

林鹏飞,任丽群,李平,等. 宗地花猪 *GDF9* 基因多态性与繁殖性状关联性分析[J]. 江苏农业科学,2017,45(19):224-227.
doi:10.15889/j.issn.1002-1302.2017.19.052

宗地花猪 *GDF9* 基因多态性与繁殖性状关联性分析

林鹏飞^{1,2}, 任丽群³, 李平³, 顾丽菊^{1,2}, 吴光松^{1,2}, 燕志宏^{1,2}, 张芸⁴

(1. 贵州大学高原山地动物遗传育种与繁殖省部共建教育部重点实验室, 贵州贵阳 550025;

2. 贵州省动物遗传育种与繁殖重点实验室/贵州大学动物科学学院, 贵州贵阳 550025;

3. 贵州省种畜禽种质测定中心, 贵州贵阳 550018; 4. 贵州省农业委员会, 贵州贵阳 550001)

摘要:为验证 *GDF9* 基因 SNP 位点与宗地花猪繁殖性状的关联性, 从而为提高宗地花猪繁殖性能提供有价值的分子辅助标记, 推进选育进程进行试验。以贵州宗地花猪经产母猪为试验素材, 利用 DNA 池和 DNA 直接测序方法检测 *GDF9* 基因的多态性, 对各突变位点不同基因型个体与总产仔数、产活仔数、仔猪平均初生质量和母猪泌乳力性状进行关联性分析。在受试群体中, 发现基因 *GDF9* 有 2 个突变位点, C1009T 和 T1014C 均位于 exon2; 且都与经产母猪总产仔数、产活仔数差异显著 ($P < 0.05$); 基因型分别为 BB > AB > AA, DD > CD > CC, 母猪泌乳力基因型个体之间差异不显著 ($P > 0.05$)。仔猪平均初生质量的基因型表现为 BB > AB > AA, DD > CD > CC, 差异显著 ($P < 0.05$); 母猪总产仔数 DD 基因型多于 DC 与 CC 基因型, DD 基因型为优势基因型, D 为优势等位基因; BB 基因型在总产仔数、产活仔数的繁殖性状中多于基因型 AB、AA, BB 为优势基因型, B 为优势等位基因。因此, 研究结果表明推测等位基因 D 和等位基因 B 可能为宗地花猪总产仔数、产活仔数的有利等位基因, 且 DD 基因型和 BB 基因型为有利基因型。

关键词:宗地花猪; *GDF9* 基因; SNP 位点; 繁殖性状; 关联性分析

中图分类号: S828.3 **文献标志码:** A **文章编号:** 1002-1302(2017)19-0224-04

生长分化因子 9 (growth differentiation factor 9, *GDF9*) 是转化生长因子 β (transforming growth factor β , TGF- β) 超家族中的成员。卵母细胞是 *GDF9* 的最初来源, 在大部分动物中, 仅在动物卵巢的卵母细胞中检测到 *GDF9* mRNA 和蛋白质^[1-4]。在一些灵长类动物中, *GDF9* mRNA 和蛋白质在卵母细胞及其邻近的颗粒细胞中也有发现^[5]。但研究发现 *GDF9* 可通过自分泌和旁分泌的方式, 参与调节卵泡的发育和衰退, 进而对优势卵泡的选择及闭锁卵泡的形成产生影响^[6]。*GDF9* 特殊性在于 *GDF9* 仅有 6 个 Cys, 而一般的 TGF- β 家族成员具有 7 个或者 9 个^[7], *GDF9* 基因位于常染色体上, 人的 *GDF9* 基因在 5 号常染色体上, 而猪的 *GDF9* 基因则定位于 2 号染色体上^[8-9]。研究发现在羊的原始卵泡中有 *GDF9* 基因的 mRNA 表达, 一旦原始卵泡的卵母细胞产生 *GDF9*, 卵泡就开始发育^[10]。Li 等通过观察猪卵母细胞不同时间 *GDF9* 基因的表达时发现, *GDF9* 在不成熟的卵母细胞中高度表达, 在成熟的卵母细胞中逐渐减少^[11]。于佐卿等以陶滩寒杂种羊和德滩寒杂种羊为研究对象, 发现 *GDF9* 基因多态性对羊羔初生质量无显著影响^[12]。由此可推测, *GDF9* 基因对动物的生殖功能具有重要的调节作用。

