

CSN3、CSN1S2 和 β -lg 基因多态与西农萨能奶山羊产羔数的相关性研究

蓝贤勇¹, 陈宏^{1,2}, 潘传英¹, 李瑞彪¹, 李向臣¹, 房兴堂²

(¹西北农林科技大学动物科技学院, 陕西省农业分子生物学重点实验室, 杨凌 712100; ²徐州师范大学细胞与分子生物学研究所, 徐州 221116)

摘要: 首次利用 PCR-RFLP 技术探讨 κ 酪蛋白 (CSN3)、 α s2 酪蛋白 (CSN1S2) 和 β -乳球蛋白 (β -lg) 基因多态与 69 只西农萨能奶山羊产羔数的相关性。结果表明: CSN3-TaqI 位点与产羔数之间存在显著相关 ($P < 0.05$ 或 $P < 0.01$), 如 TC 基因型个体第 1 胎产羔数高于 CC 型 ($P < 0.01$), CC 基因型个体第 2 胎产羔数高于 CC 型 ($P < 0.05$); CSN3-HindIII 位点与产羔数之间不存在关联 ($P > 0.05$); CSN1S2-Alw26I 位点与产羔数间存在显著的相关性 ($P < 0.05$ 或 $P < 0.01$), 如 NF 基因型个体第 1 胎产羔高于 NN 型 ($P < 0.05$), NN 基因型个体第 4 胎产羔数高于 NF 型 ($P < 0.01$); β -lg-smaI 位点与产羔数间不存在显著相关 ($P > 0.05$)。结果提示 CSN3 和 CSN1S2 基因对奶山羊产羔数有显著影响, 从而推测酪蛋白基因可能与 Fec^B 基因连锁。因此, 认为 CSN3-TaqI 和 CSN1S2-Alw26I 位点可作为奶山羊高产羔数标记辅助选择 (MAS) 的有效分子标记。

关键词: CSN3 基因; CSN1S2 基因; β -lg 基因; 西农萨能奶山羊; 产羔数; 相关性

Relationship Between Polymorphisms of CSN3, CSN1S2 and β -lg Genes and Litter Sizes of Xinong Saanen Dairy Goat

LAN Xian-yong¹, CHEN Hong^{1,2}, PAN Chuan-ying¹, LI Rui-biao¹, LI Xiang-chen¹, Fang Xing-tang²

(¹College of Animal Science and Technology, Northwest Agriculture and Forestry University, Shaanxi Key Laboratory of Agricultural Molecular Biology, Yangling 712100; ²Institute of Cellular and Molecular Biology, Xuzhou Normal University, Xuzhou 221116)

Abstract: In this paper, PCR-RFLP technique was firstly adopted to analyze the association of polymorphisms of CSN3, CSN1S2 and beta-lactoglobulin genes with litter sizes of 69 Xinong Saanen dairy goats. The results revealed that there was a statistical significant relationship between CSN3-TaqI locus and litter sizes ($P < 0.05$). For example, the first birth litter size of individuals with genotype TC were more than those of individuals with genotype CC ($P < 0.01$), while the second birth litter size of individuals with genotype CC were more than those of individuals with genotype TC ($P < 0.05$). Moreover, the results showed that no statistical significant difference between CSN3-HindIII locus and litter sizes was found ($P > 0.05$). However, there was significant relationship between CSN1S2-Alw26I locus and litter sizes. For instance, the first birth litter sizes of individuals with genotype NF more than those of genotype NN ($P < 0.05$), while the fourth birth litter sizes of individuals with genotype NF was less than those of genotype NN ($P < 0.01$). No significant correlation between beta-lactoglobulin gene and litter sizes was observed in this experiment. Based on these results, it was indicated that CSN3 and CSN1S2 gene had significant positive effects on litter sizes of dairy goats. So it is primitively presumed that casein gene such as CSN3, CSN1S2 gene and Fec^B gene probably might be linked, which would well explain the gene effects of CSN3 and CSN1S2 gene on litter sizes. Additionally, CSN3 and CSN1S2 gene can be regarded as effective molecular markers on MAS program for litter size of dairy goat.

