

山羊经济性状标记辅助选择的遗传效应分析

沈伟¹, 李兰², 潘庆杰², 秦国庆¹, 耿社民¹

(1. 西北农林科技大学动物科技学院, 陕西 杨凌 712100; 2. 莱阳农学院, 山东莱阳 265200)

摘要:以辽宁绒山羊、柴达木绒山羊和柴达木山羊 3 个群体共 147 只山羊为研究对象,运用 PAGE 和 RAPD 技术对山羊的体重、绒产量和绒细度 3 个性状进行了与标记基因关系的遗传分析,结果表明,EsD2-2 型、LAPBB 型和 $P_{A-3}2-2$ 型分别为体重、绒产量和绒细度性状的优势标记基因型;可利用标记辅助预测的方法充分利用多基因座标记基因间的互作效应;在体重上,寻找到有显著选择效应的 RAPD 条带 11 个,在绒产量和绒细度上分别为 9 和 6 个;在多目标性状选择中,CY0818/A0 型和 OPW19/C1 型为体重和绒产量的双重优势 RAPD 标记,CY0818/G1 型为体重和绒细度的双重优势 RAPD 标记。

关键词:山羊; 经济性状; 标记辅助选择; 遗传效应

中图分类号: S813.3

文献标识码: A

文章编号: 0253-9772(2004)05-0625-06

Genetic Effect of the Marker Assisted Selection on Economic Traits of Goats

SHEN Wei¹, LI Lan², PAN Qing-Jie², QIN Guo-Qing¹, GENG She-Min¹

(1. College of Animal Science and Technology, Northwest Sci-Tech University of Agriculture and Forestry, Yangling, Shaanxi 712100, China; 2. Laiyang Agriculture College, Laiyang Shandong 265200, China)

Abstract: The genetic relationships between economic traits and genetic markers were studied in 147 goats including Chaidamu goat (CS), Chaidamu Cashmere goat (CRS) and Liaoning Cashmere goat (LRS) in Qinghai province, China. CRS was the population of CS × LRS crossbred. The results showed as follows: the selection reaction of these blood protein polymorphic loci were great, such as *EsD*, *LAP* and P_{A-3} ; and *EsD2-2*, *LAPBB* and $P_{A-3}2-2$ were the superior marker genotypes on body weight, Cashmere yield and Cashmere fineness respectively by Least Square method. The interaction between marker genotypes at double loci was found frequently, and their ratio between interaction variance component and genetic variance was higher. With the method of marker assisted prediction (MAP), some interaction effect could be used effectively in the crossbred population. On the aspect of random amplified polymorphic DNA (RAPD), the number of the superior RAPD marker bands were 11 on body weight trait, 9 and 6 RAPD marker bands on Cashmere yield and Cashmere fineness. For multi-goal traits, *CY0818/A0* type and *OPW19/C1* type were superior RAPD markers of body weight and Cashmere yield. *CY0818/G1* type was superior one of body weight and Cashmere fineness.

Key words: goat; economic traits; marker assisted selection; genetic effect

收稿日期: 2003-05-29; 修回日期: 2003-09-08

基金项目: 山东省优秀中青年科学家科研奖励基金和陕西省自然科学基金(2000SM05) [This Work was Supported by the Grants from the Science fund for Distinguished Young Scholars of Shandong and the Natural Science Foundation of Shaanxi]

作者简介: 沈伟(1975-), 男, 山东滕州人, 博士, 研究方向: 遗传与发育生物学, 现通讯地址: 北京大学生命科学学院, E-mail: shenwei427@yahoo.com.cn

我国山羊绒年产量已达 1 万吨左右,贸易量占全球的 50% 以上,但个体的生产水平较低,并且在传统的选择模式下,绒山羊经济性状的选择进展也很慢,因而寻找新的选种方法提高绒山羊的生产水平成为近 20 年来绒山羊选育研究的焦点。随着标记辅助选择(MAS)研究方法的逐步完善^[1~7],有些学者已开始探索遗传标记与山羊经济性状间的遗传关系^[8],但他们的研究大多是针对某一群体进行相关性分析,没有进行有效的遗传连锁分析,因而其结果在其他群体中缺乏可应用性。在国内,仅见耿社民等于 2000 年发表的研究,他发现 *EsD* 基因座与体重 QTL 相连锁^[9]。鉴于此,本研究利用辽宁绒山羊、柴达木山羊及其杂交培育后代柴达木绒山羊 3 个山羊群体为试验材料,进一步探讨不同生产水平的绒山羊群体经济性状标记信息的遗传差异,以期提高 MAS 研究信息的可靠性和可应用性,并为绒山羊杂交育种提供理论依据。

