

自然发生的 1 株传染性支气管炎病毒 S1 和 N 基因之间的重组

徐怀英^{1,2#}, 张伟^{1,2#}, 秦卓明^{1,2*}, 曲新泽³, 王友令^{1,2}, 黄兵^{1,2}, 李玉峰^{1,2}

(1. 山东农业科学院, 济南 250100; 2. 山东省家禽疫病诊断与免疫重点实验室, 济南 250100;

3. 山东农业大学动物科技学院, 泰安 271018)

摘要: 本研究从出现典型呼吸道和肾脏病变的患病雏鸡中分离出 1 株传染性支气管炎病毒(Infectious Bronchitis virus, IBV), 命名为 SC06, 旨在探讨该病毒的重组机制。SC06 接种 10 日龄 SPF 鸡胚可出现明显的“侏儒胚”; 对 5 日龄 SPF 鸡攻毒, 可诱发呼吸道症状和肾脏病变。对其 S1 和 N 基因分别克隆测序, 结合在 GenBank 中发表的其他 IBV 参考株序列, 对其 S1 和 N 基因核苷酸(氨基酸)序列分别进行同源比较, 绘制系统发育树。结果表明: SC06 与英国 4/91 株的 S1 基因核苷酸(氨基酸)同源性最高, 为 98.7%(98%), 而与国内大部分流行株的核苷酸同源性仅为 75.6%~76.0%; 然而, SC06 与国内流行株 DY06、SDGE01 的 N 基因核苷酸(氨基酸)同源性达 99.3%(99%)、93.4%(93.6%), 而与英国的 4/91 的 N 基因核苷酸(氨基酸)同源性仅为 85.7%(92.4%)。S1 基因系统发育方面, SC06 与英国的 4/91 和 7/93B 属于同一基因型, 而与作者实验室近年分离的 SDGE01 等大部分山东流行株及国内流行的 LX4 等株分属不同的基因型; 但其 N 基因分型时, SC06 和 DY06 与国内部分流行株属于同一个进化分支, 而与英国的 4/91 和 7/93B 不同。综合上述结果, 推测 SC06 为英国 4/91 和国内流行株的重组株, 其 S1 基因来自 4/91 疫苗, 而 N 基因来自国内 DY06 类型的 IBV 国内流行株。

关键词: 传染性支气管炎病毒; S1 基因; N 基因; 基因型; 重组

中图分类号: S852.659.6

文献标识码: A

文章编号: 0366-6964(2010)10-1290-06

One Isolate of Natural Recombination between the S1 Gene and N Gene of Infectious Bronchitis Virus

XU Huai-ying^{1,2#}, ZHANG Wei^{1,2#}, QIN Zhuo-ming^{1,2*}, QU Xin-ze³, WANG You-ling^{1,2}, HUANG-bing^{1,2}, LI Yu-feng^{1,2}

(1. Institute of Poultry Science, Shandong Academy of Agricultural Science, Jinan 250100, China;

2. Shandong Key Laboratory of Avian Disease Diagnosis and Immunization, Jinan 250100, China;

3. College of Animal Science and Technology, Shandong Agricultural University, Tai'an 271018, China)

Abstract: An infectious bronchitis virus (IBV) field strain named SC06 was isolated from a chicken flock with typical respiratory symptoms and nephritis lesions. The dwarf embryos were easily founded after inoculation with SC06 isolate in 10-day old SPF chicken embryos. 5 day-old SPF chickens were challenged with SC06 isolate, which could trigger respiratory symptoms and pathological changes, and the S1 and N genes of SC06 were cloned and sequenced. Phylogenetic analysis of the S1 and N gene sequences of the SC06 strain together with the prevailing domestic IBV isolates and the IBV references published in the GenBank revealed that SC06, 4/91 and 7/93B belonged to the same genotype II in view of S1 gene, which disagreed with the prevailing IBV

收稿日期: 2010-05-17

基金项目: 山东省科技攻关项目(2009GG10009006); 山东省农业科学院青年基金项目(2007YQN020)

作者简介: 徐怀英(1976-), 女, 山东冠县人, 硕士, 主要从事禽病和分子病毒学研究; 张伟(1978-), 男, 山东平阴人, 硕士, 主要从事禽病和分子病毒学研究。二人对本文的贡献相同

