

DOI: 10.3724/SP.J.1005.2009.01006

秦川牛脂联素基因 SNPs 检测及其与胴体、肉质性状的相关性

杨彦杰¹, 咎林森^{1,2}, 王洪宝^{1,2}

1. 西北农林科技大学动物科技学院, 杨凌 712100;
2. 国家肉牛改良中心, 杨凌 712100

摘要: 利用 PCR-SSCP 结合测序技术对 405 头 24 月龄秦川牛脂联素基因 SNPs 位点进行检测, 运用 SPSS 统计程序中的 GLM 模型将检测到的 SNPs 位点与部分胴体及肉质性状的相关性进行了分析。结果检测到 *AA*、*AB*、*BB*、*CC*、*CD* 5 种基因型, 其中 *AB*、*BB* 型个体在脂联素基因第 2 外显子 64 bp 处发现 G→C 突变, *CD* 型个体第 3 外显子 50 bp 处发现 C→T 的突变, G→C 导致谷氨酸(GGA)转化为谷氨酰胺(GCA), C→T 导致丝氨酸(TCA)转化为亮氨酸(TTA)。方差分析结果表明: *AA* 型个体的宰前活重、胴体重、眼肌面积显著高于 *BB* 型($P<0.05$), 而在胴体腿臀围方面, *AA* 型个体极显著高于 *AB* 型、*BB* 型个体($P<0.01$)。 *CD* 型个体的宰前活重、胴体腿臀围、皮下脂肪厚、背膘厚、嫩度都显著优于 *CC* 型个体($P<0.05$)。脂联素基因该位点可能是影响秦川牛胴体及肉质性状的主效 QTL 或与之紧密连锁, 可作为秦川牛高档牛肉生产的候选分子标记。

关键词: 脂联素基因; SNPs; 胴体性状; 肉质性状; 秦川牛

SNPs detection of *adiponectin* gene and its relationship with carcass and meat quality traits in Qinchuan cattle

YANG Yan-Jie¹, ZAN Lin-Sen^{1,2}, WANG Hong-Bao^{1,2}

1. College of Animal Science and Technology, Northwest A & F University, Yangling 712100, China;
2. National Beef Cattle Improvement Center in China, Yangling 712100, China

Abstract: Four hundred and five Qinchuan cattle at the age of 24 months were used to detect SNPs of *adiponectin* gene by PCR-SSCP and sequencing technology and to analyze the correlation of SNPs with carcass and meat quality traits using the general linear model (GLM) in SPSS program. Five genotypes (*AA*, *AB*, *BB*, *CC*, *CD*) were detected, with one G→C mutation at 64 bp in exon2 of *adiponectin* in *AB*、*BB* genotypes and one C→T mutation at 50 bp in exon3 of *adiponectin* in *CD* genotype. G→C mutation resulted glutamic acid (GGA) into glutamine (GCA) and C→T mutation resulted serine (TCA) into leucine (TTA). Statistical analysis revealed that Qinchuan cattle with *AA* genotype was higher than *BB* genotype in slaughter weight, back fat thickness, carcass weight, loin muscle area ($P<0.05$). The crural girth of *AA* genotype was significantly higher than *AB* and *BB* genotypes ($P<0.01$). Qinchuan cattle with *CD* genotype was higher than *CC* genotype in slaughter weight, subcutaneous fat thickness, back fat thickness, crural girth, and tenderness ($P<0.05$). *Adiponectin* gene

收稿日期: 2009-01-15; 修回日期: 2009-05-14

基金项目: 国家“863”计划项目(编号: 2006AA10Z1A1), 国家科技支撑计划项目(编号: 2006BAD0(A10-3), 陕西省“13115”科技专项(编号: 2007ZDCY-01)和西北农林科技大学拔尖人才支持计划项目资助

作者简介: 杨彦杰(1982-), 男, 硕士研究生, 专业方向: 生物技术与家畜育种。Tel: 029-87091247。E-mail: yangyanjie817@163.com

通讯作者: 咎林森(1963-), 男, 博士, 教授, 博士生导师, 研究方向: 动物生长发育调控及牛遗传育种与繁殖。E-mail: zanls@yahoo.com.cn

was proved to be closely related to carcass and meat quality traits ($P<0.05$), which can be used as a candidate molecular marker for production of high-grade meat in Qinchuan beef cattle.

