

家畜高繁殖力性状遗传机制的研究进展

王 栋¹,朱化彬¹,程金华¹,冯金梅²,郝海生¹

(1. 中国农业科学院畜牧研究所,北京 100094;2. 内蒙古自治区赤峰市敖汉旗畜牧局,敖汉 024300)

摘要:家畜繁殖力是一个对畜牧生产有重要影响的数量性状,文章从基因组和 mRNA 表达两个水平综述了家畜高繁殖力性状遗传机理的研究进展。这些研究成果表明,家畜高繁殖力受许多基因影响,而该性状的形成是多个基因共同表达与相互作用的一个综合结果。两种水平的研究都取得了很大的进展,但同基因组水平的研究相比,mRNA 表达水平的研究仅关注在某一时期某一组织表达的基因,从 mRNA 表达水平进行研究能够找到对性状形成有直接贡献的基因。现在的研究多采用基因组水平和 mRNA 表达水平,随着科学技术研究的发展,还会为这一性状提供新的研究方法,但将来更有效的研究方法可能是多个水平综合进行的。

关键词:高繁殖力;基因组;mRNA

中图分类号:S813

文献标识码:A

文章编号:0253-9772(2005)03-0487-05

Progress in the Study on Genetic Mechanism for High Prolificacy in Farm Animals

WANG Dong¹, ZHU Hua-Bin¹, CHENG Jin-Hua¹, FENG Jin-Mei², HAO Hai-Sheng¹

(1. Institute of Animal Science, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Beijing 100094, China;

2. Husbandry Bureau of Aohan County, Chifeng City, Innermongolia Municipality, Aohan 024300, China)

Abstract: Reproduction ability of farm animals is a quantitative trait that affects largely the husbandry productions. Progress in the study on genetic mechanism for high prolificacy in farm animals were reviewed at genome level and mRNA expression level in this paper. All these research results indicate that high prolificacy is a trait affected by a lot of genes, that is, the co-expression and interaction of these genes result in the formation of the trait. A lot of progresses have been made at all these two research levels. But differing from the genome level, the research at mRNA expression level only involves the genes expressed at special time in special tissues, and the genes directly contributed to the formation of traits. The genetic mechanism for this trait has been studying at the levels of genome and mRNA expression nowadays. With the development of sciences, new research methods for the trait will be provided, but only the combination of them with all these research levels will be the most effective.

Key words: high prolificacy; genome; mRNA

繁殖力的高低直接影响到畜牧生产的经济效益,其遗传机制一直是研究的焦点。但繁殖力是一受诸多因素影响的数量性状,遗传力低,采用传统的

遗传育种方法对该性状进行遗传改进很难奏效。资料表明,采用传统方法,猪产仔数每年实现的选择反应仅占平均产仔数的 0.06%^[1]。为了实现对繁殖

收稿日期:2004-03-10;修回日期:2004-09-28

基金项目:国家高技术研究发展专项经费资助(编号:2001AA243011)[Supported by National High Technology Research and Development Program of China (No. 2001AA243011)]

作者简介:王 栋(1968—),男,内蒙赤峰人,博士。中国农业科学院畜牧研究所,研究方向:遗传育种与繁殖技术。Tel:010-62815892, E-mail: dwangcn2002@vip.sina.com.cn

通讯作者:朱化彬(1965—),男,副研究员,研究方向:动物遗传育种与繁殖技术;Tel:010-62815892, E-mail: huabinzhu@yahoo.com.cn

性状的较快的遗传改进,很多学者从不同水平对这一性状进行了研究。有的利用统计方法对母猪繁殖力性状进行遗传分析^[2],有的从血液蛋白多态性入手对该性状进行研究^[3],还有人从染色体水平对该性状进行研究^[4]。随着分子生物学的飞速发展,在分子水平为这一性状又提供了新的研究途径。学者们试图通过分子水平对该性状遗传基础的研究,发现一些影响家畜多胎性能的主效基因或 QTL。目前在猪、绵羊等物种上已经获得了一些有意义的结果,提出了一些有重要作用的候选基因,并且这些候选基因正在验证之中。

