

新疆8个地域维吾尔族群线粒体DNA V-区9 bp 缺失频率与Y-染色体DYS287位点多态性研究*

木耶塞尔·伊斯马依力, 古丽娜·艾山, 马合木提·哈力克
(新疆大学生命科学与技术学院资源生物实验室, 新疆 乌鲁木齐 830046)

摘要: 为研究新疆8个地域维吾尔族群体的线粒体DNA 9 bp序列缺失频率与Y染色体DYS287位点多态性, 分别采用PCR扩增直接测序法和PCR结合琼脂糖凝胶电泳检测法对群线粒体DNA 9 bp缺失频率与Y-染色体DYS287位点多态性进行分析。结果表明在新疆的喀什、和田、库车、且木、哈密、吐鲁番、伊犁和尉犁县的240个无关现代维吾尔族群体中, 线粒体DNA 9 bp缺失频率为3.3%, 3.3%, 6.6%, 3.3%, 6.6%, 3.3%, 3.3%, 10%。在180个无关现代维吾尔族群男性个体中Y染色体DYS287位点全部显示为YAP-, 没有显示为YAP+。结果提示新疆不同地域现代维吾尔族群体的线粒体DNA 9 bp缺失频率相当低, 9 bp缺失不是现代维吾尔族的母系遗传结构特征, 而且不同地域维吾尔族群体线粒体DNA 9 bp缺失频率没有显著性的差异。父系遗传结构单一, YAP+不是现代维吾尔族群体的父系遗传特征。研究获得了新疆不同地域维吾尔族群体的线粒体DNA 9 bp序列缺失频率与Y染色体DYS287位点多态性数据, 为不同地域维吾尔族群体遗传关系的分析, 法医鉴定及不同地域维吾尔族群体之间的起源关系差异提供了一定的遗传背景资料。

关键词: 序列缺失; DYS287; 多态性; 维吾尔族; 新疆

中图分类号: Q343.3*5 **文献标志码:** A **文章编号:** 0529-6579(2011)04-0100-06

Analysis on the Frequency of 9 bp Deletion of mtDNA and on Polymorphism of Y-chromosome DYS287 Sites in Uighur Population in Eight Geographical Regions of Xinjiang

MUYESER Esmayil, GUINAR Hasan, MAHMUT Halik

(Molecular Ecology Laboratory College of Life Science and Technology, Xinjiang University,
Urumqi 830046, China)

Abstract: In order to study the frequency of 9 bp deletion of mtDNA V region and polymorphism of Y-chromosome DYS287 sites among Uighur population in eight geographical regions of Xinjiang. We used the polymorphism of DYS287 sites in Y chromosome and the deficiency frequency of chromosome DNA 9 bp region by PCR directly sequencing method and by PCR combining with agarose gel electrophoresis respectively. The results showed: Among 240 unrelated modern Uighur individuals who come from Kashgar, Khotan, Kuqa, and Qarqan, Hulja, Hami, Turpan, and Lopnur in Xinjiang, the frequency of 9 bp deletion of mtDNA value as 4%, 3.7%, 3%, 4%, 4.5%, 4%, 3%, 4%. Polymorphism of Y-chromosome DYS 287 sites of 180 modern Uighur male individuals all appears as YAP-, none shows YAP+. The results suggest that Uighur groups in different parts of Xinjiang show very low frequency in

* 收稿日期: 2010-08-24

基金项目: 国家自然科学基金资助项目(31060152); 新疆维吾尔自治区自然科学基金资助项目(2010211A02); 新疆大学动物学重点学科资助项目; 中国科学院昆明动物研究所合作项目资助项目

作者简介: 木耶塞尔·伊斯马依力(1984年生), 女, 维吾尔族, 硕士生; 通讯作者: 马合木提·哈力克; E-mail: mahmuthalic@xju.edu.cn

their 9 bp deletion of mtDNA, 9 bp deletion is not a modern Uighur matrilineal genetic structure of transfer, Uighurs in different region of Xinjiang share same 9 bp deletion of mtDNA. Paternal genetic structure is simple, YAP + is not a modern Uighur population genetic characteristics of the male line. So, some conclusions can be given: with collecting frequency of 9 bp deletion of mtDNA and polymorphism of Y-chromosome DYS 287 sites of Uighur population in different regions of Xinjiang, conduct analysis genetic relationship of Uighur population in different region of Xinjiang and Forensic identification provide some background informations about origin relationship Uighur groups in different regions.

