

乌骨鸡蛋用系群体遗传结构的微卫星标记分析

朱庆^{1,2}, 张义正¹, 孟祥军², 刘益平²

(1. 四川大学生命科学学院, 成都 610064; 2. 四川农业大学动物科技学院, 雅安 625014)

摘要: 用 20 对微卫星引物对丝羽乌骨鸡 BM、BF 两个蛋用新品系的基因组 DNA 进行扩增, 应用多重 PCR 结合全自动电泳技术分析群体遗传结构。试验结果表明: 18 个微卫星标记表现出丰富的多态性, 每个标记平均检测到 7.444 个等位基因 (3~15 个), 平均观测杂合度为 0.3962, 平均预期杂合度为 0.7301, 平均多态信息含量为 0.669。本研究的标记检测结果比以前的研究报道值要高, 说明全自动电泳分析技术比聚丙烯酰胺凝胶电泳结合银染法检测电泳结果的传统方法要精确, 能更好地用于群体遗传结构的分析。

关键词: 乌骨鸡; 微卫星标记; 群体遗传结构

中图分类号: Q953

文献标识码: A

文章编号: 0253-9772(2006)02-0139-09

The Population Genetic Structure Analysis via Microsatellite Loci in New Silkies Laying Breeds

ZHU Qing^{1,2}, ZHANG Yi-Zheng¹, MENG Xiang-Jun², LIU Yi-Ping²

(1. College of Life Science, Sichuan University, Chengdu 610064, China;

2. College of Animal Science and Technology, Sichuan Agricultural University, Ya'an 625014, China)

Abstract: Twenty microsatellite markers selected from the chicken GENBANK were analyzed for polymorphism in two new Silkies laying breeds. Allele frequencies were tested by the auto scan on ABI 3100~Avant Genetic Analyzer. The results suggested that the optimization test of multiplex PCR was successful and 18 pairs of microsatellite DNA markers were polymorphic. The average number of alleles detected by a pair of primers was 7.444. The average value of *PIIC* was 0.669. The average observation population heterozygosity of the 18 markers was 0.3962, and the average expected population heterozygosity of the 18 markers was 0.7301. The number of bands tested on the auto scan was higher than that based on band presence or absence on gel, thus it was more suitable for genetic population analysis.

Key words: Silkies; microsatellite markers; population genetic structure

丝羽乌骨鸡是我国优良地方鸡种之一, 具有乌色性状的外貌特征, 即乌皮、乌骨、乌肉, 有独特的营养价值 and 药用价值, 市场前景广阔, 但因生产性能较低而制约其生产与发展^[1,2]。对丝羽乌骨鸡的生产而言, 产蛋性能为数量性状, 遗传力低, 一般只有 0.2~0.3。标记辅助选择 (Marker assisted selection, MAS) 能够通过影响选择的时间、强度以及准确

度, 极大提高低遗传力性状的功效, 通过分子遗传标记方法对新品系群体遗传变异的分析, 是实现 MAS 的基础。

微卫星标记在家禽遗传育种研究中应用广泛, 它既可以用来家禽品种或品系的遗传结构分析^[1~6], 又可以运用聚类分析方法分析不同品种之间的亲缘关系^[7,8]; 还可以用于家禽基因组扫描^[9]以

收稿日期: 2005-04-19; 修回日期: 2005-06-23

基金项目: 四川省畜禽育种攻关项目 (编号: 01NG002-06) 资助 [Supported by Animal and Poultry Breeding Key Project in Sichuan Province (No. 01NG002-06)]

作者简介: 朱庆 (1959—), 男, 重庆人, 教授, 研究方向: 动物分子遗传育种。E-mail: zq293@163.com

及与生产性状的相关分析^[10~12]。在众多的研究报告中,对微卫星标记基因型的判定方法都是采用聚丙烯酰胺凝胶电泳分离微卫星基因座各基因型,然后用银染法检测电泳结果,这种方法虽然有费用低廉等优点,但是不同的实验室,不同的研究者之间对微卫星标记带型的判断有明显的差异。为了增加试验结果的准确性,研究者发明了用荧光标记引物后,对 PCR 产物进行全自动检测的遗传分析仪^[13]。为了提高效率、能降低实验成本、加速实验进程,在人类基因组结构与功能基因的研究中还广泛采用多重 PCR(Multiplex PCR),即在同一 PCR 反应体系内用多种引物对同一模板同时进行扩增,一次反应就可以获得多个基因产物,之后一次电泳即可检测到多个基因的基因型。在动物研究领域,多重 PCR 的应用还不是很多。

本研究采用多重 PCR 技术结合全自动电泳分析技术,利用与鸡某些蛋、肉用经济性状有关的 20 微卫星引物^[14~16]对丝羽乌骨鸡 BM、BF 两个蛋用新品系进行群体遗传结构分析,以期对丝羽乌骨鸡蛋