1 在基因组水平对高繁殖力遗传机制的研究

功能基因组水平的研究最早开始于 Booroola 美利奴羊^[5],研究中发现 *FecB* 是绵羊多胎性能的一个主效基因,呈单基因遗传,由常染色体突变所致,该基因对排卵数呈加性效应,对窝产羔数呈部分显性效应,每一个 *FecB* 基因平均增加排卵数 1.5~1.65 个,增加产羔数 0.9~1.2 个;两个拷贝平均增加排卵数 2.7~3.0 个,增加产羔数 1.1~1.7 个。在表型上 Booroola 母羊(BB)平均排卵 4.65 个,显著高于对照组排卵数(1.62 个)。这一基因被定位于绵羊的 6 号染色体上,位于微卫星标记 BM1329 和 OarAE101 之间大约 10 cM 的连锁群中^[6]。后来的研究^[7]表明绵羊 *FecB* 基因实际为骨骼形态蛋白 IB 型受体(*BMPRI-IB*)基因,由于该基因 A746G 碱基突变导致第 249 位的谷氨酸突变为精氨酸(Q→R),并且证明 249R 就是 *FecB* B 等位基因。绵羊的这一基因编码区有 10 个外显子组成,共 1 509 bp,编码 502 个氨基酸。该基因在与绵羊繁殖有关的组织和器官中都有广泛的表达,如卵巢、睾丸、子宫和前列腺,并且在脑、骨骼肌和肾脏中也有中度表达。

除了 *FecB* 位点,在罗姆尼羊多胎品系(*Inverdale*)中发现,与 X 染色体连锁的 *FecX*¹ 位点对繁殖性能有重要作用。*FecX*¹ 基因可增加杂合子母羊的排卵数,携带杂合基因的母羊平均增加排卵数 1.0 个,增加产羔数 0.6 个,但该基因的纯合子个体出现条斑卵巢且表现不育^[8]。在罗姆尼羊的另一个多胎品系(Hanna),Davis 等发现其 X 染色体存在有另一个突变位点 *FecX*^H(Fecundity Hanna X chromosome),两家系杂交产生的个体(*FecX*¹/*FecX*^H)与

*FecX*¹/*FecX*¹ 基因型的个体具有同样表型,也具有条斑卵巢且不育。在 *FecX*¹、*FecX*^H 基因携带者中都检测到了骨骼形态蛋白基因 *BMP15*(bone Morphogenetic Protein 15)的突变,这一基因也称作 *GDF9B*(Growth Differentiating Factor 9B),是转化生长因子超家族成员,在卵巢中特异表达。对于 *FecX*^H 携带者来说,在该基因编码区多肽第 67 位核苷酸发生了 C→T 的颠换,从而引入一个提前终止密码子,这一颠换可能导致纯合子中 *BMP15* 完全丧失功能;在 *FecX*¹ 中则是在这一基因高度保守编码蛋白区第 92 位核苷酸发生了 T→A 的颠换,导致第 31 位缬氨酸替换成天冬氨酸,氨基酸的改变使 *BMP15* 丧失了形成二聚体的能力,造成 *FecX*¹ 纯合子不育^[9]。

Davis 等(1984)在研究中发现,高产母羊家系的遗传特征不符合孟德尔遗传规律。根据生产记录和 *FecX* 基因与 X 染色体连锁的遗传规律,在这一群体中分离出了可以增加 0.39 个排卵数的“印记”基因,即 Woodland 基因(*FecX*²),研究得知该基因为母性印记基因,只有从父系遗传到该基因的母羊才具有高排卵性状。该基因多数情况下是不表达的,在新西兰羊、罗姆尼羊、柯泊华斯羊、Perendale 羊的研究中都发现了 *FecX*² 基因。

