

刘勃兴, 张志强, 张博, 等. 牛嗜血支原体感染研究进展 [J]. 畜牧与兽医, 2026, 58 (10): 120-130.

Liu B X, Zhang Z Q, Zhang B, et al. Progress in research on bovine haemotrophic mycoplasma infection [J]. Animal Husbandry & Veterinary Medicine, 2026, 58 (10): 120-130.

牛嗜血支原体感染研究进展

刘勃兴¹, 张志强², 张博¹, 赵勐¹, 吴同奎², 史秋梅², 张学^{1*}

(1. 现代牧业(集团)有限公司, 安徽 马鞍山 243000;

2. 河北科技师范学院/河北省预防兽医学重点实验室, 河北 秦皇岛 066004)

摘要: 牛嗜血支原体病(曾用名: 牛附红细胞体病)是一种对牛养殖业具有重要影响的传染性疾病, 病原为温氏嗜血支原体 (*Mycoplasma wenyonii*) 和牛嗜血支原体待定种 (*Candidatus Mycoplasma haemobos*)。牛嗜血支原体主要寄生于牛红细胞表面, 患病牛可出现发热、贫血、黄疸、腹泻、后腿水肿等症状, 同时伴随体重降低、产奶量下降、繁殖性能衰退等生产性能受损问题, 病情严重时可直接导致病牛死亡, 给世界各国的牛养殖业造成了严重经济损失。诊断方面, 分子生物学检测技术是当前主流发展方向, 其中荧光定量 PCR、环介导等温扩增与重组酶等温扩增检测方法极具应用前景。治疗方面, 目前该病无特效药物, 现有的治疗方法的治疗效果差异较大。尽管该病相关研究已取得一定进展, 但嗜血支原体体外培养技术不完善的瓶颈仍限制着该病的深入研究。本文对牛嗜血支原体病的病原学、流行病学、临床症状、诊断及治疗等研究进展进行综述, 以期为该病的深入研究、准确诊断和有效防控提供参考。

关键词: 牛嗜血支原体病; 牛附红细胞体病; 病原学; 流行病学; 诊断; 治疗

中图分类号: S852.62

文献标志码: A

文章编号: 0529-5130(2026)10-0120-11

Progress in research on bovine haemotrophic mycoplasma infection

LIU Boxing¹, ZHANG Zhiqiang², ZHANG Bo¹, ZHAO Meng¹,

WU Tonglei², SHI Qiumei², ZHANG Xue^{1*}

(1. Modern Dairy (Group) Co., Ltd., Ma'an Shan 243000, China;

2. Hebei Province Key Laboratory of Preventive Veterinary Medicine, Hebei Normal University of Science and Technology, Qinhuangdao 066004, China)

Abstract: Bovine haemotrophic mycoplasmosis (formerly known as bovine eperythrozoonosis) is an infectious disease that exerts a significant impact on the cattle breeding industry. The pathogens of the disease are *Mycoplasma wenyonii* and *Candidatus Mycoplasma haemobos*. Bovine haemotrophic mycoplasmas mainly parasitize the surface of bovine red blood cells. Infected cattle may exhibit symptoms such as fever, anemia, jaundice, diarrhea, and hind limb edema, accompanied by impaired production performance, including weight loss, decreased milk yield, and reduced reproductive performance. In severe cases, the disease can directly lead to the death of the infected cattle, causing substantial economic losses to the cattle breeding industry worldwide. Regarding diagnosis, molecular biological detection technology is the current mainstream development direction, in which quantitative real-time PCR (qPCR), loop-mediated isothermal amplification (LAMP) and recombinase-aided amplification (RAA) have great application prospects. In terms of treatment, there are no specific drugs against this disease at present, and the therapeutic effects of existing treatment methods vary significantly. Despite certain progress in relevant research on this disease, the underdeveloped *in vitro* culture technology of haemoplasmas remains a bottleneck that has restricted the in-depth development of research. This article reviews progress in current research on the etiology, epidemiology, clinical symptoms, diagnosis, and treatment of bovine haemotrophic mycoplasmas, aiming to provide references for in-depth research, accurate diagnosis, and effective prevention and control of this disease.

Keywords: bovine haemotrophic mycoplasmosis; bovine eperythrozoonosis; etiology; epidemiology; diagnosis; treatment

收稿日期: 2025-09-23; 修回日期: 2026-07-17

基金项目: 国家重点研发计划项目 (2023YFD1301802); 中国农业科学院北方农牧业技术创新中心项目 (BFGJ2023002)

第一作者: 刘勃兴, 男, 博士

* 通信作者: 张学, 博士, 正高级工程师, 研究方向: 奶牛健康养殖及全产业链技术管理, E-mail: zhangxue@modernfarming.cn.

嗜血支原体（曾用名：附红细胞体）是一类主要定植于宿主红细胞表面的细菌，其宿主范围广泛，可感染包括人类在内的多种动物^[1]。在牛体内，目前已明确存在 2 种主要的致病性嗜血支原体，分别为温氏嗜血支原体（*Mycoplasma wenyonii*）和牛嗜血支原体待定种（*Candidatus Mycoplasma haemobos*）^[2]。温氏嗜血支原体于 1934 年首次在一只脾切除小牛体内被发现^[3]；牛嗜血支原体待定种则因分子生物学技术的发展，直至近年来才通过基因测序等手段被成功识别^[4]。牛感染嗜血支原体后可表现出多种症状，包括贫血、发热、淋巴肿大、阴囊及后肢水肿、乳头肿胀等^[5-7]。目前，牛嗜血支原体病已在世界多个国家流行，成为威胁全球牛养殖业的重要疫病。尽管在牛嗜血支原体病的病原分类、流行现状调查、诊断方法建立及治疗方案等方面取得了一定进展，但嗜血支原体的生存和繁殖高度依赖于宿主红细胞和血液环境，导致至今未研发出一种可稳定传代嗜血支原体的体外培养方法，在一定程度上制约了相关研究的深入开展，导致当前牛嗜血支原体领域仍存在大量亟待解决的科学问题与技术难题。本文旨在对牛嗜血支原体病的病原学、流行病学、临床症状、诊断技术及防治措施等方面的研究进展进行全面综述，以期为该病的深入研究、准确诊断和有效防控提供参考。

1 病原学

1.1 病原分类

附红细胞体病相关病原的研究始于 20 世纪初，其分类地位经历了多次调整。1928 年，Schillig^[8]在对脾切除小鼠的血液样本进行观察时，于红细胞边缘发现呈球形的小型寄生虫，基于形态学特征将其首次命名为球状附红细胞体（*Eperythrozoon coccoides*），这是关于附红细胞体类病原的最早报道。1934 年，Adler 等^[3]在开展环形泰勒虫（*Theileria annulata*）感染机制研究的过程中，偶然从 1 只脾切除犊牛的血液中检测到 1 种病原，通过形态学比对发现其与 Schillig^[8]此前报道的球状附红细胞体特征相似，因此将其命名为温氏附红细胞体（*E. wenyonii*），这一发现首次证实该类病原可感染牛科动物。在第 8 版《伯杰氏细菌鉴定手册》中，附红细胞体的分类为：立克次体目（Rickettsiales）、无浆体科（Anaplasmataceae）、附红细胞体属（*Eperythrozoon*）^[9]，该分类基于传统形态学与生理生化特征，在较长时期内成为附红细胞体研究的分类依据。随着分子生物学技术的兴起，附红细胞体的分类经历了一次重要的调整。1997 年，Neimark 等^[10]通过 16S rRNA 基因序列分析，对温氏附红细胞体的进化关系展开深入研究，结果显示，温

