

基于 WOS 的奶山羊乳腺炎研究态势分析

潘晔君^{1,2}, 米芳^{3#}, 王乾², 蓝贤勇², 宋晓越^{1*}

(1. 榆林学院生命科学学院, 陕西榆林 719000; 2. 西北农林科技大学动物科技学院, 陕西西安 712100;

3. 中国医学科学院肿瘤医院, 北京 100021)

摘要: 乳腺炎是阻碍畜牧业发展的难题之一, 也是畜牧业领域的研究热点。该文以 1943—2022 年 Web of Science (WOS) 信息平台上关于奶山羊乳腺炎领域的文献为研究对象, 使用文献计量分析方法, 对奶山羊乳腺炎研究的发文情况、研究热点及前沿进行分析。结果表明: 奶山羊乳腺炎文献数量的增长总体呈上升趋势; 中国在奶山羊乳腺炎方面的研究起步较晚, 但发文量增长趋势较好; 奶山羊乳腺炎文献研究领域主要涉及农业、兽医科学、传染性疾病、食品科学与技术以及动物学等; 研究的重要关键词除有“乳产量”、“乳腺”、“流行”等常见词汇外, 还有“体细胞数”、“蛋白质”、“基因”、“金黄色葡萄球菌”等细胞分子领域词汇。在今后的乳腺炎研究过程中, 可以通过不断加强各区域间的合作以及各专业知识间的结合, 将乳腺炎的病因及防治措施进一步细化, 并重视对乳腺炎预防工作的研究, 以提高乳腺炎的研究效率。

关键词: 奶山羊; 乳腺炎; 文献计量分析; 金黄色葡萄球菌; 体细胞数

随着生活条件的改善, 人们对乳制品的品质要求逐步提高, 国际上制订的乳制品标准也更为严格, 乳腺炎作为影响乳品质的重要因素, 对世界畜牧业的发展有着较大的影响。

乳腺炎不仅会引起乳产量的降低, 还会使乳成分发生变化^[1]。乳腺炎的病因诸多, 按病因来源可分为内因(遗传、年龄、胎次等)和外因(病原微生物、温热环境刺激等)。从内因看, 患有相关遗传病的动物更容易发生乳腺炎, 并且随着年龄和胎次的增加, 患乳腺炎的几率也会增加。外因主要是病原微生物, 在动物机体抵抗力下降时, 进入乳房内的病原微生物就进一步增殖, 引发炎症反应^[2]。同时, 外界的刺激如挤奶

力度过大, 次数过多, 冷热应激等因素也会诱发乳腺炎。乳腺炎早期难以被发现, 且治疗代价高, 可能导致产奶量下降甚至泌乳能力丧失, 因此, 预防乳腺炎的发生是乳用动物养殖的重要工作。提高饲养管理水平, 进而提高动物的抗病性是预防乳腺炎发生的重要途径^[3]。饲养管理者应根据动物的生理特点合理设计畜舍, 做好通风采光以及温湿度的控制, 使用干净的垫草, 定期清扫消毒圈舍。在挤奶前后要做好清洁消毒工作, 挤奶时要按照正确的方法进行, 避免乳头的损伤。乳腺炎有较强的传染性, 挤奶过程中使用的工具应避免交叉使用, 防止病菌进入乳房。养殖企业可以合理使用药物对乳腺炎进行预防, 对于

收稿日期: 2023-01-03

基金项目: 陕西省重点研发计划 (2022NY-090); 陕西省高校科协青年人才托举计划项目 (20190208)。

作者简介: 潘晔君 (1998—), 女, 甘肃金昌人, 主要从事畜牧学研究。

* 共同第一作者米芳 (1999—), 女, 陕西汉中, 主要从事分子肿瘤和细胞生物学研究。

* 通信作者: 宋晓越 (1986—), 女, 陕西延安人, 副教授, 博士, 主要从事动物遗传育种研究。

患病动物,必须进行治理或淘汰^[4]。

文献计量学是用数学和统计学的方法,定量分析一切知识载体的交叉科学。该学科集数学、统计学、文献学为一体,是注重量化的综合性知识体系。计量对象主要是文献量(以期刊论文居多)、作者数(个人、集体或团体)、词汇数(文献标识)等^[5,6]。该方法被应用于大量的研究中,如:miRNA的研究^[7]、非洲猪瘟的研究^[8]以及乳腺炎的研究^[9,10]。乳腺炎作为综合疾病,具有发生多、治疗难、病因多的特点^[11],目前我们对于乳腺炎的致病机制尚有很多不明确的地方,而文献计量分析可以帮助我们系统了解乳腺炎的研究进展^[12]。

