

徐磊, 白俊杰, 李胜杰, 等. 生长相关优势基因型在大口黑鲈‘优鲈1号’选育世代中的聚合[J]. 华南农业大学学报, 2014, 35(1): 7-11.

生长相关优势基因型在大口黑鲈‘优鲈1号’ 选育世代中的聚合

徐磊^{1,2}, 白俊杰¹, 李胜杰¹, 孙成飞¹

(1 中国水产科学研究院珠江水产研究所/农业部热带亚热带水产资源利用与养殖重点实验室, 广东广州510380; 2 上海海洋大学水产与生命学院, 上海201306)

摘要:【目的】以先前研究所获得的8个与大口黑鲈生长性状相关的分子标记为检测目标,分析其优势基因型在大口黑鲈选育群体中的分布数量,探索生长相关分子标记应用于大口黑鲈基因聚合育种的潜在可行性。【方法】采用STR基因分型技术对大口黑鲈‘优鲈1号’F2、F3、F5和F6选育群体的生长标记基因型进行检测,8个生长标记中含有4个单核苷酸多态性位点(分别位于*IGF-I*、*POU1F1*、*PSS III*和*MSTN*基因上)和4个微卫星位点(分别是*JZL60*、*JZL67*、*MisaTpw76*和*MisaTpw117*)。【结果和结论】试验鱼所含优势基因型的数量为0~6个,F2、F3、F5和F6选育群体中优势基因型的分子标记平均数量依次为2.12、2.70、2.90和3.08,呈现逐代递增趋势;优势基因型的分子标记数量与大口黑鲈生长速度呈同步递增趋势,说明人工选育在一定程度上聚合了优势基因。

关键词:优势基因型;聚合;STR;基因分型;大口黑鲈;选育

中图分类号:S917

文献标志码:A

文章编号:1001-411X(2014)01-0007-05

Pyramiding of growth-related genotypes in generations of the largemouth bass, *Micropterus salmoides*, ‘Youlu No. 1’

XU Lei^{1,2}, BAI Junjie¹, LI Shengjie¹, SUN Chengfei¹

(1 Pearl River Fisheries Research Institute, Chinese Academy of Fishery Sciences/Key Laboratory of Tropical & Subtropical Fishery Resource Application & Cultivation, Ministry of Agriculture, Guangzhou 510380, China;

2 College of Fisheries and Life Science, Shanghai Ocean University, Shanghai 201306, China)

Abstract:【Objective】Eight molecular markers related to growth traits were detected in the different breeding populations of largemouth bass, which had been found by previous studies. This would provide useful information for the actual application of limited growth markers in gene pyramiding breeding of largemouth bass. 【Method】Using the technology of STR genotyping, genotype of 8 growth markers in the F2, F3, F5 and F6 generations of largemouth bass (*Micropterus salmoides*), ‘Youlu No. 1’ were detected and the number of advantage genotypes was analyzed. The growth markers included four sites of single nucleotide polymorphism located in *IGF-I*, *POU1F1*, *PSS III* and *MSTN* gene and four sites of microsatellite: *JZL60*, *JZL67*, *MisaTpw76* and *MisaTpw117*. 【Result and conclusion】The number of advantage genotypes was 0–6 in the tested fishes. The average number was 2.12, 2.70, 2.90 and 3.08 in F2, F3, F5 and F6 generations, respectively, presenting an increasing trend with each generation. The number of the advantage genotypes increased synchronously with the growth rate of the breeding large-

收稿日期:2013-03-29 优先出版时间:2013-11-07

优先出版网址: <http://www.cnki.net/kcms/detail/44.1110.S.20131107.1500.005.html>

作者简介:徐磊(1987—),男,硕士研究生,E-mail:xlkuale@126.com;通信作者:白俊杰(1957—),男,研究员,硕士,E-mail:jjbai@163.net

基金项目:国家自然科学基金(31201985);公益性行业(农业)科研专项(200903045);国家科技支撑计划(2012BAD26B03)

mouth bass in different populations. This means that the artificial selection has polymerized the advantage genotype to some extent.