宗地花猪是贵州省优良地方猪种之一, 皮厚而糯、肉嫩味香, 为人们所喜爱。但饲养周期长、产仔数少、生产效率低、成

本高、养殖投入高、收益低等原因使得宗地花猪养殖群体规模发展缓慢。针对宗地花猪的保种选育, 相关机构和学者做了很多研究, 推进了宗地花猪的开发利用。冯文豪等对宗地花猪的胴体肉质性状进行测定, 结果显示虽然宗地花猪瘦肉率明显低于大白猪, 但是肉质性状优于大白猪^[13]。随后, 张芸等分别研究了不同饲养方式对宗地花猪的胴体和肉质性状影响和不同饲养方式下宗地花猪肌肉营养成分及品质的影响^[14]。燕志宏等研究宗地花猪 1 世代的生长发育情况, 随后在 2011 年研究了宗地花猪及其与长白猪和大白猪的杂种一代猪哺乳期和保育期的生长性能^[15]。毛同辉等对产区保种选育基础群进行了繁殖性能测定, 随后开始对宗地花猪繁殖性能进行了研究^[16]。随着分子生物学的蓬勃发展, 燕志宏等^[17-20]、魏小红等^[21]、李平等^[22]、顾丽菊等^[23]、任丽群等^[24]和闫雷等^[25]分别对影响宗地花猪肉质和繁殖性状的一些相关基因进行了研究, 取得了一定的研究成果。本试验旨在验证 *GDF9* 基因 SNP 位点与宗地花猪繁殖性状的关联性分析, 从而为提高宗地花猪繁殖性能提供有价值的分子辅助标记, 推进选育进程进行试验。

1 材料与方法

1.1 试验动物样本

66 头宗地花猪经产母猪来自贵州紫薇畜牧业开发有限公司宗地花猪饲养场, 各头母猪均健康, 在相同的饲养环境和管理条件下进行饲养, 用耳缺钳采取每头母猪耳根边缘耳组织, 放入装有浓度为 70% 乙醇的 1.5 mL 离心管中, 冰盒带回实验室, 于 -20 ℃ 低温冰箱中保存备用。

1.2 主要试剂和仪器

Ezup 柱式动物基因组 DNA 提取试剂盒、核酸染料、

收稿日期: 2017-07-10

基金项目: 贵州省农业动植物育种专项资金 (编号: 黔农育专字 [2016]009 号)。

作者简介: 林鹏飞 (1991—), 男, 山东乳山人, 硕士研究生, 研究方向为动物种质资源创新。E-mail: 1124800190@qq.com。

通信作者: 燕志宏, 教授, 研究方向为动物遗传育种与种质资源创新。

E-mail: yzh611127@sina.com。

DL2000 DNA Marker、2 × *Taq* Master Mix、琼脂糖等均来自上海生工生物工程有限公司;去离子水、无水乙醇、TAE 缓冲液等试剂为实验室自备。PCR 扩增仪 (PTC200, 美国 Bio-rad 公司),凝胶成像系统 (BioSens SC 710, 美国 Bio-rad 公司),微量移液器 (ACURA825, SOCOREX 公司)。

1.3 DNA 提取

用基因组 DNA 提取试剂盒提取母猪耳根边缘耳组织 DNA,含有核酸染料 1% 琼脂糖凝胶电泳检测检测纯度,并用

表 1 *GDF9* 基因引物序列、退火温度、扩增长度

引物名称	序列(5→3)	退火温度(℃)	片段长度(bp)
<i>GDF9</i> - 1	F:TTTGCTGCTTTGCCTTGT;R:TGTCTCCCTCCACCCATT	57	406
<i>GDF9</i> - 2	F:TGCGGTTTAACCTGGATCGT;R:CACGTGCACTTTGTGCGAT	55	910