氏附红细胞体的 16S rRNA 基因序列与鼠嗜血巴通体（*Haemobartonella muris*）、猪附红细胞体（*E. suis*）、猫嗜血巴通体（*H. felis*）等嗜血性细菌的 16S rRNA 基因共同形成一个独立进化分支，且与支原体属（*Mycoplasma*）物种共享同一进化节点，基于这一分子进化证据，Neimark 等^[10]提出将温氏附红细胞体重新归类至支原体属的建议，此后温氏附红细胞体正式更名为温氏嗜血支原体。2008 年，Tagawa 等^[4]在日本北海道十胜地区的牛群中开展病原筛查时，成功分离到 1 种此前未被报道过的牛源嗜血支原体菌株，通过 16S rRNA 基因系统发育分析发现，该新菌株与猫嗜血支原体（*M. haemofelis*）、犬嗜血支原体（*M. haemocanis*）同属一个进化分支，而与已明确分类的温氏嗜血支原体遗传距离较远，基于分类学命名规则，该菌株被暂定为牛嗜血支原体待定种。

1.2 基因组

嗜血支原体具有双链 DNA 基因组，其基因组可携带自身复制、转录及蛋白质合成相关的遗传信息；作为一类在进化过程中发生显著简化的原核生物，该类微生物已丧失细胞壁结构及诸多生物合成系统，仅保留维持生命活动所必需的核心基因，且含有核糖体结构，其基因组中部分基因可编码用于黏附宿主细胞并入侵宿主免疫系统的表面抗原，这一特征与其致病性及宿主适应性密切相关^[11]。在嗜血支原体基因组研究方面，Santos 等^[12]于 2012 年首次完成了温氏嗜血支原体 Massachusetts 株的完整基因组序列测序和分析工作（GenBank 登录号：CP003703），结果显示，该菌株染色体为单条环状结构，基因组全长 650 228 bp，GC 含量为 33.9%，且采用 opal 终止密码子（UGA）编码色氨酸，符合支原体属基因组小、低 GC 含量的典型生物学特性；其基因组中 16S、23S、5S rRNA 基因均以单拷贝形式存在，且 16S rRNA 基因与 5S~23S rRNA 基因分属不同操纵子，这一基因排布模式与猪嗜血支原体（*M. suis*）相似；除含有编码硒代半胱氨酸的 tRNA（tRNA-Sec）外，还包含 31 种编码其他氨基酸的 tRNA，可覆盖所有蛋白质合成所需氨基酸，保障翻译过程正常进行；同时，该菌株基因组中 57% 的序列由重复基因构成并形成旁系同源家族，经基因组注释分析预测含有 718 个蛋白质编码序列（CDS），其中 52.6% 为假设蛋白质。基于这些特征，Santos 等^[12]推测温氏嗜血支原体 Massachusetts 株可能通过基因重组或相变机制实现表面抗原变异，从而逃避宿主免疫系统识别与清除。2016 年，Martínez-Ocampo 等^[13]报道了牛嗜血支原体待定种 INIFAP01 株的基因组序列（GenBank 登录号：LWUJ000000000），该菌株因基因组组装完整性限

制,基因组由18个连续序列片段(contig)构成,总长度为935 638 bp, N50 contig 大小为256 799 bp,基因组测序覆盖度约为48倍;基因组注释结果显示其含有1 216个开放阅读框(ORF)及1 184个蛋白质编码序列,反映出该菌株具有相对复杂的蛋白质编码能力;此外,该菌株16S rRNA基因长度为1 460 bp,基于16S rRNA基因序列的系统发育分析表明,牛嗜血支原体待定种INIFAP01株与其他牛嗜血支原体待定种参考物种具有密切亲缘关系。2018年, Quiroz-Castañeda等^[14]对从墨西哥牛群中分离到的温氏嗜血支原体INIFAP02株进行了全基因组测序,该菌株基因组总长度为596 665 bp,16S rRNA序列与温氏嗜血支原体Massachusetts、牛嗜血支原体待定种INIFAP01的序列一致性分别为98%和82%。温氏嗜血支原体INIFAP02的基因组与温氏嗜血支原体Massachusetts基因组相比,具有52%的比对覆盖度、79%的序列一致性,且少了53 563 bp。

1.3 形态特征

嗜血支原体具有显著的形态多样性,其形态特征在不同观测手段下呈现出明确差异。在光学显微镜下,该病原体多呈现为环形、球形、短杆形等闪光小体,其存在形式具有2种典型状态:一是单个或成团附着于红细胞表面,可形成链状或鳞片状聚集形态,当感染程度严重时,受病原体附着影响,红细胞形态会发生显著改变,类似布满突起的蓖麻球或菠萝状;二是游离于血浆中,此时病原体可表现出摆动、扭转等主动运动行为,且相较于较大个体,小个体的运动更为活泼。在血涂片染色特性方面,嗜血支原体易被染色且呈现出明显的染色差异:经姬姆萨氏染色后,红细胞呈紫红色,而病原体因具有折光性,其外围会形成特征性白环;经瑞氏染色后,红细胞呈淡紫红色,病原体则呈淡天蓝色并带有蓝宝石光彩,在重度感染情况下,暗视野下的红细胞可呈现齿轮状形态。在扫描电子显微镜下,附着于红细胞表面的嗜血支原体主要呈现球状、饼状等形态,大小范围为0.2~2.6 μm,其中球状个体可观察到细长结构,且嗜血支原体附着于红细胞表面后,会导致红细胞膜发生凹陷变形。在透射电子显微镜下,该病原体同样表现出环状、球状等多形态特征,其结构具有典型的原核生物简化特征:无细胞壁结构,仅由单层膜包裹,细胞内无明显的细胞器及细胞核,同时可观察到细长丝状结构^[7,15]。

2 流行病学

2.1 易感动物

嗜血支原体具有一定的宿主特异性,通常情况下

不易发生跨物种交叉感染,因此,牛源嗜血支原体主要感染牛科动物。但是,已有文献报道发现非牛科动物可感染牛源嗜血支原体,如温氏嗜血支原体可感染绵羊^[16]、马鹿^[17]、黠鹿^[17]、狍^[17]和鼠^[18],牛嗜血支原体待定种可感染犬^[19-21]、马鹿^[17]、黠鹿^[17]、狍^[17]、山羊^[22]和绵羊^[16,22]。在人类感染风险方面,目前尚无牛源嗜血支原体感染人的相关报道,但其他物种来源的嗜血支原体已被证实可感染人类。已有研究报道,猫嗜血支原体^[23]、绵羊嗜血支原体^[24]和猪嗜血支原体^[25]等均在人体内被检测到,并且感染的人员均存在与感染嗜血支原体动物的接触史,提示与动物接触可能是人类感染嗜血支原体的重要传播途径。

2.2 传染源和传播途径

牛嗜血支原体病的传染源为感染嗜血支原体的病牛,其血液中可存在大量的嗜血支原体。现有研究报道仅初步揭示了其可能的传播途径,主要包括吸血性节肢动物传播、血源性传播及垂直传播,其中吸血性节肢动物传播与垂直传播的相关研究数据相对丰富。

在吸血性节肢动物传播方面,已有多项研究从多种吸血性节肢动物体内检测到牛嗜血支原体,为该传播途径提供了关键证据:对于温氏嗜血支原体,研究人员已从牛血虱(*Haematopinus eurysternus*)^[26]、微小扇头蜱(*Rhipicephalus microplus*)^[27]、二棘血蜱(*Haemaphysalis bispinosa*)^[27]和蓖麻硬蜱(*Ixodes ricinus*)^[28]体内检测到了该病原体;对于牛嗜血支原体待定种,则在溴氏牛虻(*Tabanus bromius*)^[29]体内检测到;此外,角蝇(*Haematobia irritans*)^[29]、厩螫蝇(*Stomoxys calcitrans*)^[29]、牛虻^[29]、微小扇头蜱^[30]体内均同时检测到上述2种牛嗜血支原体。基于现有证据,学术界普遍认为吸血性节肢动物是牛嗜血支原体病的重要传播媒介,且推测其传播方式以机械性传播为主,但关于吸血性节肢动物具体的传播机制(如病原体在媒介体内的存活状态、增殖情况等),以及吸血性节肢动物自身是否可被牛嗜血支原体感染等关键问题,仍需进一步深入研究验证。