乳腺炎会影响奶山羊产业的经济效益,但乳腺炎发病机制复杂,仍需进一步研究。本文在统计1943—2022年奶山羊乳腺炎研究发文量的年度变化、国家分布、研究领域分布方面数据的同时,对乳腺炎研究关键词进行分析,并绘制关键词网络图,以期为乳腺炎的研究提供新思路。

1 材料与方法

本文的分析数据来源于Web of science数据库。Web of science是一个大型综合多学科核心期刊引文检索数据库,简称WOS。WOS包含科学引文索引(SCI)、社会科学引文索引(SSCI)以及艺术与人文科学引文索引(A&HCI)三大引文数据库^[13],其中,本文所检索的文献主要来源于Web of science核心合集。

通过网址(http://apps.webofknowledge.com/UA_GeneralSearch_input.do?product=UA&SID=1FC7bJDym54J1zdZior&search_mode=GeneralSearch)进入Web of science官网,以“Dairy goat mastitis”为主题词,检索时间为2022年8月26日。可以检索到文献1014篇。在WOS检索后的页面分别以“出版年”、“国家/地区”等为分类标准

统计各方面发文量情况。将数据下载后,进行主要国和研究领域发文量信息整理,并使用Microsoft Excel对数据进行处理和可视化。

本研究通过VOSviewer软件对1943—2022年的文献进行网络分析,共有14141个关键词参与了分析,将出现频率阈值设置为大于10次(某1个关键词在同1篇文章中出现多次时,统计为1次),筛选后有226个关键词参与了关键词网络分析。分别绘制网络可视化图(展示关键词出现的频率以及关键词之间的联系程度)、覆盖可视化图(不同时期研究热点涉及的关键词)以及密度可视化图(被深入研究邻域的关键词),其中根据关键词之间的联系程度,网络可视化图将关键词分为三个聚类(第一类有关键词103个,第二类涉及关键词78个,第三类有关键词45个)。

2 结果

2.1 发文量分布情况

由图1可知,1943—1990年年度文献数量呈现波动中缓慢增长趋势,1991—2005年增长速率有所加快。2006—2022年年度文献数量增长速度较快。总体而言,1943—2022年各年度文献数量呈增长趋势。

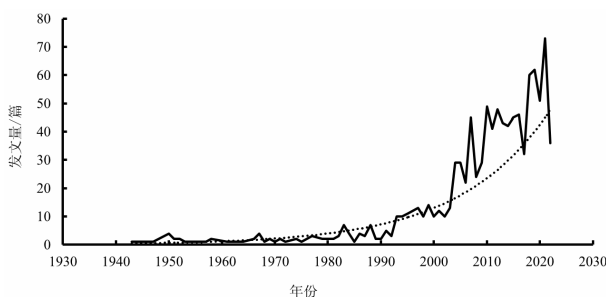


图1 发文量随年份变化图

图2反映的是美国、意大利、巴西以及中国分别在1943—1990年、1991—2005年、2006—2022年三阶段发文量的情况。美国早期发文量

多，在第二以及第三阶段也较多。意大利和巴西从第二阶段到第三阶段有明显的发文量增多的现象，尤其是巴西的发文量从第二阶段到第三阶段增长幅度较大。中国在第三阶段才逐渐有发文量。该结果说明中国对奶山羊乳腺炎的研究起步较晚，但有着不错的提升空间和发展前景。

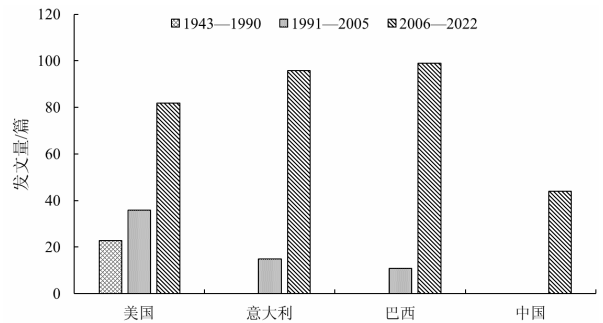


图2 各个国家在各阶段发文量

表1统计的是排名前五的研究领域在1943—1990年、1991—2005年以及2006—2022年三个阶段的发文量。从1943—2022年整体的发文量水平来看，农业领域排名第一。

2.2 关键词网络分析

图3中关键词被分为了三模块，这些模块中

表1 各研究邻域在各阶段发文量统计表

研究方向	出版年		
	1943—1990	1991—2005	2006—2022
农业	59	166	679
兽医科学	74	162	650
传染性疾病	70	150	585
食品科学与技术	61	136	520
动物学	62	118	410

出现频率较高的关键词为“体细胞数”、“产奶量”、“金黄色葡萄球菌”、“流行”、“基因”、“PCR”、“乳腺”、“蛋白质”，出现频率高表明这些关键词领域被研究较多。此外，上述关键词与其他关键词连线较多，处于比较重要的位置。