后来在冰岛绵羊中又发现了多胎性状有一定调控作用的 *Thoka* 主基因,它与 Booroola *FecB* 基因有相似的作用机制,该基因的非携带者母羊平均排卵 1.59 个,携带该基因的母羊平均排卵 2.14 个($P < 0.01$);而在另外一个群体中携带者和非携带者平均排卵数分别为 3.4 和 2.2,在杂合子羊中遗传效应明显,一个拷贝 *Thoka* 基因可以使窝产羔增加 0.64 个,增加排卵 1.21 个或更多^[10]。

猪高繁殖力分子遗传机制方面的研究也取得很大进展,Rothschild^[11]等采用 RFLP 方法,以基因组中 *ESR* 位点为候选基因,研究了我国高产仔品种梅山猪及含 50% 梅山猪血液的合成系猪 *ESR* 基因的多态性,结果表明,含有 3.7 kb 条带的纯合子母猪比不含有该片段的母猪初产时多 2.3 头仔猪,各胎平均多产 1.5 头,该片段被定为基因 B。许多学者通过研究也得出了同样的结论^[12~14]。但也有些学者得出了不同的结论^[15、16]。虽然研究结果存在有一定的分歧,但国内外大部分研究表明,*ESR* 是控制产仔数的主基因或与产仔数主基因紧密连

锁。

类似于 *ESR* 基因, *FSH β* 亚基基因也被作为控制猪产仔数主基因的候选基因^[17], 通过不同猪种 *FSH β* 位点的多态性检测及其与猪产仔数的连锁分析, 证明 *FSH β* 亚基基因在约克夏、长白、杜洛克等商业猪种中与控制产仔数的主基因紧密连锁。发现优势基因型纯合子 *AA* 型与 *BB* 型母猪在总产仔数和产活仔数的差异分别为 2.53 头 ($P < 0.01$) 和 2.12 头 ($P < 0.01$)。以促乳激素受体基因 (*PRLR*) 为候选基因的研究^[18], 发现 *PRLR* 位点 *AA* 基因型的头胎、经产的总产仔数和产活仔数显著地高于 *BB* 型, 据此推测, *PRLR* 位点的 *A* 基因是一个对提高产仔数有利的优良基因^[19]。随着研究的深入和进行, 还不断有其他一些对高繁殖力有作用的新基因被发现^[20~23]。

2 在 mRNA 表达水平对高繁殖力遗传机制的研究

随着对 mRNA 研究的深入, 和 RT-PCR 技术的逐渐成熟, 对高繁殖力性状的研究已经不仅限于在基因组水平, 也有学者从基因表达的 mRNA 产物水平进行家畜高繁殖力分子机理研究。

Fleming JS 等^[24] 检测了 *Booroola* 母羊发情周期黄体期的激素水平, 发现 *FecB* 基因的纯合子个体 *BB* 其他型比非携带者个体 ++ 型外周血液中都具有显著高水平的促黄体生成素和促卵泡激素, 但抑制素和孕酮的分泌水平在两个基因型间没有什么差别。采用 *A* 抑制素 α 和 β 亚基的 cDNA 以及促激素的 cDNA 为探针, 进行 Northern 杂交, 结果只有 *A* 抑制素检测到两个基因型间 mRNA 水平的差别, 其他激素均未检测到 mRNA 水平的差别。在 *BB* 型和 ++ 型卵泡中都检测到一个 1.5 kb 的 *A* 抑制素 α 亚基 mRNA; 在 *BB* 型和 ++ 型卵巢基质中及 *BB* 型的主黄体中都检测到了 *A* 抑制素 α 亚基 mRNA 的低量表达, 但 ++ 型个体的主黄体中却未检测到 *A* 抑制素 α 亚基 mRNA; 对于 *A* 抑制素 β 亚基 mRNA, 只在 *BB* 型和 ++ 型个体的卵泡中检测到约有 3 个拷贝, 一个拷贝为 7.5 kb 另两个拷贝在 1.4~5.0 kb 之间。

