

四川 9 个黑山羊品种(群体)微卫星 DNA 多态性研究

王 杰¹, 陈明华¹, 华太才让¹, 欧阳熙¹, 王 永¹, 付昌秀², 周光明²

(1. 西南民族大学, 成都 610041; 2. 四川省畜禽繁育改良总站, 成都 610041)

摘 要: 以 10 个微卫星标记, PCR 扩增, 12% 非变性聚丙烯酰胺凝胶电泳, Sanguinetti 银染法显色, 对四川建昌、金堂、乐至、合江、江安、自贡、嘉陵、营山、白玉 9 个黑山羊品种(群体), 进行微卫星 DNA 遗传多态性研究。结果表明, 10 个微卫星座位在 9 个黑山羊品种(群体)中均为高度多态座位, 建昌、金堂、乐至、合江、江安、自贡、嘉陵、营山和白玉黑山羊的平均 PIC、H 和 Ne 分别为: 0.735 2/0.773 9/5.017 6, 0.724 4/0.763 2/4.483 8, 0.750 3/0.782 7/4.878 2, 0.770 2/0.800 7/5.286 1, 0.740 2/0.777 1/4.576 8, 0.746 5/0.784 6/4.855 6, 0.751 1/0.788 9/4.959 1, 0.760 4/0.790 5/4.886 9 和 0.697 0/0.741 7/4.272 8。嘉陵与营山黑山羊在 $D=0.386$ 处聚为 1 类; 自贡与江安黑山羊在 $D=0.428$ 处聚在一起后, 在 $D=0.456$ 处再与合江黑山羊聚为 1 类; 金堂与乐至黑山羊在 $D=0.437$ 处聚为 1 类; 白玉与建昌黑山羊在 $D=0.489$ 处聚为 1 类。最后 4 种聚为 1 大类。

关键词: 微卫星标记; 界定; 黑山羊; 品种

中图分类号: S827.2

文献标识码: A

文章编号: 0366-6964(2006)11-1124-06

Polymorphism Research of Microsatellite DNA in Nine Sichuan Black Goat Breeds (Populations)

WANG Jie¹, CHEN Ming-hua¹, HUATAI Cai-rang¹, OUYANG Xi¹,

WANG Yong¹, FU Chang-xiu², ZHOU Guang-ming²

(1. *Southwest University for Nationalities, Chengdu 610041, China*; 2. *Sichuan Provincial General Station for Breeding and Improvement of Animal and Poultry, Chengdu 610041, China*)

Abstract: Genetic diversity for Sichuan black goat populations, including Jintang black goat, Lezhi black goat, Jianchang black goat, Hejiang black goat, Jiangan black goat, Zigong black goat, Jialing black goat, Yingshan black goat and Baiyu black goat, were estimated using ten microsatellite makers by PCR, polyacrylamide gel electrophoresis and silver staining of Sanguinetti method. The results showed that ten microsatellite loci analyzed were highly polymorphic loci in nine populations. The average PIC, H and Ne of Jintang, Lezhi, Jianchang, Hejiang, Jiangan, Zigong, Jialing, Yingshan and Baiyu black goat were 0.724 4/0.763 2/4.483 8, 0.750 3/0.782 7/4.878 2, 0.735 2/0.773 9/5.017 6, 0.770 2/0.800 7/5.286 1, 0.740 2/0.777 1/4.576 8, 0.746 5/0.784 6/4.855 6, 0.751 1/0.788 9/4.959 1, 0.760 4/0.790 5/4.886 9 and 0.697 0/0.741 7/4.272 8. Jialing and Yingshan black goat was one cluster ($D=0.386$); Zigong and Jiangan black goat was separated one cluster ($D=0.428$) firstly, then Hejiang black goat joined this cluster ($D=0.456$); Jintang and Lezhi was one cluster ($D=0.437$); Baiyu and Jianchang black goat was one cluster. At last, the four clusters build up a big cluster.

