

吴旭东, 刘孟全, 李默, 等. 丹系大白猪与亚洲野猪全基因组选择信号分析 [J]. 畜牧与兽医, 2025, 57 (4): 14-19.

WU X D, LIU M Q, LI M, et al. Analysis of genome-wide selection signatures in Danish Large White pig and Asian *Sus scrofa* [J]. Animal Husbandry & Veterinary Medicine, 2025, 57 (4): 14-19.

丹系大白猪与亚洲野猪全基因组选择信号分析

吴旭东¹, 刘孟全², 李默¹, 张威¹, 吴涛¹, 赵子龙², 殷宗俊^{3*}

(1. 安徽省农业科学院畜牧兽医研究所/畜禽产品安全工程安徽省重点实验室, 安徽 合肥 230001;

2. 安徽大自然种猪股份有限公司, 安徽 淮北 235100;

3. 安徽农业大学动物科技学院, 安徽 合肥 230031)

摘要: 旨在分析丹系大白猪与亚洲野猪基因组选择清除差异。本研究利用全基因组重测序技术获得 43 头丹系大白猪及 6 头亚洲野猪遗传变异信息, 联合群体分化程度 (F_{st}) 及多样性的变化倍数 (π 值) 两种方法检测受选择区域, 并对区域内所含基因进行功能富集分析。结果: 丹系大白猪相对于亚洲野猪共有 134 个受选择区域, 包含 103 个基因, 基因本体 (GO) 功能富集条目主要参与酶代谢, 京都基因与基因组百科全书 (KEGG) 功能富集通路则与生长及生殖相关; 经过筛选, 发现 APC2、AQP9、KISS1R、PAPPA2、PTBP1 这 5 个与大白猪繁殖性能相关的候选基因受到强烈的正向选择。本研究结果进一步揭示了丹系大白猪高繁殖力特性的遗传基础, 为国外良种的本土化选育及相关经济性状的分子标记位点开发提供参考。

关键词: 丹系大白猪; 亚洲野猪; 全基因组重测序; 选择清除; 候选基因

中图分类号: S828 文献标志码: A 文章编号: 0529-5130(2025)04-0014-06

Analysis of genome-wide selection signatures in Danish Large White pig and Asian *Sus scrofa*

WU Xudong¹, LIU Mengquan², LI Mo¹, ZHANG Wei¹, WU Tao¹, ZHAO Zilong², YIN Zongjun^{3*}

(1. Institute of Animal Husbandry and Veterinary Medicine, Anhui Academy of Agricultural Sciences/Anhui Province Key Laboratory of Livestock and Poultry Product Safety Engineering, Hefei 230001, China;

2. Anhui Da Zi Ran Pig Breeding Farm Corporation Limited, HuaiBei 235100, China;

3. College of Animal Science and Technology, Anhui Agricultural University, Hefei 230031, China)

Abstract: The aim of this study was to analyze the differences in genomic selection sweeps between Danish Large White (LW) and Asian *Sus scrofa* (SS) pigs. We obtained genetic variation information from 43 LW and 6 SS pigs using the whole-genome resequencing technology. Selection regions were detected using both F_{st} and π ratio methods, and functional enrichment analysis was performed on the genes within these regions. The results showed that there were 134 selection regions in the LW pigs compared with the SS ones; these regions contained 103 genes. The GO functional enrichment terms were mainly involved in enzyme metabolism, while the KEGG functional pathways were associated with growth and reproduction. After screening, five candidate genes related to the reproductive performance of the Landrace pigs, namely APC2, AQP9, KISS1R, PAPPA2, and PTBP1, were found to be under strong positive selection. The results of this study further elucidated the genetic basis of the high reproductive performance of LW pigs and provided references for the domestication and selection of foreign breeds and the development of molecular markers for related economic traits.