1 材料和方法

1.1 材料来源

利用典型群随机抽样法在青海省德令哈自治州、莫河和英德良种羊场抽取柴达木山羊(CS)、柴达木绒山羊(CRS)和辽宁绒山羊(LRS)共 147 只;颈静脉采血 5mL,低温保存^[10~13]。并现场剪绒、采集绒样和测定体重。

1.2 实验方法

采用聚丙烯酰胺凝胶电泳(PAGE)技术,检测前白蛋白-3(*P_{A3}*)、脂酶-D(*EsD*)、淀粉酶(*Amy*)、运铁蛋白(*Tf*)和亮氨酸氨肽酶(*LAP*)等 5 种血液蛋白质(酶)基因座的多态性,并采用国际判型标准判型。采用酚-氯仿法提取山羊核基因组 DNA。所用试剂均购自华美(西安)生物工程公司,随机引物由美联(西安)生物工程公司合成。在 25 μ l 的 PCR 反应体系中,DNA 模板 75ng, $MgCl_2$ (25mmol/L) 1.5 μ l, dNTPs(2.5mmol/L)2.0 μ l,引物(5 μ mol)2.0 μ l, Taq DNA 聚合酶 1U,在 PTC-100™ 基因扩增仪上进行 PCR 循环:94 $^{\circ}C$ 预变性 5min;94 $^{\circ}C$ 变性 1min,36 $^{\circ}C$ 退火 1min,72 $^{\circ}C$ 延伸 2min,45 个循环;72 $^{\circ}C$ 延伸 10min。经 1.4% 琼脂糖凝胶电泳后,由凝胶成像系统(UVP)成像,并用 IC 系统软件进行电泳谱带的判定分析。

RAPD 所用有效随机引物序列(5'—3'):

CY0813: ACGCTGCGAC; CY0814: TGGTG-CACTC; CY0816: AAGGCACGAG; CY0817: CCT-CACGTCC; CY0818: TCGCGGAACC; F09: AAG-GCGGCAG; OPQ05: CCGCGTCTTG; OPW19: CAAAGCGCTC。

1.3 数据的统计处理

1.3.1 性状资料的最小二乘校正及标记基因的效应值分析模型

$$y_{ijkl} = \mu + P_i + S_j + A_k + e_{ijkl}$$

其中 y_{ijkl} 为个体表型值, μ 为群体均值, P_i 为场群效应值, S_j 为性别效应值, A_k 为年龄效应值, e_{ijkl} 为随机误差。

$$y_{ijk} = \mu + G_i + G_j + G_{ij} + e_{ijk}$$

其中 y_{ijk} 为自变量观察值, G_i 或 G_j 为第 i 或 j 基因座基因座的效应值, G_{ij} 为第 i 和 j 基因座间的互作效应值, e_{ijk} 为随机误差。

1.3.2 遗传方差组分和标记基因的选择反应

$$V_G = V_{A_i} + V_{A_j} + V_{D_i} + V_{D_j} + V_I$$

其中 V_G 为遗传方差, V_{A_i} 或 V_{A_j} 为第 i 或 j 基因座的加性遗传方差, V_{D_i} 或 V_{D_j} 为第 i 或 j 基因座的显性遗传方差, V_I 为互作效应方差。以 R_A 、 R_D 和 R_I 分别代表 V_A 、 V_D 和 V_I 在 V_G 中的相对比重,评价各基因座对经济性状的影响方式,并估测 $i_B = 1$ 时的选择反应。

1.3.3 RAPD 标记效应的最小二乘分析

$$y_{mn} = \mu + G_m + e_{mn}$$

其中 y_{mn} 为第 m 条带的经济性状的度量值, G_m 为第 m 条带的效应值, e_{mn} 为随机误差。在 RAPD-PCR 分析中,有条带个体记为“1”,无则记为“0”,如 CY0813 引物扩增的 E 带 0 型表示为 CY0813/E0。并对某一 PCR 基因座的两种基因型的最小二乘均值进行比较,从而获得该基因座的基因型效应离差值。