Key words: microsatellite marker; definition; black goat; breeds

收稿日期: 2005-10-13

基金项目: 四川省应用基础项目(04JY029-063-2)

作者简介: 王 杰(1940-), 男, 四川蓬安人, 教授, 主要从事动物遗传育种研究, E-mail: Wangjie_ou@sina.com.cn

微卫星是近年来发展起来的一种新型分子遗传标记。已广泛用于构建物种的遗传连锁图、基因鉴定、物种演化和群体间遗传分化研究等^[1~3]。Li 等以 26 个微卫星标记对中国 12 个地方山羊品种或类群进行遗传多态性分析,其中 17 个微卫星标记呈现多态,可用于遗传多态性分析,聚类结果与各品种或类群的地理分布一致^[4]。欧阳叙向利用微卫星标记对 4 个山羊品种的等位基因频率、群体多态信息含量、有效等位基因数进行了遗传检测^[5]。张宁波等采用 5 个微卫星标记对波尔山羊进行遗传多态性分析,4 个微卫星标记呈现多态,计算了基因杂合度、多态信息含量和微卫星与生产性状的相关^[6]。但国内外未见利用微卫星标记对四川各地黑山羊品种(群体)的研究报告。四川黑山羊分布广,2005 年总数接近 400 万只,在不同生态地区,形成了建昌黑山羊(JC)、金堂黑山羊(JT)、乐至黑山羊(LZ)3 个地方山羊品种。近年来又发现了不同称谓的黑山羊,如自贡黑山羊(ZG)、合江黑山羊(HJ)、江安黑山羊

(JA)、嘉陵黑山羊(JL)、营山黑山羊(YS)和白玉黑山羊(BY)等 6 个黑山羊群体。本研究应用微卫星 DNA 对四川 9 个黑山羊品种(群体)进行遗传多态性分析,以期从分子水平界定黑山羊品种提供依据。

1 材料与方 法

1.1 供试羊只的选择和基因组 DNA 的提取与检测

在四川 9 个黑山羊品种(群体)各分布中心产区,随机选择健康成年母羊各 30 只以上,共 313 只。采集供试山羊颈静脉血样,利用本实验室改进的方法提取基因组 DNA,经琼脂糖凝胶电泳及紫外光光度法双重检测 DNA 的浓度和纯度后,再将 DNA 浓度稀释至 25 ng/ μ L,在 -20 $^{\circ}$ C 条件下保存备用^[7]。

1.2 微卫星引物的筛选与 PCR 扩增

检索 GenBank 数据库,获取家畜微卫星标记,经筛选,确定 10 个多态性丰富的微卫星引物,由北京华大中生科技发展有限公司合成,10 对微卫星引物序列,见表 1。

表 1 10 对微卫星引物序列

Table 1 Primer sequences of microsatellite locus

基因座 Locus	上游序列 Forward Primers	下游序列 Reverse Primers
ILSTS005	F:GGAAGCAATGAAATCTATAGCC	R:TGTTCTGTGAGTTTGTAAGC
XMB7	F:CTGTATTAGAGTTCCCTGGAGAAA	R:GCCAACATGCCCTGTAGAAT
XMB11	F:TACTGATGGGAGGTTTCTGAGA	R:CCCAGAGTCTTTGTGTCAAGG
SRCRSP-10	F:ACCAGTTTGAGTATCTTGCTTGGG	R:AGGAAGTTTATTGGACAGTGCTGG
XMB19	F:AAGAATCGGACATGACTGAATG	R:CCTCCTTCATAATCCATTAAGCT
XMB24	F:TTACCACTGAGCCACCTGG	R:ATGATGCTTCTGTCAAGAGGTT
XMB31	F:GATCCAACGGATGTTAGCAA	R:GCCACACAGTCAAATGAATCA
XMB16	F:AGGATAATTTGCTCTGTGCC	R:ATGGCAATATGAGGAGTTGC
TGLA53	F:CAGCAGACAGCTGCAAGAGTTAGC	R:CTTTCAGAAATAGTTTGCATTCATGCAG
XMB84	F:TCAGGTGAATACTTTCCCACG	R:TCCTTGTGTCCCTTTAGTTTTG