用新品系的选择提供理论依据。

1 材料和方法

1.1 实验材料

实验动物来自丝羽乌骨鸡 BM(白羽母系)、BF(白羽父系)两个蛋用新品系(通过省级品种审定),每个品系各 30 个家系。自鸡翅静脉采集血样,肝素钠抗凝,低温保存带回实验室。-20℃ 保存。

1.2 引物的选择与合成

参照已发表的 3 个鸡参考群的连锁图谱,在 Z 及 1 号染色体上选取 20 个与鸡某些蛋、肉用经济性状有关的微卫星引物(<http://www.thearkdb.org>),上海生工生物工程技术有限公司合成。上游引物用两种荧光染料 6-FAM、HEX 进行修饰,将全部标记经单一标记 PCR 和多重 PCR 反应优化选择后,选定其中 18 个标记为本研究所用(筛选出的 18 个标记组合见表 1,组合前全部 20 个标记的位点信息见附表)。

表 1 20 个微卫星标记的基因座信息

Table 1 Loci information of 20 microsatellite DNA markers

基因座 Loci	荧光修饰 Fluorescent modify	染色体 Chromosome	等位基因数 Allele	片段大小 Length	上/下游引物(5'→3') Primer pairs(5'→3')
MCW0294	5'~6FAM	Z	3	306~317	ACTGAACAGAAACAGTCTTCC; CTTCTCTAGATGTCCACTACC
MCW0101*	5'~6FAM	1	5	273~279	GTTTGTTCATCTGTAGTCTG; CCATATTCTGTTAGAAAGTAGAG
MCW0181*	5'~6FAM	1	5	249~255	GATCTCCAGAGGTCCTTTCC; GTGATGTTGAACACTGCAGTC
MCW0289E	5'~6FAM	1	5	217~234	TAGTGCAGAAAGACAAGGCAG; GATCCTTCTCCTTCACTGG
MCW0068	5'~6FAM	1	7	171~193	CCTCACTGTGTAGTGTGGTAGTCA; GAGAAGCTTGAACCTACCAGTCTT
MCW0168	5'~6FAM	1	2	115~121	GATCAGATTTATTTCCCTCA; CTGATTTCTAGAGCTGACTGA
LEI0134	5'~6FAM	1	3	294~298	ACATTCAAGCCCTGACTCAGC; AATTTCTGACGTCACGCTG

续表 1

基因座 Loci	荧光修饰 Fluorescent modify	染色体 Chromosome	等位基因数 Allele	片段大小 Length	上/下游引物(5'→3') Primer pairs(5'→3')
MCW0112	5'~6FAM	1	7	263~277	ATCTCTCTGCCCATGTTTTCAG; GATCACTAAGGTCCCTTCAA
MCW0313	5'~6FAM	1	6	226~252	GATCTGCTGGCAAACCTTT; TCTCTCAGCCTCATAAACTAG
MCW0154	5'~6FAM	Z	6	171~193	GATCTGTTTTATCACACACAC; CCATTTCCCTTTGTTATCAGGC
MCW0036	5'~6FAM	1	3	141~153	CCTCATGTGAAGCATCTTTTCATA; TGTCTTCAGTAGGACTGTGATAC
MCW0254	5'~6FAM	1	3	115~121	GAACCAATGAAAGCGAGATGC; GTGTTCAAATGCTGAGAAGTG
LEI0106	5'~HEX	1	3	289~300	AAACCTTCAAATGGTTAAAATGC; GTCAGCATGACAGCAGCTGAG
MCW0200	5'~HEX	1	3	241~263	GAGACATTGCAAATACTCAGC; TAGTCAGGGAGTTCAGGAAGG
MCW0331	5'~HEX	Z	3	216~222	CAGAGCAGCTGGAGATGTAAAG; AGAGGGTAAGAAATCCTGCTG
MCW0258	5'~HEX	Z	3	141~162	TTCTTAGTCCTTGCCAGAGGC; CTGCAGGAGGATGTGTCTAG
MCW0177	5'~HEX	1	3	293~316	TTAAAACCTGTGTCCATGTAAGC; GTAGAAACATGAACACTCTACC
LEI0146	5'~HEX	1	5	258~276	TCAAGCCACCAAAGTGCTTGG; GATCACTCTGCTCATAGCAGT
MCW0208	5'~HEX	1	3	228~239	TGACACCCAGATGCAGCAATC; TACATGACTGAGAGGCTGGTG
MCW0128	5'~HEX	Z	4	170~176	CACATCCTTCTTAGCAGTCAC; CTGATGAAAAATTGTCCAAGTAG

* :引自 www. thearkdb. org, 同一种荧光下的两个微卫星产物之间的差异最小为 11 个碱基。

* :Cite from www. thearkdb. org, the least difference between two primer pairs in a same fluorescent modification is 11 bp.