牛嗜血支原体的垂直传播虽被普遍认为发生率较低,但仍是不可忽视的潜在感染途径^[31-32]。Niethammer等^[33]对25头由感染牛嗜血支原体的奶牛所产犊牛进行血液样品检测,结果显示仅2头犊牛检出牛嗜血支原体待定种,所有犊牛均未检测到温氏嗜血支原体。基于这一结果,可明确牛中牛嗜血支原体待定种的胎盘传播频率明显较低,提示垂直感染是该病原体的次要感染途径;而温氏嗜血支原体因在干奶牛群体中流行率较低,且未在新生犊牛中检测到该病原体,其胎盘传播能力暂无法形成有效推断。Giroto-Soares

等^[34]对 22 头流产奶牛及其流产胎儿的混合组织血液样本进行常规 PCR 检测,发现成年奶牛中牛嗜血支原体待定种 DNA 检出率为 40.9% (9/22),胎儿中为 18.2% (4/22),且其中 2 头检出该病原体 DNA 的胎儿来自 PCR 阳性奶牛,表明牛嗜血支原体待定种可通过胎盘传播,不过由于测试群体规模较小,未能建立胎儿与奶牛 PCR 结果间的统计学显著性关联。尽管现有研究普遍认可垂直传播是牛嗜血支原体的潜在感染途径之一,但当前研究仍存在明显不足:一方面,温氏嗜血支原体的垂直传播能力因流行率低、缺乏胎儿或新生犊牛检出证据等问题暂无法明确;另一方面,牛嗜血支原体待定种的相关研究虽已证实垂直传播存在,但样本量有限、统计学关联性不足等问题,使其传播特征尚未完全明晰。

2.3 流行特点

截至 2019 年,全球已经有 16 个国家进行牛嗜血支原体病的流行病学调查,牛嗜血支原体的感染率在 1.5%~73.1%之间,总感染率为 49.1%^[35]。在国内,已有 14 个省市的牛嗜血支原体的流行病学调查报道,感染率在 6.0%~84.9%之间,总感染率为 49.5%^[35]。2024 年,De Souza Ferreira 等^[32]统计了世界范围内报道的成年牛和犊牛群体中牛嗜血支原体的流行率:2004—2022 年 12 个国家 19 项研究中,瑞士、日本、中国等 12 个国家的成年牛群体中有温氏嗜血支原体流行,流行率 4.9%~94.7%;日本、中国、德国等 9 个国家的成年牛群体中有牛嗜血支原体待定种流行,流行率 2%~78%;日本、德国、巴西、马来西亚、古巴和土耳其的成年牛群体中发现 2 种牛嗜血支原体共感染,流行率 1.9%~63.4%。2010—2018 年 5 项研究中,瑞士、匈牙利、日本的犊牛群体中有温氏嗜血支原体流行,流行率 4%~23.5%;瑞士、匈牙利、日本、巴西和德国的犊牛群体中有牛嗜血支原体待定种流行,流行率 2%~27.2%;日本的犊牛群体中发现 2 种牛嗜血支原体共感染,流行率 42%。

牛嗜血支原体的流行情况受到地理分布、饲养方式、牛的年龄以及品种等多种因素的影响。地理上,在中低纬度、气候温暖湿润、水源丰富且多山地、河谷或绿洲平原等地势的国家,如瑞士^[36]、日本^[37]、菲律宾^[38]、马来西亚^[27]、德国^[33]、匈牙利^[17]等,牛嗜血支原体病的流行率较高。在国内,牛嗜血支原体病主要分布于平原地区,其中河北^[39]、山东^[40]和甘肃^[41]地区牛群的感染率较高。

饲养方式与牛品种同样显著影响牛嗜血支原体的感染率。在饲养方式方面,规模化养殖牛群的感染率明显高于散养及野生牛群;在品种差异方面,奶牛的

感染率高于水牛与肉牛^[35];在年龄方面,现有研究表明 1~3 岁的牛对牛嗜血支原体的易感性更高,感染风险显著高于其他年龄段牛群^[27, 42-43]。

3 临床症状

牛嗜血支原体感染的临床表现具有显著异质性,据已有研究报道,大多数受感染牛表现为亚临床感染,部分情况下可发展为慢性感染,仅少数个体出现明显临床症状^[5-7]。目前普遍认为,临床症状的显现与牛的机体状态密切相关,多发生于应激状态或体质下降的牛,例如当牛同时感染免疫抑制性微生物时,机体免疫功能受损,更易诱发临床症状^[26]。在田间自然感染的病例中,牛感染牛嗜血支原体的典型临床症状较为多样,主要包括贫血、黄疸、淋巴结水肿、精神沉郁、肌肉骨骼僵硬、腹泻、发热、产奶量下降及白细胞减少,部分病牛还会出现后腿水肿^[5-6, 44-46]。奶牛感染后除上述症状外,还会出现乳头肿胀、后肢远端肿胀、股前淋巴结病、短暂发热、皮毛粗糙等特征性表现,随着病情发展,会进一步出现体重减轻且繁殖效率低下的情况^[5]。公牛感染后则以发热为典型症状,且可能伴随后肢及阴囊水肿,其中阴囊水肿会干扰睾丸正常的体温调节功能,进而导致异常精子产生,最终引发生育能力低下^[6]。当感染牛因营养不良、怀孕或合并其他潜在感染而处于应激状态时,病情可能进一步加重,诱发更严重的病理变化,如溶血性贫血等^[46-47]。此外,牛嗜血支原体与其他病原的混合感染可显著加重病牛临床症状,例如与边缘无形体 (*Anaplasma marginale*) 共同感染时,可引发致命性溶血性贫血,大幅提升病牛死亡率^[36]。

4 检测方法

4.1 血液染色镜检

血液染色镜检是目前牛嗜血支原体病原检测中应用最为广泛的常规方法,其操作流程具有标准化特点:首先采集待检牛的血液样本,将其制作成血涂片,随后选用姬姆萨染料、瑞氏染料或吡啶橙 3 种常用染料之一进行染色处理,最终通过光学显微镜 (姬姆萨染色、瑞氏染色) 或荧光显微镜 (吡啶橙染色) 观察染色结果以判定是否感染。不同染色方法对应的观察特征存在明确差异:经姬姆萨染色或瑞氏染色后,感染牛嗜血支原体的病牛红细胞常呈现出特征性的蓝紫色星芒状或齿轮状形态^[48-49]。采用吡啶橙染色时,在荧光显微镜下可观察到更清晰的双色对比:红细胞呈黄绿色,牛嗜血支原体则表现为橙黄色微小球形结构,这些病原体或依附于红细胞表面,或

散落在不同红细胞之间^[44]。在上述 3 种染色方法中, 吖啶橙染色的特异性与敏感性均显著高于姬姆萨染色和瑞氏染色^[50]。尽管血液染色镜检具有操作简便、成本较低的优势, 但其诊断效能仍存在明显局限, 与 PCR 等分子生物学检测方法相比, 血液染色镜检的诊断敏感性和特异性较低。导致这一局限的核心因素包括多方面: 一是细胞碎片、Howell-Jolly 小体、Pappenheimer 小体等细胞结构, 以及染色过程中产生的染料杂质, 易对观察结果产生干扰, 增加判断误差; 二是当血液中牛嗜血支原体载量较低时, 易因病原体难以清晰识别而出现假阴性结果; 三是该方法无法直接区分牛嗜血支原体与其他血液原虫或细菌, 可能导致误诊^[51]。

4.2 血清学

当前牛嗜血支原体病血清学诊断方法的研发面临显著技术瓶颈, 核心制约因素在于缺乏高效、稳定的牛嗜血支原体体外培养体系: 一方面, 体外培养的低效性导致无法大量收集牛嗜血支原体样品, 难以满足诊断方法研发对病原材料的需求; 另一方面, 培养过程中红细胞易发生溶解, 使得高纯度牛嗜血支原体抗原的制备受阻, 这两大问题共同限制了血清学诊断技术的发展进程。