Key words: sequences deletion; polymorphism; DYS 287; Uighur population; Xinjiang

近年来通过对不同人群中线粒体DNA和Y染色体序列上的多态位点的比较,使得人类群体进化和遗传关系研究得到很大发展,许多亚洲人群特异的单倍型相继被界定。1981年,Anderson^[1]等发现mtDNA CO II/tRNA^{lys}基因间的非编码区V区含的研究表明该区可以由于9 bp重复序列中一个拷贝的缺失而产生长度的变化,近年来的研究表明,不同地域人群mtDNA 9bp缺失频率有很大差别,是检测人类群体多态性的主要标志^[2]。Y染色体为父系遗传,并且大部分不发生重组,忠实记录了父系的历史,同时其有效人群小,对随机的遗传漂移更加敏感,这些特点使得Y染色体成为研究人类进化、遗传学、法医学和家系重建的理想选择,是对母系遗传mtDNA研究的有效补充。随着人们对Y染色体的深入了解,人们已经发现很多的多态性位点,在这些位点中Y染色体Alu多态性即YAP是一个应用广泛,而且具有较高价值的位点。检测不同群体中YAP阳性率可以研究不同群体间的遗传关系和迁徙历史,国内外关于Alu插入这方面的研究也进行了很多。1994年Spurd^[3]应用YAP对非洲、欧洲、亚洲等23个人群的分析表明,非洲人YAP(+)的频率最高,其次为欧洲人,大多数亚洲人为YAP(-),但一部分日本人为YAP(+)。新疆地区是广义中亚的一部分,同时也是东西方人种在欧亚大陆的一个重要接触地区,在历史上经历了复杂的文化形成、多次人群迁徙以及不同人群的基因交流。这一区域在人类迁移史上的作用不很明确,遗传学分析表明,中亚人群是两个已经分化的人群东部欧亚和西部欧亚人群混合的结果^[4]。本研究对240个新疆六个地域现代维吾尔族群体进9 bp缺失频率检测,对180个新疆8个地域现代维吾尔族群体男性样本进行Y染色体DYS287位点多态性研究,分析新疆不同地域维吾尔族群体的遗传多态性。

1 材料与方法

1.1 样本来源

共采集来自新疆和田、喀什、库车、且木、哈密、吐鲁番、伊犁等6个地域现代维吾尔族群体的240个女性和180个男性个体血样,详见表1。所有个体为当地健康居民,家系3代以内为同一民族,相互之间无亲缘关系。血样均采用ACD抗凝,-70℃保存至提取基因组DNA。

表1 个人群样本概况

Table 1 The general situation of the eight sampling populations of uighur

人群	样本数	采样地点	语系	语族
喀什维吾尔人	55	喀什	阿尔泰语系	维吾尔语族
和田维吾尔人	55	和田	阿尔泰语系	维吾尔语族
库车维吾尔人	55	库车	阿尔泰语系	维吾尔语族
且木维吾尔人	55	且木	阿尔泰语系	维吾尔语族
哈密维吾尔人	55	哈密	阿尔泰语系	维吾尔语族
吐鲁番维吾尔人	55	吐鲁番	阿尔泰语系	维吾尔语族
伊犁维吾尔人	55	伊犁	阿尔泰语系	维吾尔语族
尉犁维吾尔人	55	尉犁县	阿尔泰语系	维吾尔语族

1.2 基因组DNA制备

常规酚和氯仿抽提法提取基因组DNA。

1.3 线粒体DNA V-区的扩增及序列测定引物序列:

上游引物: 5-TCGTCCTAGAATTAATTCCC-3,

下游引物: 5-AGTTAGCTTTACAGTG GGCT-3

反应条件: 25 mL反应体系中包含50~100 ng基因组DNA, 0.12 μmol/L引物, 0.2 mmol/L Dntp, 10 × PCR Buffer, TaqDNA聚合酶(2 U/μL), Primer(0.2 μmol/L), ddH₂O, 经95℃预变性5 min, 然后在94℃1 min, 62℃退火40 s, 72℃延伸20 s条件下循环40次, 最后于72℃延伸10 min^[5]。