* 通讯作者: 秦卓明, E-mail: qinzm1997@163.com

strains isolated by our laboratory in recent years, as well as domestic and other prevailing LX4 (genotype III), which belonged to the genotype IV. However, SC06, DY06 and SDGE01 strains including other prevailing IBV isolates belonged to the same genotype III in view of N gene, and different from 4/91 and 7/93B (genotype II). Alignment analysis of S1 nucleotide (amino acid) homology showed that the SC06 and the 4/91 from United Kingdom shared 98.7% (98%) homology, but only shared 75.6%-76.0% with the most popular domestic IBV isolates; Furthermore, the SC06 shared 99.3% (99%), 93.4% (93.6%) homology with the domestic epidemic strain DY06, SDGE01 in view of the N gene nucleotide (amino acid) respectively, while only shared 85.7% (92.4%) with the 4/91. The results of this study suggested that the S1 gene of SC06 maybe originate from 4/91, and the N genes were related to the DY06 types of the prevailing domestic IBV strains, which indicated that the SC06 was a combination between the 4/91 strain and the prevailing domestic IBV strains such as DY06 isolate.

Key words: infectious bronchitis virus; S1 gene; N gene; genotype; recombination

鸡传染性支气管炎(Infectious Bronchitis, IB)是由鸡传染性支气管炎病毒(Infectious Bronchitis virus, IBV)引起的一种急性、高度接触性呼吸道病,主要侵害鸡的呼吸系统、泌尿生殖系统和消化系统,可导致感染鸡发生呼吸困难、肾脏病变、肠道炎症、产蛋数量和蛋品质下降、甚至导致雏鸡死亡和产生“假母鸡”,是一种生产意义重大、影响广泛的传染性疫病^[1]。

IBV 基因为单股正链 RNA, 5' 端有帽子结构, 3' 端有聚(A)尾巴, 相对分子质量约为 8×10^3 ku。通过 cDNA 克隆测定的 IBV 基因全长为 27 068 个碱基组成(含 poly(A)尾)。其中至少有 10 个明显的开放阅读框(ORF), 编码相对分子质量 6.7~440 ku 的蛋白, 各基因定位次序是: 5'-F1-F2-S-3a-3b-3c-M-5a-5b-N-poly(A)-3'^[2-5]。

IBV 的核酸具有较高的基因突变和重组率, 自然状态下发生的野毒、疫苗及其之间的毒株重组, 是引起 IBV 不断产生新毒株的重要原因之一。国外已有 IBV 不同病毒间同一基因内重组的报道^[6-8]。Kusters 等^[9]通过基因序列比较发现日本分离株 KB8523S 是由 M41 和 D1466 重组而来, KB8523 的 S2 蛋白几乎和 M41 的 S2 相同, 但在 929-1 102 氨基酸处却与 D1466 相同; 英国分离株 6/82 是由 D207 和 D1466 重组得到。6/82 株的 S1 和大部分 S2 序列与 D207 相同, S2 的 3' 端的同源性却从 99% 下降到 57%, 从同一位置起, 与 D1466 的同源性从 73% 上升到 97%。Wang 等^[10]用 Ark99 和 M41 作为母本同时感染鸡胚、鸡胚肾细胞和鸡, 从中分离到了重组病毒, 并用 RT-PCR 方法和序列分析对重组

病毒进一步加以证实。

但迄今为止, 国内外尚未见 IBV 不同基因之间相重组的报道。本文在免疫失败的雏鸡群中分离到 1 株 IBV 野毒, 其 S1 基因与英国 4/91 一致, 而 N 基因则与国内的流行株接近, 推测是 IBV 的自然重组株。

1 材料与方法

1.1 分离鉴定

从四川一个临床有呼吸道症状, 死亡率不高, 但剖检有肾脏病变, 疑似 IB 的雏鸡中采集气管和肾等组织, 按常规利用 SPF 鸡胚进行病毒的分离鉴定, 命名为 Chicken-SiChuan-2006 (简写“SC06”)。将经过传代的 SC06 IBV 分离株经呼吸道按 0.25 mL 病毒原液剂量对 10 只 5 日龄 SPF 鸡进行攻毒, 观察 2 周内不同时间 SPF 鸡的临床病变。对死亡和存活的 SPF 鸡分别剖杀, 观察气管、肾脏等主要组织器官病变。