Keywords: *adiponectin* gene; SNP; carcass traits; meat quality traits; Qinchuan cattle

脂联素 (Adiponectin) 也被称为 ACRP30^[1]、apM1^[2]、AdipoQ^[3] 或 GBP28^[4], 是脂肪细胞分泌的一种内源性生物活性蛋白质。脂联素在机体糖和脂肪代谢、维持机体能量代谢平衡过程中发挥着重要的作用。脂联素能直接刺激骨骼肌及肝脏中 AMPK, 导致乙酰辅酶 A 羧化酶(*ACC*)磷酸化, 促进脂肪酸氧化、葡萄糖摄取增加^[5]。脂联素还能增加脂肪酸转运蛋白 1(*FATP-1*), 解偶联蛋白-2、3, 乙酰 CoA 氧化酶等参与骨骼肌脂肪的氧化及能量代谢的分子的表达, 使胰岛素刺激的酪氨酸磷酸化的信号分子(胰岛素受体、胰岛素受体底物-1)的活性升高, 从而增加骨骼肌脂肪酸的氧化, 使骨骼肌甘油三酯含量降低^[6]。

Wang 等^[7]克隆了猪脂联素基因片段, 并发现脂联素的 mRNA 大量存在于猪的脂肪组织和分化的脂肪细胞里。Dai 等^[8]利用猪脂联素的编码区 PCR 产物, 经限制性内切酶处理和连接, 再进行 PCR 反应等过程, 成功的构建了猪脂联素 mRNA 的同源竞争模板。张辉等^[9]从成牛肝脏外部脂肪和体外培养的犊牛大网膜成熟脂肪细胞中提取脂联素 RNA, 经 RT-PCR、回收克隆测序后, 结果发现两次测序结果完全相同。为进一步研究脂联素的功能提供了试验基础。Morsci 等^[10]在研究安格斯牛脂联素基因多态性与生长及肉质性状关联性时, 发现 3 个 SNP 与大理石花纹存在相关性。

本研究首次利用 PCR-SSCP 技术对秦川牛脂联素基因 SNPs 位点进行检测, 并将发现的 SNPs 位点与秦川牛胴体、肉质性状进行关联分析, 以期改善秦川牛胴体品质、生长性能提供新的理论方法和技术途径。

1 材料和方法

1.1 实验材料

本实验以陕西省秦川肉牛良种繁育中心的 24 月龄 405 头健康秦川牛为实验材料。颈静脉采血 10 mL, ACD 抗凝(ACD: 血液 = 1: 6), 置于-80 保存。其中随机选取 106 头牛进行了屠宰测定和肉品质测定, 屠宰试验于陕西秦宝牧业发展有限公司进行。屠宰试验于 2007 年 5 月在陕西秦宝牧业发展有限公司进行。测定的性状包括: 宰前活重、胴体重、胴体长、背膘厚、眼肌面积、系水力、大理石花纹、嫩度。肉质性状测定方法参照国标^[11]。

1.2 方法

1.2.1 基因组 DNA 制备

采用传统的氯仿提取法^[12]提取秦川牛血样基因组 DNA, 提取后的 DNA 用 TE 缓冲液溶解后, 采用 0.5% 琼脂糖凝胶电泳检测和紫外分光光度计测定浓度后, -80 保存备用。

1.2.2 引物设计

参照 GenBank 中提供的牛脂联素基因的序列(登录号: NC_007299), 利用 Primer 5.0 软件设计引物, 用于扩增脂联素基因的第二和第三外显子(表 1), 引物由上海生工生物工程技术有限公司合成。

1.2.3 PCR 扩增

反应体系: 10×Buffer (含 15 mmol/L Mg^{2+}) 1.5 μ L, 2 mmol/L dNTPs 1.5 μ L, 2 U/ μ L *Taq* DNA 聚合酶 0.25 μ L, 5 μ mol/L 混合引物(上游引物和下游引物各