图4中，“体细胞数”所在模块的关键词大多在较早期被研究。“金黄色葡萄球菌”所在模块的关键词大多为近年来的研究领域，其中“基因”、“隔离”以及“四环素”在近期研究较多。

图5中，“体细胞数”、“金黄色葡萄球菌”以及“浓度”、“乳腺”、“PCR”、“产奶量”等在图3中出现频率较高的关键词的领域也有较为深入的研究。

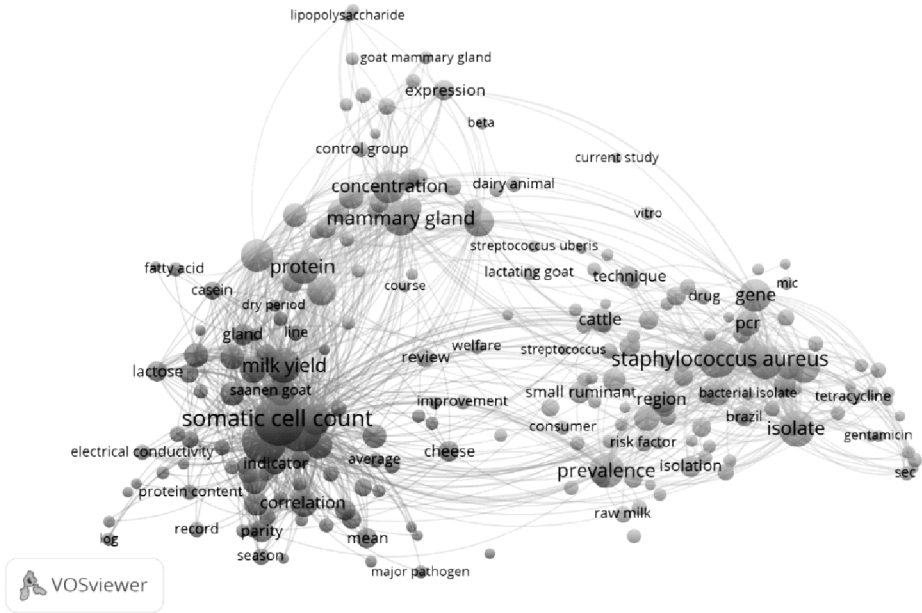


图3 关键词网络可视化图

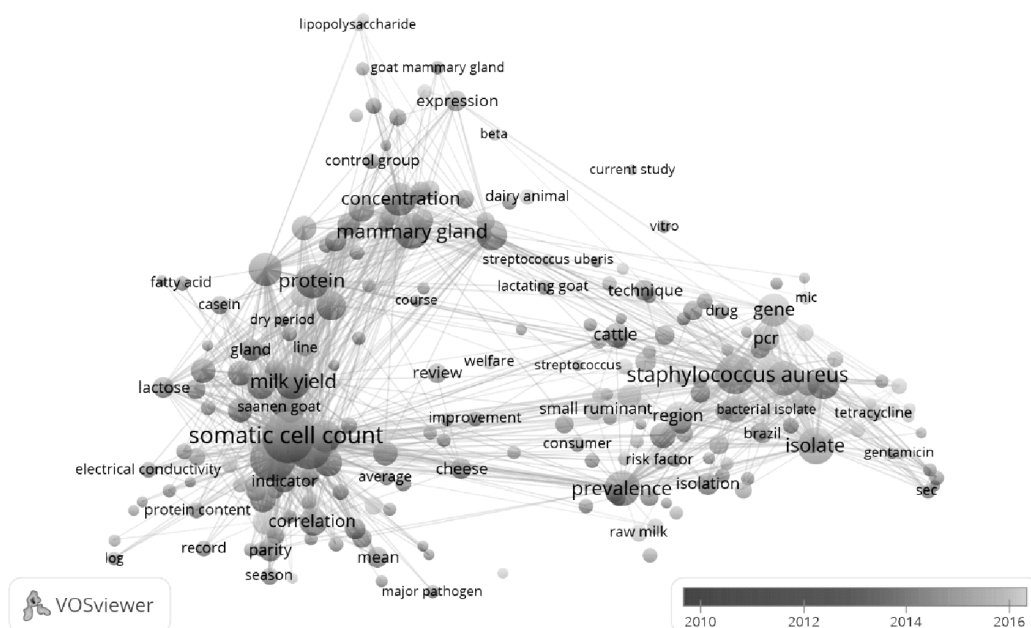


图4 关键词覆盖可视化图



图5 关键词密度可视化图

3 讨论

3.1 发文量分布方面

从年度文献产出量角度分析可知，1943—

2022年各国对乳腺炎研究力度在加大，这与近年来人们对高质量乳制品需求量增多这一变化相关。2020年之后年发文量出现下降，可能是受到了新型冠状病毒感染疫情的影响^[14]。乳腺炎研究