尽管面临上述挑战, 国内外研究人员仍通过技术创新建立了多种具有应用潜力的血清学诊断方法。王健^[39]以提取纯化的温氏嗜血支原体抗原免疫家兔, 制备高免血清并从中提取 IgG, 基于此建立了特异且灵敏的奶牛温氏嗜血支原体双抗体夹心 ELISA 检测方法, 该方法已成功应用于河北省奶牛血样的检测。李子平^[52]通过 SDS-PAGE 与免疫印迹技术, 从温氏嗜血支原体中鉴定出 3 种候选抗原蛋白, 选取其中分子量分别为 114.9 kDa 和 60.6 kDa 的 2 种蛋白免疫家兔并制备纯化抗体, 进一步建立了敏感性更高的双夹心 ELISA 检测方法, 其抗原最低检出量可达 4.71 $\mu\text{g/mL}$ 。Zhao 等^[53]同样采用 SDS-PAGE 与免疫印迹技术, 从温氏嗜血支原体中筛选出 2 种特异性抗原(相对分子量分别为 115 kDa 和 60 kDa), 以纯化后的这 2 种抗原蛋白作为包被抗原, 成功构建了用于检测牛血清中温氏嗜血支原体抗体的胶体金免疫层析法检测试纸条; 通过将该试纸条与 ELISA 方法联合应用于田间奶牛血液样本的温氏嗜血支原体抗体检测, 证实该免疫层析试纸条具有较强的特异性、敏感性与准确性, 具备现场快速检测的应用前景。

需注意的是, 上述已建立的血清学诊断方法均以提取的牛嗜血支原体虫体蛋白作为核心试剂(如抗原或抗体制备原料)。尽管这些方法在特异性、敏感性与准确性上表现优异, 但受限于牛嗜血支原体无法

大量体外培养的技术瓶颈, 虫体蛋白的获取量难以满足规模化生产与广泛推广的需求, 导致现有血清学诊断方法在实际应用场景中的普及仍面临较大障碍, 亟需突破体外培养与抗原制备的关键技术难题以推动其产业化应用。

4.3 分子生物学

4.3.1 PCR

目前, 已报道多种可用于牛嗜血支原体检测的 PCR 检测方法, 这些方法可分为常规 PCR 和荧光 PCR 两类。常规 PCR 成本低、操作简便, 适合基层开展, 但灵敏度及定量能力不足; 荧光定量 PCR 灵敏度高、特异性强, 可实现精准定量, 适用于低浓度靶标检测、临床疗效评估等场景, 然仪器与试剂成本较高, 且易发生核酸污染问题导致出现假阳性结果。应用中, 基层大规模筛查可选常规 PCR, 需精准定量时可选用荧光定量 PCR。

4.3.1.1 常规 PCR 检测方法

牛嗜血支原体的常规 PCR 检测方法大部分都是以 16S rRNA 基因序列为靶基因建立的。王健^[39]以温氏嗜血支原体的 16S rRNA 基因序列(GenBank 登录号: AF016546)为靶标, 设计特异性引物并建立常规 PCR 检测方法, 该方法扩增产物长度为 985 bp; 经敏感性、特异性、重复性及扩大性试验验证, 该方法具有灵敏性高、检测速度快、特异性强的优势, 可区分温氏嗜血支原体与弓形虫、大肠杆菌、葡萄球菌。陈明等^[54]针对广西分离株温氏嗜血支原体的 16S rRNA 基因序列(GenBank 登录号: AY769937)设计引物, 建立的常规 PCR 检测方法扩增产物大小为 415 bp; 特异性试验表明, 该方法与猪肺炎支原体、鸡毒支原体、大肠杆菌、肠道沙门菌、葡萄球菌、鸡艾美耳球虫、牛双芽巴贝斯虫无交叉反应; 敏感性试验显示, 其最低可检测的温氏嗜血支原体 DNA 量为 0.145 fg, 满足临床低载量感染样本的检测需求。李树清等^[55]以温氏嗜血支原体的 16S rRNA 基因序列(GenBank 登录号: AY946266)为靶标, 设计种特异性引物并构建 PCR 诊断体系, 扩增片段长度为 738 bp; 特异性验证显示, 该方法仅能扩增温氏嗜血支原体的 16S rRNA 基因特异性片段, 猪肺炎支原体、东方巴贝斯虫、牛巴贝斯虫、双芽巴贝斯虫、羊莫氏巴贝斯虫、边缘无浆体、中央边虫、羊边虫、伊氏锥虫、山羊泰勒虫、牛环形泰勒虫无法扩增出特异条带; 敏感性试验表明, 其对温氏嗜血支原体 DNA 的最低检测限为 0.178 fg。侯玉慧等^[56]参考已报道的温氏嗜血支原体 16S rRNA 基因序列, 设计引物并建立常规 PCR 检测方法, 扩增产物长度为 667 bp; 特异性试验证实, 该方法与健康牛血液

DNA、牛无乳链球菌、金黄色葡萄球菌、多杀性巴氏杆菌、胸膜肺炎放线杆菌及大肠杆菌的 DNA 均无交叉反应；敏感性检测结果显示，其对温氏嗜血支原体 DNA 的最低检测质量浓度为 13.6 ng/L。Nouvel 等^[57]以温氏嗜血支原体的 *polC* 基因为靶标，设计特异性引物并建立常规 PCR 检测方法，扩增产物长度为 500 bp；特异性试验表明，该方法对温氏嗜血支原体具有极高的特异性，无法检测其他反刍动物来源的支原体；敏感性试验显示，其最低检测阈值为每毫升全血中含 1.7×10^6 个温氏嗜血支原体基因组拷贝。

4.3.1.2 荧光定量 PCR 检测方法

牛嗜血支原体的荧光定量 PCR 检测方法是基于 16S rRNA 或 *gapN* 基因序列建立的。Meli 等^[36]整合 6 条温氏嗜血支原体 16S rRNA 基因序列（GenBank 登录号：GQ259756~GQ259760、AY946266）与 3 条牛嗜血支原体待定种 16S rRNA 基因序列（GenBank 登录号：GQ259761~GQ259763），通过多序列比对设计特异性 TaqMan 探针，分别建立针对 2 种牛嗜血支原体的实时荧光定量 PCR 检测方法。验证试验结果显示，2 种检测方法均具有强特异性，可区分目标菌株与犬嗜血支原体、猫嗜血支原体和肺炎支原体等支原体；敏感性分析表明，2 种方法的最低检测限约为每个反应 1 个 16S rRNA 基因拷贝，相当于每毫升血液中含 200 个 16S rRNA 基因组当量；扩增效率分析显示，牛嗜血支原体待定种检测体系的扩增效率为 96.6%，温氏嗜血支原体检测体系的扩增效率为 92.9%，均满足定量检测的准确性要求。Ade 等^[58]以温氏嗜血支原体与牛嗜血支原体待定种的甘油醛-3-磷酸脱氢酶基因 *gapN*（GenBank 登录号：NC_018149、LWUJ00000000）为靶标，分别设计特异性引物与探针，建立 2 种实时荧光定量 PCR 检测方法，验证试验结果表明，2 种 qPCR 体系的检测限一致，均为每反应 0.45 fg 质粒 DNA（循环阈值 $C_t < 35$ ），相当于每反应 10 个基因组当量或每毫升血液中含 2.5×10^8 个细菌；扩增效率分析显示，温氏嗜血支原体检测体系的扩增效率为 96.5%，牛嗜血支原体待定种检测体系的扩增效率为 95.5%，定量准确性与重复性良好。

4.3.1.3 其他

邢莹等^[59]参考 GenBank 中发表的温氏嗜血支原体 16S rRNA 基因序列（登录号：AF016546），设计并合成内、外 2 对特异性引物，创新性建立牛附红细胞体单管套式 PCR 检测方法，并通过特异性、敏感性及应用试验对方法进行验证；结果显示，该单管套式 PCR 方法的扩增片段大小为 361 bp，其序列与 GenBank 中相应温氏嗜血支原体序列的同源性达