表 1 引物序列、产物大小及复性温度

名称	位置	序列(5' 3')	扩增片段(bp)	复性温度(℃)
ADIPOQ1	Exon2	R1: TGTTGAGGGAGCGGGTCT F1: TGATGGGAGGATGCGAAA	360	58.9
ADIPOQ2	Exon3	R2: GGCTGAAACCAACCTAA F2: CATTCTTGTAAGGCTGAC	384	53.5
ADIPOQ3	Exon3	R3: CACCACTGGCAAATTCCT F3: TCACTTGTGCTGCTTGG	350	56.5

为 10 pmol/μL) 0.6 μL, 模板 DNA (50 ng/μL) 1.0 μL, ddH₂O 10.15 μL。

扩增程序: 95 预变性 5 min; 35 个循环(94 30 s, 复性 40 s (温度见表 1), 72 50 s); 72 延伸 10 min, 4 保存。

1.2.4 PCR 产物 SSCP 分析与测序

4 μL PCR 产物和 8 μL 的 loading buffer(98%去离子甲酰胺、0.025% 溴酚蓝、0.025% 二甲苯菁、10 mmol/L EDTA, 调节 pH 为 8.0), 95 变性 10 min, 取出迅速置于冰上 10 min, 10%聚丙烯酰胺凝胶电泳, 电泳缓冲液为 1×TBE, 先用 220 V 电压电泳 30 min, 然后用 120 V 电压室温电泳 12 h。电泳结束后, 进行银染显带并用紫外凝胶成像系统照相分析。经 SSCP 分析后, 将不同基因型个体的 PCR 扩增产物在 2%琼脂糖凝胶中进行电泳, 并回收纯化, 回收产物由上海生工生物工程技术有限公司测序。

1.2.5 数据统计分析

利用 SPSS 软件检验各基因座位的基因型频率和

基因频率在各品种间的差异性, 以单标记回归模型分析个基因座位和相关性状间的关联性, 数学模型如下:

$$Y_{ij} = \mu + \sigma + \alpha_i + e_{ij}$$

其中: Y_{ij} 为个体表型记录; μ 是群体均值; σ 是基因型均值; α_i 为标记基因型效应; e_{ij} 为随机误差。

2 结果与分析

2.1 PCR 扩增及 SSCP 分析

用所合成的引物以基因组 DNA 为模板进行 PCR 扩增, PCR 产物用 2%的琼脂糖凝胶电泳检测。从图中可以看出, 与目的片段大小相符, 特异性扩增良好, 可进行 SSCP 检测(图 1)。

对 ADIPOQ1、ADIPOQ2、ADIPOQ3 三对引物的 PCR 扩增产物进行聚丙烯酰胺凝胶电泳, 结果在 ADIPOQ1 扩增片段中发现 3 种带型, 分别命名为 AA、AB、BB; 在 ADIPOQ2 扩增片段中仅发现两种带型, 分别命名为 CC、CD, 而在 ADIPOQ3 扩增片段中未见多态(图 2)。

