

DOI: 10.3724/SP.J.1005.2008.00065

从细胞色素 *b* 基因全序列探讨大额牛的分子系统发生

李世平^{1,2}, 常洪², 马国龙², 陈宏宇², 冀德君², 耿荣庆²

1. 扬州大学生物科学与技术学院, 扬州 225009;

2. 扬州大学动物科学与技术学院, 扬州 225009

摘要: 大额牛是一种半野生半家养的珍稀牛种, 有关其起源和系统地位一直存在争议。通过 PCR 扩增、测序等步骤共获得了 11 头大额牛细胞色素 *b*(*Cyt b*) 基因全序列(1 140 bp)。应用分析软件, 对大额牛 11 条 *Cyt b* 序列进行了分析, 并结合 GenBank 中牛属动物 6 个近缘种的同源序列, 以亚洲水牛(*Bubalus bubalis*)为外群, 分别采用邻接法(NJ)和最大简约法(MP)构建了牛属动物分子系统发育树。序列分析结果表明, 11 条大额牛 *Cyt b* 序列 1 140 位点中, 共发现 95 个变异位点(占分析位点总数的 8.33 %), 定义了 6 种单倍型, 表明大额牛群体的 *Cyt b* 基因遗传多态性比较丰富。构建的 NJ 和 MP 分子系统树均显示, 大额牛研究群体明显分为 3 支, 第 1 支与普通牛(*Bos taurus*)相聚, 第 2 支与瘤牛(*Bos indicus*)相聚, 第 3 支与印度野牛(*Bos gaurus*)相聚。系统发育分析表明, 大额牛很可能是印度野牛的家养型或驯化种, 我国大额牛群体可能曾受到其他牛种血缘的入侵。

关键词: 大额牛; 细胞色素 *b* 基因; 起源; 分子系统发生

Molecular phylogeny of the gayal inferred from the analysis of cytochrome *b* gene entire sequences

LI Shi-Ping^{1,2}, CHANG Hong², MA Guo-Long², CHEN Hong-Yu², JI De-Jun², GENG Rong-Qing²

1. College of Bioscience and Biotechnology, Yangzhou University, Yangzhou 225009, China;

2. College of Animal Science and Technology, Yangzhou University, Yangzhou 225009, China

Abstract: The gayal (*Bos frontalis*) is a very rare, semi-wild and semi-domestic bovine species. There still exist remarkable divergences on the gayal's origin and phylogenetic status. The cytochrome *b* (*Cyt b*) gene entire sequences (1 140 bp) of 11 gayals were sequenced and analyzed. Combined with other bovine *Cyt b* entire sequences cited in GenBank, the phylogenetic trees of genus *Bos* were reconstructed by neighbor-joining (NJ) and maximum parsimony (MP) methods with *Bubalus bubalis* as outgroup. Sequence analysis showed that, among 1 140 sites of *Cyt b* gene entire sequences of 11 gayals, 95 variable sites (8.33 % of all sites) and 6 haplotypes were found, showing abundant genetic diversity in mitochondrial *Cyt b* gene of the gayals. Both NJ and MP trees demonstrated that the gayals in this study were markedly divided into three embranchments: one embranchment clustering with *Bos taurus*, another clustering with *Bos indicus*, and the third clustering with *Bos gaurus*. The result of phylogenetic analysis suggested that the gayal might be the domesticated form of the gaur (*Bos gaurus*), and a great proportion of the gayal bloodline was invaded by other bovine species.

Keywords: gayal (*Bos frontalis*); cytochrome *b* gene; origin; molecular phylogeny

收稿日期: 2007-08-07; 修回日期: 2007-09-11

基金项目: 国家自然科学基金项目(编号: 30571323)资助[Supported by the National Natural Science Foundation of China (No. 30571323)]

作者简介: 李世平(1971-), 江苏如皋人, 讲师, 博士, 研究方向: 动物遗传资源的评价、保护与利用。Tel: 0514-87979363;

E-mail: lishiping71@gmail.com

通讯作者: 常洪(1939-), 四川成都人, 教授, 博士生导师, 研究方向: 动物遗传育种与繁殖。Tel: 0514-87997203; E-mail: hoch@yzcn.net