Key words: advantage genotype; enrichment; STR; genotyping; *Micropterus salmoides*; breeding

分子标记辅助选择 (Marker associated selection, MAS) 是利用分子标记在基因水平上对选择个体进行筛选, 提高了选择育种的准确性与效率^[1]. 近年来随着生物技术的快速发展, 使基于分子标记的数量性状位点 (Quantitative trait locus, QTL) 的分子标记辅助育种技术成为现实. 鱼类的生长性状属于数量性状, 是育种研究的一个重要指标, 目前已经有研究报道了与生长相关的各种类型分子标记, 如: 黑龙江水产研究所对鲤鱼体长性状的研究发现有 3 个基因位点 *HLJ534*、*HLJ370*、*HLJ319* 可能与鲤鱼生长相关^[2]. 珠江水产研究所对草鱼生长性状的研究发现有 1 个生长性状的候选 SNP 标记^[3], 有待于将分子标记辅助育种在实践中实现应用.

基因聚合最早由 Yadav 等^[4] 在研究芥菜抗病和抗逆性状改良时提出, 许多研究者尝试开展数量性状的基因聚合研究, 期望通过基因聚合技术加快育种进程. 对风湿性关节炎性状的研究中发现, 与抗病相关的 SNP 标记优势基因型聚合的人, 患病几率较低^[5]. 对鸡的肌肉脂肪含量的性状研究发现, 优势基因型聚合个体的肌肉脂肪含量明显较高^[6]. 于吉英等^[7] 和李国辉等^[8] 对鸡产蛋以及 Li 等^[9] 对波尔山羊产仔性状的研究中均发现优势基因型聚合对性状改良有促进作用. 目前关于生长相关基因聚合的研究鲜见报道, 在中国美利奴羊^[10] 和淮猪^[11] 的研究中显示, 与生长性状关联的优势基因型聚合程度越高, 性状表现越优良; 孙效文等^[12] 研究发现 10 尾极大个体中含有的生长相关优势基因型的数量要多于 10 尾极小个体. 珠江水产研究所/农业部热带亚热带水产资源利用与养殖重点实验室已经获得大口黑鲈 *Micropterus salmoides* 8 个生长相关分子标记, 与生长呈显著或极显著相关, 其中 4 个单核苷酸多态性 (Single nucleotide polymorphisms, SNPs) 位点分别位于胰岛素样生长因子- I (Insulin-like growth factor-I) 5' 侧翼区域^[13]、垂体特异性转录因子 (Pituitary specific transcription factor1) 启动子、生长抑素前体 (Preprosomatostatin) 启动子^[14] 和肌肉生长抑制素 (Myostatin)^[15] 基因上, 4 个微卫星 DNA 位点分别为 *JZL60*、*JZL67*、*MisaTpw76* 和 *MisaTpw117*^[16], 有必要探索它们的聚合效应, 进而对其有更好的利用.

大口黑鲈自 20 世纪 80 年代被引入我国, 已成

为主要的淡水经济养殖品种之一. 针对大口黑鲈养殖群体出现的种质退化问题^[17], 中国水产科学研究院珠江水产研究所经多年选育, 培育出生长性状改良的优良养殖品种‘优鲈 1 号’, 已通过全国水产原种和良种审定委员会审定. ‘优鲈 1 号’比普通养殖大口黑鲈生长速度提高 17.8% ~ 25.3%^[18]. 本研究利用已经获得的 8 个大口黑鲈生长性状相关的分子标记来分析大口黑鲈选育世代含有的优势基因型的变化规律, 研究结果可以为下一步生长性状相关标记的聚合选育提供理论依据.

1 材料与方法

1.1 试验材料

大口黑鲈‘优鲈 1 号’是被审定的国家级养殖新品种, 试验所用的大口黑鲈选育鱼 F6 取自珠江水产研究所良种基地, F2、F3 和 F5 均来源于珠江水产研究所, 农业部热带亚热带水产资源利用与养殖重点实验室已保存样本. 从选育群体的 F2、F3、F5 和 F6 中各随机选择 30 尾成鱼取尾鳍组织, 提取样品基因组 DNA (在连续选育过程中, 前一代群体为后一代群体的亲本). 各个位点 PCR 反应所用的引物均为生工生物工程 (上海) 股份有限公司产品, 并用荧光进行标记 (表 1). TIANamp Genomic DNA Kit 为天根生化科技 (北京) 有限公司产品. *Taq* DNA 聚合酶, Buffer 和 dNTP 为华美生物工程公司产品. 限制性内切酶 *TaqI*、*BsrBI* 和 *AluI* 为 Fermentas 公司产品.

1.2 方法

1.2.1 基因组 DNA 的提取 按照天根生化科技 (北京) 有限公司试剂盒说明书提取大口黑鲈鳍条组织的总 DNA. 8 g/L 的琼脂糖凝胶电泳和分光光度计检测 DNA 质量和浓度, 保存于 -20 °C 条件下备用.