1.3 实验方法

基因组 DNA 的抽提按常规方法进行。按照优化后的引物组合(表 2)对全部 DNA 模板进行多重 PCR 扩增,程序与单一标记 PCR 完全相同,但各反应试剂添加量随不同组合而变化(表 3)。

1.4 PCR 产物的检测

3100-Avant 遗传分析仪上完成多重 PCR 产物的电泳检测。在 GeneScan3. 1 软件自动完成电泳图谱的标记基因片段大小分析后,用 Genotyper3. 7 软件对片段进行分型,操作步骤严格按照软件使用说明。

表 2 筛选出的 18 个微卫星标记

Table 2 The selected 18 microsatellite DNA markers

不同引物组合 Primer pairs combination		标记基因座 Loci		
1	MCW0294(0.8)	MCW0289E(0.3)	MCW0068(0.8)	MCW0168(0.7)
2	LEI 0134 (0.6)	MCW0313 (0.8)	MCW0154(0.5)	MCW0254(0.5)
3	LEI 0106 (0.4)	MCW0331 (0.5)	MCW0258(0.6)	
4	MCW0177(0.7)	LEI0146 (0.6)	MCW0208(0.5)	MCW0128(0.4)
5	MCW0112(0.6)	MCW0036 (0.5)	MCW0200(0.5)	

注:括号内为每个引物每次添加量,单位 μL 。

Note: The number in parentheses means the primers volume used each time, unit μL .

表 3 多重 PCR 反应体系 (20 μL)Table 3 Components of multiplex PCR system(20 μL)

试剂 Reagent	体积 (μL) Volume	备注 Note
10 × PCR buffer	2.0	Mg^{2+} free
dNTP Mix	1.6	2.5 mol/ μL
Mg^{2+}	1.2	25 mmol/L
Primer F(1~5 group)	2.6/2.4/1.5/2.2/1.6	0.033 $\mu\text{g}/\mu\text{L}$
Primer R(1~5 group)	2.6/2.4/1.5/2.2/1.6	0.033 $\mu\text{g}/\mu\text{L}$
Taq polymerase	0.2	5 U/ μL
Total DNA group	2.0	50 ng/ μL
水 water(1~5 group)	7.8/8.2/10.0/8.6/9.8	灭菌超纯水 Exterminated bacterium super pure water

1.5 统计分析

群体等位基因频率:采用 Cervus2.0 软件(AI-lele Frequence Analysis 程序)分析微卫星位点的多态性。

多态信息含量: $PIC = 1 - \sum_{i=1}^n q_i^2 - \sum_{i=1}^{n-1} \sum_{j=i+1}^n 2q_i q_j$, 其中: i, j 为某个微卫星基因座的第 i, j 个等位基因, q_i, q_j 为其等位基因频率, n 为等位基因数。

群体杂合度: $H = 1 - \sum_{i=1}^n q_i^2$, 其中: n 为某微卫星基因座所具有的等位基因数, q_i 为某群体第 i 个等位基因的基因频率。

2 结果与分析

2.1 多重 PCR 产物电泳检测结果

由 ABI 3100 - Avant 型遗传分析仪检测多重 PCR 产物。如图 1 所示, BM 品系 830 个体用全部

18 个微卫星引物进行多重 PCR 扩增后, 由 ABI 3100-Avant 型遗传分析仪检测扩增产物的结果。

由于微卫星标记的等位基因遵循孟德尔遗传规律, 呈等显性遗传, 即如果个体基因座中某位点核心序列重复数相等, 则该个体在此位点的基因型是纯合子, 相反是杂合子。而且对于每个个体而言, 每个标记只有一个或两个等位基因。所以, 在得到的电泳图谱上, 对于每个个体而言, 每个标记只有一个或两个峰值, 一个峰值表示为纯合子, 两个峰值表示为杂合子; 如有多个峰值, 则需要经过综合分析, 将不需要的峰值去掉。

2.2 丝羽乌骨鸡微卫星位点多态性

每个微卫星标记位点的等位基因数, 群体中能够检测出来的等位基因总数、杂合子数、纯合子数, 以及每个标记的观测杂合度、预期杂合度、多态信息含量、无效等位基因频率见表 4, 等位基因及等位基因频率见表 5。