宗地花猪 *GDF9* 基因 PCR 扩增反应体系为 20 μL: DNA 模板 1 μL,上游引物 1 μL,下游引物 1 μL,2 × *Taq* PCR Master Mix 10 μL, ddH₂O 7 μL。PCR 反应条件 1: 94 ℃ 预变性 3 min; 94 ℃ 变性 30 s, 57 ℃ 退火 30 s, 72 ℃ 延伸 30 s, 30 ~ 35 个循环; 72 ℃ 延伸 3 min; 4 ℃ 保存至结束。PCR 反应条件 2: 94 ℃ 预变性 3 min; 94 ℃ 变性 30 s, 55 ℃ 退火 30 s, 72 ℃ 延伸 30 s, 30 ~ 35 个循环; 72 ℃ 延伸 3 min; 4 ℃ 保存至结束。随机抽取扩增产物,经浓度为 1% 琼脂糖凝胶进行电泳检测,凝胶成像系统照相并保存。

1.5 统计分析

经检测浓度及纯度后,为使样品 DNA 浓度接近,稀释至相同浓度后,抽取 5 μL 充分振荡混匀构建贵州宗地花猪品种 DNA 池。将所构建的宗地花猪 DNA 池作为模板,根据 20 μL PCR 反应体系和扩增条件进行扩增,扩增产物由 1% 琼脂糖凝胶电泳检测,检测合格后直接将产物送往北京诺赛基因公司进行双向测序。根据 DNA 池筛选各基因的 SNPs 位点,选择具有多态位点的片段,利用 DNASTar 等软件分析测序结果,筛选 SNPs 位点,分析不同位点在受试群体中的基因型频率和遗传特异性,并进行哈迪 - 温伯格平衡检测;根据最小二乘线性模型,分析不同基因型与样本母猪繁殖性能(在相同饲养条件下,测定记录健康状况良好的经产母猪总产仔数、产活仔数、仔猪初生窝质量和 20 日龄窝质量以计算经产母猪泌乳力)的关联效应。

2 结果与分析

2.1 DNA 提取结果

根据全基因组 DNA 提取试剂盒提取猪的全基因组 DNA,用含核酸染料的 1% 琼脂糖凝胶电泳检测提取的全基因组 DNA。由图 1 可知,条带明亮清晰、整齐无拖尾,可直接用于接下来的试验。

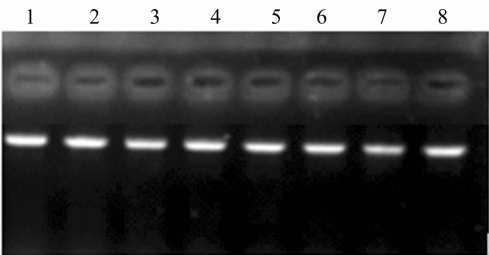


图1 基因组 DNA 提取结果的检测

紫外分光光度计测量每个样品 DNA 浓度 3 次,取其平均值, -20 ℃ 保存备用。

1.4 引物设计及 PCR 扩增

参照 NCBI (登录号为 NC - 010444. 1) 提供的猪 *GDF9* 基因序列,利用 Primer Premier 5.0 软件结合 Oligo 6.0 软件设计引物(表 1),应用 NCBI Blast 软件检测所设计引物的特异性。引物送往英潍捷基(上海)贸易有限公司合成。

2.2 PCR 扩增

对 66 头宗地花猪经产母猪进行 PCR 扩增,经 1% 琼脂糖凝胶电泳检测,均显示为 1 条特异性条带,其片段长度 P1、P2 分别为 533、910 bp,与预期目标片段相符,条带清晰、整齐无拖尾(图 2),可用于测序。