1.2.2 PCR 扩增 在 PCR 扩增之前, 引物用 FAM、ROX 或 HEX 荧光来进行标记. PCR 反应总体积为 20 μL, 含有 10 × Buffer 2.0 μL, MgCl₂ (25 mmol/L) 0.8 μL; dNTP (10 μmol/L) 0.4 μL; 上下游引物 (20 μmol/L) 各 0.4 μL; 基因组 DNA (40 ng) 1 μL; dd H₂O 15.0 μL, *Taq* 酶 (上海申能博彩生物科技有限公司) 1 U. PCR 扩增程序: 94 °C 预变性 4 min; 然后 94 °C 变性 30 s, 48 ~ 63 °C 退火 30 s, 72 °C 延伸 30 s, 32 个循环; 最后 72 °C 再延伸 10 min.

表 1 大口黑鲈生长性状相关分子标记引物信息
Tab.1 Primers of growth-related markers of largemouth bass

引物	序列(5'→3')	片段长度/bp	最适退火温度/°C	荧光
<i>MSTN C-1453T F</i>	CAAAGGAATAGTCTGCCTCATATC	220	57	FAM
<i>MSTN C-1454T R</i>	GGCAGGCGAAAGAAATGAGTA			
<i>MSTN T+33C F</i>	GCCTATCAGTGTGGACATTAA	412	57	FAM
<i>MSTN T+34C R</i>	GTTTCTATTGGGCTGTTGGCGG			
<i>IGF-I -632 F</i>	ATCTGAAATAGGCTAGGTC	260	55	HEX
<i>IGF-I -632 R</i>	CTCTATGTCACCAGTGTGC			
<i>PSS III -101 F</i>	CCTTCTGGATCTCTGGCTAG	118	53	HEX
<i>PSS III -101 R</i>	AGGTGACGGACCAGAGACTAC			
<i>POUIF1-18 F</i>	GATAAAAGTAAGACTAAACACAAGC	210	52	ROX
<i>POUIF1-18 R</i>	CATTCTTCTCAGCCCCGCT			
<i>JZL60 F</i>	AGTTAACCCGCTTTGTGCTG	227	60	FAM
<i>JZL60 R</i>	GAAGGCGAAGAAGGGAGAGT			
<i>JZL67 F</i>	CCGCTAATGAGAGGGAGACA	266	60	HEX
<i>JZL67 R</i>	ACAGACTAGCGTCAGCAGCA			
<i>MisaTpw76 F</i>	ACACAGTGTCACTTCTGCA	268	48	FAM
<i>MisaTpw76 R</i>	GTGAATACCTCAGCAAGCAT			
<i>MisaTpw117 F</i>	TGTGAAAGGCACAACACAGCCTGC	220	55	HEX
<i>MisaTpw117 R</i>	ATCGACCTGCAGACCAGCAACT			

1.2.3 扩增产物检测 短串联重复序列(Short tandem repeat,简称 STR)基因分型委托生工生物工程(上海)股份有限公司完成,使用DYY-8型稳压稳流电泳仪(上海琪特分析仪器有限公司)、凝胶成像系统(Gene Genius公司)和3730XL测序分析仪(美国ABI公司)进行STR序列分析,根据每个扩增条带的相对分子质量的差异性,判断每尾鱼中各个位点的基因型.其中4个微卫星位点和IGF-I基因上片段缺失的突变位点直接用STR基因分型技术分析基因型,位于POUIF1、PSS III和MSTN基因上的3个SNP位点分别需要经过限制性内切酶Taq I、BsrB I和Alu I酶切后再使用STR基因分型.

1.2.4 统计指标 通过STR基因分型技术确定每个个体在各个位点的基因型,计算出每个世代选育群体中每一个位点上的优势基因型的频率(x)和各个选育世代中优势基因型的平均数量和分布.各个世代中优势基因型的数量计算公式: $\bar{x} = \sum x_i f_i / \sum f_i$.式中, \bar{x} 为8个优势基因型的平均数量; x_i 为第i个优势基因型频率; f_i 为第i个优势基因型所对应的大口黑鲈检测数量.

2 结果

2.1 优势基因型的分子标记的检测

试验采用STR基因分型技术对大口黑鲈8个生长相关分子标记进行检测,结果显示:随人工选育的

推进,F2、F3、F5和F6中,只含有2个优势基因型的分子标记的个体数量逐渐减少,而含有4个优势基因型的分子标记的个体数量逐渐增多(表2).在F2、F3和F5中,每个优势基因型频率的分析结果显示,除PSS III和POUIF1优势基因型的频率有波动之外,其他优势基因型的频率是逐渐升高的(表3).