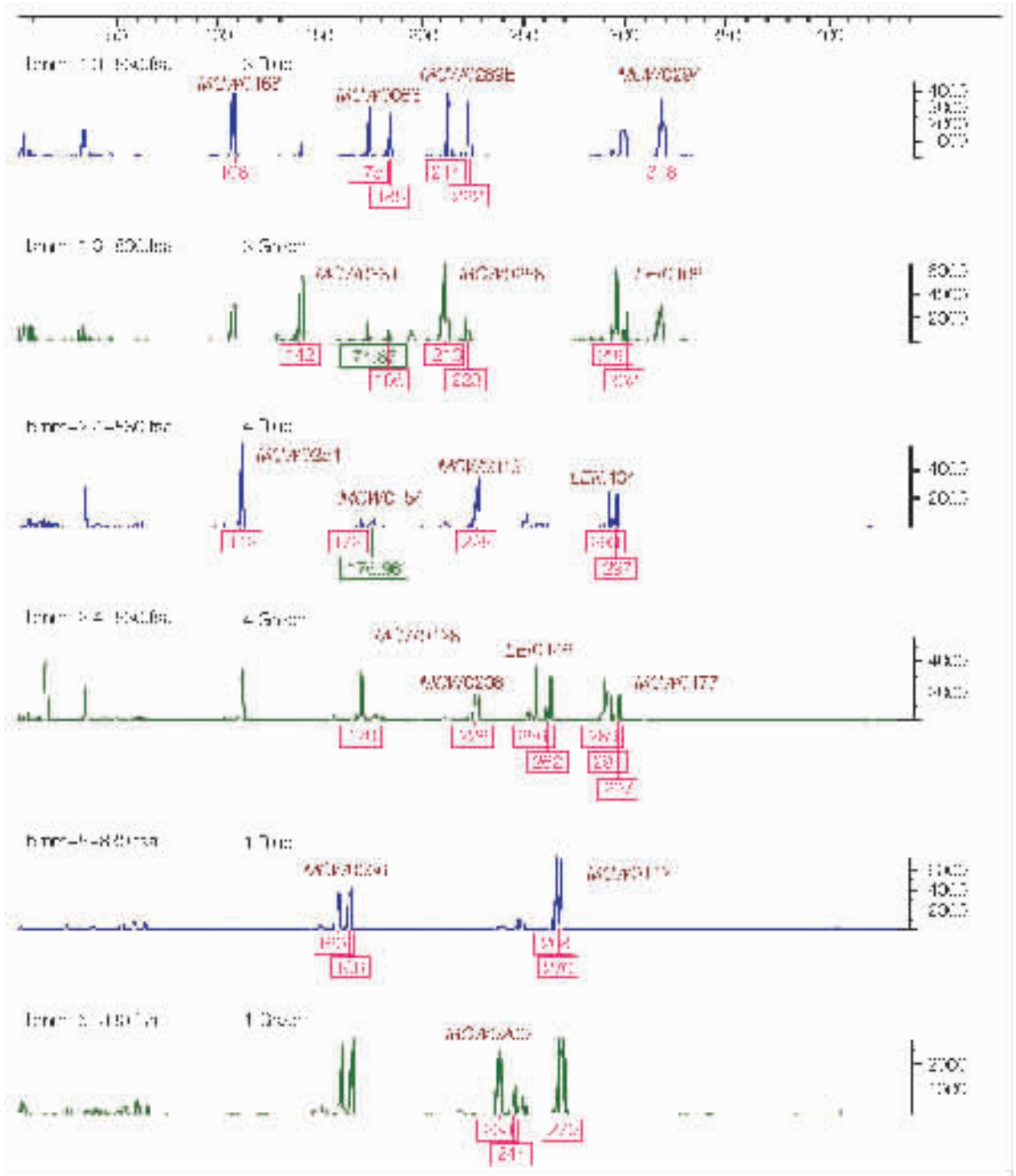


图 1 BM 品系 830 号个体微卫星标记的全自动检测及分型结果

bmm 表示 BM 品系母鸡;1.3 表示 1,3 引物组合;233 表示翅号为 233 的个体;3 Green 表示第三泳道电泳,标记所用荧光为绿色。

Fig.1 Result of full-automate Genescan and Genotyping of microsatellite DNA markers in 830 individual

bmm means BM breed female chicken; 1.3 means the 1 and 3 primer pairs combination; 233 means the sample number of individuals. 3 Green means the third band in the electrophoresis, the fluorescence color is green.

由表 4~表 5 可以看出:

(1)各微卫星标记的分离情况良好。

(2) 18 个标记的平均 PIC 值为 0.669, 其中

MCW0112 的最低为 0.382; MCW0258 的最高为 0.912; 平均观测杂合度为 0.3962, 预期杂合度为 0.7301。

表 4 微卫星标记多态信息表

Table 4 Polymorphism information of 18 microsatellite DNA markers

Loci	K	N	Hets	Homs	H_O	H_E	PIC	Null freq
MCW0331	7	168	72	96	0.429	0.782	0.747	+0.2953
MCW0294	5	100	3	97	0.030	0.658	0.619	+0.9121
MCW0289E	10	162	98	64	0.605	0.785	0.763	+0.1276
MCW0258	15	176	110	66	0.625	0.921	0.912	+0.1905
LEI0106	7	144	47	97	0.326	0.623	0.591	+0.3224
MCW0068	9	169	131	38	0.775	0.842	0.819	+0.0386
MCW0168	6	130	10	120	0.077	0.428	0.408	+0.7035
MCW0313	12	151	70	81	0.464	0.867	0.851	+0.3045
MCW0254	4	133	68	65	0.511	0.741	0.690	+0.1820
MCW0208	9	153	57	96	0.373	0.822	0.796	+0.3749
MCW0177	6	164	72	97	0.439	0.750	0.709	+0.2515
LEI0134	5	146	65	81	0.445	0.592	0.532	+0.1405
LEI0146	8	144	66	78	0.458	0.728	0.684	+0.2228
MCW0154	7	158	20	138	0.127	0.764	0.724	+0.7161
MCW0128	7	167	33	134	0.198	0.780	0.747	+0.5959
MCW0036	8	152	42	110	0.276	0.404	0.391	+0.2072
MCW0112	3	131	50	81	0.382	0.446	0.382	+0.0814
MCW0200	6	149	88	61	0.591	0.722	0.676	+0.0890
Mean	7.444	149.8	61.22	88.89	0.396 2	0.703 1	0.669	+0.3198

注: K 表示等位基因数; N 表示群体中检测出的等位基因总数; Hets 表示杂合子个体数; Homs 表示纯合子个体数; H_O 表示标记的观测杂合度; H_E 表示标记的预期杂合度; PIC 表示多态信息含量; Null Freq 表示无效等位基因频率。

Note: K means the number of alleles; N means the total number of alleles in the population; Hets mean the number of the Heterozygosity individuals; Homs means the number of the homologous individuals; H_O means the heterozygosity observed; H_E means the heterozygosity expected; PIC means the Polymorphism information content.

表 5 微卫星标记等位基因及等位基因频率

Table 5 Alleles and allele frequencies of 18 microsatellite DNA markers

基因座 Loci	等位基因及基因频率 Alleles(bp) and allele frequencies						
MCW0331	211(0.3036)	213(0.2768)	215(0.0357)	217(0.1875)	219(0.0327)	221(0.0982)	227(0.0655)
MCW0294	308(0.1700)	310(0.0750)	314(0.1200)	316(0.5350)	318(0.1000)		
MCW0289E	210(0.0340)	212(0.4043)	214(0.1512)	216(0.0340)	218(0.0278)	220(0.0895)	222(0.0679)
	226(0.0833)	228(0.0864)	230(0.0216)				
MCW0258	142(0.1165)	148(0.1080)	150(0.0455)	152(0.0369)	164(0.0227)	168(0.0653)	170(0.0710)
	172(0.0199)	174(0.1136)	176(0.0938)	182(0.0653)	184(0.0852)	186(0.0455)	190(0.0284)
	192(0.0824)						
LEI0106	284(0.0243)	286(0.0729)	290(0.0417)	292(0.5799)	296(0.1701)	298(0.0660)	302(0.0451)
MCW0068	169(0.1568)	171(0.0414)	173(0.0592)	175(0.2337)	179(0.0237)	181(0.0266)	183(0.1657)
	185(0.0976)	191(0.1953)					
MCW0168	106(0.1000)	108(0.74620)	110(0.0615)	112(0.0308)	114(0.0385)	120(0.0231)	

续表 5

基因座 Loci	等位基因及基因频率 Alleles(bp) and Allele Frequencies						
MCW0313	218(0.0530)	220(0.1325)	222(0.0993)	224(0.1358)	226(0.0563)	228(0.0828)	230(0.0662)
	236(0.0265)	250(0.0199)	252(0.2649)	254(0.0364)	270(0.0265)		
MCW0254	108(0.2105)	110(0.1842)	112(0.3120)	114(0.2932)			
MCW0208	218(0.1405)	220(0.2614)	222(0.0392)	224(0.2549)	226(0.1275)	228(0.0817)	230(0.0392)
	234(0.0327)	236(0.0229)					
MCW0177	289(0.1707)	291(0.1951)	293(0.3811)	297(0.1951)	299(0.0335)	317(0.0244)	
LEI0134	291(0.0342)	293(0.5685)	295(0.0514)	297(0.2808)	299(0.0651)		
LEI0146	250(0.3681)	252(0.3507)	254(0.0694)	256(0.0799)	262(0.0313)	264(0.0243)	270(0.0417)
	278(0.0347)						
MCW0154	166(0.1899)	168(0.3006)	170(0.0190)	172(0.3133)	174(0.0570)	176(0.0981)	178(0.0222)
MCW0128	164(0.0509)	166(0.1647)	168(0.2126)	170(0.1347)	172(0.3533)	174(0.0240)	176(0.0599)
MCW0036	152(0.0230)	158(0.0197)	160(0.0724)	162(0.0230)	164(0.0461)	166(0.7664)	168(0.0296)
	174(0.0197)						
MCW0112	266(0.0534)	268(0.7023)	270(0.2443)				
MCW0200	234(0.0738)	236(0.3826)	238(0.0906)	266(0.0403)	268(0.3356)	270(0.0772)	

注:各个标记的等位基因从小到大按 A、B、C……M、N、O 顺序依次排列;括号内为等位基因频率。

Note: The alleles of each maker list according to the sequence that assigned from small to large; the number in parentheses means the allele frequencies.