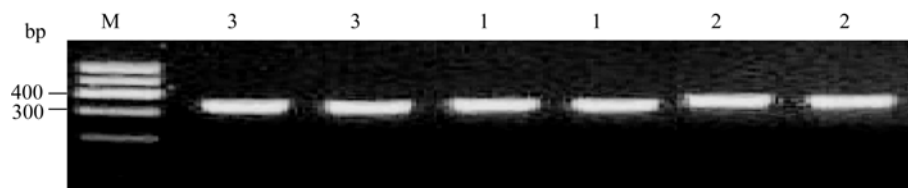


图 1 脂联素基因 3 对引物扩增产物

M: DL600 Marker; 1~3: 分别为 ADIPOQ1、ADIPOQ2、ADIPOQ3 扩增产物。

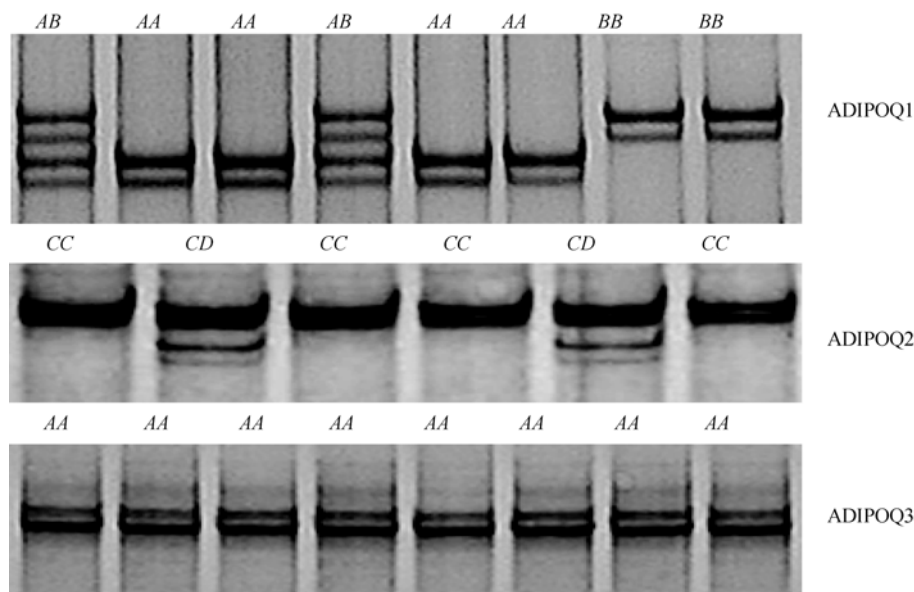


图 2 脂联素基因 PCR-SSCP 电泳图谱

2.2 脂联素基因 PCR 扩增片段测序结果

为确定突变位点在序列中的位置, 对 *AA*、*AB*、*BB*、*CC*、*CD* 5 种基因型的 PCR 产物进行回收、纯化和测序。经与 GenBank 中的序列(登录号: No. NC_007299) 相比, 发现 *AB*、*BB* 型个体在脂联素基因第二外显子 64 bp 发生了 G → C 的错义突变, *CD* 型个体是由于在脂联素基因第三外显子 50 bp 发生了 C → T 突变而产生的(图 3)。利用 DNAMAN 软件对这两处突变造成的氨基酸变化进行分析, G→C 导致脂联素基因第 22 位的谷氨酸(GAA)转变为谷氨酰胺(CAA), 而 C→T 导致脂联素基因第 108 位的丝氨酸(TCA)转变为谷氨酰胺(TTA)。

2.3 脂联素基因多态位点的遗传学分析

秦川牛脂联素基因两个多态位点的基因频率和遗传多态性指标见表 2。由表 2 可知, 秦川牛群体在两个多态位点处于 Hardy-Weinberg 平衡状态 ($P>0.05$), *A* 和 *B* 等位基因的频率分别为 0.7990 和 0.2010, *C* 和 *D* 等位基因频率分别为 0.8864 和 0.1136;

AA、*AB*、*BB*、*CC*、*CD* 基因型频率分别为 0.6923、0.2074、0.0963、0.7728 和 0.2272; 秦川牛群体脂联素基因在两个 SNPs 位点都属于中度多态。多态信息含量分别为 0.2969 和 0.2895。

2.4 脂联素基因第 2 外显子 64 bp 处 G/C 突变与秦川牛胴体及肉质性状的相关性分析

对 106 头 24 月龄秦川牛的胴体及肉质指标进行方差分析, 分析结果(表 3)显示: *AA* 型个体在宰前活重、胴体重、背膘厚、眼肌面积都显著优于 *BB* 型 ($P<0.05$), *AA* 型与 *AB* 型在这三项指标差异不显著; 而在胴体腿臀围方面 *AA* 型个体极显著高于 *AB* 型和 *BB* 型个体 ($P<0.01$)。

2.5 脂联素基因第 3 外显子 50 bp 处 C/T 突变与秦川牛胴体及肉质性状的相关性分析

对 106 头 24 月龄秦川牛个体胴体及肉质指标进行方差分析, 分析结果(见表 4)表明: *CD* 型个体在宰前活重、皮下脂肪厚、背膘厚、胴体腿臀围、嫩度指标显著优于 *CC* 型个体 ($P<0.05$)。