1.2 主要试剂

Trizol、AMV、RNA 酶抑制剂及 dNTP 混合物、高保真 Taq DNA 聚合酶、pMD18-T vector、质粒提取试剂盒均购自宝生物工程(大连)有限公司; 其他试剂均为国产或进口分析纯。SPF 鸡胚由山东省农业科学院家禽研究所 SPF 鸡场提供。

1.3 引物设计

参照 GenBank 上已公布的 IBV 基因组 S1 基因和 N 基因序列用 Primer premier5.0 设计 2 对引物, 引物由上海生物工程有限公司合成。S-F: 5'-GCGAAACTGAACAAAAGAC-3'; S-R: 5'-

GGCCATAACTAACATAAGGG-3'。 N-F: 5'-CCATGGCAAGCGGTAAAGCAR-3'; N-R: 5'-CCACTCAAAGTTCATTCTCTCC-3'。

1.4 RT-PCR 扩增与测序

按 Trizol 说明书从尿囊液中提取病毒 RNA。按照 mRNA Selective PCR Kit 说明书分别进行 RT 和 PCR 反应,扩增 S1 基因和 N 基因。反应条件:42 °C 反转录 90 min,95 °C 5 min 终止反应。94 °C 预变性 4 min;94 °C 变性 30 s,55 °C 退火 30 s,72 °C 延伸 90 s,32 个循环;延伸 10 min。回收纯化的 PCR 产物连接到 pMD18-T vector,转化大肠杆菌 DH5 α 感受态细胞。过夜培养,挑单菌落摇菌,收集菌液提取质粒,鉴定阳性后送往北京六合华大公司测序。

1.5 IBV S1 基因和 N 基因核苷酸(氨基酸)同源比较以及系统发育分析

从国内外已发表的文献和 GenBank 中获取具有代表性的 IBV 毒株(含疫苗株):H52、H120、LX4、4/91、M41、Gray、T 等(上述毒株的 GenBank 序号均见图 1、2)。利用 DNASTar 和 MEGA4.1 软件,将 SC06 IBV 分离株的 S1 或 N 基因与上述序列分别进行核苷酸(nt)和氨基酸(aa)同源性比较。同时,利用 IBV 核苷酸序列绘制系统进化树,进行

基因分型,比较相同毒株的分型差异。

2 结果

2.1 IBV 分离鉴定

将 SC06 IBV 分离株接种 10 日龄 SPF 鸡胚,在第 1 代即发现鸡胚水肿、发育不良、出血等病变,但尿囊液 HA 检测阴性。将上述分离毒传代,第 3 代就出现了典型的 IB 鸡胚病变:鸡胚活性较差,个体发育较小,头、爪合抱在一起,呈蜷缩现象,呈典型的“侏儒胚”。

将 SC06 按原液 0.25 mL 接种 10 只 5 日龄 SPF 鸡,鸡群在接种 48 h 开始出现呼吸道症状,攻毒后第 4 天死亡 3 只,剖检发现气管、支气管等出血,肾脏肿胀;2 周后,对存活的 7 只鸡剖检,有 2 只发生肾脏肿胀,但其他器官正常,剩余的 5 只鸡病变不明显。

2.2 测序结果

对 SC06 IBV 分离株进行 RT-PCR 扩增,均获得目的条带(图略)。回收纯化其产物,连接 pMD18-T 载体,转化,测序,S1 基因为 1 617 bp,N 基因 1 230 bp。重复测序的结果相同,其 GenBank 收录号见表 1。