(3)所选的 18 个微卫星标记多态性很高,平均等位基因数为 7.444。不同的座位中,等位基因数目最多的为 15 个,最低为 3 个,与网上报道(www.thearkdb.org,具体数目见表 1)和其他一些研究报道^[2~12]有较大差异,基本上都偏多,只有 MCW0112 偏少。等位基因数多可以说明群体在该座位的遗传变异性高,即可利用该座位进行与性状有关的辅助标记选择。

(4)对于不同的座位,不同等位基因的频率差异很大,某些等位基因在群体中含量很少,每个位点都有一种或几种优势等位基因存在。

3 讨论

3.1 多重 PCR 反应体系及 PCR 产物的自动化检测

电泳是各种标记进行多态性检测的基础,为了满足研究的需要,许多公司相继推出了一系列的 DNA 序列分析仪,推动了电泳技术的发展。而将多重 PCR 与全自动电泳技术结合,实验技术具有简单、快速、分辨率高等优点。

如利用多重 PCR 进行鸡全基因组扫描,筛选出

包含在 30 个引物组合中的 170 个多微卫星标记,可用于鸡的连锁图谱分析及重要经济性状的定位研究^[9]。采用多重 PCR 进行标记位点的多态性检测,需满足如下条件:(1)所有位点必须同时得到扩增,换句话说,所有引物对的退火温度必须相近;(2)在同一反应体系中,所有引物对之间不能有相互作用(形成引物寡聚体);(3)用同种荧光染料标记的不同位点,其扩增片段不能相重叠;(4)不同位点的电泳图像必须清晰可读,信号强度能够进行数据分析。因此,必须对反应条件进行优化。本研究目前建立了一次可以同时检测 8 个标记位点的优化多重 PCR 反应体系。由于选用引物时就考虑过片段长度不重叠、退火温度和反应循环次数相同或相近等因素,故减少了本次实验多重 PCR 优化组合的工作量。

本次实验中,有两个微卫星标记 MCW0101、MCW0181 即使大量增加浓度,也始终无法合并到现有的引物组合中,其原因可能有:(1)5'端上的荧光发生衰变,无法在 ABI-3100 上分辨出扩增产物;(2)选择引物时,即使事先考虑到了引物间配对的问题,但在实际过程中仍然出现了配对现象;(3)现

有的多重 PCR 反应体系如退火温度、 Mg^{2+} 浓度等不适合这些引物的扩增;(4) 引物合成时出现误差。

使用 Genotyper3.7 软件进行基因型数字化判读准确而效率高,能防止各种人为因素造成的误差。微卫星标记扩增产物的电泳图谱,对于每个个体而言,每个标记只有一个或两个峰值,一个峰值表示为纯合子,两个峰值表示为杂合子。由于 PCR 反应中的不确定因素,电泳峰谱经常会出现一些“噪音”(stutter 和 shadow)峰,计算机在综合分析过程中会去掉这些峰,防止了聚丙烯酰胺凝胶电泳上读带时由于“影子带”而导致的误差,较好地保证试验结果的准确性和精确度。

3.2 微卫星标记的多态性分析

根据微卫星选择标准,每个微卫星位点至少应有 4 个等位基因才能较好地用于遗传分析。而理论上,家禽微卫星标记位点等位基因数一般在 2~20 个,大部分为 5~8 个。从本次实验结果来看,等位基因数最少的为 3 个(MCW0112),最多为 15 个(MCW0258),平均 7.444 个,高于许多研究报道^[1~8],因此这些微卫星可用于群体遗传变异分析。

对于一个基因或位点,如果它最频繁出现的等位基因的频率不超过 95%,则该基因或位点是多态的,泽格·欧特据此将多态基因或位点定义为杂合度(或 PIC 值)至少为 0.10 的基因或位点。由表 4 可以看出,本研究所用的 18 个标记均有较高的多态性。而又有人认为,当 $PIC > 0.50$ 时,标记具有高度的多态信息;当 $0.50 > PIC > 0.25$ 时,标记具有中等多态信息;当 $PIC < 0.25$ 时,标记多态信息较差。在遗传连锁分析中, PIC 大于 0.7 的微卫星标记为最理想的选择标记,因为在这种情况下,双亲在该位点通常是杂合的,在其后代中可以清楚地观察到等位基因的分离。本研究发现 18 个微卫星座位的 PIC 值平均为 0.669,其中有 9 个标记的 PIC 值在 0.7 以上,MCW0258 的 PIC 值更是达到了 0.912,具有极高的多态信息。

参考文献(References):

[1] WU Ping, CHEN Kuan-Wei. The application of microsatellite DNA markers in poultry breeding. *Guide to Chinese Poultry*, 2003, 20(6): 20~21.
吴萍,陈宽维.微卫星标记在家禽育种中的应用.中国禽业导刊,2003,20(6):20~21.