Key words: CSN3 gene; CSN1S2 gene; β -lactoglobulin gene; Xinong Saanen Dairy goat; Litter sizes; Correlation

收稿日期: 2004-11-09

基金项目: 西北农林科技大学拔尖人才基金, 国家“863”计划项目(2003AA243051)、国家自然科学基金(30471238)和西北农林科技大学研究生教育创新计划项目(No.05YCH018)资助

作者简介: 蓝贤勇(1979-), 男, 畲族, 江西南康人, 博士研究生, 主要从事动物遗传学研究。E-mail: lan342@163.com。陈宏为并列第一作者和通讯作者(1955-), 男, 陕西西安人, 教授, 主要从事生物技术与动物遗传育种研究。E-mail: chen hong1212@263.net

自 20 世纪 80 年代以来, 绵羊、山羊和牛产羔性状的研究一直聚焦于寻找控制羊排卵率或产羔数的主效基因和候选基因^[1]。从发现控制绵羊产羔数的主效基因 *Fec^B* (fecundity Booroola)^[2]到现在, 国内外关于 DNA 水平绵羊多胎品种产羔性状的研究报道较多, 如关于国外有澳洲美利努羊、冰岛羊、剑桥羊、爪哇羊和中国小尾寒羊、多胎美利努绵羊品系、湖羊等的研究^[2-4]。*Fec^B* 基因的精确定位研究表明, 绵羊 *Fec^B* 基因与 *CSM1S1* 基因紧密连锁^[5-7], 暗示 *CSM1S1* 基因可能对产羔数有影响。4 种酪蛋白[即 α_{s1} 酪蛋白 (*CSM1S1*)、 α_{s2} 酪蛋白 (*CSM1S2*)、 β 酪蛋白 (*CSN2*) 和 κ 酪蛋白 (*CSN3*)]及 β -乳球蛋白和 α -乳清蛋白是牛、羊乳的主要蛋白^[8], 其中, 牛酪蛋白基因以 *CSM1S1-CSN2-CSM1S2-CSN3* 顺序紧密连锁^[9, 10], 进一步暗示酪蛋白基因可能对产羔数有影响, 但仍需关于 DNA 水平乳蛋白基因多态性与产羔数之间的相关性研究来证实。

西农萨能奶山羊是国内产多羔的优良品种之一, 其母羊 3~4 月龄达到性成熟, 发情季节集中在 9~10 月, 产羔率一般在 200%左右。为此, 本研究拟通过

PCR-RFLP 技术初步分析西农萨能奶山羊 *CSN3*、*CSM1S2* 及 β -*Ig* 基因多态性与产羔数的关联, 旨在揭示乳蛋白基因对产羔性状的影响, 为山羊高产羔数的标记辅助选择 (MAS) 提供科学参考, 为中国奶山羊产羔性状的遗传改良提供科学依据。

1 材料与方法

1.1 实验动物、药品及基因组 DNA 的提取

实验动物为来自陕西千阳种羊场核心群的 69 只经产西农萨能奶山羊母羊, 颈静脉采血 10 ml, 加抗凝剂低温保存备用; 其前 5 胎产羔数为该羊场的累积数据; 蛋白酶 K、*Taq* DNA 聚合酶和限制性内切酶 *TaqI*、*HindIII*、*Alw26I* 和 *SmaI* 等来自 Fermentas 公司; 参照文献^[11]的方法提取 DNA。

1.2 PCR 反应、PCR 产物的酶切和电泳

CSN3、*CSM1S2*、 β -*Ig* 基因的 PCR 引物序列见表 1; PCR 反应体系组份包括 10×Buffer (含 20 mmol·L⁻¹ Mg²⁺)、dNTP、*Taq* DNA 聚合酶、引物和模板 DNA; PCR 反应程序按常规步骤进行; PCR 产物消化反应体系按常规方法进行, 用 2%~4%琼脂糖凝胶电泳并照像。

表 1 *CSM1S2*、*CSN3*、 β -*Ig* 基因的 PCR 引物序列

Table 1 The primer sequences of PCR for *CSM1S2*, *CSN3* and β -*Ig* genes

基因座 Loci	引物序列 Sequences of primers	来源 Source	退火温度 Temperatures
<i>CSN3</i>	5'-CGC TGT GAG AAA GAT GAA AGA TTC -3'(10534-10557) 5'-AGA TTC AAG GAG TAT ACC AAT TGT TG -3'(11287-11313)	赵春江等 ^[12]	60℃
<i>CSM1S2</i>	5'-TCTCTTGCCATCAAAACA-3'(385-402) 5'-TGGTCTTTATTC CTC TCT -3'(677-694)	Ramunno L, et al ^[13]	53.9℃
β - <i>Ig</i>	5'-GTCACCTTCCGTCCTGGGG-3' 5'-GGCCTTTCATGGTCTGGGTGA-3'	Yahyaoui, et al ^[14]	63℃