Martin-Romero FJ 等^[25] 在对果蝇的研究中发现, 在培养基中补充了标准量的硒元素后, 果蝇的生长速度是不含硒元素或大于标准量硒元素培养基上

培养的果蝇的两倍, 果蝇的产卵数也增加了一半。在检测 mRNA 的表达时发现, 在补充了标准量硒元素培养基中培养的果蝇特异表达了 3 种与已知蛋白无同源性的含硒蛋白 mRNA。推测这 3 种含硒蛋白与果蝇的生长有关, 同时这 3 种含硒蛋白的表达也可能促使了果蝇高繁殖力的形成。

Tanaka M 等^[26] 利用抑制消减杂交这一差异筛选技术, 构建了 cDNA 消减杂交文库, 系统的分离和克隆了卵巢组织特异表达的基因, 其中对 844 个卵巢组织特异表达克隆进行了比对分析, 鉴定出 159 个独立的克隆为已知序列, 83 个克隆为未知的新序列, 并且它们正在通过 RACE 方法获取新基因的全长 cDNA 序列, 希望通过对卵巢组织特异表达基因的研究揭示出家畜高繁殖力性状基因的表达机制, 并找到控制家畜高繁殖力性状的办法。

柳淑芳等^[27] 采用了另一种 mRNA 研究策略, 运用 SMART 技术构建了小尾寒羊发情前期卵巢组织的 cDNA 文库, 文库中包含了发情前期卵巢组织中表达的所有与繁殖相关的基因信息, 经过对 cDNA 文库中 EST 的大规模序列测定, 得到了这一时期卵巢组织表达的大量 EST 序列, 在这些 EST 序列中既有与繁殖性状相关的已知基因片段, 同时也有大量与已知序列相似性很低的未知序列。

与基因组水平相比, 从表达水平进行家畜高繁殖力研究是一个全新的思路。基因表达遵循由 DNA \rightarrow mRNA \rightarrow 蛋白质的中心法则路径, 同时基因表达又是时空特异性的, 某个组织某一时期的基因组中只有 15% 的基因表达, 从基因到性状不只是简单的对应关系, 只有表达的基因才对性状的形成有贡献, 性状的形成可能是很多基因共同表达和相互作用的结果。从这个水平进行研究可以直接研究对性状表达有贡献的基因。

3 结 语

高繁殖力是一个极其复杂的性状, 不同学者的研究都为揭示这一性状的遗传机理做出了不同程度的贡献。研究结果表明, 控制这一性状的基因很多, 很多基因共同表达和相互作用最终形成了性状的表型, 在性状的形成中, 一些基因起到了较大的作用, 这就是人们正在寻找的主效基因, 然而肯定还有很多影响该性状的基因没有被发现, 还需要进一步研究来确证。研究这一性状的手段也很多, 随着科学

技术水平的进一步发展,除了在基因组水平和 mRNA 表达水平进行研究外,还会从蛋白组水平或各水平间的互作等多渠道进行更深入的研究。对该性状的研究也将会不断深入并挖掘出更多的未知信息,使人类从各个层面对繁殖力这一性状有一个逐渐清楚、全面的认识,并借助于数量遗传学和分子生物学技术手段的有机结合,最终实现家畜繁殖力性状较快的遗传进展。

参考文献(References):