[2] SUN Gui-Rong, ZHU Qing, LI Liang. Genetic variation of nine microsattelite loci in Silkies. *Sichuan Animal & Veterinary Scienece*, 2003, 30 (B09):20.
孙桂荣,朱庆,李亮.丝羽乌骨鸡群体遗传结构的微卫星标记分析.四川畜牧兽医,2003.30(B09):20.

[3] YANG Yong, ZHU Qing, HU Gang-An. Analysis of domestic chicken population genetic variation by microsatellite and RAPD markers. *Sichuan University Transaction*, 2000, (Suppl): 148~153.
杨勇,朱庆,胡刚安.利用微卫星和 RAPD 标记分析家鸡的群体遗传变异.四川大学学报,2000,(增刊):148~153.

[4] WU Xin-Sheng, CHEN Guo-Hong, WANG De-Qian, ZHANG Xue-Yu, WANG Ke-Hua, CHENG Rong, LIU Bo, XU Qi, ZHOU Qun-Lan. Analysis of genetic relationship among Chinese native chicken breeds using microsatellites marker. *Acta Genetica Sinica*, 2004, 31(1): 43~50.
吴信生,陈国宏,王得前,张学余,王克华,成荣,刘博,徐琪,周群兰.利用微卫星技术分析中国部分地方鸡种的遗传结构.遗传学报,2004,31(1):43~50.

[5] CHEN Hong-Ju, YUE Yong-Sheng, FAN Xin-Zhong, ZHANG Chuan-Sheng, DU Li-Xin. Analysis of genetic diversity of Shandong indigenous chicken breeds using microsatellite marker. *Acta Genetica Sinica*, 2003, 30(9): 855~860.
陈红菊,岳永生,樊新忠,张传生,杜立新.利用微卫星标记分析山东地方鸡品种的遗传多样性.遗传学报,2003,30(9):855~860.

[6] ZHU Qing, LI Liang. Genetic diversity in black-bone chicken lines as revealed by microsatellite DNA markers. *Acta Veterinaria et Zootechnica Sinica*, 2003, 34(3): 213~216.
朱庆,李亮.不同地方乌骨鸡种群遗传多样性的微卫星 DNA 分析.畜牧兽医学报,2003,34(3):213~216.

[7] WU Ping, LI Yi-Ren, WANG Jin-Yu, CHEN Kuan-Wei. Analysis of genetic variation of Chinese native chicken breeds using microsatellite markers. *Biodiversity Science*, 2003, 11(6): 461~466.
吴萍,李奕仁,王金玉,陈宽维.应用微卫星标记分析中国地方鸡种的遗传变异.生物多样性,2003,11(6):461~466.

[8] CHEN Hong-Ju, YUE Yong-Sheng, FAN Xin-Zhong, ZHANG Chuan-Sheng, DU Li-Xin. A comparative study of genetic distance and clustering analysis among Shandong indigenous chicken breeds. *Acta Veterinaria et Zootechnica Sinica*, 2004, 35(1):33~36.
陈红菊,岳永生,樊新忠,张传生,杜立新.山东地方鸡种遗传距离与聚类分析方法比较研究.畜牧兽医学报,2004,35(1):33~36.

[9] WANG De-Qian, CHEN Guo-Hong, WU Xin-Sheng, ZHANG Xue-Yu, WANG Ke-Hua, CHENG Rong, LIU Bo, XU Qi, ZHOU Qun-Lan. The genetic relationship analysis among Chinese native chicken breeds by microsatellites. *Journal of Yangzhou University (Agricultural and Life Sciences Edition)*, 2003, 24(2): 1~6.