1.3 数据统计与分析

根据以下线性模型分析 *CSN3*、*CSM1S2*、 β -*Ig* 基因多态与产羔数的相关性。PCR-RFLP 标记条带效应值的分析模型: $Y_{ij} = \mu + G_i + E_{ij}$ 。其中: Y_{ij} —第 i 个个体第 j 胎的产羔性状观察值; μ —为群体均值; G_i —第 i 个个体的基因效应; E_{ij} —随机残差效应。利用 SPSS (11.0) 软件对 4 个位点的不同基因型间经最小二乘校正后的产羔数进行方差分析。

2 结果与分析

2.1 *CSN3*、*CSM1S2*、 β -*Ig* 基因的 PCR-RFLP 结果与分析

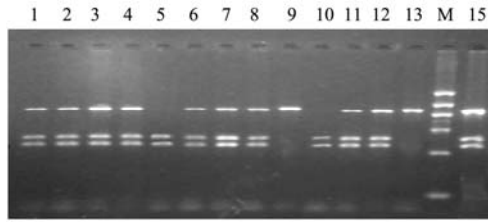
780 bp *CSN3* 基因片断经 *TaqI*、*HindIII* 酶切后表

现多态性 (图 1 和图 2); 310 bp *CSM1S2* 基因片段经 *Alw26I* 酶消化后表现多态性 (图 3); 710 bp β -*Ig* 基因片段经 *SmaI* 酶切后表现出多态性 (图 4)。4 个位点的基因型频率、基因频率值见表 2。

2.2 *CSN3*、*CSM1S2* 和 β -*Ig* 基因多态性与产羔数的相关分析

由表 3 可知: (1)*CSN3*-*TaqI* 位点与产羔数之间存在关联 ($P < 0.05$ 或 $P < 0.01$): TC 基因型个体第 1 胎产羔数高于 CC 型 ($P < 0.01$); CC 基因型个体第 2 胎产羔数高于 TC 型 ($P < 0.05$); (2)*CSN3*-*HindIII* 位点与产羔数间不存在显著相关 ($P > 0.05$)。

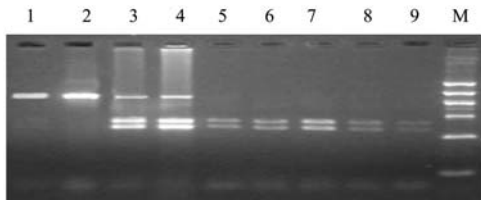
由表 4 可知, *CSM1S2* 基因的 2 基因型与产羔数间存在显著相关 ($P < 0.05$ 或 $P < 0.01$): NF 基因型个体



泳道 1-4, 6-8, 11, 12, 15: TC 基因型; 泳道 5, 10: CC 基因型; 泳道 9, 13: TT 基因型; M:SD004 marker
Lane1-4, 6-8, 11, 12, 15: Genotype TC; Lane5, 10: Genotype CC; Lane 9, 13: Genotype TT; M: SD004 marker

图 1 西农萨能奶山羊 *CSN3* 基因 PCR

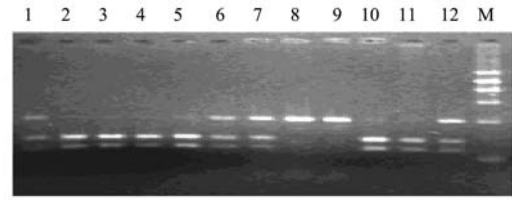
Fig.1 Electrophoresis patterns of PCR products of *CSN3* gene digested with *TaqI* in Xinong Saanen dairy goat



M:SD004; 泳道 1, 2: *CSN3*PCR 产物 (未加 *HindIII* 酶消化); 泳道 3, 4: AB 型; 泳道 5~9: BB 型
M:SD004; Lane1, 2: PCR products of *CSN3* (without *HindIII*); Lane 3,4: AB; Lane5-9: BB