PCR 反应体系:采用 25 μ L 体系,其中包括 10 \times buffer 2.50 μ L; dNTPMix (2.5 mmol/L) 2.00 μ L; MgCl₂ (25 mmol/L) 0.80 ~ 1.50 μ L; TaqDNA Polymerase (5U/ μ L) 0.3 μ L; F-primer 2 μ L; R-primer 2 μ L; DNA 模板(25 ng/ μ L) 2 μ L; ddH₂O 加至 25 μ L。

PCR 反应程序:94 $^{\circ}$ C 预变性 5 min, 35 cycles (94 $^{\circ}$ C 1 min; 56 ~ 58 $^{\circ}$ C 退火 1 min; 72 $^{\circ}$ C 延伸 1 min), 72 $^{\circ}$ C 延伸 5 min, 4 $^{\circ}$ C 保存。引物不同,PCR 反应的条件略有区别。

扩增产物的电泳检测:用 12% 非变性聚丙烯酰

胺凝胶电泳、Sanguinetti 银染法显色后,用凝胶成像系统拍照观测。

1.3 统计参数

计算微卫星座位的等位基因频率^[8,9]、多态信息含量(PIC)^[10]、群体杂合度^[11]、有效等位基因数(Ne)^[12,13]、Nei 氏遗传距离(D)和聚类^[14,15]。

2 结果与分析

2.1 PCR 扩增产物及电泳结果

根据等位基因扩增片段的大小,分别记录为 a、b、c 等,判定个体基因型:扩增出一条带的为纯合

子,两条为杂合子,无条带为无效等位基因。10对微卫星引物对试验个体基因组DNA扩增结果,10个微卫星座位的等位基因数平均为6.9个,其中XBM16位点的等位基因数目最多(11个),XBM11位点等位基因最少(4个)。微卫星引物扩增结果,见图1。图中a、b、c等为微卫星标记座位的等位基因。

2.2 等位基因及其频率

各微卫星座位等位基因频率不同品种(群体)有明显差异,座位XBM7的A等位基因9个黑山羊品种(群体)出现的频率为0.245~0.528,其中ZG最低为0.245,JT最高为0.528。有的群体出现了特定的等位基因,座位ILSTS005的H等位基因仅在BY出现;BY和JC在座位SRCRSP10只扩增出A、B 2个等位基因,而其他品种(群体)均扩增出4~5个等位基因;XBM16的G等位基因,只在LZ、HJ和JL出现;XMB24位点的G等位基因仅在LZ、HJ群体出现,H等位基因只在HJ群体出现。说明在不同的黑山羊品种(群体)中,各座位的等位基因频率分布不均衡,存在明显的差异。

2.3 多态信息含量(PIC)、群体杂合度(H)和有效等位基因数(Ne)

10个微卫星座位的多态信息含量(表2),各微卫星座位在不同品种(群体)内多态信息含量有一定的差异,其中HJ TGLA53座位的多态信息含量最高(PIC=0.856),而SRCRSP-10座位多态性较低,以JC最低(PIC=0.369)。在各标记座位的平均多态信息含量中,TGLA53座位最高(PIC=0.825),SRCRSP-10座位最低(PIC=0.646),平均多态信息含量为0.742。

各群体杂合度(表2),HJ平均杂合度最高(H=0.801),变化范围为0.742(XMB7)~0.871(TGLA53),其次是YS H=0.791,变化范围为0.739(XMB11)~0.850(XMB16);而BY杂合度最低,H=0.742,变化范围为0.490(SRCRSP-10)~0.849(TGLA53)。9个黑山羊品种(群体)的杂合度均分别大于0.7,9个黑山羊品种(群体)的平均杂合度为0.778,说明品种(群体)内个体遗传变异程度大。

有效等位基因数(表2),在HJ群体中,10个微卫星座位的平均有效等位基因数最多(5.286),范围3.879(XMB7)~7.734(TGLA53);BY群体平均有效等位基因数最少(4.273),范围1.960(SRCRSP-