98%；特异性试验证实，该方法无法扩增牛瑟氏泰勒虫、新孢子虫、布氏杆菌及牛无乳链球菌的基因片段；敏感性检测表明，其对标准模板 DNA 的最小检测量为 1.22 fg/ μ L，具有较高的检测灵敏度。

4.3.2 环介导等温扩增（LAMP）及重组酶等温扩增（RAA）

除 PCR 技术外，LAMP 与 RAA 凭借无需复杂温控设备、反应条件温和、检测速度快等优势，在牛嗜血支原体现场快速检测中展现出良好应用前景。

Song 等^[60]以温氏嗜血支原体的 16S rRNA 基因序列（GenBank 登录号：AY946266）为靶标，通过多区域分析设计 6 条引物（覆盖靶基因的 8 个区域），成功构建温氏嗜血支原体 LAMP 检测方法，该方法对 10^{12} 倍稀释的阳性样本仍可检测到特征性梯状条带，灵敏度较传统 PCR 方法高 100 倍；特异性试验表明，对环形泰勒虫、牛巴贝斯虫、边缘无浆体、弓形虫等常见寄生虫样本及健康牛血液样本检测均呈阴性，仅特异性识别温氏嗜血支原体，可有效避免交叉反应干扰。郑秀红等^[61]参考 GenBank 中发表的温氏嗜血支原体 16S rRNA 基因序列（登录号：AF016546），设计并合成 2 对 LAMP 特异性引物，建立温氏嗜血支原体 LAMP 检测方法，并采用电泳分析与显色反应双重方式判定结果，试验结果表明，该 LAMP 方法扩增牛附红细胞体阳性样本时，电泳可观察到特征性梯状条带，显色反应呈现绿色荧光（阴性样本无荧光）；敏感性检测显示，其对牛附红细胞体 DNA 的最低检测浓度为 25.6 fg/ μ L；特异性试验证实，该方法对猪附红细胞体、牛新孢子虫、弓形虫、牛瑟氏泰勒虫等对照样本均呈阴性，具有良好的物种特异性。惠瑞卿^[62]选取牛嗜血支原体待定种基因组中 1 段 1 008 bp 的特异性序列（GenBank 登录号：LWUJ01000010.1），构建 pET-32a-CMh 重组质粒作为标准模板，在此基础上建立牛嗜血支原体待定种 LAMP 检测方法，该 LAMP 方法对牛嗜血支原体待定种重组质粒的最低检测阈值为 1.07×10^3 拷贝/ μ L，灵敏度与传统 PCR 方法持平；特异性试验表明，其仅对牛嗜血支原体待定种阳性模板呈阳性反应，与副猪嗜血杆菌、大肠杆菌、链球菌、绵羊嗜血支原体无交叉反应。惠瑞卿^[62]还同步建立牛嗜血支原体待定种重组酶等温扩增-核酸酶切（RAA-nfo）检测方法，该 RAA-nfo 方法对牛嗜血支原体待定种重组质粒的最低检测限为 1.07×10^1 拷贝/ μ L，灵敏度较传统 PCR 方法高 100 倍，显著优于同期建立的 LAMP 方法。

表 1 对牛嗜血支原体检测方法、靶标及敏感性与特异性进行了汇总。

表 1 牛嗜血支原体检测方法、靶标及敏感性与特异性汇总

类型	检测方法	靶基因/抗原	敏感性	特异性
血液染色镜检	姬姆萨染色镜检 ^[9,15]	—	敏感性低于 PCR 等分子生物学方法，低载量感染易漏检	感染红细胞呈蓝紫色星芒状/齿轮状；易受细胞碎片、染料杂质干扰，无法区分其他血液原虫/细菌
	瑞氏染色镜检 ^[9,15]	—	敏感性低于 PCR 等分子生物学方法，低载量感染易漏检	感染红细胞呈蓝紫色星芒状/齿轮状；易受细胞碎片、染料杂质干扰，无法区分其他血液原虫/细菌
	吖啶橙染色荧光镜检 ^[9,15]	—	敏感性、特异性显著高于姬姆萨染色和瑞氏染色	红细胞呈黄绿色，牛嗜血支原体为橙黄色微小球形（依附红细胞或散落）
血清学	双抗体夹心 ELISA ^[39]	温氏嗜血支原体免疫家兔制备 IgG	—	可特异性检测温氏嗜血支原体抗体
	双抗体夹心 ELISA ^[52]	温氏嗜血支原体 114.9、60.6 kDa 纯化抗原蛋白	抗原最低检出量 4.71 μg/mL	可特异性识别目标抗原
	胶体金免疫层析试纸条 ^[53]	温氏嗜血支原体 115 kDa、60 kDa 纯化抗原蛋白	—	可特异性检测温氏嗜血支原体 抗体
分子生物学	常规 PCR ^[39]	温氏嗜血支原体 16S rRNA	—	可区分温氏嗜血支原体 与弓形虫、大肠杆菌、葡萄球菌
	常规 PCR ^[54]	温氏嗜血支原体 16S rRNA	最低可检测 0.145 fg 温氏嗜血支原体 DNA	可特异性检测温氏嗜血支原体，与常见支原体、细菌及原虫无交叉反应
	常规 PCR ^[55]	温氏嗜血支原体 16S rRNA	最低检测限 0.178 fg 温氏嗜血支原体 DNA	仅能扩增温氏嗜血支原体 16S rRNA 基因，与猪肺炎支原体、东方巴贝斯虫等病原无交叉反应
	常规 PCR ^[56]	温氏嗜血支原体 16S rRNA	最低检测质量浓度 13.6 ng/L	仅能扩增温氏嗜血支原体 16S rRNA 基因，与健康牛血液 DNA 及牛无乳链球菌、金黄色葡萄球菌等无交叉反应
	常规 PCR ^[57]	温氏嗜血支原体 <i>polC</i>	最低检测阈值 1.7 × 10 ⁶ 个/mL 温氏嗜血支原体基因组拷贝	对温氏嗜血支原体具有极高特异性，无法检测其他反刍动物来源支原体
	荧光定量 PCR ^[36]	温氏嗜血支原体 16S rRNA；牛嗜血支原体待定种 16S rRNA	最低检测限约 1 个/反应 16S rRNA 基因拷贝	可区分目标菌株与犬嗜血支原体、猫嗜血支原体和肺炎支原体等支原体
	荧光定量 PCR ^[58]	温氏嗜血支原体 <i>gapN</i> ；牛嗜血支原体待定种 <i>gapN</i>	最低检测限 0.45 fg/反应质粒 DNA	可特异性识别温氏嗜血支原体与牛嗜血支原体待定种
	单管套式 PCR ^[59]	温氏嗜血支原体 16S rRNA	最小检测量 1.22 fg/μL 标准模板 DNA	仅特异性识别温氏嗜血支原体，无法扩增牛瑟氏泰勒虫、新孢子虫、布氏杆菌及牛无乳链球菌基因片段
	LAMP ^[60]	温氏嗜血支原体 16S rRNA	可检测 10 ¹² 倍稀释阳性样本，灵敏度较传统 PCR 高 100 倍	仅特异性识别温氏嗜血支原体，对环形泰勒虫、牛巴贝斯虫等常见寄生虫及健康牛血液样本呈阴性
	LAMP ^[61]	温氏嗜血支原体 16S rRNA	最低检测浓度 25.6 fg/μL 温氏嗜血支原体 DNA	仅特异性识别温氏嗜血支原体，对猪嗜血支原体、牛新孢子虫、弓形虫等无交叉反应
	LAMP ^[62]	牛嗜血支原体待定种 1 008 bp 特异性序列	最低检测阈值 1.07 × 10 ³ 拷贝/μL 重组质粒，灵敏度与传统 PCR 持平	仅对牛嗜血支原体待定种阳性模板呈阳性反应，副猪嗜血杆菌、大肠杆菌、链球菌、绵羊嗜血支原体呈阴性反应
	RAA-nfo ^[62]	牛嗜血支原体待定种 1 008 bp 特异性序列	最低检测限 1.07 × 10 ¹ 拷贝/μL 重组质粒，灵敏度较传统 PCR 高 100 倍	仅对牛嗜血支原体待定种阳性模板呈阳性反应，与副猪嗜血杆菌、大肠杆菌、链球菌、绵羊嗜血支原体呈阴性反应