图 2 *HindIII* 酶切 *CSN3* 基因 PCR 产物电泳图

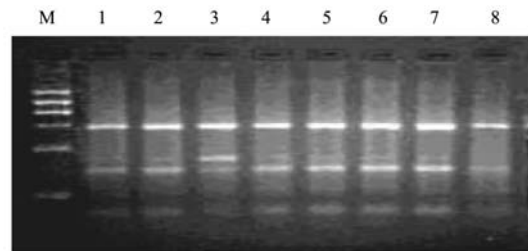
Fig.2 Electrophoresis patterns of *HindIII* digesting *CSN3* product in Xinong Saanen goats



泳道 8,9: FF; 泳道 1,6,7,12:NF; 泳道 2~5,10,11:NN
Lane 8, 9: FF; Lane 1, 6, 7, 12: NF; Lane 2-5, 10, 11: NN

图 3 西农萨能奶山羊 *CSN1S2*-PCR 产物 *Alw26I* 酶切电泳图谱

Fig.3 Electrophoresis patterns of *Alw26I* digesting *CSN1S2*-PCR product in Xinong Saanen goats



M: SD004 Marker; 泳道 3: AB 型, 其余为 AA 型
M: SD004 Marker; Lane 3: Genotype AB; Lane 1, 2, 4-8: Genotype AA

图 4 β -*Ig* 基因 5' 侧翼区 PCR 产物 *SmaI* 酶切电泳图谱

Fig.4 Electrophoresis patterns of PCR products of β -*Ig* 5' flanking digested with *SmaI*

表 2 西农萨能奶山羊 *CSN3*、*CSN1S2*、 β -*Ig* 位点的基因型频率和基因频率

Table 2 Frequencies of genotypes and alleles for *CSN3*, *CSN1S2* and β -*Ig* loci in Xinong Saanen dairy goat

	基因座位的基因型			等位基因		总计
	Genotypes			Alleles		
<i>CSN3-TaqI</i>	TT	TC	CC	T	C	
样本量 (频率) Number(Frequency)	2(0.029)	63(0.913)	4(0.059)	0.486	0.515	69 (1.000)
<i>CSN3-HindIII</i>	DD	DE	EE	D	E	
样本量 (频率) Number(Frequency)	0(0.000)	19(0.275)	50(0.725)	0.138	0.862	69 (1.000)
<i>CSN1S2-Alw26I</i>	NN	NF	FF	N	F	
样本量 (频率) Number(Frequency)	59(0.855)	8(0.116)	2(0.029)	0.913	0.087	69 (1.000)
β - <i>Ig-SmaI</i>	AA	AB	BB	A	B	
样本量 (频率) Number(Frequency)	46(0.821)	10(0.179)	(0.000)	0.910	0.090	56 (1.000)

第 1 胎产羔数高于 NN 型 ($P < 0.05$); NN 基因型个体第 4 胎产羔数高于 NF 型 ($P < 0.01$)。

由表 4 可知, β -*Ig* 基因座的各基因型与产羔数间不存在显著相关 ($P > 0.05$)。

3 讨论

3.1 *CSN3*、*CSN1S2* 及 β -*Ig* 基因对奶山羊产羔数的影响

表 3 西农萨能奶山羊 *CSN3* 基因座不同基因型与不同胎次产羔数的相关分析Table 3 Association of different genotypes for *CSN3* loci with litter sizes in Xinong Saanen dairy goat

胎次 Types	<i>CSN3-TaqI</i>					<i>CSN3-Hind III</i>				
	基因型 Genotypes	样本量 N	羔数均值 Mean	标准误 SE	<i>P</i> 值 <i>P</i> values	基因型 Genotypes	样本量 N	羔数均值 Mean	标准误 SE	<i>P</i> 值 <i>P</i> values
第 1 胎 First	TC	24	1.542 ^c	0.143	<0.01	DE	5	1.400	0.245	>0.05
	CC	2	1.000 ^a	0.000		EE	20	1.550	0.170	
第 2 胎 Second	TC	44	1.841 ^a	0.072	<0.05	DE	12	1.833	0.167	>0.05
	CC	2	2.000 ^b	0.000		EE	35	1.857	0.073	
第 3 胎 Third	TC	28	1.963	0.050	>0.05	DE	5	2.000	0.000	>0.05
	CC	2	2.000	0.000		EE	24	1.962	0.058	
第 4 胎 Fourth	TT	2	1.500	0.500	>0.05	DE	6	2.000	0.282	>0.05
	TC	23	1.913	0.107		EE	19	1.842	0.115	
第 5 胎 Fifth	TT	2	2.000	0.000	>0.05	DE	2	2.000	0.000	>0.05
	TC	23	1.923	0.127		EE	15	1.933	0.153	
	CC	2	2.000	0.000						
平均 Average	TT	2	1.750	0.354	>0.05	DE	14	1.845	0.149	>0.05
	TC	60	1.879	0.472		EE	50	1.894	0.063	
	CC	2	2.125	0.530						