表 2 选育世代中不同优势基因型数量的样本分布
Tab.2 The distribution of sample with different dominant genotypes of each generation

世代	优势基因型数量						尾	总计
	0	1	2	3	4	5		
F2	0	3	20	6	1	0	0	30
F3	1	4	14	9	2	0	0	30
F5	0	4	10	9	7	0	0	30
F6	0	1	9	12	5	2	1	30

2.2 优势基因型在各个世代的数量及分布

根据大口黑鲈‘优鲈 1 号’F2、F3、F5和F6中各个优势基因型的分布进行统计,得到每个世代中8个优势基因型的平均数量.结果显示:‘优鲈 1 号’F2、F3、F5和F6选育群体中优势基因型的分子标记平均数量依次为2.12、2.70、2.90和3.08,呈现逐代递增趋势,说明人工选育使生长优势基因得到聚合,随着‘优鲈 1 号’F2、F3、F5和F6生长速度的提高,生长优势标记的平均数量也同步递增.

表3 ‘优鲈1号’各世代中的优势基因型频率

Tab.3 The advantage genotype's frequency in each generation of 'You lu No. 1'

世代	<i>MisaTpw76</i>	<i>MisaTpw117</i>	<i>IGF-I</i>	<i>PSS III</i>	<i>POUIFI</i>	<i>JZL67</i>	<i>MSTN</i>	<i>JZL60</i>
F2	0.000	0.043	0.000	1.000	0.900	0.033	0.038	0.143
F3	0.069	0.321	0.067	0.897	1.000	0.133	0.071	0.143
F5	0.120	0.353	0.133	0.862	0.833	0.185	0.267	0.143
F6	0.200	0.300	0.067	1.000	0.777	0.133	0.333	0.267

3 讨论

3.1 各个优势基因型对生长贡献的差异分析

目前关于不同基因在基因聚合中贡献率的差异报道仍然很少. 本研究发现了在基因聚合中对大口黑鲈生长的贡献率较大的生长相关优势基因型. 对8个生长相关优势基因型的研究结果显示: 位于 *MSTN* 基因上的 SNP 位点和 *MisaTpw76* 位点上的优势基因型出现的频率随着‘优鲈1号’生长速度的加快而逐代增大, 其余6个优势基因型频率在选育进程中有时增加, 有时减小或不变. F2到F3, 位于 *PSS III* 基因上的 SNP 位点和 *JZL60* 位点的优势基因型频率均未增加, 其余位点的优势基因型频率均有所增加; F3到F5, 除位于 *PSSIII* 基因和 *POUIFI* 基因上的 SNP 位点与 *JZL60* 位点的优势基因型频率没有增加之外, 其余位点的优势基因型频率都增加; F5到F6, 位于 *IGF-I* 基因和 *POUIFI* 基因上的 SNP 位点以及 *MisaTpw117* 和 *JZL67* 位点的优势基因型频率都下降, 其余位点的优势基因型频率均增大. 从F2到F6, 8个标记中, 只有 *MisaTpw76* 和位于 *MSTN* 基因的 SNP 位点的优势基因型频率是逐渐上升的, 推测这2个标记对生长性状的作用效果比较明显. 珠江水产研究所/农业部热带亚热带水产资源利用与养殖重点开放实验室之前的研究结果表明: *MisaTpw76* 位点和位于 *MSTN* 基因上的优势基因型的个体分别比其他基因型的个体平均体质量高 46.18%^[16] 和 53.24%^[15], 其余6个标记中优势基因型群体比自身位点的其他基因型群体的体质量高 16.86% ~ 35.84%^[13-14, 16], 本研究获得的结果与之基本相符. 利用8个生长标记来辅助亲鱼挑选时, 位于基因 *MSTN* 上的 SNP 和 *MisaTpw76* 位点的优势基因型会比其余6个分子标记具有更好的选择效果, 应作为今后亲鱼筛选的主要标记, 用于大口黑鲈生长性状改良.