注：—表示无此项。

5 治疗

目前，临床上尚未建立能彻底清除牛嗜血支原体感染的标准化治疗方案，现有治疗手段以抗生素干预为主，核心目标是降低病原体载量、缓解临床症状，但不同药物及治疗方案的疗效存在显著差异。四环素类抗生素（以土霉素为代表）是当前临床治疗有症状牛嗜血支原体感染的常用药物，尽管缺乏大样本量的疗效验证数据，但多项临床个案研究为其应用提供了参考，同时也暴露了疗效的不确定性。Montes 等^[6]针对 1 头因温氏嗜血支原体感染引发生殖障碍的公牛，采用土霉素进行治疗。治疗后监测结果显示，病牛的贫血症状与组织水肿逐渐消退，治疗 3 d 后血液涂片镜检未发现温氏嗜血支原体；持续跟踪 6 个月后，病牛体况检查结果正常，精子质量评估指标恢复至正常水平，表明土霉素在该案例中实现了良好的临床治愈效果。Genova 等^[45]对 1 头 10 岁、体重 488 kg 的安格斯牛（因温氏嗜血支原体感染引发严重贫血）实施土霉素治疗。治疗前检测显示，病牛受感染红细胞比例高达 57%，血液背景中存在大量游离病原体；治疗 7 d 后复查，受感染红细胞比例降至 5%，且血液背景中未观察到游离病原体，提示土霉素可有效降低温氏嗜血支原体载量，缓解贫血症状。但是 Gladden 等^[46]报道 1 例温氏嗜血支原体感染导致溶血性贫血的泌乳期荷斯坦奶牛，采用土霉素治疗后，病牛虽在治疗前期出现行为状态、血液学指标及生化指标的初步改善，但未能持续好转；治疗约 3 周后，病牛出现行为恶化（如活动量减少、食欲废绝），伴随咳嗽加重与持续性心动过速，最终因病情无法控制而实施安乐死。上述案例表明，土霉素治疗牛嗜血支原

体感染的临床效果存在显著差异性，因此，亟需设计多中心、大样本量的随机对照临床试验，系统评估土霉素用于有症状牛嗜血支原体感染的疗效及适用条件。

除四环素类药物外，研究人员还针对磺胺类、三氮唑类、头孢类及咪唑类等抗生素开展了牛嗜血支原体感染治疗试验，部分药物展现出一定的临床应用潜力。李玉文等^[63]在河北省某奶牛场开展大规模药物治疗试验，对 102 头确诊为牛嗜血支原体感染的病牛，分别采用不同药物进行治疗，并以青霉素、链霉素作为对照组，结果显示：尼克苏（主要成分为磺胺间甲氧嘧啶钠）、贝尼尔（三氮唑）、头孢多烯对奶牛附红细胞体病（即牛嗜血支原体感染）的治疗有效率为 60%~75%，治愈率为 30%~50%，显著优于对照组（青霉素、链霉素的治疗有效率为 12%~20%，治愈率为 0~7.14%）；进一步分析发现，上述有效药物的治疗效果与感染阶段密切相关：仅在感染早期（发病前 1~2 d）用药时可获得理想疗效，若发病 3~4 d 后再实施治疗，效果显著欠佳，提示早期诊断与及时用药是提升治疗成功率的关键。高光平^[64]通过体内外试验，评估了多种药物对温氏嗜血支原体的杀灭效果，结果表明：咪唑苯脲与磷酸伯氨喹在体外试验中均能有效抑制温氏嗜血支原体增殖，体内试验也可降低病牛病原体载量、缓解临床症状；综合对比治疗效果与毒副作用，磷酸伯氨喹的温氏嗜血支原体清除效率更高，且对病牛肝肾功能、血液学指标的不良影响更小，整体疗效与安全性均优于咪唑苯脲，有望成为牛嗜血支原体感染治疗的备选药物。表 2 对已报道牛嗜血支原体的治疗方法的治疗效果和局限性进行了归纳总结。

表 2 已报道牛嗜血支原体的治疗方法的治疗效果和局限性

药物	治疗效果	局限性	文献
土霉素	可降低病原体载量、缓解贫血；无统一有效率/治愈率数据	疗效差异显著，部分病例治疗无效；缺乏大样本验证	[6, 45~46]
磺胺间甲氧嘧啶钠（尼克苏）+头孢多烯	成年重度感染牛治疗有效率 60%，治愈率 30%	早期治疗效果较好，但发病 3~4 d 后用药效果显著欠佳	[63]
磺胺间甲氧嘧啶钠（尼克苏）	13~14 月龄牛治疗有效率 75%，治愈率 35%	早期治疗效果较好，但发病 3~4 d 后用药效果显著欠佳	[63]
三氮唑（贝尼尔）	6~8 月龄牛治疗有效率 70%，治愈率 50%	早期治疗效果较好，但发病 3~4 d 后用药效果显著欠佳	[63]
咪唑苯脲	体外可抑制病原体增殖，体内能降低载量、缓解症状	可能对奶牛肝脏功能和红细胞有较大的损害	[64]
磷酸伯氨喹	体外抑制增殖效果佳，体内清除效率高	可能对奶牛肝脏功能和红细胞有较大的损害	[64]
青霉素+链霉素	治疗有效率 12%~20%，治愈率 0~7.14%	疗效差，对牛嗜血支原体感染治疗价值有限	[63]

6 展望

经过多年的研究,在牛嗜血支原体的病原学特征、流行病学规律、临床症状表现、检测技术研发以及治疗方法探索等方面取得了显著进展。

然而,当前牛嗜血支原体的研究仍存在诸多难题。首先,嗜血支原体需要在宿主红细胞表面才可完成其发育和繁殖过程,这导致其体外培养难度较大,无法大量获取病原,制约了该病的传播机制、致病机制以及诊断、防治等方面研究。其次,虽然已有的研究结果表明牛嗜血支原体存在几种可能的传播途径,如吸血性节肢动物传播、血源性传播及垂直传播,但目前仍缺乏更加直接、严谨的结果证实上述途径,不能给该病有效防控策略的制定提供理论支持。第三,诊断方面,虽然PCR、荧光定量PCR、LAMP等检测方法虽具备良好的特异性和敏感性,但目前上述检测方法可用的商品化产品较少,且受成本、操作条件等因素限制,难以在基层广泛应用。第四,治疗方面,虽然部分抗生素和抗原虫药对该病具有一定的治疗效果,但上述治疗方案的疗效存在差异,并且未研发出特异性的嗜血支原体病治疗药物,这给该病的临床治疗带来了挑战。

未来,可通过对嗜血支原体的生存和繁殖机制等进行更为深入的研究,以了解其营养和环境等方面的需求,进而针对性地为其提供所需的体外培养条件,突破嗜血支原体体外培养瓶颈,为该病原的基础研究以及诊断、防治方法的研发奠定基础。同时,还需研发适用于养殖一线的高效、特异的牛嗜血支原体检测方法,提升该病检测的准确性、经济性与时效性。此外,还应同步开展牛嗜血支原体病的特效防治药物以及疫苗等新型防控方法的研究,为该病的防治工作提供更有效的技术手段。

参考文献:

- [1] Kim Y, Kim H, Choi J H, et al. Preliminary report of *Mycoplasma wenyonii* and *Candidatus Mycoplasma haemobos* infection in Korean native cattle [J]. BMC Vet Res, 2024, 20 (1): 121.
- [2] de Souza Ferreira L, Bolin S, Abuelo A, et al. Apparent prevalence of hemotropic *Mycoplasma* in dairy calves and replacement heifers on Michigan farms [J]. J Dairy Sci, 2024, 107 (7): 4987-5000.
- [3] Adler S, Ellenbogen V. A note on two new blood parasites of cattle, *Eperythrozoon* and *Bartonella* [J]. J Comp Pathol Ther, 1934, 47: 219-221.
- [4] Tagawa M, Matsumoto K, Inokuma H. Molecular detection of *Mycoplasma wenyonii* and 'Candidatus *Mycoplasma haemobos*' in cattle in Hokkaido, Japan [J]. Vet Microbiol, 2008, 132 (1/2): 177-180.