Keywords: Danish Large White pig; Asian *Sus scrofa*; whole genome resequencing; selective sweep; candidate gene

分子遗传证据显示, 野猪 (*Sus scrofa*) 于 350 万~550 万年前最早出现在东南亚地区, 欧洲和亚洲野猪

种群在 100 万年前左右分化, 基因组中数百万个等位基因频率存在差异。大约 1 万年前, 家猪在欧亚大陆的多个地方被分别独立驯化^[1-2]。在驯化过程中, 由于受到的人工及自然选择压力不同, 形成众多品种, 彼此间存在表型差异。但东西方猪种间并未完全隔离, 受人类活动的影响, 中欧猪种存在一定的基因交流, 在 18 及 19 世纪, 商人将中国地方猪引进到英国, 对现代商品猪的形成发挥了重要作用^[3]。

收稿日期: 2024-04-17; 修回日期: 2025-02-07

基金项目: 安徽省科技重大专项项目 (202203a06020031); 安徽省瘦肉型种猪选育与种质创新联合攻关项目

第一作者: 吴旭东, 男, 博士, 助理研究员

* 通信作者: 殷宗俊, 教授, 研究方向: 动物遗传育种, E-mail:

yinzongjun@ahau.edu.cn.

大白猪 (Large White pig) 原产英国约克夏郡, 因此又称约克夏猪 (Yorkshire pig), 由英国地方猪种与中国华南猪杂交选育而成, 其特点为全身被毛白色, 四肢结实强壮, 背宽体长, 体态良好, 瘦肉率高, 生长速度快^[4-5]。大白猪育成后被引进至其他国家, 持续选育过程中逐渐形成丹系大白猪、法系大白猪、美系大白猪、加系大白猪等品系。丹系大白猪以繁殖力、饲料转化率等重要经济性状为主要选择方向, 生产性能优异, 也是我国大白猪种猪主要引种对象。前期研究发现, 在丹系大白猪基因组中存在太湖猪的渗入区域, 位于 16 号染色体 115k 碱基对附近的一个单倍型在太湖猪和丹系大白猪之间表现出高度共享, 和猪的繁殖性能相关, 且与该区域相邻的 *NDUFS4* 基因在太湖猪繁殖性能高、低个体的多个生殖组织存在差异表达^[6]。

基因组受选择区域研究为重要家畜的生物进化动态和选择适应性提供了有价值的参考, 也有助于了解不同品种间遗传多样性的遗传基础。已有文献揭示了不同品系大白猪、大白猪与杜洛克猪等其他瘦肉型猪、大白猪与中国地方猪间的基因组受选择情况, 并获得了众多与经济性状相关的候选基因^[7-9], 但大白猪与亚洲野猪间的基因组受选择情况未见报道。本研究基于全基因组重测序获得丹系大白猪、亚洲野猪遗传变异信息, 联合群体分化程度 (*F_{st}*) 及多样性的变化倍数 (π 值) 两种方法进行选择信号检测, 鉴定丹系大白猪常染色体受选择区域内所含基因, 并进行功能富集分析。研究结果对解析丹系大白猪种质资源遗传基础及丰富育种相关的分子标记位点具有重要意义。

1 材料与方法

1.1 样本及数据来源

本研究共涉及 49 份样本, 其中 43 份丹系大白猪 (LW) 耳组织采集于安徽大自然种猪股份有限公司, 6 头亚洲野猪 (SS) 全基因组数据为实验室前期获得, 数据已上传至 NCBI 数据库 (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>), 登录号为: PRJNA699491。

1.2 DNA 文库及基因组重测序

43 份丹系大白猪样本 DNA 文库构建及测序委托深圳华大基因科技有限公司完成, 参考基因组版本为 *Sus scrofa*11.1 (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>)。使用 GATK 软件的 UnifiedGenotyper 模块将处理好的比对文件进行多个样本的 Variant 检测, 检测到的变异使用 VariantFiltration 进行过滤, 过滤参数为 `-Window 4, -filter "QD < 4.0 || FS > 60.0 || MQ < 40.0", -G_filter "GQ < 20"` (QD: Variant Confidence/Quality by