总体呈稳步增进式发展,表明人们对食品质量及安全的重视程度逐渐加深^[15]。乳腺炎机制方面的研究可以为乳腺炎的治疗和预防提供理论基础,乳腺炎防治的突破可以促进乳用动物产业的快速和可持续发展^[16,17]。

在研究乳腺炎的过程中,各地域之间还存在着这一些差距:1943—2022年,在奶山羊乳腺炎领域发文量较多的国家有发达国家美国和意大利等,发展中国家有中国和巴西等,这些国家大多是畜牧业大国。在今后的研究中,各国注意要在保持研究数量稳步增长的基础之上,重视研究质量的提升。同时,各国和各机构应该发挥各自的优势,不断地加强合作交流,促进技术与研究素材的良好结合,共同努力促进乳腺炎研究领域的进一步突破。

从各研究领域发文量角度分析,畜牧业乳腺炎研究的主要领域是农业领域,这一结果表明乳腺炎的研究有助于促进农业尤其是畜牧业的进步与发展,但变化趋势犹未可知,未来乳腺炎研究更可能是各领域间的共同发展和各领域知识间的相互结合的研究。

3.2 关键词网络分析方面

高频出现且与其他词联系多的关键词有“体细胞数”、“金黄色葡萄球菌”等。

体细胞数的概念是单位体积羊奶中的体细胞总数量^[18]。在一定条件下,奶中的体细胞对奶畜乳房健康有益,具有一定的免疫的功能(含有淋巴细胞、巨噬细胞等白细胞)。但患有乳腺炎的动物所产奶的体细胞数会超过正常水平,奶的品质较差^[19]。奶中体细胞数过多对乳成分的影响主要体现在以下几个方面:首先,奶中乳脂、乳糖的含量及氨基酸的含量会降低;其次,奶中无机盐离子的平衡会被破坏,奶的热稳定性和酸奶产品的品质降低;最后,乳过氧化氢酶活性提高,使乳中的芳香胺、多元醇等物质氧化,从而对乳

制品的口感和气味产生影响^[20]。奶中的体细胞数可以迅速、有效地指示乳腺的感染,为更早地发现乳腺炎提供手段,这一检测手段可以很大程度上减少养殖场经济损失^[21]。研究表明,奶中体细胞数在0~20万个/mL时,代表奶畜乳房处于健康状态;奶中体细胞数在20万~40万个/mL时,该奶畜疑似患有乳房炎;奶体细胞数在40万~500万个/mL时,表示该奶畜患有乳房炎;奶中细胞数大于500万个/mL,表示该奶畜患有较严重的乳房炎^[22,23]。做好饲养管理和环境控制,定期消毒以及对乳房进行检查和护理,对于控制羊奶体细胞数有着重要的意义。有研究证明,皮下注射褪黑素可以显著降低奶中体细胞数水平,灌服褪黑素制剂对患有乳腺炎的动物效果显著^[24],此外,蒲公英提取物也可以改善乳腺炎^[25]。

金黄色葡萄球菌诱导的乳腺炎是最常见的乳腺感染^[26]。在中国,金黄色葡萄球菌是引起动物乳腺炎的最重要的病原菌之一^[27]。研究由金黄色葡萄球菌导致的奶山羊乳腺炎的致病机制,可以为这类乳腺炎的防治提供理论依据。在金黄色葡萄球菌源乳腺炎致病机制方面,近期研究发现:金黄色葡萄球菌可以通过适应宿主、损伤宿主免疫功能、内化作用以及降低菌体免疫原性等方式抵抗宿主机体对其发挥的免疫作用^[28]。在该类乳腺炎防治方面,有从检测分析金黄色葡萄球菌耐药基因及毒力基因^[29]、分离鉴定金黄色葡萄球菌噬菌体^[30,31]、探究新型合成药物及中草药对金黄色葡萄球菌源乳腺炎的防治作用等方面进行的研究^[32,33]。这些研究围绕金黄色葡萄球菌展开,利用基因组学、分子生物学及细胞生物学等领域相关知识和新的技术,深入探究这一疾病的机制及防治措施,已取得一定成效^[34,35]。

近年来研究较热的领域涉及到的词语有“四环素”和“基因”等。

四环素是抗生素的一种,用于乳腺炎的治疗^[36]。

2022年7月1日,养殖企业饲料端的全面禁抗政策开始正式实施,进一步提高了对抗生素耐药性以及新型替代药物的研究要求^[37]。抗生素是由微生物合成的,可以有效抑制细菌生长和细菌增殖的、具有杀菌作用的化学物质。抗生素耐药性是细菌在不利的环境下产生的一种防御策略。目前的研究表明:细菌耐药性包括特异性以及非特异性两种机制。细菌可以通过降低抗生素的活性、增强自身对药物的外排功能、突变药物作用靶点等方式对抗生素产生耐药性^[38]。为解决抗生素耐药性问题,未来研究可以从新型抗生素的挖掘和合成、耐药性过程的相关基因的功能分析、新型替代药物的寻找等方面进行^[39]。