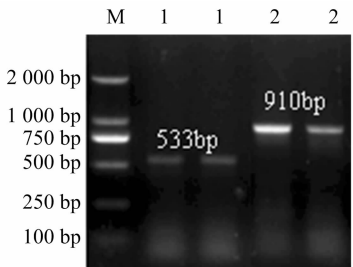


图2 *GDF9* 基因1~2 外显子 PCR 扩增产物检测结果

2.3 *GDF9* 基因 DNA 池 PCR 测序结果与测序结果分析

将所得 PCR 产物送往北京诺赛基因组研究中心有限公司进行纯化切胶回收测序,对所得序列运用 SeqMan 和 BioXM 等软件进行分析比对,在 *GDF9* 基因发现 2 个 SNPs 位点,分别在 1 009 bp 与 1 014 bp 处,均位于第 2 外显子上(图 3)。

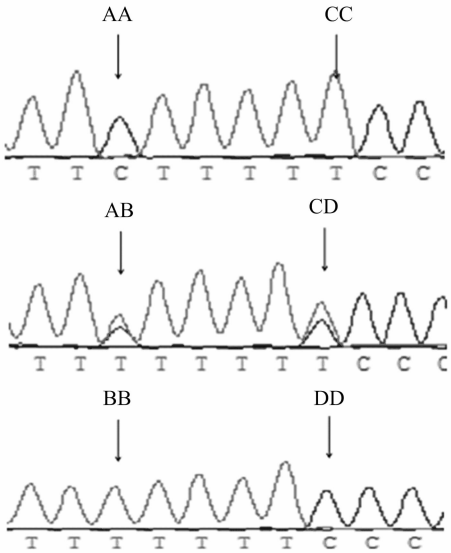


图3 *GDF9* 基因 C1009T 和 T1014C 位点测序峰图

运用 SeqMan 软件对所有样品的测序结果分析发现,第 2 外显子 C1009T 位点处发生碱基突变,发现 3 种基因型,分别命名为 AA、AB 和 BB 基因型。T1014C 位点处发生碱基突

变,发现 3 种基因型,分别命名为 CC、CD 和 DD 基因型,有 2 个等位基因 C 和 D。通过序列对比发现,结果发现 AA 和 CC 基因型个体序列与 GenBank 上所提交的猪的基因序列一致,定义为野生型,BB 型和 DD 型则定义为突变型,AB 基因型和 CD 基因型定义为杂合型。

2.4 *GDF9* 基因不同 SNPs 位点基因与基因型频率

由表 2 可知,在宗地花猪母猪群中 3 种基因型频率分布为 AA>AB>BB,其基因型频率分别为 0.393 9、0.318 2 和 0.287 9。等位基因 A 和 B 的基因频率分别为 0.553 0 和 0.447 0。由表 3 可知,在宗地花猪母猪群中 3 种基因型频率分布为 CC>CD>DD,其基因型频率分别为 0.378 8、0.348 5 和 0.2727,等位基因 C 和 D 的基因频率分别为 0.553 0 和 0.447 0。

表 2 *GDF9* 基因 C1009T 位点基因频率和基因型频率

样本数 (个)	基因频率			等位基因频率	
	AA	AB	BB	A	B
66	0.393 9 (26)	0.318 2 (21)	0.287 9 (19)	0.553 0	0.447 0

表 3 *GDF9* 基因 T1014C 位点基因频率和基因型频率

样本数 (个)	基因频率			等位基因频率	
	CC	CD	DD	C	D
66	0.378 8 (25)	0.348 5 (23)	0.272 7 (18)	0.553 0	0.447 0

2.5 *GDF9* 基因不同 SNPs 位点 χ^2 检验及群体遗传学参数

由表 4 可知,*GDF9* 基因 C1009T 位点由 χ^2 适应性检验显示, $\chi^2<\chi^2_{0.05(2)}=5.99$,说明该位点群体遗传变异处于 Hardy-Weinberg 平衡状态($P>0.05$)。该位点杂合度为 0.494 4,多态信息含量 $PIC=0.3722$, $0.25<PIC<0.5$,处于中度多态。