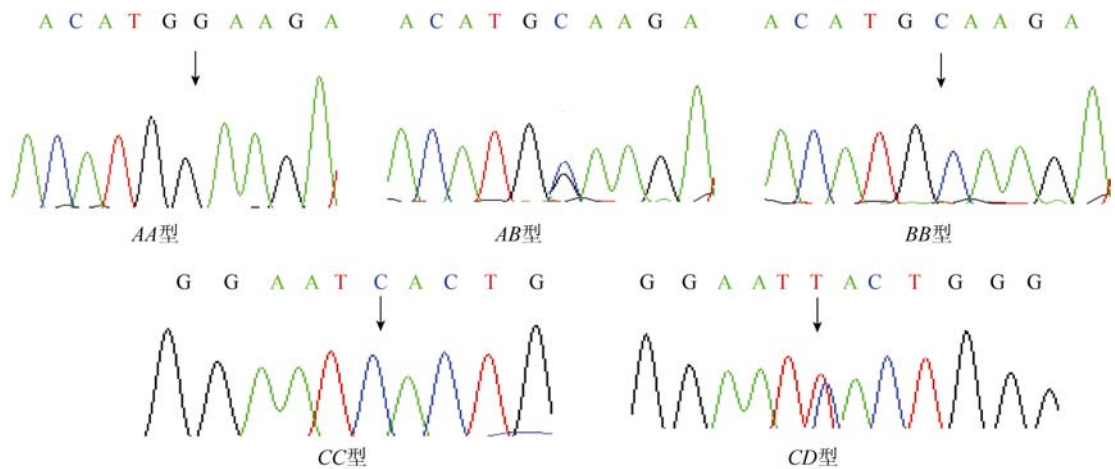


图 3 脂联素基因 *AA*、*AB*、*BB*、*CC*、*CD* 基因型的测序图

表 2 脂联素基因遗传多态性指标

基因型	基因型个体数	基因型频率	等位基因频率	纯合度	有效等位基因数	多态信息含量	χ^2 检验
<i>AA</i>	282	0.6923	<i>A</i> 0.7990				
<i>AB</i>	84	0.2074	<i>B</i> 0.2010	0.3212	1.4731	0.2969	0.3576
<i>BB</i>	39	0.0963					
<i>CC</i>	313	0.7728	<i>C</i> 0.8864				
<i>CD</i>	92	0.2272	<i>D</i> 0.1136	0.3512	1.5413	0.2895	0.2976

注: $PIC > 0.5$ 为高度多态, $0.25 < PIC < 0.5$ 为中度多态, $PIC < 0.25$ 为低度多态。 $\chi^2_{0.05}=5.99$, $\chi^2_{0.01}=9.21$ 。

表 3 秦川牛脂联素基因第 2 外显子 64 bp 处 G/C 突变与胴体、肉质性状的关联分析

性状	基因型		
	AA (n=74)	AB (n=20)	BB (n=12)
宰前活重(kg)	418.1389±17.8342 ^a	412.5125±20.7712 ^{ab}	405.1316±23.0084 ^b
胴体重(kg)	219.1043±4.4369 ^a	216.6224±9.2105 ^{ab}	211.8875±6.1702 ^b
胴体长(cm)	132.8145±12.5123	133.5631±6.5418	130.0909±8.2952
胴体胸深(cm)	36.5237±3.2516	36.7541±1.8617	36.1382±2.4237
胴体深(cm)	25.3217±1.3652	24.1236±2.1342	24.8652±1.8624
皮下脂肪厚(cm)	1.3462±0.3243	1.4617±0.6782	1.3756±0.4618
背膘厚(cm)	1.7417±0.2865 ^a	1.6224±0.2105 ^{ab}	1.4337±0.5956 ^b
眼肌面积(cm ²)	83.9420±4.5782 ^a	81.5871±3.5357 ^{ab}	78.4853±3.1912 ^b
胴体腿臀围(cm)	97.9130±4.3451 ^A	87.6667±3.4838 ^B	82.3636±4.0288 ^B
系水力(%)	0.2341±0.0323	0.2143±0.0300	0.2182±0.0351
大理石花纹	2.2340±0.7498	2.3568±0.4841	2.1667±1.0889
嫩度	2.1143±0.6052	2.0225±0.5775	2.0874±0.5031