- [1] HOU Zhen-Ping, JIANG Si-Wen. The proceeding of the study on genetic advance of litter size in swine. *Zhongguo Xumushouyi*, 2003, 4: 26~28.
侯振平, 蒋思文. 猪产仔数的遗传改良研究进展. *中国畜牧兽医*, 2003, 4: 26~28.
- [2] CHU Ming-Xing, WU Chang-Xin, ZHANG Jian-Sheng, GU Jian-Ping, SUN Shi-Quan. Genetic analysis of sow productivity traits. *Acta Genetica Sinica*, 27(11): 947~952.
储明星, 吴常信, 张建生, 顾建平, 孙士铨. 母猪生产力性状的遗传分析. *遗传学报*, 2000, 27(11): 947~952.
- [3] LIAN Lin-Sheng, LU Shao-Xiong. A study of the relationship between serum esterase polymorphism and reproductive performance of saba pig. *Hereditas (Beijing)*, 1999, 21(4): 25~28.
连林生, 鲁绍雄. 撒坝猪血清酯酶多态性与繁殖性能关系的研究. *遗传*, 1999, 21(4): 25~28.
- [4] HUANG You-Jun, SHANG Jiang-Hua, LIANG Meng-Mei, ZHANG Xiu-Fang, HUANG Feng-Xiang. Studies of chromosomal heredity and fertility of progenies ($2n=49$) crossed between river and swamp buffalo. *Hereditas (Beijing)*, 2003, 25(2): 155~159.
黄右军, 尚江华, 梁梦玫, 张秀芳, 黄芬香. 河流型水牛与沼泽型水牛杂交后代($2n=49$)染色体遗传与繁殖力的研究. *遗传*, 2003, 25(2): 155~159.
- [5] Piper L R, Bindon K M, Davis G H. The single gene inheritance of the high litter size of the *Booroola* Merino. *Genetics of Reproduction in Sheep*, 1985, 115~125.
- [6] Nowak Z, Charon K M. Identification of fecundity gene (*FecB*) carriers using microsatellite markers and its effect on sheep weight. *J Appl Genet*, 2001, 42(1): 49~57.
- [7] Wilson T, Wu X Y, Juengel J L, Ross I K, Lumsden J M, Lord E A, Dodds K G, Walling G A, McEwan J C, O'Connell A R, McNatty K P, Montgomery G W. Highly prolific *Booroola* sheep have a mutation in the intracellular kinase domain of bone morphogenetic protein 1B receptor (ALK-6) that is expressed in both oocytes and granulosa cells. *Biol Reprod*, 2001, 64(4): 1225~1235.
- [8] Davis G H, McEwan J C, Fennessy P F, Dodds K G, McNatty K P, O W S. Infertility due to bilateral ovarian hypoplasia in sheep homozygous (*FecX¹ FecX¹*) for the Inverdale prolificacy gene located on the X chromosome. *Biol Reprod*, 1992, 46(4): 636~640.
- [9] Galloway S M, McNatty K P, Cambridge L M, Laitinen M P, Juengel J L, Jokiranta T S, McLaren R J, Luiro K, Dodds K G, Montgomery G W, Beattie A E, Davis G H, Ritvos O. Mutations in an oocyte-derived growth factor gene (*BMP15*) cause increased ovulation rate and infertility in a dosage-sensitive manner. *Nat Genet*, 2000, 25(3): 279~283.
- [10] GUAN Feng, YANG Li-Guo, SHI Guo-Qing, CAO Shao-Xian, MAO Da-Gan. Review on genes controlling prolificacy traits in sheep. *Heilongjiang Journal of Animal Reproduction*, 11(3): 12~16.
管峰, 杨利国, 石国庆, 曹少先, 茆达干. 绵阳多胎性状基因调控研究进展. *黑龙江动物繁殖*, 2003, 11(3): 12~16.
- [11] Rothschild M, Jacobson C, Vaske D, Tuggle C, Wang L, Short T, Eckardt G, Sasaki S, Vincent A, McLaren D, Southwood O, van der Steen H, Mileham A, Plastow G. The estrogen receptor locus is associated with a major gene influencing litter size in pigs. *Proc Natl Acad Sci USA*, 1996, 93(1): 201~205.
- [12] Short T H, Rothschild M F, Southwood O I, McLaren D G, de Vries A, van der Steen H, Eckardt G R, Tuggle C K, Helm J, Vaske D A, Mileham A J, Plastow G S. Effect of the estrogen receptor locus on reproduction and production traits in four commercial pig lines. *J Anim Sci*, 1997, 75(12): 3138~3142.
- [13] Van Rens B T, de Groot P N, Van der Lende T. The effect of ESR genotype on litter size and placental traits at term in F_2 crossbred gilts. *Therigenology*, 2002, 57(6): 1653~1649.
- [14] CHEN Ke-Fei, HUAN Lu-Sheng, LI Ning, ZHANG Qin, LUO Ming, WU Chang-Xin. The genetic effect of estrogen receptor (ESR) on litter size traits in pig. *Acta Genetica Sinica*, 27(10): 853~857.
陈克飞, 黄路生, 李宁, 张勤, 罗明, 吴常信. 猪雌激素受体(ESR)基因对产仔数性状的影响. *遗传学报*, 2000, 27(10): 853~857.
- [15] Isler B J, Irvin K M, Neal S M. Examination of the relationship between the ESR gene and reproduction traits on swine. *J Anim Sci*, 2002, 80(9): 2334~2339.
- [16] LIU Shu-Fang, DU Li-Xin, YAN Yian-Chun. Relationship between *Pvu II* polymorphisms at estrogen receptor gene and litter size in swine. *Hereditas (Beijing)*, 24(3): 267~270.
柳淑芳, 杜立新, 阎艳春. 猪雌激素受体基因 *Pvu II* 多态性与产仔数性状的关系. *遗传*, 2002, 24(3): 267~270.
- [17] ZHAO Yao-Feng, LI Ning, XIAO Lu, CAO Geng-Sheng, CHEN Yi-Zhen, ZHANG Shun, CHEN Yong-Fu, WU Chang-Xin. Study on the relationship between insertion mutation in FSH β coding of and litter size in swine. *Science in China (Series C)*, 1999, 29(1): 81~86.
赵要风, 李宁, 肖璐, 曹更生, 陈怡真, 张顺, 陈永福, 吴常信. 猪 FSH β 亚基基因结构区反转座子插入突变及其与猪产仔数关系的研究. *中国科学(C辑)*, 29(1): 81~86.