PCR产物采用w=3%琼脂糖凝胶检测, 经检

测后序列测定由上海生工生物公司完成。

1.4 Y-染色体 DYS287 位点的 PCR 扩增及琼脂糖凝胶电泳检测

正向引物: 5-CAGGGGAAGATAAAGAAATA-3,
反向引物: 5-ACTGCTAAAAGGGG ATGGAT-3

反应条件: 25 mL 反应体系中包含 50 ~ 100 ng 基因组 DNA, 0.12 umol/L 引物, 0.2mmol/L Dntp, 10 × PCR Buffer, TaqDNA 聚合酶 (2 U/μL), Primer (0.2 μmol/L), ddH₂O, 经 95 °C 变性 2 min, 然后在 94 °C 1 min, 51 °C 退火 1 min, 72 °C 延伸 1 min 条件下循环 30 次, 最后于 72 °C 延伸 10 min. c 产物由 w = 2% 琼脂糖凝胶电泳检测^[6]。

2 结果与分析

2.1 检测 mtDNA V 区多态类型

2.1.1 在 PCR 检测中未见非特异性扩增 结果见图 1。

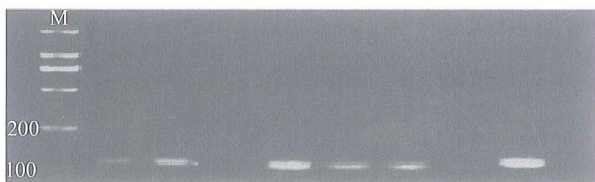


图 1 mtDNA CO II \ tRNA 基因间区 PCR 结果分析 (采用 w = 3% 琼脂糖凝胶检测)

Fig. 1 The PCR amplification of mtDNA region V

2.1.2 扩增结果 表 2 列出了新疆 8 个地域现代维吾尔族群体的 mtDNA 9 bp 缺失频率。

表 2 新疆 8 个地域现代维吾尔族群体线粒体 DNA 9 bp 缺失频率

Table 2 Frequency of 9 bp deletion of mtDNA in Uighur population in eight geographical regions of Xinjiang

人群	样本数	缺失列数	缺失频率/%
喀什维吾尔人	30	1	3.3%
和田维吾尔人	30	1	3.3%
库车维吾尔人	30	2	6.6%
且木维吾尔人	30	1	3.3%
哈密维吾尔人	30	1	6.6%
吐鲁番维吾尔人	30	1	3.3%
伊犁维吾尔人	30	1	3.3%
尉犁维吾尔人	30	3	10.0%

2.1.3 国内外各民族缺失频率的对比结果及差异检验 我们研究的新疆 8 个地域维吾尔族群体 9bp 缺

失频率与已经报答的北京汉族人 (18.22%), 日本人 (18%), 内蒙蒙古人 (7%), 西藏藏族 (5%), 新疆蒙古人 (4%), 哈萨克族 (0%), 新疆汉族人 (8.33%) 进行比较, 见表 3。

表 3 国内外各民族 V 区 9 bp 缺失频率^[2,5,7]
Table 3 Comparison results of deletion frequency in home and oversea Ethnic groups

民族	缺失频率/%
新疆维吾尔族	4.96
北京汉族人	18.22
日本人	18
内蒙蒙古人	7
西藏藏族	5
新疆蒙古人	4
哈萨克族	0
新疆汉族	8.33

2.1.4 测定结果 图 2 显示缺失的个体分别随机选 25 和没有缺失的 2 个个体进行了序列分析: 将 25 个 112 bp 的 PCR 扩增产物及随机选择的 2 例 121 bp 的 PCR 扩增产物进行序列测定, 结果显示: 112 bp 的样本序列只有一个 9 bp 重复序列, 缺失了一个拷贝, 121 bp 的样本序列有两个 9 bp 重复序列, 没有发现 3 个或者多拷贝的样本。