表中不同基因型均值肩标如含有相同的字母表示差异不显著；反之，则表示差异显著或极显著 ($P=0.05, 0.01$)。下同

In this table, means with the same superscriptions were not significantly variant, while means with different superscriptions were significantly variant ($P=0.05, 0.01$). The same as below

表 4 西农萨能奶山羊 *CSN1S2* 和 β -*Ig* 基因座不同基因型与产羔数的相关分析Table 4 Correlation analysis between genotypes of *CSN1S2* gene and β -*Ig* loci and litter sizes in Xinong Saanen dairy goat

胎次 Types	<i>CSN1S2-Alw26I</i> 基因座 <i>CSN1S2-Alw26I</i> loci					β - <i>Ig-SmaI</i> 基因座 β - <i>Ig-SmaI</i> loci				
	基因型 Genotypes	样本量 N	羔数均值 Mean	标准误 SE	<i>P</i> 值 <i>P</i> Values	基因型 Genotypes	样本 量 N	羔数均值 Mean	标准误 SE	<i>P</i> 值 <i>P</i> Values
第 1 胎 First	NN	23	1.435 ^a	0.138	<0.05	AB	—	—	—	—
	NF	2	2.500 ^b	0.050		AA	—	—	—	
第 2 胎 Second	NN	43	1.862	0.071	>0.05	AB	17	1.833	0.095	>0.05
	NF	4	1.750	0.250		AA	4	1.750	0.000	
第 3 胎 Third	NN	27	1.926	0.051	>0.05	AB	16	1.875	0.854	>0.05
	NF	2	2.000	0.000		AA	2	2.000	0.000	
第 4 胎 Fourth	NN	23	1.953 ^c	0.099	<0.01	AB	20	1.900	0.100	>0.05
	NF	3	1.000 ^a	0.000		AA	4	2.000	0.408	
第 5 胎 Fifth	NN	15	1.933	0.236	>0.05	AB	15	1.867	0.133	>0.05
	NF	2	2.000	0.000		AA	2	2.000	0.100	
平均 Average	NN	59	1.851	0.062	>0.05	AB	28	1.846	0.061	>0.05
	NF	5	1.817	0.194		AA	5	1.884	0.217	

“—”表示未进行统计。Means no statistics

目前，尚无关于 DNA 水平上奶山羊乳蛋白基因多态与产羔数之间的相关性研究的报道。在此背景下，本研究初步分析 *CSN3*、*CSN1S2* 和 β -*Ig* 基因多态与山羊产羔数的关系，结果表明：*CSN3-TaqI* 位点与产羔数间存在显著相关性 ($P<0.05$ 或 $P<0.01$)；*CSN3-HindIII* 位点与产羔数间不存在显著相关 ($P>0.05$)；*CSN1S2-Alw26I* 位点与产羔数之间存在显著相关 ($P<0.05$ 或 $P<0.01$)； β -*Ig-SmaI* 位点与产羔数之间不存在显著相关 ($P>0.05$)。提示 β -*Ig* 基因对奶山羊产羔数没有显著影响，而 *CSN3* 和 *CSN1S2* 基

因对奶山羊产羔数有显著影响。然而现在没有理论表明 *CSN3* 和 *CSN1S2* 基因直接影响产羔数，为此，首次推测两酪蛋白的基因效应可能是由与它们连锁的影响产羔数的主效基因产生的。由于 *Fec^B* 基因是控制绵、山羊产羔性状的主效基因，对产羔数有显著影响，从而进一步推测 *CSN3* 和 *CSN1S2* 基因对产羔性状的显著基因效应可能是由于与它们连锁的 *Fec^B* 基因引起的。

