	2 046.476	0.975	9.496	0.996
SEM	125.291	0.002	0.081	0.001
P 值	0.399	0.632	0.989	0.866

图 1 表明,不同体细胞数奶山羊瘤胃微生物的 β 多样性的差异不显著,即 3 组样本间物种丰度分布差异不显著($P > 0.05$)。



在奶山羊瘤胃微生物样本中共检测出 28 个门(图 2),其中优势菌群主要有拟杆菌门(Bacteroidota)和厚壁菌门(Firmicutes)。拟杆菌门在 L-SCC 组、

M-SCC 组和 H-SCC 组中相对丰度分别为 47.99%、53.50%、52.73%。L-SCC 组、M-SCC 组和 H-SCC 组厚壁菌门的相对丰度分别为 39.61%、34.32%、35.37%。

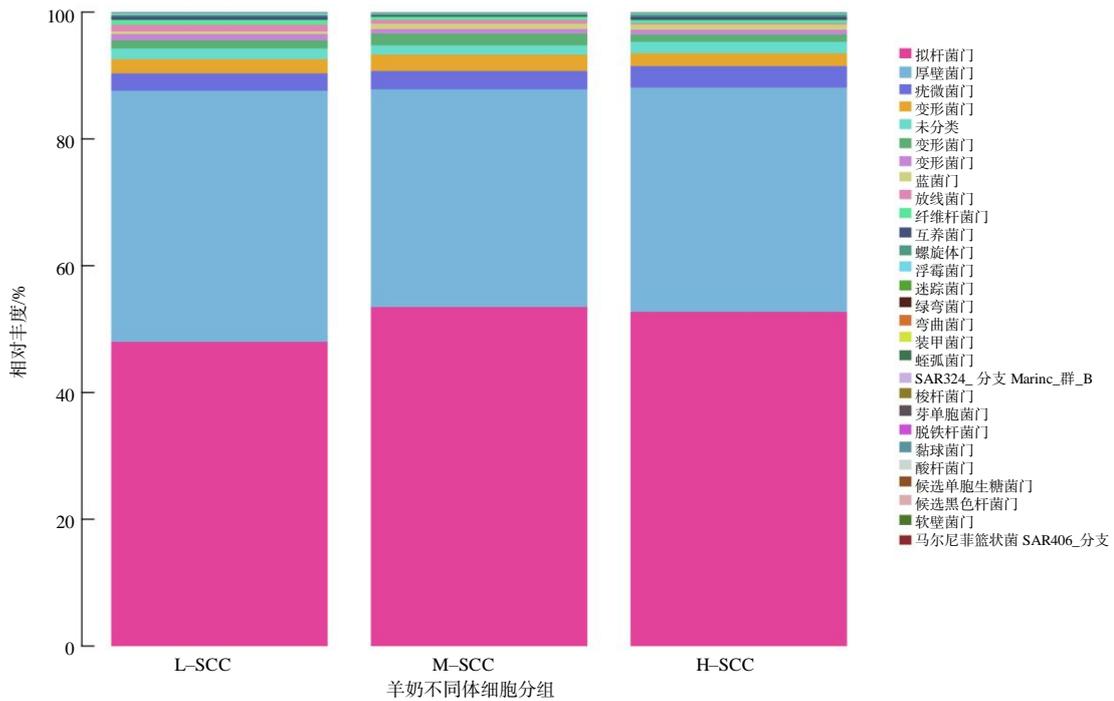


图 2 羊奶不同体细胞数的奶山羊瘤胃微生物菌门的组成

Fig.2 Composition of rumen microbial community at phylum level in dairy goats

奶山羊瘤胃微生物相对丰度>0.1%的菌门列于表 4。

L-SCC 组放线菌门(Actinobacteriota)的相对丰度显著高于 M-SCC 组和 H-SCC 组的($P<0.05$)。疣

微菌门(Verrucomicrobiota)相对丰度随乳体细胞数增多具有上升趋势, 纤维杆菌门相对丰度则随乳体细胞增多而呈下降趋势。组间其他菌门相对丰度的差异不显著($P>0.05$)。

表 4 羊奶不同体细胞数奶山羊瘤胃微生物菌门的相对丰度

Table 4 Relative abundance of rumen microbiota at phylum level in dairy goats with different somatic cell count