大额牛(*Bos frontalis*)分布于我国西藏门隅、珞瑜地区,云南省西部高黎贡山的独龙江和怒江流域,以及印度的阿萨姆邦、东孟加拉、不丹和缅甸北部钦邦海拔 1 500 m 以上的山麓地带^[1~4],是一种半野生半家养的珍稀牛种。分布于我国云南省独龙江和怒江流域的大额牛,因其最初为独龙族人民所驯养,又有“独龙牛”之称。自从 Walker 等^[5]1968 年将大额牛定为牛属(*Bos*)的一个独立种以来,大额牛的起源和系统地位问题,一直是笼罩在动物分类学、畜牧学和动物遗传资源学等领域上空的疑团。有关大额牛形态学特征、核型、蛋白多态性、微卫星分析以及 DNA 分析的主要研究成果^[5~18],提出了大额牛起源的 3 种可能性:(1)它是印度野牛(*Bos gaurus*)的家养型或驯化种;(2)它是印度野牛与普通牛或瘤牛的杂交后代;(3)它是某种现已灭绝的野生牛的后代。迄今为止,这个谜团仍未解开。细胞色素 *b*(*Cytochrome b*, *Cyt b*)基因是线粒体 DNA 中重要的蛋白编码基因,它包含了从种内到种间乃至科间的进化遗传信息,是研究动物种内和近缘种间的系统发育、起源进化的良好分子标记之一^[19, 20],广泛应用于牛亚科家畜的系统发育、进化和分类的研究中^[21~23]。本试验通过对大额牛细胞色素 *b* 基因全序列进行测序与分析,并结合 GenBank 中相关牛种的序列,应用系统发育分析方法从分子水平探讨大额牛的起源及其系统地位,以期为大额牛遗传资源的评价、保护与利用提供分子生物学依据。

1 材料和方法

1.1 材料

以中心产区典型群随机抽样的方法,在云南省怒江州泸水县老窝乡凤凰山大额牛保种繁育基地采集 11 头大额牛血样。低温带回实验室, -20℃ 保存备用。同时引用 GenBank 中 7 条近缘牛种的 *Cyt b* 基因全序列用于系统发育分析(表 1)。

1.2 方法

1.2.1 PCR 扩增和序列测定

采用常规的酚/氯仿法提取总 DNA^[24]。*Cyt b* 基因全序列的 PCR 扩增采用黄秉周等^[25]报道的牛通用引物,上游引物: 5' -CCATAAATAGGTGAAGGT TTCG-3', 下游引物: 5' -TTGATGGTGAGACTG CAGTT-3'。PCR 反应体系为 25 μL, 含 1× buffer, Mg²⁺ 2.5 μmol/L, dNTP 250 μmol/L, 引物各 0.4 μmol/L,

Taq DNA 聚合酶 2 U, 模板 1 μL。PCR 反应条件为: 94℃ 预变性 4 min; 94℃ 变性 40 s, 51℃ 退火 30 s, 72℃ 延伸 90 s, 共 30 个循环; 最后 72℃ 延伸 7 min, 4℃ 保存。PCR 扩增产物采用 1.0% 琼脂糖凝胶电泳检测其片断大小与浓度, 由上海生物工程技术服务有限公司进行 PCR 扩增产物的纯化、回收与测序。

表 1 研究所用物种、GenBank 登录号、来源和代码

Table 1 The list of species, GenBank accession number, source and code

物种 Species	GenBank 登录号 Accession number	来源 Source	代码 Code
普通牛 <i>Bos taurus</i>	V00654	GenBank	<i>Bos taurus</i>
瘤牛 <i>Bos indicus</i>	NC_005971	GenBank	<i>Bos indicus</i>
印度野牛 <i>Bos gaurus</i>	AF348593	GenBank	<i>Bos gaurus</i>
爪哇牛 <i>Bos javanicus</i>	D82889	GenBank	<i>Bos javanicus</i>
牦牛 <i>Bos grunniens</i>	AY955225	GenBank	<i>Bos grunniens</i>
林牛 <i>Bos sauveli</i>	AY689189	GenBank	<i>Bos sauveli</i>
亚洲水牛 <i>Bubalus bubalis</i>	D88635	GenBank	<i>Bubalus bubalis</i>
大额牛 <i>Bos frontalis</i>	EF061227~ EF061237	本研究 This study	BF01~BF11