注: 同行中数据后不同小写字母表示差异显著($P<0.05$), 不同大写字母表示差异极显著($P<0.01$)。下表同。

表 4 秦川牛脂联素基因第 3 外显子 50 bp 处 C/T 突变与胴体及肉质性状的关联分析

性状	基因型	
	CC (n=82)	CD(n=24)
宰前活重 (kg)	406.9541±20.9182 ^a	423.1115±25.9847 ^b
胴体重 (kg)	207.5574±6.9922	216.00±9.3530
胴体长 (cm)	133.3725±8.47512	129.3251±5.3641
胴体胸深 (cm)	37.3151±0.8967	37.1180±1.3207
胴体深 (cm)	24.1534±0.7342	23.402±0.9794
皮下脂肪厚 (cm)	1.4475±0.0525 ^a	2.0434±0.0997 ^b
背膘厚 (cm)	0.8784±0.0442 ^a	1.518±0.084 ^b
眼肌面积 (cm ²)	81.2102±2.841	84.425±3.5399
胴体腿臀围 (cm)	92.7382±1.7396 ^a	102.3362±3.3044 ^b
系水力 (%)	0.2183±0.0051	0.2246±0.0184
大理石花纹	2.2317±0.1109	2.3630±0.2105
嫩度	2.1038±0.0652 ^a	1.8176±0.1245 ^b

3 讨论

3.1 脂联素基因多态性

脂联素是一种由脂肪组织分泌的胶原样蛋白质,大量的研究资料表明,脂联素在机体糖和脂肪代谢、维持机体能量代谢平衡过程中发挥着重要的作用^[5]。

Takahashi 等^[13]以 219 个日本人为对象,研究脂联素基因的突变情况,在外显子 2(第 94 位核苷酸)和外显子 3(R112C)上发现了两个突变,分别为 T/G 和 T/C。Kondo 等^[14]报道在日本人群中脂联素基因

exon2 第 45 位和 intron2 第 276 位的单核苷酸多态性频率与 II 型糖尿病相关。与两位点均为 T/T 基因型人群相比,45 和 276 位点 G/G 基因型的人群 II 型糖尿病的危险性显著增加。在 276 位点为 G/G 基因型的人群胰岛素抵抗指数高于 T/T 基因型的人群。在高体重指数(BMI)人群中,276 位点为 G 等位基因与血浆脂联素水平下降呈线性关系。Stumvoll 等^[15]报道了脂联素基因第 94 位点(外显子 2)核苷酸 T/G 沉默突变与循环胰岛平相关,在 371 个非糖尿病试验者中,GG 和 GT 基因型人群的体重指数(BMI)显著高于 TT 基因型。Menzaghi 等^[16]研究了脂联素基因 45

位点 T→G、276 位点 G→T 的变化对肥胖和胰岛素抵抗综合症特征的关系, 结果表明 *TG/TG* 纯合型的体重、腰围显著高于其它基因型, 随着体重的平衡, 这种差异减少。

本研究利用 PCR-SSCP 结合测序方法首次分析了脂联素基因在秦川牛群体中的遗传多态性与秦川牛产肉性状相关性。结果在脂联素基因第 2 外显子 64 bp 处发现 G→C 突变, 在第 3 外显子 50 bp 处发现 C→T 的突变, G→C 导致脂联素基因第 22 位的谷氨酸(GAA)转变为谷氨酰胺(CAA), 而 C→T 导致脂联素基因第 108 位的丝氨酸(TCA)转变为谷氨酰胺(TTA)。两处突变都发生在编码区, 并且导致氨基酸发生改变, 因而有可能改变了蛋白质的结构和功能, 从而影响脂联素的生物学功能; 另外, 这两处突变靠近外显子和内含子的连接部位, 故这一编码区的错义突变可能是通过影响 mRNA 的剪切机制来影响脂联素基因表达而调节 RNA 水平。