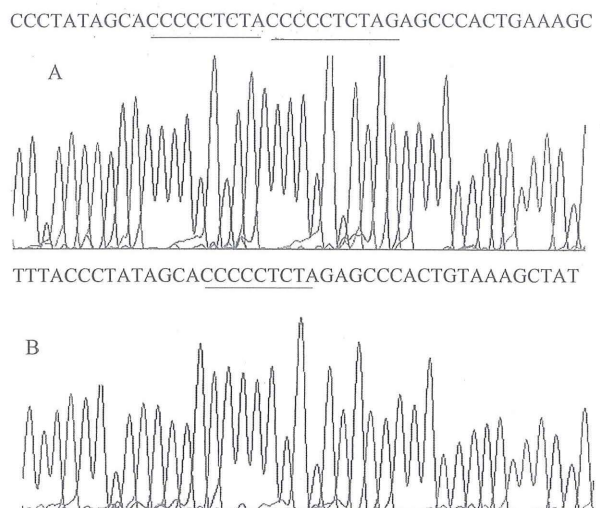


图 2 粒体 DNA V - 区序列分析结果

Fig. 2 Sequence of mtDNA region V

A: 标准型 (双拷贝 9 - bp 序列);
B: 短性 (单拷贝 9 - bp 序列)

2.2 Y - 染色体 DYS 287 基因座多态性分析结果

2.2.1 在 PCR 检测中未见非特异性扩增 结果见图 3。

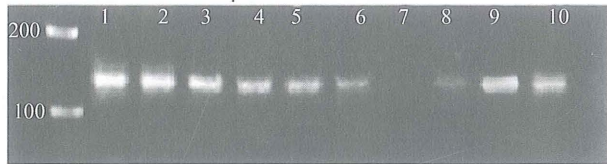


图3 Alu位点PCR产物 $w=2\%$ 琼脂糖凝胶电泳结果
Fig.3 The PCR amplification of Y-chromosome DYS287

2.2.2 扩增结果 在所研究的180位无关新疆8个地域维吾尔族群体中均未发现YAP+,所有个体PCR扩增产物均为150 bp,即均为YAP-个体(见表4)。

表4 新疆8个地域维吾尔族群体DYS287
基因座多态性分析

Table 4 Polymorphism of Y-chromosome DYS287 sites in Uighur population in eight geographical regions of Xinjiang

人群	样本数	YAP-频率/%	YAP+频率/%
喀什维吾尔人	25	100	0
和田维吾尔人	25	100	0
库车维吾尔人	25	100	0
且木维吾尔人	25	100	0
哈密维吾尔人	25	100	0
吐鲁番维吾尔人	25	100	0

2.2.3 新疆8个地域维吾尔族群体与国内外各民族的对比结果与差异检验 我们所研究的新疆8个地域维吾尔族群体Y-染色体DYS287基因座多态性分析与已经报到的非洲的撒哈拉地区人,日本人,藏族,欧洲人,南方汉族人,东北汉族人,新疆哈萨克族,内内蒙古族,乌兹别克人进行比较,结果见表5。

表5 各民族DYS287基因座多态性差异表^[6,8-10]

Table 5 Comparison results of Polymorphism of DYS 287 sites in home and oversea Ethnic groups

人群	YAP+频率/%
新疆维吾尔族	0
非洲的撒哈拉地区人	46.0~86.0
日本人	42.0~55.0
藏族	36.7~49.0
欧洲人	4.0~11.0
南方汉族人	8.7
东北汉族人	2.7
新疆哈萨克族	0
内内蒙古族	4.3
乌兹别克人	0.02

3 讨论

本研究涵盖的新疆8个采样地点:喀什、和田、库车、且木、哈密、吐鲁番、伊犁和尉犁县有明确的群体遗传学研究意义。现在维吾尔族群体主要居住在这些地方并且古丝绸之路的必经之地,是联系东亚与中亚,欧洲之间的咽喉要地,它们既是丝绸之路为主的商贸通道,也是古代游牧民族的迁途通道。因此可以说这8个地点研究新疆现代维吾尔族群体迁移与亲缘关系并研究新疆不同地域维吾尔族群体之间的遗传多样性差异的关键地点。