组别	瘤胃微生物菌门的相对丰度/%												
	拟杆菌门	厚壁菌门	疣微菌门	变形菌门	未分类	髌骨细菌门	脱硫杆菌门	蓝藻门	放线菌门	纤维杆菌门	互养菌门	螺旋体门	浮游菌门
L-SCC	47.993	39.609	2.741	2.237	1.688	1.300	0.967	0.432	1.058a	0.748	0.533	0.275	0.295
M-SCC	53.499	34.324	2.889	2.578	1.476	1.857	0.707	0.861	0.573b	0.508	0.228	0.213	0.176
H-SCC	52.733	35.366	3.378	2.023	1.814	1.153	0.757	0.816	0.233c	0.489	0.511	0.384	0.232
SEM	1.945	1.887	0.501	0.239	0.144	0.149	0.075	0.082	0.300	0.096	0.088	0.072	0.033
P 值	0.300	0.386	0.539	0.379	0.617	0.113	0.353	0.061	0.022	0.675	0.229	0.762	0.194

同列不同字母表示羊奶体细胞数组间的差异有统计学意义($P<0.05$)。

在奶山羊瘤胃微生物样本中共检测出 489 个属, 相对丰度>1%的细菌被认为是主要细菌, 占总序列的 98.89%。由图 3 可知, 在主要的菌属中, 相对丰度较高的有普雷沃菌属(*Prevotella* 占 18.99%)、理研菌科_RC9_肠道群 (*Rikenellaceae_RC9_gut_*

group 占 9.76%)、F082_未分类(*F082_unclassified*) (6.49%)、解琥珀菌属(*Succiniclasticum* 占 3.73%)、月单胞菌属(*Selenomonas* 占 3.33%)、乳酸菌科_未分类(*Muribaculaceae_unclassified*) (3.28%)。