表 1 本试验所用 IBV 毒株

Table 1 IBV isolates utilized in comparison with SC06 isolate in the study

毒株 Strain	简写 Abbreviation	血清型或病理型或分离器官 Serotype/Pathogenicity type/Organs isolated	S1 基因分型 S1 gene genotype	N 基因分型 N gene genotype
H120	H120	Vaccine/ Mass Serotype	I	I
H52	H52	Vaccine/ Mass Serotype	I	I
M41	M41	Vaccine/ Mass Serotype	I	I
Beaudette	Beaudette	Mass Serotype	I	I
4/91	4/91	Vaccine /793/B Serotype	II	II
7/93B	7/93B	793/B Serotype	II	II
T	T	T Serotype	I	I
Gray	Gray	Gray Serotype	I	I
Chicken/Shandong/HD/1999	HD99	Nephritis	III	III
Chicken/Xinjiang/1999	LX4	Nephritis	III	III
Chicken/Beijing/1998	BJ98	Nephritis	III	III
Chicken/Shandong/B/1997	SD-B	Nephritis	IV	III
Chicken/Shandong/D/1999	SD-D	Nephritis	IV	III
Chicken/Sichuan/2006	SC06	Nephritis	II	IV
Chicken/Taian/2003	TA03	Nephritis	II	II
Chicken/Deyang/2006	DY06	Nephritis	II	IV
Chicken/Shandong/GE/2001	SDGE01	Nephritis	IV	IV
Chicken/Shandong/SH20/05	SDSH05	Nephritis	III	III
Chicken/Shandong/LC/2002	LC02	Nephritis	III	III
Chicken/Shandong/Q2004	SDQ04	Nephritis	III	III

2.3 IBV S1 基因和 N 基因的核苷酸(nt)与氨基酸(aa)同源性比较

2.3.1 S1 基因的核苷酸(氨基酸)同源性比较

对 SC06 等 10 株 IBV 疫苗株和分离株的 S1 基因进行同源性比较可知:SC06 株与英国变异株 4/91 的 nt(aa)同源性最高,为 98.7%(98.0%);与国内相邻地区 DY06(四川德阳)的 nt(aa)同源性次之,为 88.9%(88.1%);与经典呼吸型中等毒力 M41 和 H120 等疫苗株间 nt(aa)同源性最低,介于 75.6%~75.7%(74.7%~74.9%);而与国内大多数 LX4^[11]、SDGE01 等流行株的 nt(aa)同源性居中,介于 75.6%~76.0%(74.7%~77.1%),后 2 种结果接近。

2.3.2 N 基因的核苷酸(氨基酸)同源性比较

对 SC06 等 10 株 IBV 疫苗株和分离株的 N 基因进行同源性比较可知:SC06 株与国内邻近地区 DY06 的 nt(aa)同源性最高,为 99.3%(99.0%);与英国变异株 4/91 的 nt(aa)同源性为 85.7%(92.4%),次之;与国内 LX4、SDGE01 等大多数流行株的 nt(aa)同源性为 84.2%~85.1%(90.5%~92.4%);而与经典呼吸型中等毒力 M41 和 H120 等疫苗之间 nt(aa)同源性在 84.6%~86.3%(90.5%~91.4%),较低。

2.4 IBV S1 基因和 N 基因的系统进化比较

2.4.1 S1 基因的系统进化

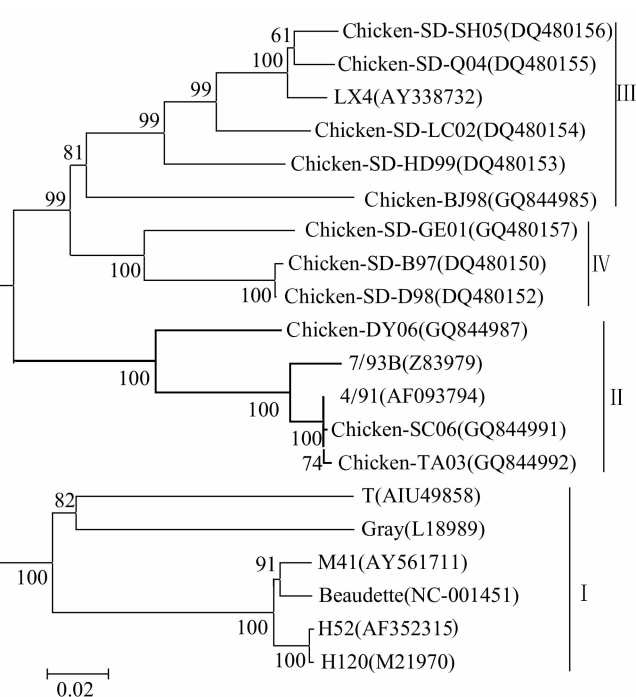


图 1 S1 基因的核苷酸遗传进化分析树
Fig. 1 Phylogenetic relationship tree of the S1 gene nucleotides