- 王得前,陈国宏,吴信生,张学余,王克华,成 荣,刘 博,徐琪,周群兰. 运用微卫星技术分析中国地方鸡品种的亲缘关系. 扬州大学学报(农业与生命科学版), 2003, 24(2):1~6.
- [10] HU Xiao-Xiang, HUANG Yin-Hua, GAO Yu, DU Zhi-Qiang, FENG Ji-Dong, XU Wei-Zhuo, DENG Xue-Mei, ZHANG Ying, FAN Bao-Liang, ZHAO Zhi-Hui, LIU Zhao-Liang, YANG Ning, JIN Ning-Yi, WU Chang-Xin, LI Ning. Preliminary analysis on China Agricultural University chicken resource population based on genomic scanning. *Acta Genetica Sinica*, 2003, 30(12): 1101~1106.
- 胡晓湘,黄银花,高 宇,杜志强,冯继东,徐慰倬,邓学梅,张 莹,樊宝良,赵志辉,刘兆良,杨 宁,金宁一,吴常信,李 宁. 对中国农业大学鸡资源群进行基因组扫描的初步分析. 遗传学报, 2003, 30(12):1103~1106.
- [11] LI Hong-Xia, ZHU Qing, LI Liang, LIU Yi-Ping. The correlation analysis of microsatellite DNA markers for some production performances in chicken. *Hereditas* (Beijing), 2004, 26(6): 854~858.
- 李红霞,朱 庆,李 亮,刘益平. 黄羽肉鸡微卫星多态性与体重的相关分析. 遗传, 2004, 26(6): 854~858.
- [12] SUN Gui-rong, ZHU Qing, LI Liang. Effects of nine microsatellite DNA loci on egg production traits in silkies. *Acta Veterinaria et Zootechnica Sinica*, 2003, 34(6):616~619.
- 孙桂荣,朱 庆,李 亮. 微卫星标记与丝羽乌骨鸡产蛋性能的关系研究. 畜牧兽医学报, 2003, 34(6):616~619.
- [13] ZHU Qing, ZHOU Hai-Long. Research on early development and growth of new fast growing silkies. *Heilongjiang Animal & Veterinary Science*, 2003, (9):62.
- 朱 庆,周海龙. 丝羽乌骨鸡新品系早期产蛋性能相关研究. 黑龙江畜牧兽医, 2003, (9):62.
- [14] Crooijmans R P, Dijkhof R J, van der Poel J J, Groenen M A. New microsatellite markers in chicken optimized for automated fluorescent genotyping. *Anim Genet*, 1997, 78: 427~437.
- [15] Ambady S, Cheng H H, Ponce de Leon F A. Development and mapping of microsatellite markers derived from chicken chromosome-specific libraries. *Poult Sci*, 2002, 81(11):1644~1646.
- [16] Atzmon G, Cassuto D, Lavi U, Cahaner A, Zeitlin G, Hillel J. DNA markers and crossbreeding scheme as means to select sires for heterosis in egg production of chickens. *Anim Genet*, 2002, 33(2):132~139.

《遗传》杂志征稿启事

《遗传》杂志是中国遗传学会和中国科学院遗传与发育生物学研究所主办、科学出版社出版的学术刊物,中国自然科学核心期刊,已被美国化学文摘、生物学文摘、医学索引、俄罗斯文摘杂志和《中国学术期刊文摘》等 20 余种国内外重要检索系统与数据库收录。据中国科技信息所 2004 年的统计数据,《遗传》总被引频次为 800,影响因子为 0.631。

在新的一年里,我刊将采取一系列重要的改革举措,竭诚为大家服务,由双月刊改为月刊,扩大刊物容量,继续缩短出版周期。在您投稿之前,请了解下列事项:

1. 征稿范围:遗传学、发育生物学、基因组学等领域有创新性的研究论文;遗传学研究的新技术与新方法;学术讨论、专家论坛以及遗传学热点问题的综述。

2. 稿件要求:中文稿件请附详细的中英文摘要。题目应简洁明快;名词术语使用规范;蛋白质和基因符号注意正斜体、大小写;插图清晰随文排版;按顺序编码制正确引用参考文献,保留全部引文作者姓名,中文文献之前列出英文对照;使用法定的计量单位。格式体例请参阅 2005 年出版的《遗传学报》与《遗传》。

3. 投稿方式:

实行网上投稿和网上审稿。作者请登录我刊网站(www.Chinagene.cn/yc/index.asp),在《遗传》的“作者投稿区”注册后,按提示步骤完成投稿流程。如 3 日后未收到投稿回执的,请及时发邮件查询(E-mail:yczz@genetics.ac.cn),以免遗漏。

请勿一稿两投,学生投稿须经导师同意,无署名争议及保密问题。

4. 审稿流程:收到稿件后由编辑部严格初审。对于学术水平和写作格式未达到我刊要求的及时退稿。送审合格的稿件经主编终审、编辑加工后退给作者修改定稿。重要论文优先发表或推荐到《遗传学报》发表。

修订稿排版打印后给作者寄清样,请全部作者在清样上签名,原则上不能变动单位及作者。

5. 稿件费用:本刊免收审稿费。录用的稿件寄清样时通知交纳版面费,每印刷页码 200 元,彩版费每页 1000 元。发表后寄给作者样刊 5 本,精美抽印本 50 份,稿酬每面 80 元。

以上措施自 2006 年 1 月 1 日起实行,未尽事宜将在我刊网站另行通知。