Depth; FS: Phred-scaled p-value using Fisher's exact test to detect strand bias; MQ: RMS Mapping Quality; GQ: Genotype Quality)。使用 ANNOVAR 对检测出的 Variant 进行功能注释。为提高基因组选择信号研究的准确性, 将重测序所获得的单核苷酸多态性 (SNP) 位点进行质控, 过滤条件为: ①最小等位基因小于 0.05, ②SNP 检出率小于 0.9, ③去除缺失率超过 20% 的标记位点, ④只考虑常染色体。

1.3 选择信号分析

采用滑动窗对全基因组受选择区域进行检测。使用 PopGenome 软件对过滤后的 SNP 按物理长度进行滑动窗, 以 100 kb 为窗口, 10 kb 为步长, 进行 *F_{st}* 及 π 值的计算, 公式如下:

$$F_{st} = (H_t - H_s) / H_t,$$

$$\pi = 2 \times \sum_{i=2}^n \sum_{j=i-1}^{i-1} x_i x_{jmij},$$

其中: *H_s* 为亚群中的平均杂合度, *H_t* 为复合群体中的平均杂合度, *n* 为样本的序列数, *x_i* 和 *x_j* 分别为第 *i* 个和第 *j* 个序列间的核苷酸位点的核苷酸差异数。本研究选择 1% 为选择信号的检测阈值, 同时处于 *F_{st}* 及 π 值的 TOP1% 的区域判定为受选择区域。

1.4 基因富集

使用基迪奥云生物平台 (<https://www.omicsmart.com>) 对受选择区域中注释到的基因进行基因本体 (GO) 及京都基因与基因组百科全书 (KEGG) 功能富集分析, 同时对候选基因进行广泛的文献检索以进一步明确其生物学功能。

2 结果与分析

2.1 丹系大白猪及亚洲野猪基因组选择清除分析

经质控, 本研究最终留用的 SNP 数量为 25 150 951 个, 其中亚洲野猪独有 SNP 为 12 857 890 个, 丹系大白猪独有 SNP 为 4 956 186 个, 二者共有 SNP 为 7 336 875 个 (图 1)。