由表 5 可知,*GDF9* 基因 T1014C 位点 χ^2 适应性检验显示, $\chi^2<\chi^2_{0.05(2)}=5.99$,说明该位点群体遗传变异处于 Hardy-Weinberg 平衡状态($P>0.05$)。该位点杂合度为 0.494 4,多态信息含量 $PIC=0.3834$, $0.25<PIC<0.5$,处于中度多态。

表 6 *GDF9* 基因 C1009T 位点不同基因型与繁殖性状关联性分析

基因型	总产仔数 (头)	产活仔数 (头)	仔猪平均初生质量 (g)	泌乳力 (kg)
AA	7.00±0.38bB	6.80±0.38bA	855±28bA	37.289±1.387aA
AB	8.44±0.43aAB	7.74±0.44aA	869±28abA	34.943±1.578aA
BB	8.68±0.44aA	8.06±0.45aA	935±30aA	36.130±1.090aA

注:同列数据后不同小写字母表示差异显著($P<0.05$),不同大写字母表示差异极显著($P<0.01$)。表 7 同。

表 7 *GDF9* 基因 T1014C 位点不同基因型与繁殖性状关联性分析

基因型	总产仔数 (头)	产活仔数 (头)	仔猪平均初生质量 (g)	泌乳力 (kg)
CC	7.21±0.35bA	6.75±0.31bA	851±22bA	38.958±1.514aA
CD	8.27±0.37aA	7.17±0.32bA	863±21abA	34.943±1.608aA
DD	8.59±0.42aA	8.06±0.37aA	928±25aA	36.130±1.514aA

3 结论

张璐等研究表明,辽宁黑猪和长白猪的产仔数在不同基

表 4 *GDF9* 基因 C1009T 位点 χ^2 检验及群体遗传学参数

χ^2	群体遗传学参数			
	有效基因数(N_e)	纯合度 (H_o)	杂合度 (H_e)	多态信息含量 (PIC)
1.616 2	1.977 8	0.505 6	0.494 4	0.372 2

表 5 *GDF9* 基因 T1014C 位点 χ^2 检验及群体遗传学参数

χ^2	群体遗传学参数			
	有效基因数(N_e)	纯合度 (H_o)	杂合度 (H_e)	多态信息含量 (PIC)
1.762 8	1.977 8	0.505 6	0.494 4	0.383 4

2.6 *GDF9* 基因不同 SNPs 位点关联性分析

由表 6 可知,在宗地花猪母猪群中,总产仔数表现为基因型 BB>AB>AA,B 为优势等位基因,BB 基因型为优势基因型,总产仔数最高,方差分析显示,其中 BB 基因型个体与 AA 基因型个体间差异极显著($P<0.01$),AB 基因型个体与 AA 基因型个体差异显著($P<0.05$);产活仔数表现为基因型 BB>AB>AA,BB 产活仔数最高,方差分析显示,BB 基因型和 AB 基因型均显著高于 AA 基因型($P<0.05$);仔猪平均初生质量 BB 基因型最高,为优势基因型,BB 基因型个体比 AA 基因型个体间平均初生质量高 80 g,差异显著($P<0.05$);母猪泌乳力是基因型 AA>BB>AB,3 种基因型个体之间差异不显著($P>0.05$)。

由表 7 可知,在宗地花猪母猪群中,总产仔数纯合子高于杂合子,表现为基因型 DD>CD>CC,DD 基因型为优势基因型,总产仔数最高,D 为优势等位基因。方差分析显示,其中 DD、CD 基因型个体与 CC 基因型个体差异均显著($P<0.05$),产活仔数表现为基因型 DD>CD>CC,DD 产活仔数最高,DD 基因型个体与 CC、CD 基因型个体差异均显著($P<0.05$);仔猪平均初生质量 DD 基因型最高,为优势基因型,DD 基因型个体与 CC 基因型个体间平均初生质量差异显著($P<0.05$),DD 基因型比 CC 基因型高 77 g;母猪泌乳力是基因型 CC>DD>CD,3 种基因型个体之间差异不显著($P>0.05$)。