系统进化见图 1,初步将 20 株 IBV 流行株和国内外参照毒株分成 4 个基因型。其中, I 型主要以经典的呼吸型毒株 M41 等(美国)和经典的肾型毒株 T(澳大利亚)等为主,主要发生于 20 世纪 30—60 年代,包含目前常用的疫苗株(H120、H52)等; II 型 IBV 毒株主要发生于 20 世纪 80—90 年代的英国,以 4/91、7/93B 等欧洲 IBV 变异株为主。值得关注的是:本课题组分离的 SC06、TA03 和 DY06 均属于此型; III 型和 IV 型为中国流行株,其中, III 型 IBV 为 1997—2008 年在中国北方流行的毒株,临床主要以肾脏病变为主,山东省的大多数 IBV 毒株属于此类, BJ98、LX4 亦属于该类型; IV 型 IBV 毒株多是 1997—2001 年在山东流行的毒株,其中包括 SD-B97、SD-D98、SD-DE01 等山东毒株。

2.4.2 N 基因的系统进化

N 基因核苷酸的系统进化见图 2,参照 S1 基因分型,同上将 20 株 IBV 以 N 基因的角度分成 4 个型。其中, I 型同 S1 基因分型结果基本相同,主要以经典呼吸型毒株和经典肾型毒株为主,包含目前常用的疫苗株 H120、H52 等; II 型以英国的 4/91、7/93B 等欧洲毒株为代表,多称为 IBV 变异株; III 型和 IV 型主要是中国的流行株。其中,基因 III 型 IBV 主要为 1997—2008 年在中国北方流行的毒株,临床主要以肾脏病变为主,山东省的大多数 IBV 毒株包括 SD-B97、SD-

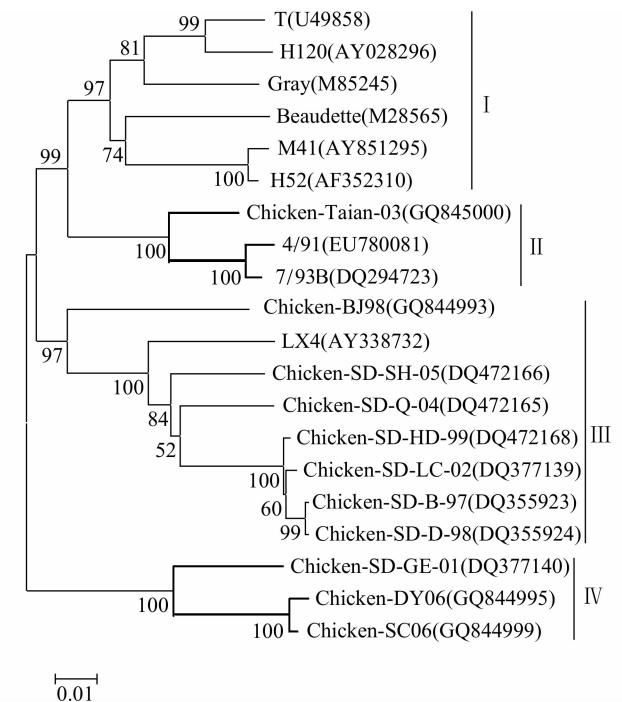


图 2 N 基因的核苷酸遗传进化分析树
Fig. 2 Phylogenetic relationship tree of the N gene nucleotides

D98、SD-Q-04、SD-LC-02 等以及 LX4、BJ98 均属此类；Ⅳ型 IBV 毒株多是 2001—2006 年流行的毒株，如 SD-DE01、SC06 和 DY06 等毒株。