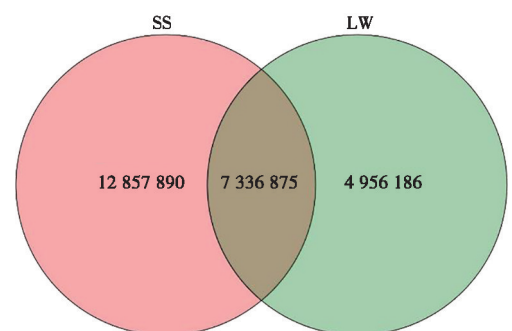
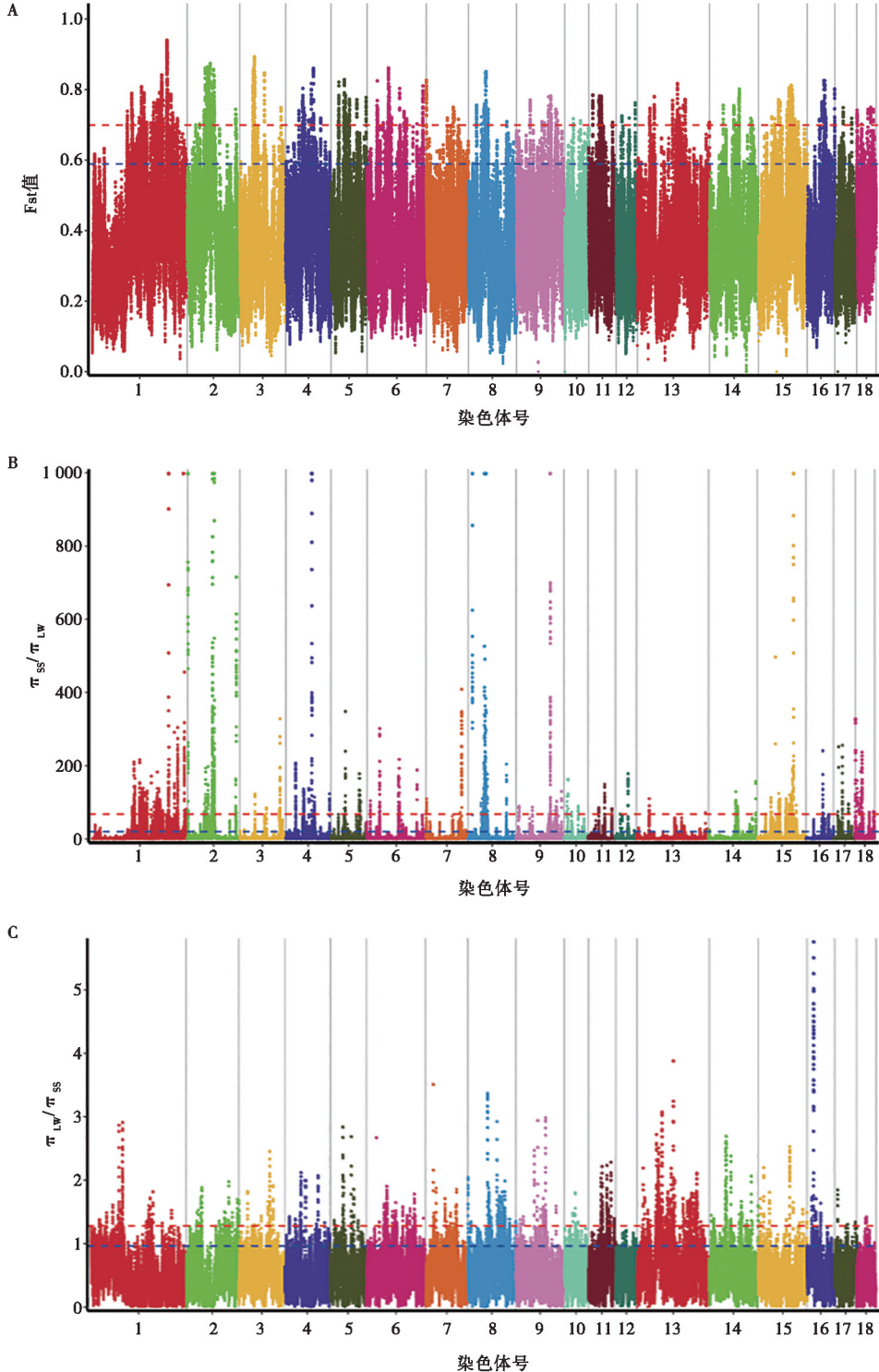


图 1 用于选择信号分析的丹系大白猪及亚洲野猪基因组 SNP 数

在 *F_{st}* 分析结果中, 丹系大白猪与亚洲野猪基因

组共存在 2 264 个受选择区域 (F_{st} 值 ≥ 0.70 , TOP1%, 图 2A), 18 条常染色体中均有分布, 1 号染色体最多, 共计 408 个。在 π 值分析结果中, 丹系大白猪基因组相对于亚洲野猪共有 2 287 个受选择区域 (π 值 ≥ 68.25 , TOP1%, 图 2B), 同样分布于全部 18 条常染色体中, 1 号染色体最多, 共计 566 个; 亚洲野猪相对于丹系大白猪基因组共 2 279 个受选择区域 (π 值 ≥ 1.28 , TOP1%, 图 2C)。

联合 F_{st} 及 π 值两种算法, 在丹系大白猪基因组中获得了 134 个受选择区域, 分布于 1~5、8、9、11、14~16 号常染色体, 其中 2 号染色体最多, 共计 64 个。丹系大白猪受选择区域共包含 PALM、ALDH1A2、ARID3A、AP5M1 等 103 个基因。亚洲野猪基因组共发现 14 个受选择区域, 分布在 1、5 以及 13 号染色体上, 包含 KRR1、GLIPR1L1 等 8 个基因。