1.2.2 统计分析

应用 DNASTar 5.02 软件参照 Anderson 等^[26]发表的普通牛(*Bos taurus*) *Cyt b* 基因全序列(GenBank 登录号: V00654)对测定的 11 头大额牛的 *Cyt b* 基因序列进行同源序列比对分析。应用 MEGA3.1^[27] 软件统计序列的平均碱基组成百分比、多态位点数、简约信息位点数、转换/颠换比率等。应用 DNAsp 4.10 软件计算单倍型多样性(Haplotype diversity, Hd)和核苷酸多样性(Nucleotide diversity, Pi)。系统发育分析采用邻接法(Neighbor - joining, NJ)和最大简约法(Maximum - parsimony, MP)构建分子系统树,并以亚洲水牛(*Bubalus bubalis*) (GenBank 登录号: D88635)的同源序列作为外类群。邻接法使用 MEGA3.1^[27] 软件,遗传距离模型选择 Kimura 2-parameter 模型。最大简约法使用 PAUP* 4.0^[28] 软件中的启发式搜寻(Heuristic search),构树方法采用

TBR(Tree bisection reconnection), 逐步加入法随机加入序列(1000 random stepwise addition sequence replicates), 所有数据均未加权。NJ树和MP树采用重复抽样分析(Bootstrap analysis)^[29] 1 000 次检验分子系统树各分支的置信度。

2 结果与分析

2.1 大额牛 *Cyt b* 基因全序列的碱基组成与序列变异

经 PCR 扩增、回收、测序以及序列比对等步骤, 获得了 11 头大额牛的线粒体 *Cyt b* 基因全序列, 所有序列全长均为 1 140 bp, 无插入和缺失, 11 条序列的 GenBank 序列号为 EF061227 ~ EF061237(表 1)。11 条序列中, A, T, C, G 碱基的平均含量分别为 31.4%, 25.8%, 29.6%和 13.3%, 显示 G 碱基相对缺乏, 其中 A+T 的含量(57.2%)高于 G+C 的含量(42.8%)。密码子第 2 位和第 3 位都表现出强烈的碱基使用偏倚, 密码子第 2 位中, T 碱基的频率高达 40.4%, 而 G 仅为 13.7%; 密码子第 3 位中, A 碱基频率高达 44.6%, 而 G 仅占 3.5%, 这与 Birungi 等^[22]和 Hassanin 等^[23]报道的结果相类似。

在所有 1 140 个位点中, 共发现 95 个变异位点(图 1), 占分析位点总数的 8.33%, 包括 84 个转换(transition)和 11 个颠换(transversion), 其中简约信息位点 94 个, 单一信息位点 1 个, 氨基酸替换 11 个。核苷酸的替代以转换为主, 转换明显多于颠换, 转换/颠换比值(R)为 7.64, 说明序列突变还未达到饱

和, 其中 T-C 转换明显多于 A-G 转换(其比值为 2.23), A-C 和 A-T 颠换多于 C-G 和 T-G 颠换。11 条大额牛 *Cyt b* 全序列共定义了 6 种单倍型(hap01~hap06), 其中单倍型 hap01、hap04、hap05 和 hap06 各包括一条序列, 它们分别是 BF01、BF04、BF07 和 BF09, 单倍型 hap02 包括 BF02、BF05、BF08、BF10 和 BF11 等 5 条序列, 单倍型 hap03 包括 BF03 和 BF06 两条序列。单倍型多样性(Hd)为 0.800 ± 0.114 , 核苷酸多样性(Pi)为 0.04120 ± 0.00672 , 表明大额牛群体的 *Cyt b* 基因遗传多态性比较丰富。

2.2 分子系统树的构建

利用本研究测定的大额牛 *Cyt b* 基因全序列的 6 种单倍型(hap01~hap06), 并结合从 GenBank 中下载的近缘牛种的同源序列(表 1), 以亚洲水牛(*Bubalus bubalis*)为外群, 应用邻接法(NJ)和最大简约法(MP)构建了牛属(*Bos*)动物的 *Cyt b* 基因分子系统发育树(图 2), 树上各分支上的数字表示用 1 000 次 Bootstrap 统计分析后对该支的支持百分比。

从图 2 可看出, 所构建的 NJ 和 MP 树具有相似的拓扑结构, 两种系统树都明显地将大额牛的 6 种单倍型分为 3 个相对独立的支系。第 1 支为单倍型 hap02, 它紧密地与普通牛(*Bos taurus*)聚为一类(置信度>99%); 第 2 支包括 hap04 和 hap06, 它紧密地与瘤牛(*Bos indicus*)聚为一类(置信度>95%); 第 3 支包括 hap01、hap03 和 hap05, 它与印度野牛(*Bos gaurus*)聚为一类(置信度 100%)。