10)~6.631(TGLA53);各品种(群体)平均有效等位基因数为4.802,范围在4.273(BY)~5.286(HJ)之间;各座位平均有效等位基因数范围在3.700(SRCRSP-10)~6.573(TGLA53)。说明9个黑山羊品种(群体)具有较丰富的微卫星遗传多态性。

2.4 群体间的遗传距离和聚类

9个黑山羊品种(群体)的Nei氏遗传距离(D),见表3。树系聚类图,见图2。从表3看出,9个黑山羊品种(群体)间的遗传距离在0.386~0.775之间,其中JL与YS之间的遗传距离最小为0.386,其次是JA与ZG,为0.428,再次为HJ与ZG,为0.456,BY与JC较大为0.489,BY和JT最大为0.775。聚类结果,JL与YS亲缘关系最近,在D=0.386处聚为1类;ZG与JA在D=0.428处聚在一起后,在D=0.456处再与HJ聚为1类;JT与LZ在D=0.437处聚为1类;BY与JC在D=0.489处聚为1类。最后4类聚为1大类。

3 讨论

3.1 黑山羊品种(群体)的遗传多态性

本研究所选择的10个微卫星标记,在9个黑山羊品种(群体)中均具有较高的多态性,10个微卫星DNA标记,等位基因的个数均等于或大于4,PIC值除了XMB11和SRCRSP-10外,其他的均大于0.7。当PIC>0.5时,该座位为高度多态性座位;当0.25<PIC<0.5时,该座位为中度多态性座位;当PIC<0.25时,该位点为低度多态性座位。杂合度(H)反映群体在数个座位上的遗传变异,一般认为它是度量群体遗传变异的一个最适参数,平均基因杂合度的大小可反映遗传结构变异程度的高低。群体多态信息含量(PIC)和杂合度(H)都能反映群体内个体遗传变异的程度,数值高说明遗传变异就大,反之则群体内的遗传变异小。本研究利用10个微卫星测定9个黑山羊品种(群体)平均多态信息含量(PIC)和平均杂合度(H)大于0.7,每个品种(群体)均获得4个以上等位基因,并且各微卫星座位的等位基因在不同品种(群体)的分布不平衡,反映了不同品种(群体)选育的差异所产生的遗传变异。说明微卫星DNA标记在黑山羊群体中多态性丰富,可作为黑山羊品种(群体)界定的标记。

表 2 10 个微卫星座位在 9 个黑山羊品种(群体)中的多态信息含量、杂合度和有效等位基因数

Table 2 Genetic parameter of ten microsatellite loci in nine black goat breeds (populations)