2 结果与讨论

2.1 单基因座标记的基因型效应

本研究的供试群体间在体重、绒产量和绒细度等性状上具有显著或极显著的差异,在这 3 个具有不同生产水平群体中分别进行标记基因的遗传效应分析,并通过 3 个群体一致的分析结论能确实证明其基因效应的真实存在。对性状资料进行最小二乘校正发现:在体重上,3 个山羊群体的 *EsD* 基因座

各基因型的效应值间存在显著差异 ($P < 0.05$), 且 $EsD2-2 > EsD1-2 > EsD1-1$, 其 $EsD2-2$ 型与 $EsD1-1$ 型的离差在 CS、CRS 和 LRS 群体中分别为 6.2、5.66 和 6.49(kg)。对 EsD 基因座与体重 QTL 进行 χ^2 独立分布检验发现, 在 LRS 群体中 EsD 基因座与体重 QTL 存在连锁关系, 这与耿社民等 2000 年的研究结果完全一致^[9]。在 Tf 基因座上, CRS 和 LRS 群体的各基因型间存在极显著差异 ($P < 0.01$), 其 $TfAA$ 型与 $TfBB$ 型的离差分别为 9.54 和 2.75(kg)。在绒产量上, LAP 和 EsD 两基因座在 CRS 和 LRS 群体中表现出各基因型间的显著差异 ($P < 0.05$), 且 $LAPBB > LAPAB > LAPAA$, EsD 基因座杂合基因型的效应值最大。CRS 群体中, $LAPBB$ 与 $LAPAA$ 的效应值离差为 40.81(g), $EsD1-2$ 型与 $EsD1-1$ 型间为 53.00(g), LRS 群体

中, $LAPBB$ 型与 $LAPAA$ 型的效应值离差为 57.91(g), $EsD1-2$ 型与 $EsD1-1$ 型间为 57.91(g)。在绒细度上, P_{A-3} 基因座各基因型效应值间存在显著差异 ($P < 0.05$), 且 $P_{A-3}2-2 > P_{A-3}1-2 > P_{A-3}1-1$ 。CS 群体的 $P_{A-3}2-2$ 型与 $P_{A-3}1-1$ 型的效应值离差为 1.30(μm), CRS 和 LRS 群体分别为 0.92 和 0.88(μm)。

2.2 单基因座标记的遗传方差组分及选择反应

表 1 中列出的仅为 $R_A > 0.85$ 的基因座, 从中发现: 在体重上, 3 个群体 EsD 基因座的选择反应 (R_B) 皆最大; 在绒产量上, CRS 群体的 LAP 和 EsD 基因座的 $R_B > 10\text{g}$, LRS 群体的 LAP 基因座的 R_B 为 26.08; 在绒细度上, 3 个群体的 $PA-3$ 基因座的 R_B 皆最大。这与单基因座基因型效应的最小二乘分析相一致。

表 1 单基因座标记基因的遗传方差组分及选择反应

Table 1 Genetic variance components and selection reaction of marker gene at a single locus

性状 Traits	品种 Breeding	基因座 loci	V_G	V_A	R_A	R_B
体重 Body Weight	CS	EsD	4.68	4.35	0.93	2.08
	CRS	LAP	0.45	0.45	0.99	0.67
		P_{A-3}	1.70	1.68	0.99	1.30
	LRS	EsD	3.35	3.25	0.97	1.80
		Amy	0.68	0.67	0.99	0.82
		LAP	0.70	0.70	0.99	0.83
		P_{A-3}	0.86	0.85	0.99	0.92
	EsD	5.42	5.26	0.97	2.29	
绒产量 Cashmere Yield	CRS	LAP	109.71	107.78	0.98	10.38
	LRS	Tf	156.98	155.56	0.99	12.47
		Amy	300.40	275.05	0.92	16.58
		LAP	792.34	680.02	0.86	26.08
绒细度 Cashmere Fineness	CS	P_{A-3}	0.23	0.22	0.98	-0.47
	CRS	Tf	0.06	0.06	0.92	-0.24
		P_{A-3}	0.10	0.10	1.0	-0.32
	LRS	P_{A-3}	0.10	0.10	0.98	-0.32