生物信息学、分子生物学等学科的发展以及分子标记、转基因、基因芯片,加权基因共表达网络分析等技术的广泛运用,为乳腺炎抗性育种提供了新的前景。目前通过各种手段和技术筛选出来的可以用于乳腺炎抗性育种的候选基因有 β -防御素、BoLA、HSP70-1、HSP70-2、TLR1、TLR2、TLR4、Slc11A1、NAGase等基因^[40-42]。近来研究发现一些miRNA也与乳腺炎免疫有一定的关系^[43]。

通过分子标记辅助育种的方法来对奶山羊进行选择,得到一个对乳腺炎具有高度抗性的群体,这是未来奶山羊选种的一个新的切入点。使用候选基因法对奶山羊进行选择的基础是对抗性基因的准确筛选,目前一些生物信息学的技术,如加权基因共表达网络分析技术可以有效的对多基因控制性状的主效基因进行筛选^[44]。未来的研究可以更多地关键基因的筛选及可视化和个体水平的研究相结合,逐渐完善乳腺炎抗性主效基因的体系,为分子标记辅助育种提供理论基础^[45]。除此之外,RNA的利用可能成为未来诊断和治疗乳腺炎的一个新的思路^[46]。

通过对文献的分析可知,与乳腺炎关系密切

的关键词分别涉及到乳房炎的致病原因、诊断、预防和治疗等各个方面。在致病原因方面,目前主要研究的是病原微生物导致乳腺炎的机制^[47];在诊断方面的研究前沿是通过特定的蛋白分子,区分临床和亚临床的乳腺炎^[48];在乳腺炎的预防和治疗方面,随着抗生素耐药性的产生,目前研究中草药对乳腺炎的预防和治疗比较普遍^[49],同时治疗乳腺炎的一些新的药物也在不断的开发中^[50]。

乳腺炎作为一个复杂的疾病,其研究包括病因、诊断、预防、治疗、机制、危害等多个方向。乳腺炎治疗从之前的抗生素大量使用,到疫苗的出现以及抗生素耐药性问题受到重视,再到通过分子及抗性基因的研究来选育抗病的畜群。这一趋势说明对乳腺炎治疗方向的研究逐渐由被动变为主动,细胞分子以及基因方面相关知识和技术用于乳腺炎的治疗将是未来一大研究趋势^[51,52]。近年来,研究者对乳腺炎机制的研究逐渐深入,从细菌本身的毒素到抗菌谱再到现在将免疫应答以及SNP用于乳腺炎的机制研究^[53-55],这一趋势说明在这一方向的研究程度不断深入且研究的重点逐渐从入侵的病原菌转向患病动物本身免疫抵抗能力。在诊断方面,研究经历了从主要利用奶成分以及流行率进行诊断到现在利用生存分析以及风险因素的评估进行诊断的变迁^[56,57]。在未来,随着计算机技术的不断发展,大量的软件以及算法将用于相关疾病预后因子的查找以及筛选^[58],也可为乳腺炎的诊断和预判提供新的手段。

以上分析表明之前的文献对奶山羊乳腺炎进行了多方向,多方面,深层次的研究,已经取得了一些进展,但仍有一些方向存在着短板。乳腺炎作为一个复杂的疾病,我们对其的研究不能面面俱到,但通过在不同的方向上找准出发点,逐步深入,最终将不同方面的研究绘制成一幅完整的知识结构图,会让我们对乳腺炎这一疾病的各个方面有更加系统化的认识。

4 结论与展望

1943—2022年,关于奶山羊乳腺炎的研究不断深入,各国在该领域的年度发文量逐渐增多,各地区发展齐头并进,各领域交叉融合加强,体细胞数是该领域一直以来的研究重点,金黄色葡萄球菌是研究的热点,基因以及miRNA等是研究较前沿的领域。

鉴于乳腺炎这种疾病的复杂性和多样性,我们对其的研究可以集中于某一个点,如研究导致乳腺炎的某个病原微生物金黄色葡萄球菌的特点,或者某一种药材对治疗乳腺炎的具体作用等,也可以从致病原因、诊断、预防、治疗等一系列环节进行综合的观察和把控,为乳腺炎的预防和治疗,提高养殖的经济效益,提出一些合理的、综合性的建议。以下是在本次的文献计量分析的基础之上对未来奶山羊乳腺炎研究的一些建议。