2.4.3 S1 基因和 N 基因的分型比较和分析

由表 1 比较发现：在 20 株 IBV 不同毒株中，16 株 IBV 的 S1 和 N 基因的分型结果相同，仅有 4 株不同。其中，SC06 和 DY06 S1 基因属于Ⅱ型，与英国 4/91 和 7/93B 属于同一类型，但 N 基因却与国内流行株 SDGE01、SD-B 和 SD-D S1 相同，属于Ⅳ型，推测是这 2 个毒株可能是英国 4/91 疫苗株和国内流行株的重组。此外，SD-B 和 SD-D S1 基因属于Ⅳ型，但其 N 基因却与国内流行株Ⅲ型相同，可能是国内流行株之间的重组株。而 TA03 很明显就是 1 株 4/91 的疫苗株。

3 讨论

IBV 基因容易发生变异。原因是多方面的：首先是 IBV 作为单链 RNA，缺乏互补链，不稳定；其次，IBV 的 RNA 聚合酶缺乏校对机制，使得每一轮复制过程中都有可能诱发变异；第三，IBV 是按照特殊的先导引物转录机制进行 RNA 合成的，RNA 聚合酶必须沿模板“跳跃”前进，并且合成的是一组不连续的但某些区域又很相似的 mRNA。这就造成 RNA 聚合酶有可能不完全沿着一条模板移动，进而导致高频率变异的发生。第四，也是十分重要的一条：多种 IBV 活疫苗的混合使用。目前，在生产上，普遍采用活疫苗对 IBV 进行免疫预防。由于 IBV 具有多种血清型，不同血清型之间交叉保护较低，必须使用不同血清型的活疫苗进行免疫，特别是田间 IBV 多种不同疫苗的联合使用，进而导致多株 IBV 病毒在鸡群中混合感染，这就为不同毒株间基因重组提供了条件^[12-14]。Lee 等通过对 DE072 株和 D1466 株(疫苗)的部分基因组序列比较证实，在 IBV 3'端通常有基因间的保守序列(CTGAACAA 或 CTTAACAA)，常称为“IG”(intergenic)序列，这些序列及其附近的保守区构成“重组”的热点，导致 IBV 不同株基因之间片段的交换。研究还证实：几乎所有的同源重组热点附近均存在 CUU(A/U)G 结构，而这一结构很显然与 IBV 基因组 5'端和各 mRNA ORF 的前导序列中 CU(U/G)AACAA 相似，因而可以成为脱落 RNA 聚合酶重新结合的位点，进而导致重组的发生^[8]。Jia 等人通过对美国分离的 CU-T2 IBV 变异株基因组的分析证实，其 S1

基因与 Ark99 具有 98% 的同源性，S2 基因前 1 100 nt 与 Ark99 同源性为 96.6%，但随后的 751 nt 同源性仅为 87.6%，但与 H52 高度同源，为 98.6%，N 基因的 436—1 090 nt 与 H52 具有 99.2% 的同源性，证实 CU-T2 毒株是 Ark99 与 H52 的重组株，发生重组的片段在 S2 基因^[15]。

本试验获得的 SC06 是从 20 多株 IBV 野毒中发现的。对 SC06 S1 基因的核苷酸(氨基酸)序列同源性分析表明：SC06 与 4/91 高度同源，同源性 98% 以上；而其 N 基因与 DY06 等国内株高度同源，同源性 99% 以上，因此，推测 SC06 可能是生产上使用 4/91 疫苗，导致疫苗毒和流行毒在感染的鸡群中发生重组。由于此次重组发生在 IBV 不同基因 S1 基因和 N 基因之间，这在国内外是首次报道。下一步将对 SC06 进行全基因组测序，以探讨其重组机制。

4 结论

作者从表现典型呼吸道和肾脏病变的患病雏鸡病料中分离出 1 株传染性支气管炎病毒(SC06)。SC06 接种 10 日龄 SPF 鸡胚出现明显的“侏儒胚”；对 5 日龄 SPF 鸡攻毒，可诱发呼吸道症状和肾脏病变。对其 S1 和 N 基因分别克隆测序，进行基因分型和进化分析。推测 SC06 为英国 4/91 和国内流行株的重组株，其 S1 基因来自 4/91 疫苗，而 N 基因来自国内 DY06 类型的 IBV 国内流行株。