	111	1111222333	3333333333	4444445555	5555566666	6666677777	7778888888	9999999999	9000000000	01111
	156889011	2579137012	2446678999	0124691133	4466923457	8999911256	7790134789	0000026778	9045666678	90112
	9879143257	1645946424	7250354036	8408280347	0619213442	1347947998	4757340052	0345940591	9540568940	24466
BF01	TATTCCACGA	TGTCATTCCC	CCTATTCGTA	GGTCTTATTT	CCCCTTCCTC	AAATGCTGCT	AACGATTATG	CAATTTTITAT	ATTTCACTACT	AAGCC
BF02	CGCCTA.TAC	CACTGCCT.T	TT.GCCTACC	AACTAC.CCC	TTTTCTTCT	GGGCCTAAAC	.C.AGCC.CA	TTGCACCCGC	GCCCTGCCTC	GGA.T
BF03A.....G.....G.A	.C.....
BF04	CGCCTAGTAC	CACTGCCTTT	TTGCGCC.ACC	AACTAC.CCC	TTTT...TCT	GGGCCTAAAC	GCTA.CC.CA	TTGCACCCGC	GCC.T.CCT.	...TT
BF05	CGCCTA.TAC	CACTGCCT.T	TT.GCCTACC	AACTAC.CCC	TTTTCTTCT	GGGCCTAAAC	.C.AGCC.CA	TTGCACCCGC	GCCCTGCCTC	GGA.T
BF06A.....G.....G.A	.C.....
BF07G.A.....A
BF08	CGCCTA.TAC	CACTGCCT.T	TT.GCCTACC	AACTAC.CCC	TTTTCTTCT	GGGCCTAAAC	.C.AGCC.CA	TTGCACCCGC	GCCCTGCCTC	GGA.T
BF09	CGCCTAGTAC	CACTGCCTTT	TTGCGCC.ACC	AACTAC.CCC	TTTT...TCT	GGGCCTAAAC	GCTA.CC.CA	TTGCACCCGC	GCC.T.CCT.	...TG
BF10	CGCCTA.TAC	CACTGCCT.T	TT.GCCTACC	AACTAC.CCC	TTTTCTTCT	GGGCCTAAAC	.C.AGCC.CA	TTGCACCCGC	GCCCTGCCTC	GGA.T
BF11	CGCCTA.TAC	CACTGCCT.T	TT.GCCTACC	AACTAC.CCC	TTTTCTTCT	GGGCCTAAAC	.C.AGCC.CA	TTGCACCCGC	GCCCTGCCTC	GGA.T

图 1 大额牛 11 条 *Cyt b* 基因全序列多态位点

“.”表示与第一条序列碱基相同。

Fig. 1 Polymorphic sites in 11 *Cyt b* gene complete sequences of gayals

“.” means the same base as the first sequence.