3.2 脂联素基因多态性与秦川牛胴体及肉质相关性

本实验选择脂联素基因作为候选基因研究, 并发现两个多态位点, 其中在对脂联素基因第 2 外显子 64 bp 处的 G→C 突变与胴体及肉质关联分析结果中发现, 该突变位点与秦川牛的宰前活重、胴体重、眼肌面积、背膘厚的影响差异极显著或显著, *AA* 型个体在宰前活重、胴体重、背膘厚、眼肌面积方面都显著优于 *BB* 型($P < 0.05$), *AA* 型与 *AB* 型差异不显著。 *AA* 型个体在胴体腿臀围方面极显著高于 *AB* 型和 *BB* 型个体($P < 0.01$)。A 等位基因频率为 0.7990, *AA* 基因型频率为 0.6923, 表明 A 等位基因是优势基因, 特别是 *AA* 纯合基因型对秦川牛的胴体腿臀围有显著影响, 并且达到极显著。

本实验发现脂联素基因第 3 外显子 50 bp 处发生 C→T 突变, 但只出现了 *CC*、*CD* 基因型, 却没有发现 *DD* 基因型, 等位基因为优势基因。本研究中该位点为中度多态($PIC=0.2895$), 表明该品种的遗传纯度比较高。与胴体及肉质指标进行关联分析发现含 *CD* 基因型个体的胴体及肉质性状大多优于含 *CC* 基因型个体, 推测 *D* 等位基因很可能是秦川牛胴体及肉质性状的一个有利基因, 可以通过人工选择来增加其在群体中的基因频率。但差异达到显著水平

的性状较少, 这说明这个有利突变的作用比较微弱, 这就提示我们在进行育种工作时应结合多个基因位点来选择有利的胴体及肉质性状。

本研究表明脂联素基因与秦川牛胸围、眼肌面积、背膘厚、胴体腿臀围方面密切相关, 可以将脂联素基因作为影响秦川牛产肉性状的候选基因而用于秦川牛肉牛选育的辅助选择。本研究仅是在秦川牛群体中进行了分析, 并且由于肉牛屠宰实验成本较高, 本实验用于肉质性状分析的样本有限, 具体准确的结果还有待进一步扩大样本或者在其他品种中加以验证。

参考文献(References):

- [1] Scherer PE, Williams S, Fogliano M, Baldini G, Lodish HF. A novel serum protein similar to Clq produced exclusively in adipocytes. *J Biol Chem*, 1995, 270(45): 26746–26749.
- [2] Hu E, Liang P, Spiegelman BM. *AdipoQ* is a novel adipocyte specific gene dysregulated in obesity. *J Biol Chem*, 1996, 271(18): 10697–10703.
- [3] Maeda K, Okubo K, Shimomura I, Mizuno K, Matsuzawa Y, Matsubara K. cDNA cloning and expression of a novel adipose specific collagen-like factor, apM1 (AdiPose Most abundant Gene transcript 1). *Biochem Biophys Res Commun*, 1996, 221(2): 286–289.
- [4] Nakano Y, Tobe T, Choi-Miura NH, Mazda T, Tomita M. Isolation and characterization of GBP28, a novel gelatin-binding protein purified from human plasma. *Biochem (Tokyo)*, 1996, 120: 803–812.
- [5] Yamauchi T, Kamon J, Minokoshi Y, Ito Y, Waki H, Uchida S, Yamashita S, Noda M, Kita S, Ueki K, Eto K, Akanuma Y, Froguel P, Foufelle F, Ferre P, Carling D, Kimura S, Nagai R, Kahn BB, Kadowaki T. Adiponectin stimulates glucose utilization and fatty-acid oxidation by activating AMP-activated protein kinase. *Nat Med*, 2002, 8(11): 1288–1295.
- [6] Stefan N, Vozarova B, Funahashi T, Funahashi T, Matsuzawa Y, Weyer C, Lindsay RS, Youngren JF, Havel PJ, Pratley RE, Boqrdus C, Tataranni PA. Plasma adiponectin concentrations is associated with skeletal muscle insulin receptor tyrosine phosphorylation, and low plasma concentration precedes a decrease in whole body insulin sensitivity in humans. *Diabetes*, 2002, 51(6): 1884–1888.
- [7] Wang PH, Ko YH, Liu BH, Li YC, Ding ST. The expression of porcine adiponectin and stearyl coenzyme, a desaturase genes in differentiating adipocytes. *Asian-Aus J Anim Sci*, 2004, 5(17): 588–593.
- [8] Dai M H, Xia T, Zhang GD, Chen X, Gan L, Feng S, Qiu