首先,注意将不同学科及领域的知识相结合,如将经济学、信息学等学科知识与畜牧业乳腺炎研究相结合,以进行养殖企业经济效应预估、乳腺组织表达谱生物信息学分析等研究,从不同的专业角度对乳腺炎进行深入化研究。同时,可以从畜牧领域与其他领域对比分析的角度进行乳腺炎研究。例如,从兽医领域研究乳腺炎有较多的动物素材,方便进行试验探究;而在人类医学领域乳腺炎的防治技术是较前沿的,两个领域的交流与结合可以加强人医领域对乳腺炎认识,同时改善兽医领域乳腺炎防治技术^[59]。

其次,在把握畜牧业乳腺炎研究进展的基础之上,把握发展态势,抓住研究热点,找好研究起点,善于运用新型的技术和前沿的知识进行研究,使研究更加细致化、专业化。未来乳腺炎的研究应在对乳腺炎分类细化的基础上,进一步研究各种类型乳腺炎的机制,并对比不同病因导致的乳腺炎的异同。在治疗方面,也要进一步细化

治疗的方案和措施,在提高诊断水平的基础上,对不同程度的患病的动物进行不同治疗。乳腺炎治疗的绕不开抗生素敏感性这一难题,而这一难题的突破关键可能在菌体生物膜形成及作用机制^[60]。

最后,要本着防大于治的原则,加大对乳腺炎预防方面的研究力度。候选基因选种可以比较根本地缓解乳腺炎问题。先进的育种手段和科学的饲养管理,是成为未来预防山羊乳腺炎的两个主要方向。加强理论知识与实践相结合,注重研究的实用性,重视研究成果在个体上的验证,提高研究的价值和意义,将解决实际生产中的问题作为未来畜牧业乳腺炎研究的出发点和落脚点。

参考文献:

- [1] 王先生,张仁杰,邢其命.奶山羊乳腺炎的诊断及治疗[J].中国畜牧业,2017(5):76-77.
- [2] 孙建萍.奶山羊乳腺炎的防治经验[J].今日畜牧兽医,2014(3):57-59.
- [3] 赵静雯,邵雯,徐崇,等.江苏部分地区奶牛乳腺炎病原菌流行病学调查及葡萄球菌耐药性分析[J].中国兽医学报,2022,42(8):1597-1601.
- [4] 吴晓峰.浅析防治牛乳房炎的有效方法[J].中国动物保健,2021,23(3):36-39.
- [5] Ju H, Tang L, Guo H. Studies of nursing in acute mastitis in China: Bibliometric analysis[J]. J Integr Nurs, 2020(2):1-6.
- [6] Cheng Y, Yang H, Hai Y, et al. Scientific literature landscape analysis of researches on oxidative stress in intervertebral disc degeneration in web of science[J]. Frontiers in Molecular Biosciences, 2022, 9:989627.
- [7] 蓝康澍,雷祚,何祎雯,等.利用文献计量学解析全球miRNA最新研究趋势[J].中国畜禽种业,2022,18(6):26-30.
- [8] 张建明,赵亚丽,范艳玲.基于CNKI的非洲猪瘟文献计量分析[J].畜牧兽医杂志,2017,36(3):55-58.
- [9] 崔晓宁,柴浩军,王家鑫.基于文献计量分析我国奶牛乳腺炎的研究现状[J].安徽农业科学,2012,40(10):6288-6289.