- [5] Smith J A, Thrall M A, Smith J L, et al. *Eperythrozoon wenyonii* infection in dairy cattle [J]. J Am Vet Med Assoc, 1990, 196 (8): 1244-1250.
- [6] Montes A J, Wolfe D F, Welles E G, et al. Infertility associated with *Eperythrozoon wenyonii* infection in a bull [J]. Javma, 1994, 204 (2): 261-263.
- [7] Messick J B. Hemotrophic mycoplasmas (hemoplasmas): a review and new insights into pathogenic potential [J]. Vet Clin Pathol, 2004, 33 (1): 2-13.
- [8] Schilling V. *Eperythrozoon coccoides*, eine neue durch splenektomie aktivierbare dauerinfektion der weissen maus [J]. Klin Wochenschr, 1928, 7 (39): 1853-1855.
- [9] 布坎南. 伯杰细菌鉴定手册 [M]. 中国科学院微生物研究所《伯杰细菌鉴定手册》译组, 译. 8版. 北京: 科学出版社, 1984.
- [10] Neimark H, Kocan K M. The cell wall-less rickettsia *Eperythrozoon wenyonii* is a *Mycoplasma* [J]. FEMS Microbiol Lett, 1997, 156 (2): 287-291.
- [11] 李国兰, 杨玉芝, 郭岭, 等. 附红细胞体研究进展 [J]. 中国病原生物学杂志, 2008, 3 (8): 629-630.
- [12] dos Santos A P, Guimaraes A M, do Nascimento N C, et al. Complete genome sequence of *Mycoplasma wenyonii* strain Massachusetts [J]. J Bacteriol, 2012, 194 (19): 5458-5459.
- [13] Martínez-Ocampo F, Rodríguez-Camarillo S D, Amaro-Estrada I, et al. Draft genome sequence of "Candidatus *Mycoplasma haemobos*," a hemotropic *Mycoplasma* identified in cattle in Mexico [J]. Genome Announc, 2016, 4 (4): e00656-16.
- [14] Quiroz-Castañeda R E, Martínez-Ocampo F, Dantán-González E. Draft genome sequence of *Mycoplasma wenyonii*, a second hemotropic *Mycoplasma* species identified in Mexican bovine cattle [J]. Microbiol Resour Announc, 2018, 7 (9): e00875-18.
- [15] 华修国, 陈士友, 李宏全. 动物附红细胞体形态结构的研究 [J]. 上海农学院学报, 1998 (3): 184-188.
- [16] Aktas M, Ozubek S. A molecular survey of small ruminant hemotropic mycoplasmosis in Turkey, including first laboratory confirmed clinical cases caused by *Mycoplasma ovis* [J]. Vet Microbiol, 2017, 208: 217-222.
- [17] Hornok S, Sugár L, Fernández de Mera I G, et al. Tick- and fly-borne bacteria in ungulates: the prevalence of *Anaplasma phagocytophilum*, haemoplasmas and rickettsiae in water buffalo and deer species in Central Europe, Hungary [J]. BMC Vet Res, 2018, 14 (1): 98.
- [18] 王鹏, 赵彦岭, 张富梅. 温氏支原体感染动物模型的建立 [J]. 畜牧与兽医, 2011, 43 (8): 22-25.
- [19] Hii S F, Traub R J, Thompson M F, et al. Canine tick-borne pathogens and associated risk factors in dogs presenting with and without clinical signs consistent with tick-borne diseases in northern Australia [J]. Aust Veterinary J, 2015, 93 (3): 58-66.
- [20] Hii S F, Kopp S R, Thompson M F, et al. Canine vector-borne disease pathogens in dogs from south-east Queensland and north-east Northern Territory [J]. Aust Vet J, 2012, 90 (4): 130-135.
- [21] Happi A N, Toepf A J, Ugwu C A, et al. Detection and identification of blood-borne infections in dogs in Nigeria using light microscopy and the polymerase chain reaction [J]. Vet Parasitol Reg