参考文献：

- [1] 卡尔尼克 B W. 禽病学[M]. 第 11 版. 高福, 苏敬良, 译. 北京: 中国农业大学出版社, 2005: 108-130.
- [2] 殷震, 刘景华. 动物病毒学[M]. 第 2 版. 北京: 科学技术出版社, 1997: 675-681.
- [3] BOURSNELL M E, BROWN T D, FOULDS I J, et al. Completion of the sequence of the genome of the coronavirus avian infectious bronchitis virus[J]. *J Gen Virol*, 1987, 68(1): 57-77.
- [4] BIJLENGA G, COOK J K, GELB J, et al. Development and use of the H strain of avian infectious bronchitis virus from the Netherlands as a vaccine: A review[J]. *Avian Pathol*, 2004, 33: 550-557.
- [5] CAVANAGH D. Coronavirus IBV: structural characterization of the spike protein[J]. *J Gen Virol*, 1983, 64: 2577-2583.
- [6] LEE E K, JEON W J, LEE Y J, et al. Genetic di-

- iversity of avian infectious bronchitis virus isolates in Korea between 2003 and 2006[J]. *Avian Dis*, 2008, 52:332-337.
- [7] CHEN H W, HUANG Y P, WANG C H. Identification of intertypic recombinant infectious bronchitis viruses from slaughtered chickens [J]. *Poult Sci*, 2010, 89(3):439-446.
- [8] LEE C W, JACKWOOD M W. Evidence of genetic diversity generated by recombination among avian coronavirus IBV[J]. *Arch Virol*, 2000, 145:2135-2148.
- [9] KUSTERS J G, JAGER E J, NIESTERS H G, et al. Sequence evidence for RNA recombination in field isolates of avian coronavirus infectious bronchitis virus[J]. *Vaccine*, 1990, 8 (6): 605-608.
- [10] WANG L, JUNKER D, COLLISON E W. Evidence of natural recombination within the S₁ gene of infectious bronchitis virus[J]. *Virology*, 1993, 192 (2): 710-716.
- [11] 刘胜旺,王 玮,刘玉芬,等. 鸡传染性支气管炎病毒中国分离株 LX4 纤突蛋白基因分子特征[J]. 病毒学报, 2004, 20(1):67-72.
- [12] AMMAYAPPAN A, UPADHYAY C, GELB J J R, et al. Complete genomic sequence analysis of infectious bronchitis virus Ark DPI strain and its evolution by recombination[J]. *Viol J*, 2008, 5:157.
- [13] LIU S, ZHANG X, WANG Y, et al. Molecular characterization and pathogenicity of infectious bronchitis coronaviruses: complicated evolution and epidemiology in china caused by cocirculation of multiple types of infectious bronchitis coronaviruses[J]. *Intervirology*, 2009, 52(4):223-234.
- [14] SHIMAZAKI Y, HORIUCHI T, HARADA M, et al. Isolation of 4/91 type of infectious bronchitis virus as a new variant in Japan and efficacy of vaccination against 4/91 type field isolate[J]. *Avian Dis*, 2008, 52(4):618-622.
- [15] JIA W, KARACA K, PARRISH C R, et al. A novel variant of avian infectious bronchitis virus resulting from recombination among three different strains[J]. *Arch Virol*, 1995, 140: 259-271.

(编辑 白永平)

《Journal of Animal Science and Biotechnology(畜牧与生物技术杂志)》 征 稿 启 事

经新闻出版总署批准(新出审字[2009] 481 号文件),由中国科学技术协会主管、中国畜牧兽医学学会主办、李德发教授主编的英文期刊《Journal of Animal Science and Biotechnology(畜牧与生物技术杂志)》(CN 11-5967/S, ISSN 1674-9782)正式创刊。

本刊从 2010 年 6 月开始出版,现面向国内外畜牧科技与生物技术领域征集英文原创论文,征稿范围包括遗传育种、繁殖生理、生物技术、动物营养、饲料资源与饲料加工、生理生化、综述与评述。欢迎大家踊跃投稿!

期刊网站: <http://www.jastsci.org>;

投稿邮箱: xmzz@cau.edu.cn;

联系电话: 010-62732723 010-62734608