座位 Locus	指标 Parameter	Black goat populations									平均值 Mean
		HJ	JA	ZG	JL	YS	BY	JC	LZ	JT	
ILSTS005	PIC	0.794	0.700	0.711	0.613	0.702	0.721	0.796	0.750	0.628	0.713
	H	0.818	0.741	0.778	0.708	0.760	0.758	0.821	0.782	0.692	0.762
	Ne	5.504	3.854	4.503	3.422	4.168	4.129	5.574	4.587	3.242	4.331
XMB7	PIC	0.700	0.760	0.785	0.799	0.795	0.754	0.807	0.673	0.614	0.743
	H	0.742	0.791	0.812	0.822	0.819	0.783	0.829	0.701	0.654	0.772
	Ne	3.879	4.780	5.305	5.612	5.528	4.610	5.838	3.339	2.893	4.643
XMB11	PIC	0.696	0.699	0.670	0.680	0.690	0.642	0.701	0.688	0.699	0.685
	H	0.744	0.747	0.721	0.731	0.739	0.698	0.748	0.737	0.746	0.734
	Ne	3.902	3.948	3.587	3.713	3.826	3.310	3.973	3.795	3.942	3.777
SRCRSP-10	PIC	0.746	0.740	0.677	0.729	0.783	0.370	0.369	0.703	0.699	0.646
	H	0.782	0.777	0.727	0.769	0.775	0.490	0.488	0.746	0.746	0.700
	Ne	4.577	4.490	3.669	4.323	4.452	1.960	1.951	3.942	3.937	3.700
XMB19	PIC	0.761	0.766	0.757	0.758	0.766	0.745	0.766	0.758	0.744	0.758
	H	0.794	0.798	0.791	0.792	0.798	0.780	0.798	0.791	0.781	0.792
	Ne	4.852	4.958	4.778	4.803	4.958	4.552	4.958	4.789	4.562	4.801
XMB24	PIC	0.830	0.797	0.803	0.821	0.832	0.714	0.837	0.833	0.810	0.809
	H	0.854	0.749	0.740	0.858	0.811	0.828	0.827	0.833	0.747	0.805
	Ne	6.835	3.976	3.851	7.027	5.288	5.817	5.770	5.981	3.953	5.389
XMB31	PIC	0.752	0.699	0.762	0.739	0.755	0.708	0.750	0.701	0.760	0.736
	H	0.787	0.746	0.795	0.775	0.789	0.750	0.785	0.748	0.794	0.774
	Ne	4.688	3.940	4.885	4.450	4.739	4.005	4.653	3.973	4.843	4.464
XMB16	PIC	0.836	0.701	0.692	0.841	0.784	0.807	0.802	0.811	0.700	0.775
	H	0.848	0.820	0.825	0.841	0.850	0.751	0.854	0.850	0.830	0.830
	Ne	6.570	5.565	5.698	6.274	6.671	4.023	6.826	6.671	5.896	6.022
TGLA53	PIC	0.856	0.806	0.852	0.791	0.769	0.830	0.836	0.844	0.837	0.825
	H	0.871	0.830	0.867	0.818	0.801	0.849	0.854	0.861	0.855	0.845
	Ne	7.734	5.865	7.525	5.483	5.015	6.631	6.849	7.184	6.873	6.573
XMB84	PIC	0.730	0.734	0.756	0.740	0.727	0.679	0.686	0.743	0.753	0.727
	H	0.769	0.772	0.790	0.777	0.763	0.729	0.736	0.779	0.787	0.767
	Ne	4.319	4.392	4.757	4.484	4.223	3.690	3.784	4.521	4.699	4.319
Mean	PIC	0.770	0.740	0.747	0.751	0.760	0.697	0.735	0.750	0.724	0.742
	H	0.801	0.777	0.785	0.789	0.791	0.742	0.774	0.783	0.763	0.778
	Ne	5.281	4.577	4.856	4.959	4.887	4.273	5.018	4.878	4.484	4.802

3.2 黑山羊品种(群体)的等位基因及其频率

在 9 个黑山羊品种(群体)中 10 个微卫星座位的平均等位基因数为 6.9 个,其中 XMB16 座位的等位基因数目最多(11 个);XMB11 座位等位基因最少(4 个)。各群体平均有效等位基因数为 4.802,范围在 4.273(BY)~5.286(HJ)之间;各座位平均有效等位基因数范围 3.700(SRCRSP-10)~6.573(TGLA53)。9 个黑山羊品种(群体)具有较丰富的微卫星遗传多态性。

Chakraborty 等提出,微卫星的多态性能够反映物种的进化历史,群体中频率最高的等位基因是该物种中最原始、最保守的等位基因,其余的等位基因是进化过程中由该等位基因突变形成。据此,IL-STS005 座位的 A 基因、XMB7 座位的 A、SRCRSP10 座位的 B 基因、XMB11 座位的 B、XMB24 座位的 C 基因、XMB31 座位的 B 基因等基因可能是黑山羊品种(群体),相应微卫星座位最原始的等位基因。

表 3 9 个黑山羊品种(群体)间的 Nei 氏遗传距离(D)

Table 3 Nei's genetic distances among populations of nine black goat

population	YS	JL	ZG	JC	BY	LZ	HJ	JA	JT
YS		0.386	0.525	0.691	0.768	0.582	0.514	0.530	0.588
JL	0.386		0.497	0.730	0.719	0.565	0.482	0.477	0.588
ZG	0.525	0.497		0.638	0.651	0.514	0.456	0.428	0.471
JC	0.691	0.730	0.638		0.489	0.728	0.691	0.752	0.753
BY	0.768	0.719	0.651	0.489		0.728	0.724	0.759	0.775
LZ	0.582	0.565	0.514	0.728	0.728		0.445	0.478	0.437
HJ	0.514	0.482	0.456	0.691	0.724	0.445		0.456	0.478
JA	0.530	0.477	0.428	0.752	0.759	0.478	0.456		0.470
JT	0.588	0.588	0.471	0.753	0.775	0.437	0.478	0.470	