- [18] van Rens B T, van der Lende T. Litter size and piglet traits of gilts with different prolactin receptor genotypes. *Theriogenology*, 2002, 57(2):883~893.
- [19] MU Yu-Lian, SUN Shao-Hua, CHU Ming-Xing. Progress on prolactin receptor gene. *Hereditas* (Beijing), 2002, 24(3): 363~366.
牟玉莲, 孙少华, 储明星. 催乳素受体基因的研究进展. *遗传*, 2002, 24(3): 363~366.
- [20] Rothschild M F, Messer L, Day A, Wales R, Short T, Southwood O, Plastow G. Investigation of the retinol-binding protein 4 (RBP4) gene as a candidate gene for increased litter size in pigs. *Mamm Genome*, 2000, 11(1):75~77.
- [21] YUAN Xiao-Li, ZHOU Zhong-Xiao. Study on the effect of *ob* gene to litter size of pig. Proceedings of the 12th national symposium on animal genetics and breeding. Beijing: Chinese Agricultural Publishing House, 2003, 409~412.
原晓俐, 周忠孝. *ob* 基因对猪产仔数遗传效应的研究. 第十二次全国动物遗传育种学术会议论文集. 北京: 中国农业科学技术出版社, 2003, 409~412.
- [22] GONG Zhen-Hua, WANG Zhong, LIN Guang, LI Jia-Qi, HUANG Zhi-Hong, CHEN Yao-Sheng. Study on genetic effects of *RYSR-1* gene on reproduce performance and growth performance in pig. Proceedings of the 12th national symposium on animal genetics and breeding. Beijing: Chinese Agricultural Publishing House, 2003, 390~394.
巩振华, 王 钟, 林 广, 李加琪, 黄志宏, 陈瑶生. *RYSR1* 基因对繁殖性能和生长性能的遗传效应研究. 第十二次全国动物遗传育种学术会议论文集. 北京: 中国农业科学技术出版社, 2003, 390~394.
- [23] Linville R C, Pomp D, Johnson R K, Rothschild M F. Candidate gene analysis for loci affecting litter size and ovulation rate in swine. *J Anim Sci*, 2001, 79:60~67.
- [24] Fleming J S, Tisdall D J, Greenwood P J, Hudson N L, Heath D A, McNatty K P. Expression of the genes for alpha inhibin, beta A inhibin and follistatin in the ovaries of Booroola ewes which were homozygotes or non-carriers of the fecundity gene *FecB*. *J Mol Endocrinol*, 1992, 8(3):265~273.
- [25] Martin-Romero F J, Kryukov G V, Lobanov A V, Carlson B A, Lee B J, Gladyshev V N, Hatfield D L. Selenium metabolism in *Drosophila*: selenoproteins, selenoprotein mRNA expression, fertility, and mortality. *J Biol Chem*, 2001, 276(32):29798~29804.
- [26] Tanaka M, Hennebold J D, Miyakoshi K, Teranishi T, Ueno K, Adashi E Y. The generation and characterization of an ovary-selective cDNA library. *Mol Cell Endocrinol*, 2003, 202(1~2):67~69.
- [27] LIU Shu-Fang, DU Li-Xin. Construction of SMART cDNA library and analysis of EST from little-tailed han sheep ovary. Proceedings of the 12th national symposium on animal genetics and breeding. Beijing: Chinese Agricultural Publishing House, 2003, 253~257.
柳淑芳, 杜立新. 小尾寒羊卵巢组织 SMART cDNA 文库构建及 EST 分析. 第十二次全国动物遗传育种学术会议论文集. 北京: 中国农业科学技术出版社, 2003, 253~257.