2.3 标记基因间的互作分析

在对体重的组合基因型效应值的最小二乘分析发现, LRS 和 CRS 群体 Tf 基因座所参与的基因座组合, LRS 和 CS 群体 EsD 基因座所参与的基因座组合等均存在各组合基因型的最小二乘均值 (LSM) 间差异显著或极显著现象, 而在绒产量上, 组合基因型的 LSM 存在差异显著或极显著的, 其组合基因型也皆有 LAP 或 EsD 的参与。同样, 在绒细度上, P_{A-3} 基因座也是影响各组合基因型 LSM 间差异的

主要原因。然而, 组合基因型 LSM 间的差异除单基因座的影响外, 还存在基因座间的互作效应, 其互作效应的遗传组剖析结果由表 2 可见:

有 16 个组合基因型的 $R_i > 0.5$ 。对标记基因间互作效应的综合分析认为, 在体重上, CS 群体的 R_i 均值 (0.30) 大于 CRS 群体的 R_i (0.23) 和 LRS 群体的 R_i (0.04), 这可能是该群体由于缺乏长期系统的选育, 且因适应当地自然环境而使其基因组合体系逐渐固定的结果。在绒产量上, CRS 群体的 R_i 为

0.66 大于 LRS 群体的 0.24。在绒细度上,CS、CRS 和 LRS 群体的 R_i 均值分别为 $0.13 < 0.26 < 0.40$ 。由此,体重、绒产量机械细度的平均 R_i 值分别为: 0.19、0.45 和 0.26,即绒产量受标记基因间互作效

应的影响最大,体重最小。从中可发现,对于某性状经过较高强度选择或具有较高生产水平的群体,该群体该性状互作效应较小,这与遗传学理论相一致。

表 2 双基因座标记组合型效应的互作方差组分及评价

Table 2 Interaction variance components and evaluation of corporation genotypes at double loci

性状 Traits	品种 Breeding	组分 Component	组合 基因型 Corporation genotypes									
			<i>Tf/Amy</i>	<i>Tf/LAP</i>	<i>Tf/P_{A-3}</i>	<i>Tf/EsD</i>	<i>Amy/LAP</i>	<i>Amy/P_{A-3}</i>	<i>Amy/EsD</i>	<i>LAP/P_{A-3}</i>	<i>LAP/EsD</i>	<i>P_{A-3}/EsD</i>
体重 Body weight	CS	V_i	1.36	1.13	0.43	1.07	0.13	1.73	0.07	1.45	0.06	0.30
		R_i	0.28	0.24	0.07	0.09	0.31	0.43	0.01	0.38	0.01	0.03
	CRS	V_i	1.10	0.27	1.08	0.16	0.08	0.26	0.34	0.23	2.81	0.06
		R_i	0.59	0.13	0.30	0.23	0.04	0.08	0.05	0.07	0.28	0.01
绒产量 Cashmere yield	CRS	V_i	261.38	840.40	298.33	223.58	993.35	451.62	139.50	722.63	507.94	854.60
		R_i	0.84	0.88	0.87	0.26	0.90	0.93	0.18	0.8763	0.43	0.58
	LRS	V_i	256.52	256.84	21.88	137.37	165.80	3.61	67.35	468.32	160.75	1316.77
		R_i	0.42	0.22	0.05	0.22	0.15	0.01	0.12	0.33	0.13	0.71
绒细度 Cashmere Fineness	CS	V_i	0	0	0.05	0.03	0	0.066	0.10	0.06	0.03	0.01
		R_i	0.08	0.04	0.14	0.21	0.01	0.17	0.45	0.15	0.17	0.03
	CRS	V_i	0	0.01	0	0.05	0	0	0.21	0.01	0.02	0
		R_i	0	0.21	0.01	0.89	0	0.01	0.52	0.09	0.51	0.02
LRS	V_i	0.02	0.02	0	0.06	0	0.01	0.01	0	0.07	0.01	
	R_i	0.69	0.61	0.03	0.84	0.40	0.06	0.30	0	0.80	0.03	

2.4 RAPD 标记的效应分析与标记选择效应

RAPD 电泳结果见图 1。各性状 RAPD 标记条带选择效应值存在显著或极显著差异的列于表 3。单目标性状标记,体重、绒产量和绒细度的基因型效应离差值最大分别为 9.91kg, 114.54g 和 -1.40 μ m。其中,大多标记条带的效应值离差大于或接近该群体该性状的一个标准差(体重:CS, 4.77, CRS, 4.48, LRS, 3.29kg; 绒产量:CRS, 74.96, LRS,