- Stud Reports, 2018, 11: 55–60.
- [22] Shi H, Hu Y, Leng C, et al. Molecular investigation of “*Candidatus Mycoplasma haemobos*” in goats and sheep in Central China [J]. Transbound Emerg Dis, 2019, 66 (1): 22–27.
- [23] dos Santos A P, dos Santos R P, Biondo A W, et al. Hemoplasma infection in HIV-positive patient, Brazil [J]. Emerg Infect Dis, 2008, 14 (12): 1922–1924.
- [24] Maggi R G, Compton S M, Trull C L, et al. Infection with hemotropic *Mycoplasma* species in patients with or without extensive arthropod or animal contact [J]. J Clin Microbiol, 2013, 51 (10): 3237–3241.
- [25] Yuan C L, Liang A B, Yao C B, et al. Prevalence of *Mycoplasma suis* (*Eperythrozoon suis*) infection in swine and swine-farm workers in Shanghai, China [J]. Am J Vet Res, 2009, 70 (7): 890–894.
- [26] Hofmann-Lehmann R, Meli M L, Dreher U M, et al. Concurrent infections with vector-borne pathogens associated with fatal hemolytic anemia in a cattle herd in Switzerland [J]. J Clin Microbiol, 2004, 42 (8): 3775–3780.
- [27] Mohd Hasan L I, Kho K L, Koh F X, et al. Molecular evidence of hemoplasmas in Malaysian cattle and ticks [J]. Trop Biomed, 2017, 34 (3): 668–674.
- [28] Stevanović O, Jurković D, Polkinghorne A, et al. Molecular detection of *Babesia divergens* and *Mycoplasma wenyonii* infection in cattle from Bosnia And Herzegovina [J]. Parasitol Res, 2020, 119 (4): 1423–1427.
- [29] Hornok S, Micsutka A, Meli M L, et al. Molecular investigation of transplacental and vector-borne transmission of bovine haemoplasmas [J]. Vet Microbiol, 2011, 152 (3/4): 411–414.
- [30] Shi H, Duan L, Liu F, et al. *Rhipicephalus* (*Boophilus*) *Microplus* ticks as reservoir and vector of ‘*Candidatus Mycoplasma haemobos*’ in China [J]. Vet Parasitol, 2019, 274: 108929.
- [31] Fujihara Y, Sasaoka F, Suzuki J, et al. Prevalence of hemoplasma infection among cattle in the western part of Japan [J]. J Vet Med Sci, 2011, 73 (12): 1653–1655.
- [32] De Souza Ferreira L, Ruegg P L. Graduate student literature review: hemotropic mycoplasmas in cattle [J]. J Dairy Sci, 2024, 107 (5): 3185–3196.
- [33] Niethammer F M, Ade J, Hoelzle L E, et al. Hemotropic *Mycoplasma* in Simmental cattle in Bavaria: prevalence, blood parameters, and transplacental transmission of ‘*Candidatus Mycoplasma haemobos*’ and *Mycoplasma wenyonii* [J]. Acta Vet Scand, 2018, 60 (1): 74.
- [34] Giroto-Soares A, Soares J F, Bogado A L G, et al. ‘*Candidatus Mycoplasma haemobos*’: transplacental transmission in dairy cows (*Bos taurus*) [J]. Vet Microbiol, 2016, 195: 22–24.
- [35] 郎平. 新疆南疆奶牛嗜血支原体的分子检测与种类鉴定 [D]. 阿拉尔: 塔里木大学, 2021.
- [36] Meli M L, Willi B, Dreher U M, et al. Identification, molecular characterization, and occurrence of two bovine hemoplasma species in Swiss cattle and development of real-time TaqMan quantitative PCR assays for diagnosis of bovine hemoplasma infections [J]. J Clin Microbiol, 2010, 48 (10): 3563–3568.
- [37] Nishizawa I, Sato M, Fujihara M, et al. Differential detection of hemotropic *Mycoplasma* species in cattle by melting curve analysis of PCR products [J]. J Vet Med Sci, 2010, 72 (1): 77–79.
- [38] Ybañez A P, Ybañez R H D, Armonia R K M, et al. First molecular detection of *Mycoplasma wenyonii* and the ectoparasite biodiversity in dairy water buffalo and cattle in Bohol, Philippines [J]. Parasitol Int, 2019, 70: 77–81.
- [39] 王健. 温氏附红细胞体对牛血液生化指标的影响及双抗体夹心 ELISA、PCR 诊断方法的建立 [D]. 保定: 河北农业大学, 2006.
- [40] 闫振贵, 李刘慧, 殷韶杰, 等. 鲁西南地区奶牛中嗜血支原体病的流行病学调查 [J]. 中国预防兽医学报, 2015, 37 (2): 110–113.
- [41] 李鸿斌. 对甘肃省陇西县奶牛附红细胞体病的流行规律及治疗研究 [J]. 中兽医学杂志, 2017 (1): 83.
- [42] Tagawa M, Ybanez A P, Matsumoto K, et al. Prevalence and risk factor analysis of bovine hemoplasma infection by direct PCR in Eastern Hokkaido, Japan [J]. J Vet Med Sci, 2012, 74 (9): 1171–1176.
- [43] Yuan C, Ying H, Zhang Z, et al. Prevalence of *Mycoplasma wenyonii* infection on seven dairy farms in Shanghai, China [J]. Thai J Vet Med, 2011, 41 (2): 179–184.
- [44] Hoelzle K, Winkler M, Kramer M M, et al. Detection of *Candidatus Mycoplasma haemobos* in cattle with anaemia [J]. Vet J, 2011, 187 (3): 408–410.
- [45] Genova S G, Streeter R N, Velguth K E, et al. Severe anemia associated with *Mycoplasma wenyonii* infection in a mature cow [J]. Can Vet J, 2011, 52 (9): 1018–1021.
- [46] Gladden N, Haining H, Henderson L, et al. A case report of *Mycoplasma wenyonii* associated immune-mediated hemolytic anaemia in a dairy cow [J]. Ir Vet J, 2015, 69: 1.
- [47] Sharifiyazdi H, Abbaszadeh Hasiri M, Amini A H. Intravascular hemolysis associated with *Candidatus Mycoplasma hematoparvum* in a non-splenectomized dog in the south region of Iran [J]. Vet Res Forum, 2014, 5 (3): 243–246.
- [48] 尹德晶, 陈静, 杨鹏, 等. 牛支原体与附红细胞体混合感染病例的实验室诊断 [J]. 贵州畜牧兽医, 2021, 45 (2): 50–51.
- [49] 赵超, 郭小江, 冯孝傲, 等. 牛支原体与附红细胞体混合感染病例的实验室诊断 [J]. 贵州畜牧兽医, 2022, 46 (4): 67–68.
- [50] 郑丽艳, 张衍俊, 常维山. 附红细胞体病瑞氏、姬姆萨、吡啶橙染色法及 PCR 检测法的比较研究 [J]. 中国人兽共患病学报, 2006, 22 (3): 243–245.
- [51] Ritzmann M, Grimm J, Heinritz K, et al. Prevalence of *Mycoplasma suis* in slaughter pigs, with correlation of PCR results to hematological findings [J]. Vet Microbiol, 2009, 133 (1/2): 84–91.
- [52] 李子平. 牛附红细胞体特异性抗原制备及双抗体夹心 ELISA 诊断方法的建立 [D]. 北京: 中国农业科学院, 2010.
- [53] Zhao Y, Ren Z, Kang Q, et al. Development of an antigen specific colloidal gold immunochromatographic assay for detection of antibody to *M. wenyonii* in bovine sera [J]. J Microbiol Meth, 2017, 143: 58–62.
- [54] 陈明, 黄维义, 张为宇, 等. 奶牛附红细胞体的分类鉴定及诊断方法的建立 [J]. 中国兽医杂志, 2006, 42 (1): 3–7.
- [55] 李树清, 杜凯, 胡永强, 等. 温氏附红细胞体病 PCR 诊断方法的建立及其应用 [J]. 华中农业大学学报, 2007, 26 (6): 817–821.

[56] 侯玉慧, 邬生力, 蔡渭明, 等. 牛附红细胞体病 PCR 诊断方法的建立 [J]. 中国兽医学报, 2009, 29 (8): 1019-1022.

[57] Nouvel L X, Hygonenq M C, Catays G, et al. First detection of *Mycoplasma wenyonii* in France: identification, evaluation of the clinical impact and development of a new specific detection assay [J]. Comp Immunol Microbiol Infect Dis, 2019, 63: 148-153.

[58] Ade J, Niethammer F, Schade B, et al. Quantitative analysis of *Mycoplasma wenyonii* and ‘Candidatus *Mycoplasma haemobos*’ infections in cattle using novel gapN-based realtime PCR assays [J]. Vet Microbiol, 2018, 220: 1-6.

[59] 邢莹, 郑秀红, 贾立军, 等. 牛附红细胞体单管套式 PCR 检测方法的建立 [J]. 畜牧与兽医, 2011, 43 (4): 15-18.

[60] Song Q, Wang L, Fang R, et al. Detection of *Mycoplasma wenyonii* in cattle and transmission vectors by the loop-mediated isothermal amplification (LAMP) assay [J]. Trop Anim Heal Prod, 2012, 45 (1): 247-250.

[61] 郑秀红, 甄立家, 邢莹, 等. 牛附红细胞体 LAMP 检测方法的建立 [J]. 中国畜牧兽医, 2011, 38 (4): 109-112.

[62] 惠瑞卿. 牛新型嗜血支原体 RAA-nfo 检测方法和 LAMP 检测方法的建立 [D]. 南阳: 南阳师范学院, 2024.

[63] 李玉文, 李彬, 秦建华, 等. 奶牛附红细胞体病的流行病学调查及治疗研究 [J]. 中国奶牛, 2007 (11): 38-40.

[64] 高光平. 温氏附红细胞体体外培养、药物筛选及疾病治疗的试验研究 [D]. 青岛: 青岛农业大学, 2007.

• 信息 •

聚力换届启新程 智研期刊新发展

——中国畜牧兽医学会期刊编辑学分会第九次会员代表大会暨
2026 年畜牧兽医科技期刊发展研讨会圆满落幕

金秋送爽，聚力赋能。2026 年 9 月 10—12 日，由中国畜牧兽医学会期刊编辑学分会（以下简称“分会”）主办，延边大学农学院承办，吉林省畜牧兽医学会、吉林农业大学期刊中心、《中国兽医学报》编辑部、长白山科学研究院协办的“中国畜牧兽医学会期刊编辑学分会第九次会员代表大会暨 2026 年畜牧兽医科技期刊发展研讨会”在吉林省延边朝鲜族自治州延吉市顺利召开。

本次会议旨在稳妥推进分会理事会换届工作，深入研讨新时代畜牧兽医科技期刊高质量发展实施路径。会议设置八届九次常务理事会、第九次会员代表大会暨理事会换届选举、专题学习、期刊发展研讨会、科技期刊“进大学”、科研产业调研、红色践学等多项议程。本次会议议程充实、务实高效，顺利完成学会换届、行业研讨、刊校对接、诚信建设等多项核心任务，既梳理了过往成果、明确了未来方向，也为全国畜牧兽医科技期刊搭建了高效的学习交流、资源互通平台。来自全国畜牧兽医科技期刊领域的代表、延边大学农学院师生等 70 余人齐聚延边。与会人员纷纷表示，本次会议直击行业发展痛点、贴合期刊工作实际，收获颇丰、备受启发。未来，分会将持续凝聚行业力量、深耕学术出版、创新发展模式，进一步推动畜牧兽医科技期刊专业化、精品化、智能化发展，全力助力我国畜牧兽医行业科技创新与产业升级。

中国畜牧兽医学会期刊编辑学分会