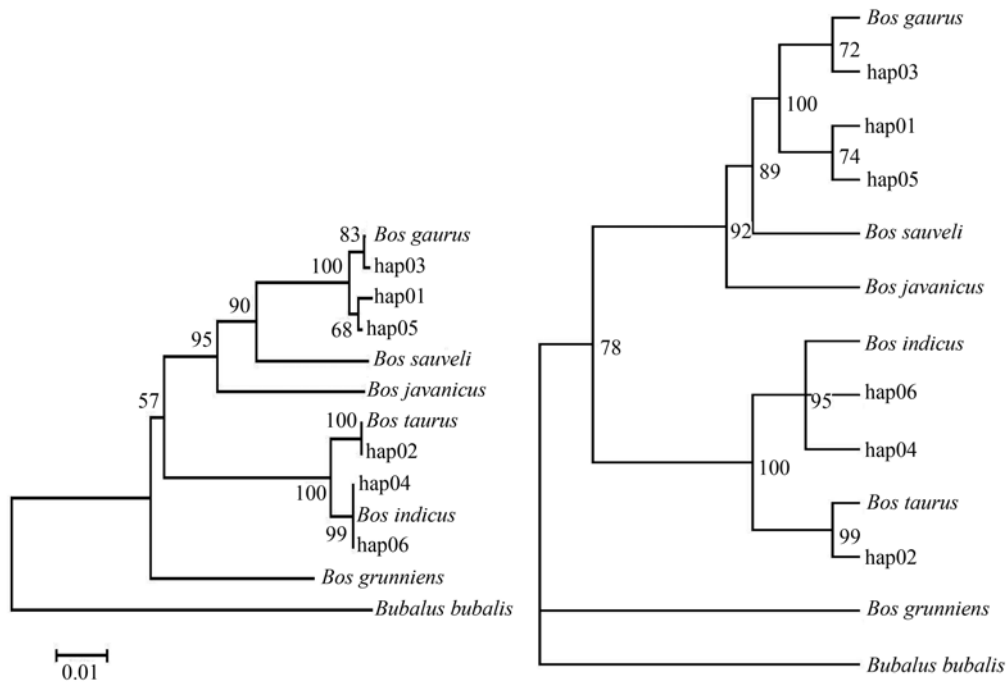


图 2 基于 *Cyt b* 基因全序列构建的牛属动物 NJ(左)和 MP(右)分子系统树
节点旁数字为 1 000 次 bootstrap 检验后置信度值(%)。

Fig. 2 Molecular phylogenetic trees of genus *Bos* based on *Cyt b* gene complete sequences using NJ (left) and MP (right) methods

Numbers at nodes represent bootstrap values (%) with 1 000 replicates.

3 讨论与小结

有关大额牛的起源及其系统地位问题至今尚无定论。从本研究构建的NJ和MP树(图 2)的拓扑结构可以看出,大额牛研究群体被明显地分为 3 支,第 1 支和第 2 支分别与普通牛(*Bos taurus*)和瘤牛(*Bos indicus*)聚为一类,显示大额牛可能含有普通牛或瘤牛的母亲血缘。但是,大额牛的外形明显不同于普通牛和瘤牛^[1, 5],核型也不同于普通牛和瘤牛^[6~8],血液蛋白多态性和微卫星分析的研究结果^[9~13]也表明大额牛不同于普通牛和瘤牛,基本上可以排除大额牛起源于普通牛或瘤牛的可能,推测大额牛群体中所含的普通牛或瘤牛母亲血缘可能是由于大额牛与普通牛或瘤牛杂交而保留下来的。已有的研究表明^[2, 8, 30],雄性大额牛可与雌性普通牛或瘤牛杂交,而且杂交母牛是可育的,而杂交公牛通常不育,再加上mtDNA遵循严格的母系遗传,这使得通过杂交而渗入到大额牛群体中的mtDNA基因得以保存下来。另外,根据实地调查、访问,也证实了大额牛可与普通牛或瘤牛杂交,而且半野生半家养的饲养管理模式也使得大额牛与普通牛或瘤牛的接

触机会大大增加,从而导致大额牛可能含有普通牛或瘤牛的母亲血缘。兰宏等^[17]基于mtDNA - RFLP分析了 1 头大额牛的限制性类型,发现其与瘤牛相同,在一定程度上印证了本文的研究结果。本研究共测定了 11 头大额牛的*Cyt b*基因全序列,其中有 7 头分属于第 1 支和第 2 支,占所分析大额牛总数的 63.64 %,显示我国有相当比例的大额牛群体曾受到其它牛种血缘的入侵,我国大额牛的保护工作面临着非常严峻的考验。

Winter 等^[15]依据红细胞和血红蛋白型推测大额牛的野生祖先可能是印度野牛(*Bos gaurus*), Ritz 等^[13]基于微卫星分析、Verkaar 等^[18]基于 3 个线粒体DNA基因部分序列和 2 个Y染色体基因部分序列的比较分析也支持大额牛可能是印度野牛的家养型或驯化种的观点。本研究系统发育分析结果(图 2)显示,大额牛第 3 支(hap01、hap03 和 hap05)与印度野牛聚为一类,这表明大额牛和印度野牛具有最近的共同原始祖先。此外,大额牛第 3 支与印度野牛之间的序列分歧度仅为 0.53%,远小于大额牛第 3 支与林牛(*Bos sauveli*)或爪哇牛(*Bos javanicus*)之间的序列分歧度(分别为 4.27%和 5.64%),也小于普通牛