注: 红色线以上部分为 TOP1% 的受选择区域。

图 2 丹系大白猪、亚洲野猪基因组 F_{st} (A) 及 π 值 (B、C) 分析

2.2 丹系大白猪受选择区域内基因功能分析

对丹系大白猪受选择区域内基因进行 GO 功能分析, 103 个基因共富集到 1 714 个条目, 其中分子功能 (molecular function) 270 个, 细胞组分 (cellular component) 245 个, 生物过程 (biological process) 1 199 个。显著富集的 4 个条目分别为: 丝氨酸型内肽酶活性 (serine-type endopeptidase activity, GO: 0004252), 丝氨酸型肽酶活性 (serine-type peptidase activity, GO: 0008236), 丝氨酸水解酶活性 (serine hydrolase activity, GO: 0017171), 肽链内切酶活性

(endopeptidase activity, GO: 0004175) (表 1)。KEGG 结果表明, 受选择区域基因主要富集到肌动蛋白细胞骨架调节 (regulation of actin cytoskeleton)、鞘糖脂生物合成 (glycosphingolipid biosynthesis - lacto and neolacto series)、促性腺激素分泌 (GnRH secretion)、氧化磷酸化 (oxidative phosphorylation) 等通路 (图 3)。通过进一步文献检索发现, 丹系大白猪受选择区域内 APC2、AQP9、KISS1R、PAPPA2 和 PTBP1 这 5 个基因与猪繁殖性能相关。

表 1 丹系大白猪基因组受选择区域内基因 GO 富集分析

GO 条目	基因数	Q 值
GO: 0004252 serine-type endopeptidase activity	7	0.000 534 19
GO: 0008236 serine-type peptidase activity	7	0.000 534 19
GO: 0017171 serine hydrolase activity	7	0.000 534 19
GO: 0004175 endopeptidase activity	8	0.009 331 968

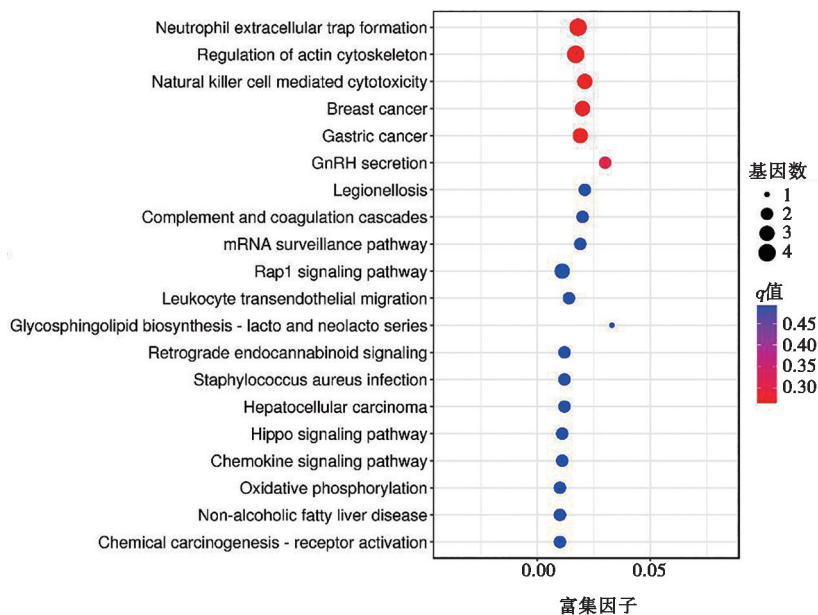


图 3 丹系大白猪基因组受选择区域内基因前 20 个 KEGG 富集分析

3 讨论

基因组重测序技术的出现为快速获得海量遗传变异信息提供了帮助, 通过对不同个体间的全基因组水平进行测序, 再与参考基因组序列比对, 可检测出 SNP、插入缺失 (InDel)、结构变异 (SV) 和拷贝数变异 (CNV) 等突变^[10]。生命体表型特征由基因及环境共同决定, 而遗传变异的发生是生物进化的主要因素。在人工及自然的压力下, 与特定表型相关的基因型受到持续选择, 表现出受选择位点及其附近位点