3.2 人工选育对优势基因型数量变化的影响

目前, 生长性状与生长相关基因聚合的研究大多利用的是2个或3个位点, 本文对生长性状与多个生长相关优势基因型间的联系进行探索, 试验结

果显示: 大口黑鲈‘优鲈1号’随着选育世代的累进, 优势基因型的平均数量也逐代递增, 这种现象与生长速度逐代提高的现象是吻合的, 说明传统的以形态和体质量为指标的选育也使优势基因型得到聚合. 本研究发现优势基因型的数量从F2到F3、F3到F5、F5到F6 (F4保留样品不足, 本试验未对其进行分析) 的增加幅度依次为: 0.58、0.20和0.18, 增幅逐渐减小, 这与选育群体目标性状逐渐趋向稳定的观测结果相一致. 理论上讲, 人工选择育种是把某些性状逐渐选留下来, 使性状相关的基因型频率增加, 随着选育世代的累进, 基因的纯合率就会上升, 选择的有效度就会下降, 对表型和基因型频率的改变幅度都会有所降低^[19], 所以优势基因型的数量增幅就会降低. 李爱民等^[20]对鲁西牛 *ANGPTL6* 基因的3个生长相关位点的研究发现, 优势基因型数量的增加与生长性状改良是同步的, 可以应用于鲁西牛的分子育种实践. 赵广泰等^[21]对大黄鱼选育世代的研究发现, 有2个位点的基因频率随着选育世代的发展呈现有规律的增加, 推测这2个位点可能与选育性状存在相关性. 本研究也发现, ‘优鲈1号’随着选育世代的累进, 优势基因型的平均数量是逐渐增加的, 推测本研究所选的8个优势基因型在大口黑鲈中所含的数量多少可能与其生长快慢存在相关性.

参考文献:

- [1] LEE M. DNA markers and plant breeding programs [J]. *Advan Agron*, 1995, 55: 265-344.
- [2] 张研, 梁利群, 常玉梅, 等. 鲤鱼体长性状的 QTL 定位及其遗传效应分析 [J]. *遗传*, 2007, 29(10): 1243-1248.
- [3] 刘小献, 白俊杰, 徐磊, 等. 草鱼 *GSTR* 基因外显子1、外显子2的 SNPs 筛选及其与生长性状的关联分析 [J]. *华中农业大学学报*, 2011, 30(6): 753-758.
- [4] YADAV R D S, SINGH S B, SINGH A, et al. Gene pyramiding and horizontal resistance to diara stress in mustards [J]. *Nat Acad Sci Lett*, 1990, 13(9): 325-327.
- [5] OROZCO G, HINKS A, EYRE S, et al. Combined effects of three independent SNPs greatly increase the risk estimate for RA at 6q23 [J]. *Hum Mol Genet*, 2009, 18(14): 2693-2699.