82.58g; 绒细度:CS, 1.13, CRS, 0.87, LRS, 0.75 μ m)。在多目标性状标记时,CY0818/A0 型和 OPW19/C1 型对体重与绒产量都有显著的选择优势,其效应值离差皆大于各群体该性状的一个标准差,CY0818/G1 在体重与绒细度上具有显著的选择优势。然而,CY0817/J 在绒产量和绒细度的选择上,却表现出显著的负效应,这与绒产量与绒细度两性状间强的负相关相一致。

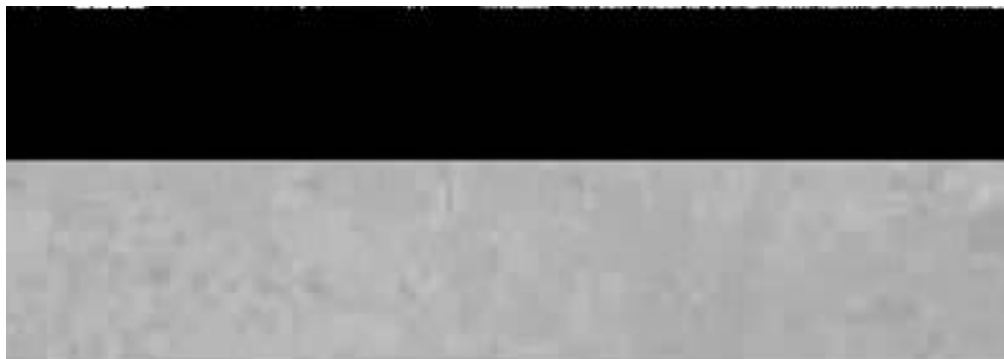


图 1 引物 CY0818(a)和 OPW19(b)扩增产生的带谱

0 为空白对照;1~8 为样品扩增结果;M 为 Marker: λ DNA/Hind III + EcoR I

Fig.1 RAPD patterns generated by primers CY0818(a) and OPW19(b)

0 is the negative control; 1~8 are results of RAPD-PCR; M indicates λ DNA/Hind III + EcoR I marker

表 3 RAPD 标记条带及基因型效应离差值

Table 3 Marker bands of RAPD and the residual quantity of genotypic effect value

标记条带 Marker band	碱基 对数 bp	体重 Body weight			标记条带 Marker band	碱基 对数 bp	绒产量 Cashmere yield		标记条带 Marker band	碱基 对数 bp	绒细度 Cashmere yield		
		CS	CRS	LRS			CRS	LRS			CS	CRS	LRS
CY0813/E0	819	6.21	6.55	5.76	CY0813/G0	634	69.84	78.79	CY0813/B0	1501	-1.10	-0.78	-0.87
CY0816/C1	1476	5.57	5.28	3.83	CY0814/F1	856	107.08	98.19	CY0817/F1	952	-1.40	-1.17	-0.97
CY0816/O1	176	7.34	9.91	5.92	CY0814/K1	198	77.17	68.42	CY0817/J1	682	-0.86	-1.12	-0.86
CY0817/D1	1107	7.71	7.89	6.03	CY0816/J1	691	78.64	87.67	CY0818/G1	685	-1.28	-0.59	-0.84
CY0818/A0	2054	4.51	4.43	6.33	CY0817/A0	1478	114.54	97.79	F09/D1	1096	-1.32	-0.86	-1.083
CY0818/G1	685	5.56	6.27	6.50	CY0817/J0	682	87.63	85.69	OPQ05/K1	267	-1.16	-0.98	-0.84
OPW19/C1	1102	8.03	5.52	4.44	CY0818/A0	2054	70.45	54.89					
F09/C0	1301	6.14	5.95	5.96	OPW19/C1	1102	112.82	84.61					
F09/F0	845	4.54	8.00	5.97	F09/I1	705	63.22	87.89					
F09/H0	796	6.52	4.95	5.44									
OPQ05/G0	649	4.62	5.09	5.08									

注:体重; 绒产量; 绒细度。

Note: Body weight, kg; Cashmere yield, g; Cashmere fineness, μm).