遗传多样性的降低及染色体连锁不平衡程度增加。

联合 F_{st} 和 π 值方法鉴定晋南牛基因组受选择区域, 发现 CATHL1、CATHL4 等 6 个受选择基因与其抗病性、生长和骨骼肌发育等相关^[11]。Zhang 等^[12]在对皖北猪的选择信号研究中, 以前 1% 为阈值获得了 539 个受选择区域包含 176 个基因, 筛选出与脂质代谢 (SCP2、APOA1、APOA4、APOC3、CD36、BCL6、ADCY8), 背膘厚度 (PLAG1、CACNA2D1), 肌肉 (MYOG) 和繁殖 (CABS1) 相关的候选基因。Yu 等^[13]在杜洛克猪中发现了 46.4 Mb 大小的受选择

区域, 承受选择压力的基因在胰岛素抵抗信号通路中显著富集, 可能是杜洛克猪与其他猪种在生长速度上存在差异的原因。以上研究表明, 通过筛选不同品种的基因组受选择区域, 可将品种特征表型与功能基因对应关联, 解释其种质特性和遗传基础。

繁殖性状是生猪产业的重要经济性状之一, 种猪繁殖能直接影响猪场经济效益。得益于中国地方猪血缘渗入, 大白猪展现出优异的繁殖性能, 大白猪的总产仔数和产活仔数高于长白猪, 原种代丹系大白母猪初产平均总产仔数达 14.87 头, 2 胎平均总产仔数达 16.95 头^[14-15]。本研究发现丹系大白猪相对于亚洲野猪有 134 个基因组区域受到了强选择, 进一步分析发现 APC2、AQP9 等 5 个基因与丹系大白猪繁殖性能相关。APC2 蛋白与 β -连环蛋白结合, 调控 Wnt/ β -catenin 信号通路, 有报道指出 APC2 基因缺陷会导致卵巢 WNT 信号传导激活和卵巢稳态受损, 卵泡生长受到抑制, 排卵率降低^[16-17]。PTBP1 是一种具有广泛生物学功能的 RNA 结合蛋白, 充当中枢因子调节不同发育过程中的基因表达, 在早期胚胎发育中起重要作用^[18-19]。KISS1R 基因影响哺乳动物卵巢卵泡发育, 其在绵羊体内发育和体外培养的各阶段卵泡细胞和卵母细胞中都有表达^[20]。在对总产仔数估计育种值极高、极低大白猪母猪的选择信号研究中发现, APC2、PTBP1、KISS1R 基因均受到选择^[21]。AQP 是运输水的重要功能蛋白, 通过 AQP 进入输卵管肌肉的水运动增加可能导致肌肉肿胀, 从而关闭管腔, 进而影响卵子向子宫的运输。猪输卵管中 AQP9 蛋白的表达受发情周期和妊娠的影响, 在母猪发情的第 2~4 天和第 18~20 天增加^[22]。基于全基因组关联分析, 确定 PAPP2 基因与大白猪及长白猪产仔数相关^[23]。本试验所筛选出的 APC2、AQP9 等基因已在前人研究中已证实对大白猪繁殖性能具有重要影响, 但具体基因功能和作用机制需进一步验证。

4 结论

本研究基于基因组重测序数据获得丹系大白猪及亚洲野猪遗传变异信息, 并进行选择信号分析。发现丹系大白猪相对于亚洲野猪有 134 个基因组区域受到了强选择, 其中包含 103 个基因。结合功能注释及文献检索结果, 筛选到 APC2、AQP9 等 5 个与丹系大白猪繁殖性能相关的功能候选基因, 为进一步揭示丹系大白猪高繁殖力特性的遗传基础提供了有价值的参考。

参考文献:

[1] GROENEN M A M, ARCHIBALD A L, UENISH H, et al. Analyses

of pig genomes provide insight into porcine demography and evolution [J]. *Nature*, 2012, 491 (7424): 393-398.