(*Bos taurus*)与瘤牛(*Bos indicus*)之间的序列分歧度(1.03%)。这些数据显示大额牛与印度野牛之间的分化远未达到物种水平,推测大额牛很可能是印度野牛的家养型或驯化种,支持Winter等^[15]、Ritz等^[13]和Verkaar等^[18]人的观点。马国龙等^[31]基于细胞色素*b*基因部分序列对大额牛的系统地位和种群现状进行了分析,其系统发育分析结果显示大额牛研究群体分为3个支系,一支与普通牛聚为一类,另一支与瘤牛、印度野牛聚为一类,第三支单独聚为一支,推测大额牛是独立于普通牛、瘤牛和印度野牛之外的牛属(*Bos*)中一个独立的种。然而值得一提的是,马国龙等^[31]当时所用的印度野牛序列可能源于瘤牛而不能代表真正的印度野牛,因为一般认为印度野牛与爪哇牛亲缘关系较近,而与瘤牛、普通牛亲缘关系较远。假如加入本研究中印度野牛和爪哇牛*Cyt b*基因的同源序列再进行系统发育分析,就会发现大额牛的第3支将先与印度野牛紧密聚为一类,而后再与爪哇牛相聚,与本文的系统发育分析结果相似。因此,本研究不支持大额牛是牛属(*Bos*)中一个独立的物种的观点^[5-7, 31]。

研究结果分析表明,大额牛很可能是印度野牛的家养型或驯化种,我国大额牛群体可能曾受到其他牛种血缘的入侵,大额牛的保护工作面临着非常严峻的考验。

参考文献(References):

- [1] Simoons FJ. Gayal or Mithan. In: Mason I L (ed). *Evolution of Domesticated Animals*. London: Longman, 1984.
- [2] Nyunt MM, Win N. Mithan (*Bos frontalis*) in Myanmar. *Rep Soc Res Native Livestock*, 2004, 21: 19-22.
- [3] MAO Hua-Ming, DENG Wei-Dong, WEN Ji-Kun. The biology characteristics of gayal (*Bos frontalis*) and potential exploitation and utilization. *J Yunnan Agri Univ*, 2005, 20(2): 258-261.
毛华明, 邓卫东, 文际坤. 大额牛的生物学特征及研究开发利用潜力. *云南农业大学学报*, 2005, 20(2): 258-261.
- [4] Namikawa T. Cattle: why the cattle genetic diversity is widely in eastern Asia. *Rep Soc Res Native Livestock*, 2005, 22: 97-100.
- [5] Walker EP, Warnick F, Hamlet ST. *Mammals of the World*. Baltimore: The Johns Hopkins Press, 1968.
- [6] SHAN Xiang-Nian, CHEN Yi-Feng, LUO Li-Hua, CAO Xiao-Mei, SONG Ji-Zhi, ZENG Yang-Zhi. The karyotype analysis of gayal. *Hereditas (Beijing)*, 1980, 2(5): 25-27.
单祥年, 陈宜峰, 罗丽华, 曹筱梅, 宋继志, 曾养志. 大额牛核型分析. *遗传*, 1980, 2(5): 25-27.
- [7] SHAN Xiang-Nian, CHEN Yi-Feng, LUO Li-Hua, CAO Xiao-Mei, SONG Ji-Zhi, ZENG Yang-Zhi. Comparison of chromosome among 5 breeds of *Bos* in China. *Zoological Research*, 1980, 1(1): 75-79.
单祥年, 陈宜峰, 罗丽华, 曹筱梅, 宋继志, 曾养志. 我国黄牛属(*Bos*)五个种的染色体比较研究. *动物学研究*, 1980, 1(1): 75-79.
- [8] Tanaka K, Mannen H, Kurosawa Y, Nozawa K, Nishibori M, Yamamoto Y, Okabayashi H, Tsunoda K, Yamagata T, Suzuki Y, Kinoshita K, Meada Y, Nyunt MM, Daing T, Hla T, Win N, Tur T, Aung P, Cho A. Cytogenetic analysis of mithan in Myanmar. *Rep Soc Res Native Livestock*, 2004, 21: 123-127.
- [9] Lalthantluanga R, Barnabas J. Hemoglobin alpha chain allelic variants in gayal (*Bos gaurus frontalis*). *Folia Biochimica et Biologica Graeca*, 1974, 11: 65-69.
- [10] Lalthantluanga R, Gulati JM, Barnabas J. Hemoglobin genetics in bovines and equines. *Indian J Biochem Biophys*, 1975, 12: 51-57.
- [11] Nie L, Yu Y, Zhang XQ, Yang GF, Wen JK, Zhang YP. Genetic diversity of cattle in South China as revealed by blood protein electrophoresis. *Biochem Genet*, 1999, 37: 257-265. [\[DOI\]](#)
- [12] Tu ZC, Nie L, Yu Y, Wen JK, Zhang YP. Blood protein polymorphism in *B. frontalis*, *B. grunniens*, *B. taurus* and *B. indicus*. *Biochem Genet*, 2000, 38: 413-416. [\[DOI\]](#)
- [13] Ritz LR, Glowatzki-Mullis ML, MacHugh DE, Gaillard C. Phylogenetic analysis of the tribe Bovini using microsatellites. *Anim Genet*, 2000, 31: 178-185. [\[DOI\]](#)
- [14] Williamson G, Payne WJA. *An Introduction to Animal Husbandry in the Tropics*. London: Longman, 1977.
- [15] Winter H, Mayr B, Schleger W, Dworak E, Krutzler J, Burger B. Karyotyping, red blood cells and haemoglobin typing of the mithan (*Bos frontalis*), its wild ancestor and its hybrids. *Res Vet Sci*, 1984, 36(3): 276-283.
- [16] Payne WJA. Domestication: a forward step in civilization. In: Hickman CG (ed). *Cattle Genetic Resources*. New York: Elsevier Science Publishers, 1991.
- [17] LAN Hong, XIONG Xi-Kun, LIN Shi-Ying, LIU Ai-Hua, SHI Li-Ming. Mitochondrial DNA polymorphism of cattle (*Bos taurus*) and mithan (*Bos frontalis*) in Yunnan Province. *Acta Genetica Sinica*, 1993, 20(5): 419-425.
兰宏, 雄习昆, 林世英, 刘爱华, 施立明. 云南黄牛和大额牛 mtDNA 多态性研究. *遗传学报*, 1993, 20(5): 419-425.
- [18] Verkaar ELC, Nijman IJ, Beeke M, Hanekamp E, Lenstra JA. Maternal and paternal lineages in cross-breeding bovine species. Has wisent a hybrid origin? *Mol Biol Evol*, 2004, 21(7): 1165-1170. [\[DOI\]](#)
- [19] Browers N, Stauffer JR, Kocher TD. Intra-and interspeci-