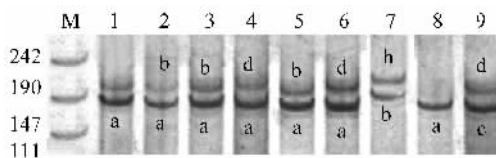


图 1 微卫星座位 ILSTS005 在白玉黑山羊群体中扩增产物的电泳

Fig. 1 Electrophoresis diagram for PCR results of ILSTS005 in Baiyu black goat population

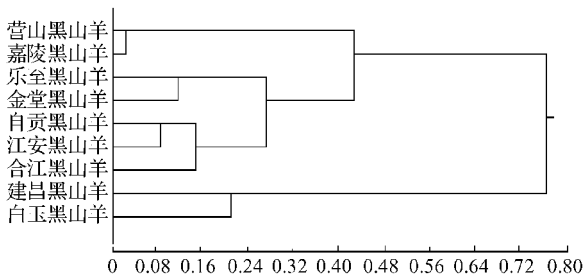


图 2 9 个黑山羊品种(群体)的树系聚类图

Fig. 2 Clustering dendrogram map of different black goat populations

各微卫星座位上各等位基因的基因频率在不同的品种(群体)有较明显的差异,有的品种(群体)出现特定等位基因。如座位 ILSTS005 的 H 等位基因仅在 BY 群体中出现,其他群体品种(群体)的频率均为零;BY 和 JC 在座位 SRCRS10 只扩增出 A、B 2 个等位基因,其他品种(群体)均扩增出 4 或 5 个等位基因;XMB16 座位的 G 等位基因,只在 LZ、HJ 和 JL 中出现;XMB24 座位的 G 等位基因仅出现在 JZ、HJ 中,H 等位基因仅在 HJ 中出现。说明在不同黑山羊品种(群体)中,各座位的等位基因频率分布不均衡,存在明显的差异。究其原因与各黑山羊品种(群体)的来源有关。

3.3 黑山羊品种(群体)聚类

9 个黑山羊品种(群体)的分子系统发生关系与生态地理分布基本一致。JL 和 YS 的遗传距离最小($D=0.386$),亲缘关系近,先聚为一类,南充市嘉陵区与营山县相距不足 50 km,生态条件相似;ZG 和 JA 聚在一起($D=0.428$),再和遗传距离较近($D=0.456$)的 HJ 聚为 1 类,富顺(2 个产区)、江安、合江 3 县地理位置相近;JT 与 LZ($D=0.457$)聚为 1 类,金堂、乐至两县相距较近,BY 和 JC($D=0.489$)两者聚为 1 类,最后 4 类聚为 1 大类。除 JC、JT、LZ 己为四川省地方品种,余下 6 个黑山羊群体,以 10 个微卫星标记,可初步判定 JL 和 YS 为一个地方品种,ZG 和 JA 以及 HJ 为一个地方品种,白玉黑山羊分布在藏山羊分布边沿地区,是否为一个品种,尚待进一步研究。以 10 个微卫星标记判断 9 个黑山羊品种(群体)结果,与形态遗传和生产性能测定结果基本一致。

参考文献:

- [1] Batendse W, Waiman D, Demp S L, *et al.* A medium density genetic linkage map of the bovine genome[J]. *Mammalian Genome*, 1997, 8: 21~28.
- [2] 汤青萍,陈宽维,李慧芳,等.应用微卫星标记对 12 个中国地方乌骨鸡品种遗传多样性的研究[J]. *畜牧兽医学报*, 2004, 36(8): 755~760.
- [3] Buchanan F C, Adams L J, Little John R P, *et al.* Determination of evolutionary relationships among sheep breeds using microsatellites[J]. *Genomics*, 1994, 15, 22 (2): 379~403.
- [4] Li M H. Genetic relationships among twelve Chinese indigenous goat populations based on microsatellite analysis[J]. *Genet Sel Evol*, 2002, 34: 729~744.