在对绒山羊的标记选择时,本研究利用的是标记基因型法,因而着眼点应是标记的基因型值,而其又包含了基因的加性效应和显性离差,并且能真实遗传的仅是基因的加性效应。所以在对标记信息的分析中,注重基因座与经济性状间的遗传相关及选择反应,通过对基因型值的剖分,研究其加性效应及加性方差在遗传方差中的比重,并把选择反应大的基因座作为该群体经济性状的优势标记基因座。并且,为排除相关分析所得的标记信息不能在多个群体使用的局限性,本研究选用了 3 个具有不同生产水平的群体,并且仅对 3 个群体某性状标记基因效应一致而有序的基因座进行分析,以确保标记信息的可靠性。在多目标性状选择时,由于性状间遗传相关的复杂性,很难找到多性状皆有较高遗传效应的标记基因型,但利用 RAPD 标记条带分析时,认为 CY0818/A0 型、OPW19/C1 型和 CY0818/G1 型具有多目标性状选择优势。

多基因组合体系对数量性状的作用是非等位基因间的交互效应与等位基因间的加性、显性效应的共同体现。在本研究中,所涉及的 80 个基因座组合内均存在一定程度的交互,并且 $R_i > 0.5$ 的基因座组合有 16 个,且这些基因座组合内各组合基因型的 LSM 间差异显著或极显著。但这些标记信息由于高的交互效应不能真实遗传,在本品种选育中,对目标性状的标记辅助选择时应舍弃。而当种群间杂交以生产商品后代时,“标记辅助预测”(Marker assis-

ted prediction, MAP)即利用多基因座标记基因间的交互效应预测不同种群杂交所产生的杂种优势,能充分利用多基因座标记信息,无须配合力测定即可筛选优势杂交组合。

参 考 文 献 (References):

- [1] C Y Lin. Determination of sample size for testing associations between genetic markers and quantitative traits in trait-based analysis. *Canadian Journal of Animal Science*, 2000, 287~295.
 - [2] Detine M R. Marker assisted selection in livestock improvement. *Animal Genetics*, 1992, 23: 8~9.
 - [3] Gerbens F. Detection of QTL for body weight and body fat content in mice using genetics. *Animal Genetics*, 1996, 27 (sup2): 112~114.
 - [4] R J Veimala, H J Viikki, K T Elo. A search for QTL for milk production traits on chromosome 6 in Finnish Ayrshire cattle. *Animal Genetics*, 1999, 30: 136~143.
 - [5] Vaiman D, Schiber L, Bourgeois F, Daniel V, Laurent S, Florence B, Anne O, Yves A, Edmond P. A genetic linkage map of the male goat genome. *Genetics*, 1996, 144: 179~205.
 - [6] R Lande, R Thompson. Efficiency of marker assisted selection in the improvement of quantitative trait. *Genetics*, 1990, (24): 743~756.
 - [7] CHAO Hong-He, WANG Ya-Chun, CHEN You-Chun. Studies of beef performance traits in Piemontese and Nabyabg crossbred using microsatellites as genetic markers. *Acta Genetica Sinica*, 1999, 26(6): 621~626.
- 曹红鹤, 王雅春, 陈幼春. 探讨微卫星 DNA 作为皮埃蒙特和南阳杂交牛生长性状的遗传标记. *遗传学报*, 1999, 26(6): 621~626.