经过分析，作者认为：山羊酪蛋白基因可能与 *Fec^B* 基因连锁。理由如下：(1) *Fec^B* 基因是控制绵羊产羔数

的主效基因, 定位在 6 号染色体 6q23~q31, 与人染色体 4q21~q25 同线性^[5, 6], 而 CSN1S1、CSN1S2、CSN2、CSN3 基因簇几乎与绵羊 Fec^B 基因定位于同一染色体的同一位置, 为此, 推测山羊酪蛋白基因与 Fec^B 基因位于同一相邻的染色体区间; (2) 绵羊 Fec^B 基因与微卫星标记 oarHH55 紧密连锁, 而微卫星标记 oarH55 及 CSN1S1 基因与血小板生长因子受体 α 基因 (PDGFRA) 连锁^[7], 则绵羊 Fec^B 基因与 CSN1S1 紧密连锁; 而根据绵羊和山羊在乳蛋白遗传标记研究方面存在许多相同或相似的结论, 且染色体分带技术也揭示绵、山羊具有相同或相似的带型, 故认为它们在这方面研究中有相同或相似的结论, 推测山羊 Fec^B 基因与 CSN1S1 紧密连锁; (3) Luca Ferretti 等^[9]和 David 等^[10]研究牛乳蛋白时发现酪蛋白以 CSN1S1-CSN2-CSN1S2-CSN3 顺序紧密连锁, 而牛和山羊在酪蛋白基因的研究中有相同或相似的结论, 从而推测山羊 CSN3、CSN1S2 等酪蛋白基因紧密连锁。

此外, 本研究的 3 个基因多态性与奶山羊产羔数的相关分析结果提示, CSN3、CSN1S2 的基因效应反应了酪蛋白基因可能与 Fec^B 基因连锁的引起, 而 β -Ig 的基因效应反应了非酪蛋白基因不与 Fec^B 基因连锁, 它们分别作为阳性结果和阴性结果从另一个角度佐证了本研究的推测。当然, 酪蛋白基因与 Fec^B 基因连锁的推测仍需进一步证实, 比如研究 CSN1S1 和 CSN2 基因与奶山羊产羔数之间的相关性。

3.2 CSN3、CSN1S2 基因与奶山羊产羔性状的遗传育种

奶山羊产羔性状是一个复杂的数量性状, 受遗传和环境因素的共同影响。作为衡量产羔性状的指标, 产羔数也是一个数量性状, 其遗传力很低, 一般只有 0.1 左右。因此, 利用常规表型选育技术对其加以改良不能获得理想的效果, 而标记辅助选择 (MAS) 通过影响选择时间、强度和准确性而极大提高了这种低遗传力性状的选择, 当然, 找到与这种数量性状座位相连锁的遗传标记则是实现其标记辅助选择的先决条件。目前, 关于山羊产羔性状有效分子标记的研究报道甚少, 而本研究分析 CSN3、CSN1S2 和 β -Ig 基因多态性与产羔数的关系, 发现 CSN3 和 CSN1S2 基因对产羔数均有显著影响。据此, 可利用 CSN3 和 CSN1S2 基因进行联合标记, 分别建立头胎和经产不同胎次的高产羔数品系, 从而开展山羊多胎新品系的选育。因此, 认为 CSN3、CSN1S2 基因可作为奶山羊产羔性状 MAS 的有效分子标记。

4 结论

CSN3 和 CSN1S2 基因对奶山羊产羔数有显著影响, 推测其基因效应可能是由于与它们连锁的 Fec^B 基因引起的; 认为 CSN3-Taq1 和 CSN1S2-Alw26I 位点可作为奶山羊高产羔数标记辅助选择 (MAS) 的有效分子标记。