- fic mitochondrial DNA sequence variation within two species of rock-dwelling cichlids (Teleostei: Cichlidae) from Lake Malawi, Africa. *Mol Phylogenet Evol*, 1994, 3(1): 75–82. [DOI]
- [20] Zardoya R, Meyer A. Phylogenetic performance mitochondrial protein coding genes in resolving relationship among vertebrate. *Mol Biol Evol*, 1996, 13(7): 933–942.
- [21] Kikkawa Y, Yonekawa H, Suzuki H. Analysis of genetic diversity of domestic water buffaloes and anoas based on variations in the mitochondrial gene for *cytochrome b*. *Anim Genet*, 1997, 28: 195–201. [DOI]
- [22] Birungi J, Arctander P. Molecular systematics and phylogeny of the Reduncini (Artiodactyla: Bovidae) inferred from the analysis of mitochondrial *cytochrome b* gene sequences. *J Mamm Evol*, 2001, 8(2): 125–147. [DOI]
- [23] Hassanin A, Ropiquet A. Molecular phylogeny of the tribe Bovini (Bovidae, Bovinae) and the taxonomic status of the kouprey, *Bos sauveli* Urbain 1937. *Mol Phylogenet Evol*, 2004, 33: 896–907. [DOI]
- [24] Chen H, Leibenguth F. Studies on multilocus fingerprints, RAPD markers and mitochondrial DNA of a gynogenetic fish (*Carassius auratus gibelio*). *Biochem Genet*, 1995, 33: 297–306. [DOI]
- [25] HUANG Bing-Zhou, XU Gong-Jin, LI Xiang-Lie, LI Ning, JIN Hai-Guo. Sequence analysis and evolution relationship of *CYTB* gene in cattle mitochondria. *J Agric Sci Yanbian Univ*, 2004, 26 (3): 153–157.
- 黄秉周, 徐公瑾, 李相烈, 李宁, 金海国. 牛线粒体 *CYTB* 基因的序列分析及进化关系. 延边大学农学学报, 2004, 26(3): 153–157.
- [26] Anderson S, de Bruijn MHL, Coulson AR, Eperon IC, Sanger F, Young IG. Complete sequence of bovine mitochondrial DNA: conserved features of the mammalian mitochondrial genome. *J Mol Biol*, 1982, 156: 683–717. [DOI]
- [27] Kumar S, Tamura K, Nei M. MEGA3: integrated software for molecular evolutionary genetics analysis and sequence alignment. *Briefings in Bioinformatics*, 2004, 5: 150–163. [DOI]
- [28] Swofford DL. PAUP*: Phylogenetic Analysis Using Parsimony (*and other methods), version 4.0. Sinauer Associates, Sunderland, MA, 2000.
- [29] Felsenstein J. Confidence limits on phylogenies: an approach using the bootstrap. *Evolution*, 1985, 39: 783–791. [DOI]
- [30] Huque KS, Rahman MM, Jalil MA. Study on the growth pattern of gayals (*Bos frontalis*) and their crossbred calves. *Asian-Aust J Anim Sci*, 2001, 14 (9): 1245–1249.
- [31] MA Guo-Long, CHANG Hong, LI Shi-Ping, CHEN Hong-Yu, JI De-Jun, GENG Rong-Qing, CHANG Chun-fang, LI Yong-Hong. Phylogenetic relationships and status quo of colonies for gayal based on analysis of *cytochrome b* gene partial sequences. *J Genet and Genomics*, 2007, 34(5): 413–419.
- 马国龙, 常洪, 李世平, 陈宏宇, 冀德君, 耿荣庆, 常春芳, 李永红. 以 *Cyt b* 基因部分序列分析大额头牛系统地位及其种群现状. 遗传学报, 2007, 34(5): 413–419.