3.1 新疆8个地域维吾尔族群体线粒体DNA 9 bp 缺失频率分布特点

近年来,通过对现今亚太地区及太平洋岛屿沿线人群mtDNA9-bp缺失的检测发现其缺失频率呈现的地理趋势能很好的与史前该地区人类迁移路线相符^[11];对国内各民族群体的研究发现其缺失频率由南向北呈现一个递减的梯度分布^[2,11],这与当前中华民族南方起源的观点比较吻合^[12],提示该缺失标可能对追踪一些民族人群或某些隔离人群的亲缘关系和迁移路线有所帮助。

本次研究的240个维吾尔族群体均来自喀什、和田、库车、且木、哈密、吐鲁番、伊犁和尉犁县,各地地形相对封闭,各群体之间隔离程度较高,群体特异性保存较好。通过对其线粒体DNA V-区9 bp 缺失(PCR扩增产物为112bp)情况的分析,我们可以发现:①新疆8个地域维吾尔族群体的9 bp 缺失频率分别为3.3%, 3.3%, 6.6%, 3.3%, 6.6%, 3.3%, 3.3%, 10%, 研究结果进一步揭示新疆不同地域维吾尔族群体都存在mtDNA9-bp缺失多态性,但统计分析表明在不同地域维吾尔族群体的缺失情况差异未达到显著水平($P>0.05$)。②新疆8个地域现代维吾尔族群体的平均9 bp 缺失频率为4.96%,低于姚永刚等^[2]综合报道的中国30个民族人群的平均缺失频率(17.2%),8个地域维吾尔族群体的缺失频率范围为3%~10%,明显低于我国西南地区苗族(32.4%)、傣族(23.5%)和白族(16.7%),北方汉族(18.22%)^[2,5,7]等群体,这与目前认为的南方民族人群的缺失频率要高于北方民族人群是一致的。③在姚永刚等^[2]的报道中,新疆维吾尔族群体都呈现了较低的9 bp 缺失频率(3.3%)而本次研究的新疆8个地域维吾尔族群体都出现了类似的较低频率(3%~10%)与已报道的我国北方的蒙古族(4.0%)、维吾尔族(3.3%)和哈萨克

族(0.0%)等较近^[2,5],因为这些群体居住于古丝绸之路领域,可能混有高加索人的血缘,对维吾尔族和哈萨克族的 mtDNA 第一高变区序列分析表明^[13],他们与高加索人确实存在基因融合现象,可能混有高加索人的血缘,因而表现出与报道的高加索人中缺失频率极低较为相近的结果^[14]。我们推测维吾尔族群体的这一特征可能]与迁入时其祖先即有较低的9 bp 缺失频率,9 bp 缺失不是现代维吾尔族的母系遗传结构征。

mtDNA 是研究人类进化的有利工具,通过对新疆8个地域维吾尔族群体 mtDNA 细胞色素氧化酶和 tRNA^{Lys} 基因编码区之间的单拷贝9 bp 缺失多态性的研究,能反映该群体的遗传特征,为群体遗传学的研究提供了一定的资料。

3.2 新疆8个地域维吾尔族群体 Y-染色体 DYS287 位点多态性研究

父系社会中男子的基因较少流向群体外,往往只是随之群体的迁途分化慢慢发生自然的变化而女子的基因在相邻的群体间流动性大得多,这种基因流动由于社会结构和风俗习惯尔难以避免^[15],所以对父系材料和母系材料进行的研究常会得出不同的结果,民族系统分类和识别方面的要求而言,以父系遗传材料进行研究比较理想。

YAP 是位于 Y 染色体长臂 Yq11 的 DYS287 位点的一个 Alu 序列插入多态(Y chromosome Alu insertion polymorphism, YAP),是 Y-特异区的一个双等位基因位点,插入 Alu 序列的个体 PCR 扩增产物为 455 bp 记作 YAP+,没有插入 Alu 序列的个体 PCR 扩增产物为 150 bp 记作 YAP-,可用于签订稳定的遗传谱系关系^[10]。不同人种中 YAP 多态性是由于携带 YAP+ 位点的祖先群体与不携带 YAP+ 的群体发生基因交流形成的^[17]。Hommar 等人的研究显示,YAP 在非洲和非洲之外人群之间基因频率有明显差异,说明 YAP+ 并非固有,很有可能是一次性插入造成稳定多态因子,仅有数万年历史^[18]。