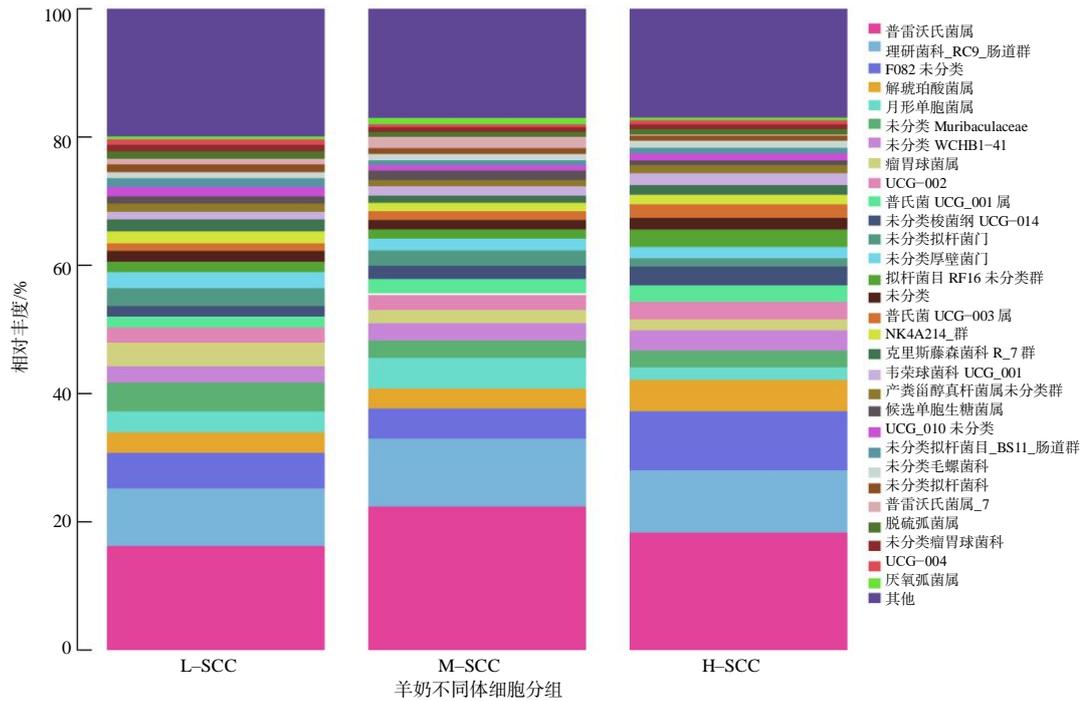


图 3 羊奶不同体细胞数的奶山羊瘤胃微生物菌属的组成

Fig. 3 Composition of rumen microbial community at genus level in dairy goats

在相对丰度前 30 的菌属中选择具有显著差异的相对丰度>0.1%的前 10 个菌属进行差异性分析。差异菌属有解琥珀酸菌属(*Succinivibrionaceae*)、普氏菌 UCG-003 属(*Prevotellaceae*_UCG-003)、厌氧弧菌属(*Anaerovibrio*)、胃厌氧菌未分类(*Gastranaerophilales_unclassified*)、双歧杆菌属(*Bifidobacterium*)、p-251-o5_unclassified、大肠杆菌-志贺菌属(*EscherichiaShigella*)、夏普氏菌属(*Sharpea*)、乳

杆菌属(*Lactobacillus*)、肠球菌属(*Enterococcus*)。

相对丰度>0.1%的 10 种差异菌属中，H-SCC 组相对丰度显著高于其他 2 组的有解琥珀酸菌属、普氏菌 UCG-003 属、p-251-o5_unclassified、大肠杆菌-志贺菌属；M-SCC 组相对丰度显著高于其他 2 组的有厌氧弧菌属；H-SCC 组相对丰度显著低于其余 2 组的有双歧杆菌属和夏普氏菌属；M-SCC 组显著低于其他 2 组的有肠球菌属。

表 5 羊奶不同体细胞数的奶山羊瘤胃微生物差异菌属的相对丰度

Table 5 Relative abundance of rumen microbiota at genus level in dairy goats with different numbers of somatic cells

组别	瘤胃微生物菌属的相对丰度/%									
	解琥珀酸菌属	普氏菌 UCG-003 属	厌氧弧菌属	Gastranaerophilales_unclassified	双歧杆菌属	p-251-o5_unclassified	大肠杆菌-志贺菌属	夏普氏菌属	乳杆菌属	肠球菌属
L-SCC	3.191b	1.178b	0.444b	0.149b	0.470a	0.147b	0.116b	0.370a	0.157a	0.176a
M-SCC	3.121b	1.364b	0.994a	0.553a	0.410a	0.164b	0.087b	0.122ab	0.117b	0.005b
H-SCC	4.883a	2.123a	0.398b	0.554a	0.098b	0.608a	0.320a	0.019b	0.119b	0.164a
SEM	0.410	0.137	0.093	0.081	0.058	0.078	0.023	0.018	0.008	0.020
P 值	0.049	0.016	0.033	0.019	0.010	0.022	0.000	0.032	0.022	0.000

同列不同字母表示羊奶体细胞数组间的差异有统计学意义(P<0.05)。

2.4 羊奶体细胞数与奶山羊瘤胃微生物属的相关性

为进一步探究奶山羊体细胞数与瘤胃微生物属的相关性，对 10 种相对丰度具有显著差异的菌属进行斯皮尔曼相关性分析。由表 6 可知，SCC 与 p-251-o5_unclassified 和大肠杆菌-志贺菌属

(*Escherichia-Shigella*)呈极显著正相关(P<0.01)，与解琥珀酸菌属呈显著正相关，与普氏菌 UCG-003 属、胃厌氧菌未分类属呈正相关。SCC 与双歧杆菌属呈显著负相关；SCC 与厌氧弧菌属、夏普氏菌属和乳杆菌属无显著相关性。

表 6 奶山羊 SCC 与瘤胃微生物差异菌属相对丰度的相关系数

Table 6 Correlation analysis between SCC and rumen microorganisms in dairy goat

项目	相关系数									
	解琥珀 菌属	普氏菌 UCG-003 属	厌氧弧 菌属	Gastranaero philales_ unclassified	双歧杆 菌属	p-251- o5_unclassi fied	大肠杆菌- 志贺菌属	夏普氏 菌属	乳杆菌属	肠球菌属
体细胞数	0.455*	0.322	-0.210	0.252	-0.434*	0.661**	0.767**	-0.390	-0.374	0.248
解琥珀菌属		0.046	-0.168	-0.412	-0.012	0.377	0.460*	-0.178	-0.176	0.162
普氏菌 UCG-003 属			-0.454*	0.530**	-0.569**	0.139	0.455*	-0.538*	-0.409	0.113
厌氧弧菌属				-0.048	0.052	-0.324	-0.397	0.094	-0.200	-0.476*
Gastranaerophilales_ unclassified					-0.463*	0.139	0.014	-0.458*	-0.187	-0.216
双歧杆菌属						-0.356	-0.465*	0.849**	0.455*	0.224
p-251-o5_unclassified							0.670**	-0.383	-0.279	0.247
大肠杆菌-志贺菌属								-0.432	-0.378	0.579**
夏普氏菌属									0.603**	-0.080
乳杆菌属										0.081