- [5] 欧阳叙向,黄生强,施启顺,等. 微卫星标记 BMS2508 在 4 个山羊品种中的遗传多样性研究[J]. 畜牧兽医学报,2005,36(12):1 351~1 353.
- [6] 张宁波,王建民,尚友国,等. 利用微卫星标记对波尔山羊遗传多样性的研究[J]. 山东畜牧兽医,2004,4:1~2.
- [7] 王 杰,徐金瑞,白文林,等. 四川几个山羊品种(群体)与岩羊 RAPD 分析[J]. 畜牧兽医学报,2003,35(5):434~437.
- [8] May B, Krueger C C, Eng W, *et al.* Genes in Population (Version 2). A Computer Program for Analysis of Genetic Data, 1995.
- [9] Van Zeveren A, Peelman L, van de Weghe A, *et al.* A genetic study of four Belgian pig populations by mean of seven microsatellite loci [J]. J Anim Breed Genet, 1995, 112:191~204.
- [10] Heam C M, Ghosh S, Todd J A. Microsatellites for linkage analysis of genetic traits[J]. Trends in Genetics, 1992, 8:288~294.
- [11] Nei M, Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals[J]. Genetics, 1978, 89:583~590.
- [12] Kimura M, Crow J F. The number of alleles that can be maintained in a finite population[J]. Genetics, 1974, 49:725~738.
- [13] Hines H C, Zikakis J P, Haenlein G F, *et al.* Linkage relationships among loci of polymorphisms in blood and milk of cattle[J]. Dairy Sci, 1981, 64(1):71~76.
- [14] Nei M. Estimation of average heterozygosity and genetic distance for a small number of individual[J]. Genetics, 1978, 89:583~590.
- [15] 卢纹岱. SPSS for Windows 统计分析[M]. (第 2 版). 北京:电子工业出版社,2002,9.

《中国生物技术机构和人员名录》征集通知

在国家科学技术部中国生物技术发展中心、中国科学院生命科学与生物技术局的领导和支持下,中国生物工程学会组织编辑出版《中国生物技术机构和人员名录》,旨在向国内外生物技术界提供本领域机构和专家的信息。

《中国生物技术机构和人员名录》专业领域为生物技术基础研究与生物信息技术、健康与生物技术、农业生物技术、工业生物技术、环境生物技术、海洋生物技术以及生物技术产业化等。收录从事以上专业领域的研究、教学、开发、生产、管理、情报信息等方面的机构(高校、研究院、所、学院、系、中心、实验室、公司等)和相关人员中具有高级专业技术职务者,或者具有博士学位或同等学历者,或者生物技术企业高级管理人员。

《中国生物技术机构和人员名录》编辑部对被征集单位和个人不收取任何费用,所需出版费用通过广告赞助费和发行等方式解决。

中国生物技术机构信息表的收录信息包括:机构名称、英文名称、通信地址、邮政编码、负责人、机构网址、电话、传真、电子信箱、机构简况(从事生物技术研究方向、在研项目、开发项目、主要产品、成果与专利等,限 500 字)

中国生物技术人员信息表的收录信息包括:姓名、性别、出生年月、最后学历、现从事专业、专业技术职务、行政职务、所在单位、单位地址、邮政编码、电话、传真、电子信箱、其他联系方式、工作简况(包括从事生物技术工作、成果与专利、获省部级以上奖励、主要论著等,限 300 字)。

刊登单位和个人可来电或来函索要机构及人员信息表(电子版),填写后请通过电子邮件发送至:2007bio@163.com,并将表格打印后加盖单位公章寄至:北京市中关村北四环西路 33 号《中国生物技术机构和人员名录》编辑部收,邮编:100080。电话/传真:010-61747800