- [8] LI Xiang-Long, TIAN Qing-Yi, MA Guo-Qiang, LIU Jin-Fu, FENG Min-Shan, NIU Yi-Bing, SUN Nai-Quan, MA Guang-Xing, GUO Run-Min. Studies of random amplified polymorphic DNA of different goat populations crossbred by boar goat. *Hereditas (Beijing)*, 2000, 22(2): 75~77.
李祥龙, 田庆义, 马国强, 刘金福, 冯敏山, 牛一兵, 孙乃权, 马广星, 郭润民. 波尔山羊杂交后代及其亲本随机扩增多态 DNA 研究. 遗传, 2000, 22(2): 75~77.
- [9] GENG She-Min, CHANG Hong, QIN Guo-Qing, LI Xiang-Yun, LIU Xiao-Lin, SHEN Wei, REN Li, SONG Jun-She. Linkage analysis between genetic marker and QTLs of economic traits on cashmere goat. *Scientica Agriculture Sinica*, 2000, 33(1): 108.
耿社民, 常洪, 秦国庆, 李相运, 刘小林, 沈伟, 任力, 宋军社. 绒山羊经济性状遗传标记与 QTLs 的连锁分析. 中国农业科学, 2000, 1: 108.
- [10] SHEN Wei, QIN Guo-Qing, GENG She-Min, LI Lan, WANG Qiu-Li. The genetic marker of baby weight on goat. Advance of the research of animal genetics and breeding in China. Beijing. Chinese Agricultural Sci-Tech Press. 2001: 111~116.
沈伟, 秦国庆, 耿社民, 李兰, 王秋丽. 山羊体重性状遗传标记的研究. 中国动物遗传育种研究进展. 北京: 中国农业科技出版社. 2001: 111~116.
- [11] SHEN Wei, QIN Guo-Qing, GENG She-Min, LI Lan. Genetic difference of the 3 goat populations. *Animal Husband of China* 2001, 37(6): 20~21.
沈伟, 秦国庆, 耿社民, 李兰. 三个山羊群体间遗传分化的研究. 中国畜牧杂志, 2001, 37(6): 20~21.
- [12] SHEN Wei, GENG She-Min, PAN Qing-Jie, LI Lan, QIN Guo-Qing. Genetic co-adaptability among structural genes under the condition of genetic disequilibrium. *Hereditas (Beijing)*, 2003, 25(3): 295~298.
沈伟, 耿社民, 潘庆杰, 李兰, 秦国庆. 群体遗传不平衡条件下的结构基因遗传共适应特性. 遗传, 2003, 25(3): 295~298.
- [13] GENG She-Min, SHEN Wei, QIN Guo-Qing. DNA Fingerprint Polymorphism of 3 Goat Populations from China Chaidamu Basin. *Asian-Aust J Anim Sci*, 2002, 15(8): 1076~1079.

欢迎订阅 2005 年《畜牧兽医学报》

《畜牧兽医学报》是由中国科协主管, 中国畜牧兽医学学会主办, 《畜牧兽医学报》编委会、中国农业科学院畜牧研究所编辑出版的全国性畜牧兽医学学术性期刊。创刊于 1956 年 7 月, 读者对象为大、专院校的师生和各级畜牧兽医生产、科研工作者等。刊登较高水平的学术论文和专业研究报告以及对生产实践具有指导性和启发性的文章。

《畜牧兽医学报》是行业内创刊较早、学术水平较高、影响较大的全国中文核心期刊, 现被国内外多家数据库及文摘期刊收录。本刊连续三届荣获全国畜牧兽医优秀期刊奖。

《畜牧兽医学报》2005 年为月刊, 大 16 开, 104 页。邮发代号: 82-453。国外代号: BM446。定价 20 元, 全年 240 元。全国各地邮局均可订阅。漏订的用户请直接将款汇至本刊编辑部补订。

地址: 北京市海淀区中国农业科学院畜牧研究所《畜牧兽医学报》编辑部

邮政编码: 100094 电话: (010)62815987 E-mail: xmsyxb@263.net http://xmsy.chinajournal.net.cn

欢迎订阅《中国水产科学》

《中国水产科学》是中国水产科学研究院主办的国家级学术性期刊, 主要报道水产生物学基础研究、水产生物病害及其防治、水产生物营养及饲料、渔业生态保护及渔业水域环境保护、水产品保鲜与加工综合利用、水产资源、海水淡水捕捞、水产养殖与增殖以及渔船、渔业机械与仪器等方面的最新进展、最新成果、最新技术和方法。主要服务对象是科研、教学、科技管理人员以及大专院校师生。是反映水产科研创新成果的窗口和培养人才的园地。它面向水产业, 为水产业的持续发展和水产经济建设服务。

本刊为双月刊, A4 开本, 每期 104 页, 单月出版, 国内外公开发行。国内定价 14 元/期, 全年 84 元(含邮费)。邮发代号: 18-250, 国内统一刊号: CN11-3446/S, 国际标准刊号: ISSN1005-8737, 国外代号 4639Q。全国各地邮电局(所)办理订阅手续(可破季订阅)。漏订或补订当年和过期刊, 请直接向编辑部订阅。另备有少量合订本, 欢迎购买。

《中国水产科学》1994~2003 年光盘 (ISBN 7-89995-232-8/S·004) 已经出版发行, 每套定价 150 元。需要购买光盘的读者, 请将款通过邮局直接寄到编辑部, 款到寄盘, 同时开具正式报销发票。欢迎广大读者与编辑部直接联系购买事宜。

编辑部地址: 北京市丰台区青塔村 150 号, 邮政编码: 100039, 联系电话: 010-68673921, 传真: 010-68673931; E-mail: jfishok@publica.bj.cninfo.net