References

- [1] Fabre S, Pierre A, Pisselet C, Mulsant P, Lecerc F, Pohl J, Monget P, Monniaux D. The Booroola mutation in sheep is associated with an alteration of the bone morphogenetic protein receptor-IB functionality. *Journal of Endocrinology*, 2003, 177(3): 435-444.
- [2] Davis G H, Montgomery G W, Allison A J, Kelly R W, Bray A R. Segregation of a major gene influencing ovulation rate in progeny of Booroola sheep. *New Zealand Journal of Agricultural Research*, 1982, 25:525-529.
- [3] 杜立新, 曹顶国. 小尾寒羊微卫星与 RAPD 标记的研究. *遗传学报*, 2003, 30 (11): 1 041-1 044.
DU L X, CAO D G. Studies on microsatellite and RAPD markers in little-tailed Han sheep. *Acta Genetica Sinica*, 2003, 30 (11): 1 041-1 044. (in Chinese)
- [4] 王启贵, 钟发刚, 李 辉, 王新华, 刘守仁, 陈晓军, 甘尚泉. 绵羊产羔性状主效基因检测研究. *遗传*, 2005, 27(1): 80-84.
Wang Q G, Zhong F G, Li H, Wang X H, Liu S R, Ceng X J, Gan S Q. Detection of major gene on litter size in sheep. *Hereditas* (Beijing), 2005, 27(1):80-84.(in Chinese)
- [5] Montgomery G W, Crawford A M, Penty J M, Dodds K G, Ede A J, Henry H M, Pierson C A, Lord E A, Galloway S M, Schmack A E, Sise J A, Swarbrick P A, Hanrahan V, Buchanan F C, Hill D F. The ovine Booroola fecundity gene (FecB) is linked to markers form a region of human chromosome 4q. *Nature Genetics*, 1993, 4: 410-414.
- [6] Montgomery G W, Lord E A, Penty J M, Dodds K G, Broad T E, Cambridge L, Sunden S L, Stone R T, Crawford A M. The fecundity gene (FecB) gene maps to sheep chromosome 6. *Genomics*, 1994, 22(1): 148-153.
- [7] Wilson T, Wua X Y, Juenge J L, Rossa I K, Lumsdena J M, Lorde Eric A, Dodds K G, Walling G A, McEwanc J C, O'Connellb A R, McNattyb K P, Montgomerie G W. Highly prolific Booroola sheep have a mutation in the intra cellular kinase domain of bone morphogenetic protein IB receptor (ALK6) that is expressed in both oocyted and granulose cells. *Biology of Reproduction*, 2001,64:

- 1 225-1 235.
- [8] Martin P, Szymanowska M, Zwierzchowski L, Leroux C. The impact of genetic polymorphisms on the protein composition of ruminant milks. *Reproduction, Nutrition, Development*, 2002, 42(5): 433-459.
- [9] Ferretti L, Leone V P, Sgaramella. Long range restriction analysis of the bovine casein genes. *Nucleic Acids Research*, 1990, 18(23): 6 829-6 833.
- [10] Threadgil D W, Womack E J. Genomic analysis of the major bovine milk protein genes. *Nucleic Acids Research*, 1990, 18(23): 6 935-6 942.
- [11] Chen H, Leibenguth F. Studies on multilocus fingerprints, RAPD markers and mitochondrial DNA of a gynogenetic fish (*Carassius auratus Gibelio*). *Biochemical Genetics*, 1995, 33: 297-306.
- [12] 赵春江, 张 沅, 李 宁. 中国荷斯坦牛乳蛋白分子遗传多态性和产奶性状相关性研究. *黄牛杂志*, 1999: 25(1):13-16.
- Zhao C J, Zhang Y, Li N. Study on relationship between genetic polymorphism of milk protein and milk performance in Chinese Holstein. *Journal of Yellow Cattle Science*, 1999, 25(1): 13-16.(in Chinese)
- [13] Ramunno L, Cosenza G, Pappalardo M, Rando A, Gregorio D P, Longobardi E, Mariani P, Pastore N, Masina P. Characterization of two new alleles at the goat *CSN1S2-F* locus. *Animal Genetics*, 2001, 32: 264-268.
- [14] Yahyaoui M H, Pena R N, Sanchez A, Folch J M. Rapid communication: Polymorphism in the goat β -lactoglobulin proximal promoter region. *Journal of Animal Science*, 2000, 78: 1 100-1 101.

(责任编辑 林鉴非)

欢迎订阅《中国兽医科技》

《中国兽医科技》1971年创刊，由农业部主管、中国农业科学院兰州兽医研究所主办。《中国兽医科技》报道国内外兽医科学的研究进展和水平，推广兽医科学研究成果，反映国内外兽医科学研究动态，探讨新的兽医学理论和研究方法。

《中国兽医科技》从2005年第1期开始改版为兽医学学术类期刊。为使改版后的学术性期刊其刊名与内容保持一致，本刊已向新闻出版总署申请更名为《中国兽医科学》，更名后定价不变。

本刊为大16开88页，每月20日出版，单价6.00元。

统一刊号：CN62-1074/S，国外代号：M4191，邮发代号：54-33，全国各地邮局均可订阅。

地址：甘肃省兰州市徐家坪1号

邮编：730046

电话：0931-8342195

传真：0931-8310086

E-mail: cjvst@cjvst.com

<http://www.cjvst.com>