- [10] 孙静, 郑冰雅, 罗丹, 等. 我国近 10 年中药治疗急性乳腺炎的文献计量分析[J]. 中国中医急症, 2020, 29(4):617-620.
- [11] 左成东. 规模化奶牛场乳房炎综合防治措施[J]. 今日畜牧兽医, 2021, 37(2):108.
- [12] 李雅, 刘梅, 曾全超, 等. 基于文献计量的土壤有机碳与土壤微生物多样性研究前沿态势分析[J]. 土壤通报, 2017, 48(3):745-756.
- [13] Sarkar A, Wang H, Rahman A, et al. A bibliometric analysis of sustainable agriculture: based on the Web of Science (WOS) platform [J]. Environmental Science and Pollution Research International, 2022, 29(26):38928-38949.
- [14] 韦德占, 马保真, 邓永强, 等. 疫情之下 生命至上[N]. 甘南日报(汉文版), 2022-07-27(001).
- [15] 毕永胜. 奶牛乳腺炎的诊断及预防[J]. 畜牧兽医科技信息, 2020(9):111.
- [16] 杨帆. 奶牛乳腺炎抗性基因标记 2b-RADSeq 筛选、验证及调节分子机制[D]. 芜湖:安徽师范大学, 2020.
- [17] 林小媛. 乳腺上皮细胞细菌诱导型启动子的构建和活性检测[D]. 西安:西北农林科技大学, 2016.
- [18] Bunge A, Dreyer S, Paduch J, et al. Cell differentiation of bovine milk control samples to improve prognosis of mastitis cure[J]. Antibiotics, 2022, 11(2):259.
- [19] Gelgie A E, Korsma M G, Dego O K. Mycoplasma bovis mastitis[J]. Current Research in Microbial Sciences, 2022, 3:100123.
- [20] 王化江, 王伟. 奶牛隐性乳房炎对牛奶品质的影响 [J]. 畜牧兽医学(电子版), 2020(19): 45-46.
- [21] 詹经纬, 童津津, 熊本海, 等. 奶牛乳腺健康与乳中体细胞数之间关系的研究进展[J]. 动物营养学报, 2021, 33(3):1299-1305.
- [22] Lavon Y, Gilad D, Leitner G. Recovery rates of treated vs. non-treated dairy cows with subclinical mastitis[J]. Dairy, 2021, 2(4): 576-584.
- [23] Knežević K, Dobranić V, uričić D, et al. Use of somatic cell count in the diagnosis of mastitis and its impacts on milk quality[J]. Veterinarska stanica, 2021, 52(6):751-764.
- [24] 刘杨, 姬向波, 宋志恒, 等. MT 制剂降低奶牛体细胞数初探[J]. 中国草食动物科学, 2019, 39(5): 23-26.
- [25] 赵欣, 王莹, 李春亭, 等. 蒲公英提取物对 LPS 诱导小鼠乳腺炎的减轻效应及其机制分析[J]. 畜牧兽医学报, 2022, 53(8): 2773-2781.
- [26] Michael C K, Lianou D T, Vasileiou N G C, et al. Association of staphylococcal populations on teatcups of milking parlours with vaccination against staphylococcal mastitis in sheep and goat farms[J]. Pathogens, 2021, 10(4):385.
- [27] Salvatore P, Carla C, Daniela P, et al. Impact of staphylococcus aureus infection on the late lactation goat milk proteome: New perspectives for monitoring and understanding mastitis in dairy goats[J]. Journal of Proteomics, 2020, 221:103763.
- [28] 刘丹丹, 崔常勇, 张弛, 等. 奶牛乳腺炎金黄色葡萄球菌免疫逃避机制研究进展[J]. 畜牧兽医学报, 2020, 51(12):2964-2971.
- [29] 吴博威. 奶牛乳腺炎源金黄色葡萄球菌的耐药基因和毒力基因检测分析[D]. 沈阳:沈阳农业大学, 2020.
- [30] 葛志毅, 韩生义, 曹小安, 等. 一株金黄色葡萄球菌噬菌体的分离鉴定与生物学特性[J]. 微生物学通报, 2021, 48(4):1171-1181.
- [31] 党瑞莹, 常军帅, 梁晏, 等. 奶牛乳腺炎源金黄色葡萄球菌噬菌体 P82 的分离及特性研究[J]. 中国畜牧兽医, 2022, 49(6):2318-2325.
- [32] 田莉莉. 新型头孢类化合物 NAC-19 抗耐甲氧西林金黄色葡萄球菌的作用[D]. 长春:吉林大学, 2020.
- [33] 李炎熹. 瓜蒌水提物对小鼠金黄色葡萄球菌性乳腺炎的保护作用和机制研究[D]. 长春:吉林大学, 2020.
- [34] 毛彦妮, 常佳伟, 李娜, 等. 金黄色葡萄球菌在生物被膜态与浮游态的转录组差异表达分析[J]. 畜牧兽医学报, 2022, 53(8):2697-2707.
- [35] 李娜, 常佳伟, 马强, 等. 宁夏地区牛源金黄色葡萄球菌耐药基因分布及分子分型[J]. 中国兽医学报, 2022, 42(6):1220-1229.
- [36] De Moura G S, Marques M F S, De Souza F N, et al. Catarrhal mastitis by staphylococcus simulans in a nulliparous goat [J]. Brazilian Journal of Veterinary Research and Animal Science, 2018, 55(3):140288.
- [37] 杨玲, 王燕, 贾立敏, 等. 细菌对抗生素产生耐药性的研究进展 [J]. 中国动物保健, 2018, 20(12):13-14.
- [38] 段晓丹. 滥用抗生素的危害及科学使用抗生素[J]. 当代医学,