“表观遗传机制、技术及应用”学术研讨会在京召开

为了交流“表观遗传学”的前沿研究成果,探讨表观遗传学领域的新技术和新方法以及我国表观遗传学研究的发展战略,由中国科学院生命科学与生物技术局、中国科学院人事教育局、中国遗传学会主办,中国科学院心理研究所行为遗传学中心、首都儿科研究所承办的“表观遗传机制、技术及应用学术研讨会”于2007年12月13-14日在中国科学院遗传与发育生物学研究所1号楼2楼学术会议厅举行。来自美国贝勒医学院(Baylor College of Medicine)、埃默里大学(Emory University)、犹他大学(University of Utah)、荷兰Radboud university Nijmegen Medical Centre以及国内上海交通大学、北京生命科学研究所、东南大学、中南大学、北京师范大学、华东师范大学、华中科技大学、中国农业大学、中国科学院的200余名代表围绕DNA甲基化、组蛋白修饰、表观基因组学及技术,以及其在生物学与医学中的应用进行了交流。中国科学院副院长、中国遗传学会理事长李家洋院士也在百忙之中莅临该会,并且发表了热情洋溢的讲话;原中国教育部副部长、中国科协副主席韦钰院士、北京市自然科学基金委、北京市卫生局、中国遗传学会以及首都儿科所的领导和嘉宾也应邀出席了本次会议。

会议首先由大会主席康乐研究员主持,康乐主席绘声绘色地讲述了表观遗传学的诞生、发展历史以及本次研讨会的宗旨、日程安排和发言形式,接下来分别由孙中生、贺林、徐国良、曹晓凤、杨焕明主持,31位发言者结合各自的研究方向和本次研讨会主题分别作了报告。与会听众也积极地参与讨论,就自己感兴趣的问题与与会专家进行了沟通和探讨。

此次研讨会为与会人员提供了一个很好的交流平台。参加此次研讨会的专家学者分别来自于植物学、动物学、医学及临床医学等生命科学的各个领域,他们围绕表观遗传学这一生命科学的前沿核心命题进行了深刻的交流,通过交流拓展了自己研究的广度和深度。特别值得一提的是参加本次会议的许多发言者是刚学成回国的年轻学者,本次研讨会为其今后进一步的工作奠定了基础。会后大家仍意犹未尽地就感兴趣的问题进行了激烈的讨论,并且相互交换了联系方式。

鉴于表观遗传学研究的重要性、国际表观遗传学机构纷纷设立的趋势以及我国在该领域的研究和机构设立的现状,经过与会代表的讨论,建议在中国遗传学会下设立“表观遗传学委员会”,通过此委员会有组织地确立具有前瞻性的表观遗传学研究项目,发挥其引导作用,增强我国在表观遗传学领域的科研产出。

(中国遗传学会办公室)