- [2] FRANTZ L A F, SCHRAIBE J G, MADSEN O, et al. Genome sequencing reveals fine scale diversification and reticulation history during speciation in *Sus* [J]. *Genome Biol*, 2013, 14 (9): R107.
- [3] YANG B, CUI L L, PEREZ-ENCISO M, TRASPO A, et al. Genome-wide SNP data unveils the globalization of domesticated pigs [J]. *Genet Sel Evol*, 2017, 49 (1): 71.
- [4] 张伟力. 大白猪概论 [J]. *养猪*, 2011 (1): 61-64.
- [5] 吴旭东, 殷宗俊. 近 5 年大白猪经济性状的研究进展 [J]. *中国畜牧杂志*, 2023, 59 (8): 1-6.
- [6] LIU C X, HUANG R H, SU G S, et al. Introgression of pigs in Taihu Lake region possibly contributed to the improvement of fertility in Danish Large White pigs [J]. *BMC Genomics*, 2023, 24 (1): 733.
- [7] YIN C, WANG Y W, ZHOU P, et al. Genomic scan for runs of homozygosity and selective signature analysis to identify candidate genes in Large White pigs [J]. *Int J Mol Sci*, 2023, 24 (16): 12914.
- [8] ATRIAN-AFIANI F, BERGER B, DRAXL C, et al. Selective sweeps in the Austrian Turopolje and other commercial pig populations [J]. *Animals (Basel)*, 2023, 13 (24): 3749.
- [9] YANG W J, LIU Z, ZHAO Q Q, et al. Population genetic structure and selection signature analysis of Beijing Black pig [J]. *Front Genet*, 2022, 13: 860669.
- [10] XIONG X W, LIU J, X RAO Y S. Whole genome resequencing helps study important traits in chickens [J]. *Genes (Basel)*, 2023, 14 (6): 1198.
- [11] 戎艳花, 贾雪纯, 李鹏飞, 等. 晋南牛遗传结构特征及选择信号分析 [J]. *中国畜牧兽医*, 2024, 51 (1): 160-171.
- [12] ZHANG W, LIU L Q, ZHOU M, et al. Assessing population structure and signatures of selection in Wanbei pigs using whole genome resequencing data [J]. *Animals (Basel)*, 2022, 13 (1): 13.
- [13] YU J, ZHAO P, ZHENG X R, et al. Genome-wide detection of selection signatures in Duroc revealed candidate genes relating to growth and meat quality [J]. *G3 (Bethesda)*, 2020, 10 (10): 3765-3773.
- [14] 贺婕好, 王斌虎, 廖柱, 等. 长白猪和大白猪繁殖性状遗传参数估计 [J]. *中国畜牧杂志*, 2021, 57 (S1): 84-88.
- [15] 周玉, 谭岳华, 江科, 等. 引进新丹系大白母猪原种与原种一代繁殖性能比较 [J]. *黑龙江畜牧兽医*, 2018 (16): 86-88.
- [16] RASHID F, AWAN H M, SHAH A, et al. Induction of miR-3648 Upon ER stress and its regulatory role in cell proliferation [J]. *Int J Mol Sci*, 2017, 18 (7): 1375.
- [17] MOHAME N E, HAY T, REED K R, et al. APC2 is critical for ovarian WNT signalling control, fertility and tumour suppression [J]. *BMC Cancer*, 2019, 19 (1): 677.
- [18] LIU H L, LU X M, WANG H Y, et al. The role of RNA splicing factor PTBP1 in neuronal development [J]. *Biochim Biophys Acta Mol Cell Res*, 2023, 1870 (7): 119506.
- [19] SUCKAL J, WENDLIN O, MASIKU J, et al. PTBP1 is required for embryonic development before gastrulation [J]. *PLoS One*, 2011, 6 (2): e16992.
- [20] SRI B D, LEKHA S H, REDDY K N G, et al. Kisspeptin stimulates

sheep ovarian follicular development *in vitro* through homologous receptors [J]. *Zygote*, 2024, 32 (1): 49-57.

[21] ZHANG Y, LAI J H, WANG X Y, et al. Genome-wide single nucleotide polymorphism (SNP) data reveal potential candidate genes for litter traits in a Yorkshire pig population [J]. *Arch Anim Breed*, 2023, 66 (4): 357-368.

[22] SKOWRONSK M T, SKOWRONSKA A, NIELSE S. Fluctuation of aquaporin 1, 5, and 9 expression in the pig oviduct during the estrous cycle and early pregnancy [J]. *J Histochem Cytochem*, 2011, 59 (4): 419-427.