- 2012, 18(24):19-20.
- [39] 王微. 替代抗菌促生长抗生素的六种中草药提取物[J]. 饲料与畜牧, 2013(5):39-43.
- [40] 杨岳, 王长法, 黄金明, 等. 奶牛乳腺炎抗性相关候选基因研究进展[J]. 家畜生态学报, 2010, 31(4):101-104.
- [41] Liu Y, Zhang H, Dong S, et al. Secretion of IFN- γ by Transgenic Mammary Epithelial Cells in vitro Reduced Mastitis Infection Risk in Goats[J]. *Frontiers in Veterinary Science*, 2022, 9:898635.
- [42] Ghazali M F, Sukiman M Z, Chai M H, et al. Molecular Detection and Antibigram of *Bacillus cereus* Isolated from Dairy Goat with Mastitis in Malaysia [J]. *International Journal of Infectious Diseases*, 2022, 116:S63-S64.
- [43] Leroux C, Pawlowski K, Billa P, et al. Milk fat globules as a source of microRNAs for mastitis detection[J]. *Livestock Science*, 2022, 263:104997.
- [44] Aragão B B, Trajano S C, de Oliveira R P, et al. Multiresistant zoonotic pathogens isolated from goat milk in Northeastern Brazil [J]. *Comparative Immunology, Microbiology and Infectious Diseases*, 2021, 79:101701.
- [45] Li Y, Jiang N, Zhang W, et al. *Bacillus amyloliquefaciens*-9 Reduces Somatic Cell Count and Modifies Fecal Microbiota in Lactating Goats[J]. *Marine Drugs*, 2021, 19(8):404.
- [46] 罗仍卓么, 王晋鹏, 焦鹏, 等. 奶牛乳腺炎模型的建立及炎症相关因子基因 mRNA 转录水平的分析[J]. 畜牧兽医学报, 2022, 53(8):2763-2772.
- [47] 程红玉. $\gamma\delta$ T 细胞介导乳腺抗金黄色葡萄球菌感染免疫机制的研究[D]. 西安:西北农林科技大学, 2020.
- [48] Pisoni G, Moroni P, Genini S, et al. Differentially expressed genes associated with *Staphylococcus aureus* mastitis in dairy goats[J]. *Veterinary Immunology and Immunopathology*. 2009, 135(3):208-217.
- [49] 侍晓辰, 闵美林. 特发性肉芽肿性乳腺炎的相关中医体质[J]. 内蒙古中医药, 2021, 40(2):133-136.
- [50] 吕政仪, 楼丽华, 聂云梦, 等. 楼丽华应用虫类药物治疗乳房疑难病经验[J]. 浙江中医药大学学报, 2021, 45(3):236-239.
- [51] 马骏, 王然, 刘硕, 等. 基于金黄色葡萄球菌 FnBPA 和停乳链球菌 GapC 的多表位疫苗免疫原性研究[J]. 黑龙江八一农垦大学学报, 2021, 33(1):60-67.
- [52] 胡启超, 罗仍卓么, 魏大为, 等. 固有免疫相关编码基因在奶牛乳腺炎调节中的研究进展[J]. 生物技术通报, 2020, 36(12):239-246.
- [53] Panigrahi M, Kumar H, Nayak S S, et al. Molecular characterization of CRBR2 fragment of TLR4 gene in association with mastitis in Vrindavani cattle[J]. *Microbial pathogenesis*, 2022, 165:105483.
- [54] Shabalina T, Yin T, May K, et al. Proofs for genotype by environment interactions considering pedigree and genomic data from organic and conventional cow reference populations [J]. *Journal of Dairy Science*, 2021, 104(4):4452-4466.
- [55] Koop G, Nielen M, van Werven T. Diagnostic tools to monitor udder health in dairy goats.[J]. *The veterinary quarterly*, 2012, 32(1):37-44.
- [56] Skeie S B. Quality aspects of goat milk for cheese production in Norway: A review[J]. *Small Ruminant Research*, 2014, 122(1-3):10-17.
- [57] Hazelton M S, Sheehy P A, Bosward K L, et al. Short communication: Shedding of *Mycoplasma bovis* and antibody responses in cows recently diagnosed with clinical infection [J]. *Journal of Dairy Science*, 2018, 101(1):584-589.
- [58] 高慧杰, 郑惠玲. WGCNA 鉴定奶山羊妊娠至泌乳期乳腺发育关键基因[J]. 畜牧兽医学报, 2020, 51(11):2679-2688.
- [59] Jans C, Wambui J, Stevens M J A, et al. Comparative genomics of dairy-associated *Staphylococcus aureus* from selected sub-Saharan African regions reveals milk as reservoir for human- and animal-derived strains and identifies a putative animal-related clade with presumptive novel siderophore[J]. *Frontiers in Microbiology*, 2022, 13:923080.
- [60] Ferreira E M, Romero L C, Cunha M D L R, et al. Persistence of *Staphylococcus* spp. in milk from cows undergoing homeopathy to control subclinical mastitis[J]. *BMC Veterinary Research*, 2022, 18(1):273.