“植物分子育种国际学术研讨会”通知

面对 21 世纪生物经济带来的巨大发展机遇,为加强与国际植物分子育种领域的交流与合作,加速我国分子育种成果的产业化进程和种子产业发展,推动植物分子育种科学发展,促进该领域人才成长,经中国科学技术协会批准,中国农学会定于 2005 年 10 月 27~30 日在海南省三亚市举办“植物分子育种国际学术研讨会”。

会议期间,将邀请华中农业大学张启发院士、中国科学院李振声院士、中国农业科学院生物技术研究所范云六院士、华中农业大学傅廷栋院士、中国农业科学院方智远院士等国内、国际著名专家将就植物分子育种的理论与技术、植物分子育种与常规育种的结合,植物分子育种与种业的产业化发展等议题做专题报告。

本次会议由中国农学会、中国生物技术发展中心等单位联合主办,海南省热带农业资源开发利用研究所承办。

会议的主题是“植物分子育种与中国种业发展”。

大会特邀本行业有实力、有影响的企业协办赞助,详细补偿条例及资料请向组委会索取。

日程安排:本次会议将于 2005 年 10 月 27~30 日,在海南省三亚市三亚度假村(三亚湾旅游区)召开。日程安排为:2005 年 10 月 27 日报到,10 月 28~29 日研讨,30 日参观南繁育种基地和热带原始雨林资源考察。

论文征集:本次会议将出版会议论文集,论文集全文或摘要刊登免收版面费。凡录用的论文经分子育种编辑部审核,符合《分子植物育种》发表要求的将在《分子植物育种》第 3 卷第 5 期上发表,该论文在会议论文集上不再刊登全文,仅刊登英文摘要。论文格式请参照《分子植物育种》。

联系方式

会务组联系方式(一):联系地址:北京市海淀区知春路 49 号希格玛公寓 B1601,100080 电话:010-62556198 传真:010-88099388 E-mail: mpbbj@vip.sina.com 联系人:李迪女士

会务组联系方式(二):联系地址:海南省三亚市崖城镇海南省热带农业资源开发利用研究所,572025 电话:0898-88831071 传真:0898-88831215 E-mail: hitar@hitar.org 联系人:方冠军先生

详情请查阅《分子植物育种》2005 年第 3 卷第 2 期, pp. 295~298