[23] ZHAO Y X, GAO G X, ZHOU Y, et al. Genome-wide association studies uncover genes associated with litter traits in the pig [J]. *Animal*, 2022, 16 (12): 100672.

· 信息 ·

21 种畜牧、兽医科学类中国科技核心期刊中《畜牧与兽医》 综合评价总分排名第九位

《2024年版中国科技期刊引证报告（核心版）自然科学卷》以《中国科技论文与引文数据库》（CSTPCD）为基础，采用科学客观的研究方法与评价方式，遴选中国自然科学领域各学科分类重要期刊作为统计来源期刊。2024年版引证报告共收录了在中国（不含港澳台地区）正式出版的1998种中文期刊和167种英文期刊，其中畜牧、兽医科学类期刊共收录21种，包括19本中文期刊和2本英文期刊，《畜牧与兽医》综合评价总分排名第九位。21种期刊主要指标详见附表。

附表 2023年畜牧、兽医科学类期刊主要指标

序号	刊名	核心总被引频次			核心影响因子			综合评价总分		学科扩散指标	学科影响指标	红点指标
		数值	排名	离均差率	数值	排名	离均差率	数值	排名			
1	ANIMAL NUTRITION	951	15	-0.49	1.612	2	0.65	51.9	2	6.52	0.81	0.25
2	JOURNAL OF ANIMAL SCIENCE AND BIOTECHNOLOGY	1123	13	-0.40	1.403	4	0.44	46.8	4	6.48	0.81	0.08
3	蚕业科学	627	19	-0.66	0.660	16	-0.32	34.3	13	7.19	0.43	0.25
4	动物医学进展	1522	9	-0.19	0.670	15	-0.31	41.7	8	16.05	0.90	0.52
5	动物营养学报	7671	1	3.11	1.990	1	1.04	78.4	1	16.33	1.00	0.82
6	家畜生态学报	1158	12	-0.38	0.643	17	-0.34	34.6	12	8.90	0.95	0.54
7	经济动物学报	215	21	-0.88	0.510	20	-0.48	26.6	19	3.71	0.71	0.53
8	粮食与饲料工业	807	16	-0.57	0.618	19	-0.37	28.3	18	7.81	0.57	0.22
9	饲料工业	2549	6	0.36	1.529	3	0.57	45.6	5	11.00	0.90	0.73
10	饲料研究	3500	3	0.87	1.202	6	0.23	32.2	16	13.43	0.95	0.70
11	畜牧兽医学报	2563	5	0.37	1.060	8	0.09	44.1	7	12.14	0.95	0.59
12	畜牧与兽医	1484	11	-0.21	0.730	14	-0.25	39.1	9	9.48	0.86	0.57
13	畜牧与饲料科学	797	17	-0.57	0.620	18	-0.37	36.8	11	8.14	0.86	0.47
14	中国动物传染病学报	648	18	-0.65	0.821	11	-0.16	24.7	20	5.33	0.76	0.56
15	中国家禽	1966	7	0.05	0.911	10	-0.07	33.6	15	7.71	0.95	0.56
16	中国兽药杂志	572	20	-0.69	0.462	21	-0.53	23.6	21	7.95	0.76	0.25
17	中国兽医科学	1102	14	-0.41	0.772	12	-0.21	33.8	14	8.05	0.86	0.57
18	中国兽医学报	1808	8	-0.03	0.761	13	-0.22	37.4	10	11.38	0.95	0.56
19	中国畜牧兽医	3121	4	0.67	1.004	9	0.03	45.3	6	15.29	0.95	0.65
20	中国畜牧杂志	3551	2	0.90	1.189	7	0.22	47.4	3	12.95	1.00	0.63
21	中国预防兽医学报	1484	10	-0.21	1.338	5	0.37	31.0	17	6.52	0.81	0.47
21种期刊平均值		1868			0.976							

注：数据来自中国科学技术信息研究所《2024年版中国科技期刊引证报告（核心版）自然科学卷》。