3.2.1 YAP+ 频率与群体地域分布关系 新疆的喀什、和田、库车、且木、哈密、吐鲁番、伊犁和尉犁县的维吾尔族群体的平均 YAP+ 频率为 0%,与报道的我国新疆维吾尔族群体的平均 YAP+ 频率为 0% 一致^[17],明显低于我国藏族 36.7% (云南),土族 23.8% (青海),普米族 11.3% (云南兰坪),白族 6.7% (云南大理),彝族 18.4% (云南宁藏),南方汉族 8.7% 与报道的我国新疆柯尔克孜族(新疆)^[8,17],哈萨克族(新疆)的 YAP

频率为 0% 一致的^[17],综观这些民族群体的 YAP+ 频率与采集地点关系,YAP+ 频率与群体地域分布有密切的关系,对新疆不同地域维吾尔族群体来说没有区域性差异。

3.2.2 YAP+ 频率与群体的语言学分类关系 从分子遗传学角度探讨民族群体的谱系关系,在复杂的人类群体面前有时会显得头绪纷繁。而语言学研究经过多年的积累,从语言学角度对民族群体进行的系统分类,可为分子遗传学研究提供客观的依据。从 YAP+ 频率我们可以看出属于阿尔泰语系突厥语族的柯尔克孜族(新疆),哈萨克族(新疆)^[17]和本研究的新疆维吾尔族群体的 YAP+ 频率为 0%,属于阿尔泰语系突厥语族的这些民族是我国 YAP+ 频率最低的民族。

3.2.3 YAP+ 频率与群体渊源 从两汉代到明代的 1500 年间,丝绸之路一直承担着内地与西域,中国与欧亚许多国家紧密联系的任务。中国与中亚欧洲之间的贸易往来主要由中国西北和中亚地区的游牧民族担任中介。本研究中的新疆8各地域维吾尔族群体的祖先是曾在丝绸之路上生活的游牧民族,从新疆维吾尔族群体的 YAP+ 频率来看,我们推测:维吾尔族群体是不携带 YAP+ 元件的民族间的基因交流应该是较多的,所以尽管 YAP+ 来源于中亚,但新疆8个地域维吾尔族群体的 YAP+ 频率却均为 0。

探讨民族的起源问题,必须综合考虑历史学、语言学、考古学和遗传学等学科的证据。本研究对 Y 染色体的遗传学观察与历史记载和语言学分类有很好的-一致性,但要获得关于民族起源的切确答案,还需要不同学科的工作者共同探讨。本研究为探讨这一问题提供了父系遗传方面的遗传学证据。

参考文献:

- [1] ANDERSON S, BANKIER A T, BARRELL B G, et al. Sequence and organization of the human mitochondrial genome[J]. Nature, 1981,290(9):4657-4658.
- [2] 姚永刚,袁志刚,周曾娣,等. 中国民族人群线粒体 DNA 9bp 序列缺失的分布[J]. 自然科学进展,2001,11(4):353-359.
- [3] SPURDLE A.B, HAMMER M F, JENKME T. The Y Alu polymorphism in Southern African populations and its relations to other Y-specific polymorphism[J]. Am J Hum Genet,1994,54:319-330.
- [4] 李春香,崔银秋. 利用分子遗传学方法探索新疆地区人类起源和迁徙模式[J]. 自然科学进展,2007,17(6):817-821.