、*、****分别表示显著和极显著(P<0.05, P<0.01)。

3 讨论

山羊奶中体细胞主要由参与机体免疫的免疫细胞(包括巨噬细胞、淋巴细胞、多形核嗜中性白细胞)、乳腺腺泡和导管上皮脱落的上皮细胞组成。凌浩等^[15]研究证明奶山羊乳体细胞对山羊奶的产量与乳成分都有影响,体细胞数的增加会导致产奶量的降低和乳常规成分(乳蛋白、乳脂肪、乳糖、尿素氮)、酶类、微量元素和矿物质等的改变。降低乳体细胞数(SCC)是提升山羊奶品质的有效措施。

影响 SCC 的因素除细菌感染性乳房炎和挤奶操作外,瘤胃微生物的影响也不容忽视。WANG 等^[16]研究表明,瘤胃微生物对奶山羊泌乳性能具有阶段性的影响。奶山羊瘤胃微生物主要由拟杆菌门(Bacteroidota)、厚壁菌门(Firmicutes)和变形菌门(Desulfobacterota)组成^[17]。比较奶山羊瘤胃细菌门相对丰度发现,拟杆菌门和厚壁菌门在组间均无显著差异。属水平上纤维素和半纤维素分解菌、淀粉分解菌和蛋白水解菌(包括梭菌属,拟杆菌属,丁酸弧菌属和双歧杆菌属)^[18]等在不同体细胞数奶山羊无显著差异。表明羊奶不同体细胞数奶山羊的主要瘤胃微生物相对稳定。

在奶山羊瘤胃中放线菌相对丰度较低,不属于优势菌,但也是常见的菌类^[19-20]。但本试验中 L-SCC 组的放线菌相对丰度较高,其与乳房健康的关系有待进一步研究。3 组间的解琥珀酸菌属相对丰度有显著差异。羊奶 SCC 与解琥珀酸菌属呈

显著正相关,与普氏菌 UCG-003 属呈正相关。解琥珀酸菌属、普雷沃氏菌属能利用淀粉和蛋白质产生琥珀酸和乙酸盐,是奶牛瘤胃中含量最丰富的微生物属,琥珀酸盐是丙酸的前体物,与瘤胃发酵与瘤胃挥发性脂肪酸(VFA)的生产有密切的关系,乙酸盐是奶牛瘤胃中乳脂合成的主要底物,由此证明瘤胃微生物对乳成分的影响^[21]。本试验结果表明,H-SCC 组解琥珀酸菌属相对丰度显著高于其他 2 组的,说明通过调控放线菌门、解琥珀酸菌属和普氏菌 UCG-003 属可能降低羊乳中体细胞数,但这有待进一步试验验证。

4 结论

羊奶不同 SCC 水平的奶山羊瘤胃的放线菌门、解琥珀酸菌属和普氏菌 UCG-003 属的相对丰度组间差异显著。低 SCC 组奶山羊体内富含放线菌门和浮游菌门,高 SCC 组奶山羊体内富含解琥珀酸菌属与普氏菌 UCG-003 属,并且 SCC 与解琥珀酸菌属相对丰度呈显著正相关,和普氏菌 UCG-003 属相对丰度呈正相关。表明羊奶 SCC 数与奶山羊瘤胃微生物群存在关联,且解琥珀酸菌属和普氏菌 UCG-003 属相对丰度与奶中体细胞数呈显著正相关,其机制有待进一步研究。

参考文献:

[1] JIMÉNEZ-GRANADO R, SÁNCHEZ-RODRÍGUEZ M, ARCE C, et al. Factors affecting somatic cell