因型之间差异显著,而在大白猪、丹麦猪和杜洛克猪的不同基因型间差异不显著($P>0.05$)^[26]。孟洪莉等研究了猪繁殖相关基因多态性及其关联性,结果表明,大白猪和长白猪的总

产仔数和产活仔数均表现出 AA > GG > AG 的趋势,其中长白经产母猪的 AA 和 GG 型个体的总产仔数和产活仔数均显著高于 AG 型 ($P < 0.05$)^[27]。本研究结果表明:(1)在 *GDF9* 基因第 2 外显子上发现 2 个 SNPs 位点,分别是 C1009T 和 T1014C。(2)综合本试验中的产仔数指标,在 C1009T 和 T1014C 表现出显著影响,说明 *GDF9* 基因对宗地花猪产仔数有显著影响 ($P < 0.05$)。*GDF9* 基因在 C1009T 和 T1014C 位点的多态性均对宗地花猪的仔猪平均初生质量有显著影响。(3)母猪总产仔数 DD 基因型多于 DC 与 CC 基因型,DD 基因型为优势基因型,D 为优势等位基因;BB 基因型在总产仔数、产活仔数的繁殖性状中多于基因型 AB、AA,BB 为优势基因型,B 为优势等位基因。因此,研究结果表明推测等位基因 D 和等位基因 B 可能为宗地花猪总产仔数、产活仔数的有利等位基因,且 DD 基因型和 BB 基因型为有利基因型。

参考文献:

- [1] Yoshida M, Cran D G, Pursel V G. Confocal and fluorescence microscopic study using lectins of the distribution of cortical granules during the maturation and fertilization of pig oocytes [J]. *Molecular Reproduction and Development*, 1993, 36(4): 462–468.
- [2] Vitt U A, Hsueh A J. Stage – dependent role of growth differentiation factor – 9 in ovarian follicle development [J]. *Molecular and Cellular Endocrinology*, 2001, 183(1/2): 171–177.
- [3] Clelland E S, Kelly S P. Exogenous *GDF9* but not *Activin A*, *BMP15* or *TGF β* alters tight junction protein transcript abundance in zebrafish ovarian follicles [J]. *General and Comparative Endocrinology*, 2011, 171(2): 211–217.
- [4] 彭中友,孙俊铭,李 燕,等. *GDF9* 和 *FST* 调控猪卵母细胞成熟和胚胎早期发育 [J]. *江苏农业学报*, 2015, 31(3): 583–589.
- [5] Dey S R, Deb G K, Ha A N, et al. Coculturing denuded oocytes during the in vitro maturation of bovine cumulus oocyte complexes exerts a synergistic effect on embryo development [J]. *Theriogenology*, 2012, 77(6): 1064–1077.
- [6] Elvin J A, Yan C, Matzuk M M. Oocyte – expressed *TGF – β* superfamily members in female fertility [J]. *Molecular and Cellular Endocrinology*, 2000, 159(1): 1–5.
- [7] Incerti B, Dong J, Borsani G, et al. Sturcutre of the mouse growth/differentiation factor 9 gene [J]. *Biochimica et Biophysica Acta*, 1994, 1222(1): 125–128.
- [8] Sadighi M, Bodenstener K J, Beattie A E, et al. Mapping of ovine growth differentiation factor – 9 (*GDF9*) to sheep chromosome 5 [J]. *Animal Genetics*, 2002, 33(3): 244–245.
- [9] Cepica S, Procházka R, Cívánová K, et al. Partial molecular characterization and mapping of the *GDF9* gene to porcine chromosome 2 [J]. *Animal Genetics*, 2004, 35(3): 261–262.
- [10] Solovyeva E V, Hayashi M, Margi K, et al. Growth differentiation