- [6] 张学余,韩威,李国辉. *A-FABP* 和 *H-FABP* 基因多态位点及聚合基因型对白耳鸡胸肌脂肪含量(IMF)的效应分析[C]//杨宁,李辉. 中国家禽科学研究进展:第十四次全国家禽科学学术讨论会论文集. 北京:中国畜牧兽医学会,2009:40-44.
- [7] 于吉英,陈宽维,肖小军,等. *ESR*、*NPY* 基因对文昌鸡繁殖性状的遗传效应分析[J]. 畜牧与兽医,2008,40(4):49-51.
- [8] 李国辉,魏岳,张学余,等. 鸡 *GH* 和 *POU1F1* 基因多态性及基因聚合对产蛋数的影响[J]. 湖南农业大学学报,2010,36(4):446-448.
- [9] LI Guang, AN Xiaopeng, FU Mingzhe. Polymorphism of *PRLR* and *LHB* genes by SSCP marker and their association with litter size in Boer goats[J]. Livest Sci, 2011, 136(2):281-286.
- [10] 曾献存,陈韩英,贾斌,等. *MC4R* 和 *PROPI* 基因多态性及合并基因型与中国美利奴羊生长性状的关联分析[J]. 畜牧兽医学报,2011,42(9):1227-1232.
- [11] 陶立. 猪快生长、高繁殖和优质瘦肉性状多基因聚合技术研究[J]. 中国科技成果,2011(12):28-29.
- [12] 孙效文,鲁翠云,曹顶臣,等. 镜鲤体重相关分子标记与优良子代的筛选和培育[J]. 水产学报,2009,33(2):177-181.
- [13] LI Xiaohui, BAI Junjie, YE Xing, et al. Polymorphisms in the 5' flanking region of the insulin-like growth factor I gene are associated with growth traits in largemouth bass *Micropterus salmoides*[J]. Fish Sci, 2009, 75(2):351-358.
- [14] 杜芳芳,白俊杰,李胜杰,等. 大口黑鲈 *POU1F1* 启动子区域 SNPs 对生长的影响[J]. 水产学报,2011,35(6):793-800.
- [15] 于凌云,白俊杰,樊佳佳,等. 大口黑鲈肌肉生长抑制素基因单核苷酸多态性位点的筛选及其与生长性状关联性分析[J]. 水产学报,2010,34(6):845-851.
- [16] 樊佳佳,白俊杰,李小慧,等. 大口黑鲈生长性状的微卫星 DNA 标记筛选[J]. 遗传,2009,31(5):515-522.
- [17] 梁素娴,白俊杰,叶星,等. 养殖大口黑鲈的遗传多样性分析[J]. 大连水产学院学报,2007,22(4):260-263.
- [18] 李胜杰,白俊杰,谢骏,等. 大口黑鲈选育效果的初步分析[J]. 水产养殖,2009,10(30):10-13.
- [19] 杨业华. 普通遗传学[M]. 2版. 北京:高等教育出版社,2006:358-367.
- [20] 李爱民,马云,杨东英,等. 鲁西牛 *ANGPTL6* 基因的3个多态位点与其生长性状的关联性分析[J]. 中国农业科学,2012,45(11):2306-2314.
- [21] 赵广泰,刘贤德,王志勇,等. 大黄鱼连续4代选育群体遗传多样性与遗传结构的微卫星分析[J]. 水产学报,2010,34(4):500-507.
- [14] 郭林英. 大豆 β -伴球蛋白提取物对鲤鱼肠上皮细胞增殖及其功能的影响[D]. 雅安:四川农业大学,2006.
- [15] WU Shaowen, MURPHY P A, JOHNSON L A, et al. Simplified process for soybean glycinin and β -conglycinin fractionation[J]. J Agric Food Chem, 2000, 48(7):2702-2708.
- [16] VAN DEN INGH T S G A M, KROGDAHL Å, OLL J J, et al. Effects of soybean-containing diets on the proximal and distal intestine in Atlantic salmon (*Salmo salar*): A morphological study[J]. Aquaculture, 1991, 94(4):297-305.
- [17] KROGDAHL Å, BAKKE McKELLEP A M, ROED K H, et al. Feeding Atlantic salmon *Salmo salar* L. soybean products; Effects on disease resistance (furunculosis), and lysozyme and IgM levels in the intestinal mucosa [J]. Aquacult Nutr, 2000, 6(2):77-84.
- [18] 张锦秀,周小秋,刘扬. 去皮豆粕对幼建鲤生长性能和肠道的影响[J]. 中国水产科学,2007,14(2):315-320.
- [19] KROGDAHL Å, BAKKE-McKELLEP A M, BAEVERF-JORD G. Effects of graded levels of standard soybean meal on intestinal structure mucosal enzyme activities, and pancreatic response in Atlantic salmon (*Salmo salar* L.) [J]. Aquacult Nutr, 2003, 9(6):361-371.
- [20] 孙玲. 大豆抗原蛋白对不同食性鱼类消化酶活性及血
- 液指标的影响[D]. 吉林:吉林农业大学,2008.
- [21] SUN Peng, LI Defa, LI Zheji, et al. Effects of glycinin on IgE-mediated increase of mast cell numbers and histamine release in the small intestine[J]. J Nutr Biochem, 2008, 19(9):627-633.
- [22] RUMSEY G L, SIWICKI A K, ANDERSON D P, et al. Effect of soybean protein on serological response, non-specific defense mechanisms, growth, and protein utilization in rainbow trout [J]. Vet Immunol Immunopathol, 1994, 41(3/4):323-329.
- [23] 孙泽威,秦贵信,张庆华. 大豆抗原蛋白对犊牛生长性能、日粮养分消化率和肠道吸收能力的影响[J]. 中国畜牧杂志,2005,41(11):30-33.
- [24] 吴莉芳,邹瑞兴,王申,等. 大豆主要抗原蛋白对埃及胡子鲇肌肉营养成分的影响[J]. 吉林农业大学学报,2009,31(6):741-745.
- [25] 徐奇友,王常安,许红,等. 大豆分离蛋白替代鱼粉对哲罗鱼生长、体成分和血液主要生化指标的影响[J]. 水生生物学报,2008,32(6):941-946.
- [26] CHOU R L, HER B Y, SU M S, et al. Substituting fish meal with soybean meal in diets of juvenile cobia *Rachycentron canadum* [J]. Aquaculture, 2004, 229(1/2/3/4):325-333.

【责任编辑 柴焯】

【责任编辑 柴焯】

<http://xuebao.scau.edu.cn>

(上接第6页)