- count in dairy goats: a review[J]. *Spanish Journal of Agricultural Research*, 2014, 12(1): 133–150.
- [2] GAZZOLA A, MINOZZI G, BIFFANI S, et al. Effect of weeping teats on intramammary infection and somatic cell score in dairy goats[J]. *Frontiers in Veterinary Science*, 2021, 8: 622063.
- [3] 汪悦, 王炳, 苏汉书, 等. 牛奶体细胞生成与乳品质量和安全的关系[J]. *动物营养学报*, 2017, 29(7): 2269–2277.
- [4] BAGNICKA E, WINNICKA A, JÓZWIK A, et al. Relationship between somatic cell count and bacterial pathogens in goat milk[J]. *Small Ruminant Research*, 2011, 100(1): 72–77.
- [5] RUPP R, HUAU C, CAILLAT H, et al. Divergent selection on milk somatic cell count in goats improves udder health and milk quality with no effect on nematode resistance[J]. *Journal of Dairy Science*, 2019, 102(6): 5242–5253.
- [6] FERNÁNDEZ L, LANGAS, MARTÍN V, et al. The human milk microbiota: Origin and potential roles in health and disease[J]. *Pharmacological Research*, 2013, 69(1): 1–10.
- [7] RODRÍGUEZ J M. The origin of human milk bacteria: is there a bacterial entero-mammary pathway during late pregnancy and lactation?[J]. *Advances in Nutrition*, 2014, 5(6): 779–784.
- [8] RESCIGNO M, ROTTA G, VALZASINA B, et al. Dendritic cells shuttle microbes across gut epithelial monolayers[J]. *Immunobiology*, 2001, 204(5): 572–581.
- [9] MA C, SUN Z, ZENG B H, et al. Cow-to-mouse fecal transplantations suggest intestinal microbiome as one cause of mastitis[J]. *Microbiome*, 2018, 6(1): 200.
- [10] HU X Y, GUO J, ZHAO C J, et al. The gut microbiota contributes to the development of *Staphylococcus aureus*-induced mastitis in mice[J]. *The ISME Journal*, 2020, 14(7): 1897–1910.
- [11] ZHAO C J, HU X Y, BAO L J, et al. Aryl hydrocarbon receptor activation by *Lactobacillus reuteri* tryptophan metabolism alleviates *Escherichia coli*-induced mastitis in mice[J]. *PLoS Pathogens*, 2021, 17(7): e1009774.
- [12] 凌浩. 血根碱对奶山羊生产性能、血液指标和瘤胃功能的影响[D]. 长沙: 湖南农业大学, 2021.
- [13] TANG S X, HE Y, ZHANG P H, et al. Nutrient digestion, rumen fermentation and performance as ramie (*Boehmeria nivea*) is increased in the diets of goats[J]. *Animal Feed Science and Technology*, 2019, 247: 15–22.
- [14] 李卫娟, 胡钟仁, 刘琴, 等. 萨能奶山羊乳体细胞数与乳汁成分变化的研究[J]. *中国畜牧兽医*, 2013, 40(9): 175–179.
- [15] 凌浩, 李莉, 李鑫垚, 等. 山羊奶体细胞的产生及对产奶量和品质影响的研究进展[J]. *动物营养学报*, 2019, 31(11): 4959–4966.
- [16] WANG D D, CHEN L Y, TANG G F, et al. Multi-omics revealed the long-term effect of ruminal keystone bacteria and the microbial metabolome on lactation performance in adult dairy goats[J]. *Microbiome*, 2023, 11(1): 215–215.
- [17] LEI Z M, ZHANG K, LI C, et al. Ruminal metagenomic analyses of goat data reveals potential functional microbiota by supplementation with essential oil-cobalt complexes[J]. *BMC Microbiology*, 2019, 19(1): 30.
- [18] SCHÄREN M, FRAHM J, KERSTEN S, et al. Interrelations between the rumen microbiota and production, behavioral, rumen fermentation, metabolic, and immunological attributes of dairy cows[J]. *Journal of Dairy Science*, 2018, 101(5): 4615–4637.
- [19] LI L P, PENG K L, XUE M Y, et al. An age effect of rumen microbiome in dairy buffaloes revealed by metagenomics[J]. *Microorganisms*, 2022, 10(8): 1491.
- [20] ZHANG T, MU Y Y, ZHANG D Q, et al. Determination of microbiological characteristics in the digestive tract of different ruminant species[J]. *Microbiology Open*, 2019, 8(6): e00769.
- [21] SI B X, LIU K Z, HUANG G X, et al. Relationship between rumen bacterial community and milk fat in dairy cows[J]. *Frontiers in Microbiology*, 2023, 14: 1247348.

责任编辑: 罗慧敏
英文编辑: 罗维