- [5] 刘永,温有锋,席焕久西藏藏族 mtDNA CO II/tRNALys 基因间区9-bp 缺失多态性[J]. 武警医学,2007,18(2):100-103.
- [6] 许丽萍,徐玖瑾,朱苏玲,等. 中国10个人群中Y染色体Alu序列的多态分布[J]. 科学通报,1998,43(8):843-846.
- [7] 孙宏钰,黄艳梅,等. 中国6群体线粒体DNA Region V 缺失多态性研究[J]. 中山大学学报:医学科学版,2004,25(4):308-310.
- [8] 周瑞霞,安黎哲,伊琳,等. 甘肃3个特有少数民族回族和汉族DYS287/DYS19的遗传多态性研究[J]. 兰州大学学报,2006,42(2):38-42.
- [9] 柯越海,宿兵,李宏宇,等. 染色体遗传学证据支持现代中国人起源于非洲[J]. 科学通报,2001,5(02):40-41.
- [10] 钱亚屏,初正韬,卫灿东,等. 中国云南五个民族DYS287位点多态性的调查[J]. 中华医学遗传学杂志,1999,6(6):381-382.
- [11] YAO Y G, WATKINS W S, ZHANG Y P. Evolutionary history of the mtDNA 9-bp deletion in Chinese populations and its relevance to the peopling of east and south-east Asia[J]. Hum Genet, 2000, 107(5): 504-512.
- [12] CHU J Y, HUANG W, KUANG S Q, et al. Genetic relationship of populations in China[J]. PNAS, 1998, 95: 11763-11768.
- [13] YAO Y G. Gene admixture in the silk road of China-evidence from mtDNA and melanocortin 1 receptor polymorphism[J]. Genes Genet Synt, 2000, 75: 173.
- [14] THOMAS M C. Molecular instability in the mtDNA CO II/tRNA^{Lys} intergenic region of the human mitochondrial genome: multiple origins of the 9-bp deletion and heteroplasmy for expanded repeats[J]. Phil Trans R Soc Lond B, 1988, 353: 955.
- [15] 李辉,潘方芳,张敏华,等. 滇西北8个民族群体面貌特征观察的聚类分析[J]. 复旦学报:自然科学版,2001,4(6):568-576.
- [16] PEREZ I A. Sex-specific migration patterns in central Asian populations, Revealed by Analysis of Y2 Chromosome Short Tandem Repeats and mtDNA[J]. Am J Hum Genet, 1999, 65: 208-219.
- [17] 陈阳. 从父系遗传角度进行中国西部少数民族源流研究[D]. 武汉:中国协和医科大学中国医学科学院硕士研究生学位论文,2005.
- [18] HAMMER M F. A recent insertion of an Alu element on the Y chromosome is a useful marker for human population studies[J]. Mol Bio Evol, 1994, 11(5):749-761.

(上接第99页)

- [7] 张家国,师哲,王义强. 不同蛋白、能量比饲料与草鱼消化酶的关系[J]. 上海水产大学学报,1997,6(1):54-56.
- [8] GIRI I N A, TESHIMA, KANAZAWA A. Effects of dietary pyridoxine and protein levels on growth, vitamin B₆ content, and free amino acid profile of juvenile *Penaeus japonicus* [J]. Aquac, 1997, 157: 263-275.
- [9] 朱兴华,王桂芹. 饲料能量和蛋白水平对乌鳢生长、饲料利用和体组成的影响[J]. 饲料工业,2011,32(2):14-18.
- [10] 王桂芹,李子平,闫先春,等. 饲料蛋白质与维生素B₆对乌鳢生长和体组成的影响[J]. 上海交通大学学报,2010,28(2):114-121.
- [11] 王桂芹,周洪琪,杨建光,等. 翘嘴红鲌消化酶特性的研究[J]. 吉林农业大学学报,2006,28(2):213-221.
- [12] 赵东海. 饲料蛋白水平对鳊鱼实验种群胃肠道消化酶活性的影响[J]. 河北渔业,2004,2:10-15.
- [13] 王桂芹,李子平,牛小天,等. 饲料中蛋白质与维生素B₆水平及其互作对乌鳢蛋白质代谢的影响[J]. 中国饲料,2010,1:33-36.
- [14] 周兴华,王友慧,郑曙明,等. 饲料蛋白质和能量水平对齐口裂腹鱼生长、体组成和蛋白质利用的影响[J]. 水生生物学报,2007,31(3):431-436.
- [15] ALBREKTSEN S, HAGVE T A, LIE Q. The effect of dietary vitamin B₆ on tissue fat contents and lipid composition in livers and gills of Atlantic salmon (*Salmo salar*) [J]. Comp Biochem Physiol A, 1994, 109(2):403-411.
- [16] 冯秀妮,张文兵,麦康森,等. 饲料中维生素B₆对皱纹盘鲍幼鲍蛋白质代谢的影响[J]. 海洋科学,2006,30(10):52-60.
- [17] 王锦林,朱晓鸣,雷武,等. 异育银鲫幼鱼对饲料中维生素B₆需求量的研究[J]. 水生生物学报,2011,35(1):98-104.