- factor – 9 stimulates rat theca – interstitial cell androgen biosynthesis [J]. *Biology of Reproduction*, 2000, 63(4): 1214–1218.
- [11] Li H K, Kuo T Y, Yang H S, et al. Differential gene expression of bone morphogenetic protein 15 and growth differentiation factor 9 during *in vitro* maturation of porcine oocytes and early embryos [J]. *Animal Reproduction Science*, 2008, 103(3): 312–322.
- [12] 于佐卿,杨博辉,郭 健,等. 两种绵羊杂种 *GDF9* 基因和 *FecB* 基因的多态性及其与产羔数和体重关系的研究 [J]. *中国草食动物*, 2008, 28(2): 5–8.
- [13] 冯文豪,燕志宏,毛同辉. 贵州宗地花猪胴体肉质性状测定初报 [J]. *贵州畜牧兽医*, 2008, 32(2): 9–10.
- [14] 张 芸,陈 伟,李 平,等. 不同饲养方式宗地花猪的胴体和肉质性状 [J]. *贵州农业科学*, 2014(9): 164–166.
- [15] 燕志宏,毛同辉,冯文豪. 宗地花猪 *ESR*、*FSH β* 基因的多态性及其对繁殖性能的影响 [J]. *贵州农业科学*, 2010, 38(7): 134–137.
- [16] 燕志宏,田松军,申红艳,等. 宗地花猪 1 世代的生长发育研究 [J]. *安徽农业科学*, 2010, 38(24): 13107–13108.
- [17] 燕志宏,田松军,韦玉美. 贵州宗地花猪最佳屠宰体重的研究 [J]. *猪业科学*, 2010, 27(7): 102–104.
- [18] 宗秋芳,戴开宇,刘颖,等. 猪氨肽酶 N (*APN*) 基因密码子偏好性分析 [J]. *扬州大学学报 (农业与生命科学版)*, 2016, 37(2): 45–50, 73.
- [19] 杨开典,陈偶,齐传翔,等. 猪 *STC – 1* siRNA 设计及其基因沉默效率检测 [J]. *扬州大学学报 (农业与生命科学版)*, 2017, 38(1): 16–19.
- [20] 燕志宏,张 芸,田松军. 宗地花猪及其杂种 1 代猪哺乳期和保育期生长性能的研究初报 [J]. *养猪*, 2011(3): 47–48.
- [21] 魏小红,田松军,燕志宏,等. 紫云县宗地花猪发展现状及展望 [J]. *贵州畜牧兽医*, 2014, 38(2): 25–27.
- [22] 李 平,燕志宏,陈 伟,等. 宗地花猪 *H – FABP* 基因 mRNA 的表达与肉质性状的相关研究 [J]. *中国畜牧兽医*, 2015, 42(3): 644–649.
- [23] 顾丽菊,任丽群,燕志宏,等. 宗地花猪和从江香猪 *ADRP* 基因多态性及生物信息学分析 [J]. *基因组学与应用生物学*, 2015, 34(11): 2395–2401.
- [24] 任丽群,燕志宏,顾丽菊,等. 贵州宗地花猪的 *GDF9* 基因多态性及生物信息学分析 [J]. *基因组学与应用生物学*, 2015, 34(11): 2402–2407.
- [25] 闫 雷,林家栋,燕志宏,等. 宗地花猪生长激素基因 *Taq I* 多态性及其对屠宰性状的影响 [J]. *贵州农业科学*, 2011, 39(5): 170–172.
- [26] 张 璐. 猪 *BMP15*、*GDF9* 和 *FSH β* 基因的遗传多态性与产仔数的相关性研究 [D]. 保定:河北农业大学, 2009.
- [27] 孟洪利. 猪繁殖相关基因多态性检测及其关联分析 [D]. 福州:福建农林大学, 2012.

更正 兹有沈阳农业大学郭伟等发表于《江苏农业科学》2017 年第 45 卷第 11 期 73–76 页的论文《施硅对稻田稗草光合及生理特性的影响》,由于失误,原作者排序“杨颜熙,耿珍珍,郭 伟,李 晴,李亮亮”存在顺序错误,其中“郭伟”应为第一作者,正确作者排序为“郭 伟,杨颜熙,耿珍珍,李 晴,李亮亮”。特此更正,并向作者和读者致歉。

《江苏农业科学》编辑部

2017 年 10 月