- H, Peng Y, Yang Z. Cloning, expression and chromosome localization of porcine adiponectin and adiponectin receptors genes. *Domest Anim Endocrinol*, 2006, (30): 117-125.
- [9] 张辉, 王哲, 张才, 杨文艳. 牛脂联素基因 cDNA 克隆. 黑龙江畜牧兽医, 2006, 11 期: 10-12.
- [10] Morsci NS, Schnabel RD, Taylor JF. Association analysis of adiponectin and somatostatin polymorphisms on BAT1 with growth and carcass traits in Angus cattle. *Animal Genetic*, 2006, 37(6): 554-562.
- [11] GB 5797-2003, 秦川牛. 北京, 中国标准出版社, 2003.
- [12] [美]萨姆布鲁克(J. Sambrook), D. W. 拉塞尔(D. W. Russell). 分子克隆实验指南(上、下册). 北京: 科学出版社, 2002, 468-469.
- [13] Takahashi M, Arita Y, Yamagata K, Matsukawa Y, Okutomi K, Horie M, Shimomura I, Hotta K, Kuriyama H, Kihara S, Nakamura T, Yamashita S, Funahashi T, Matuszawa Y. Genomic structure and mutations in adipose-specific gene, adiponectin. *Obes Relat MetabDisord*, 2000, 24(7): 861-868.
- [14] Kondo H, Shimomura I, Matsukawa Y, Kumada M, Takahashi M, Matsuda M. Association of adiponectin mutation with type 2 diabetes: a candidate gene for the insulin resistance syndrome. *Diabetes*, 2002, 51(7): 2325-2328.
- [15] Stumvoll M, Tschrirter O, Fritsche A, Staiger H, Renn W, Weisser M, Machicao F, Haring H. Association of the T-G polymorphism in adiponectin (exon 2) with obesity and insulin sensitivity: interaction with family history of type 2 diabetes. *Diabetes*, 2002, 51: 37-41.
- [16] Menzaghi C, Ercolino T, Di Paola R, Berg AH, Warram JH, Scherer PE, Trischitta V, Doria A. A haplotype at the adiponectin locus is associated with obesity and other features of the insulin resistance syndrome. *Diabetes*, 2002, 51(7): 2306-2312.

• 综合信息 •

《畜牧兽医科技信息》征订启事

主 管: 国家农业部
主 办: 中国农业科学院哈尔滨兽医研究所
出 版 地: 黑龙江省哈尔滨市
国际刊号: ISSN 1671-6027
国内刊号: CN 23-1501/S
邮发代号: 14-48
创 刊 年: 1985

主要报道国内外与畜牧业相关信息, 设有政策法规, 专论与综述, 各地畜牧业, 行业动态, 实验研究, 实验动物, 兽医卫生, 草食动物, 养猪, 养禽, 经济动物, 牧草饲料, 兽药信息, 广告信息等栏目。来稿要求有科学性、成果性与实践性。

投稿要求:

- 1、稿件必须真实, 并具有科学性、时效性、成果性和指导性。
- 2、与畜牧业有关的所有内容均可。比如畜牧业管理、专论与综述、政策法规、法规解析、行业动态、试验研究、农畜保险、法律案例、养殖技术、疫病防治、动物检疫、食品卫生、经济动物、实验动物、观赏与伴侣动物、水产、牧草饲料、兽药、疫情预报等等方面的内容。
- 3、本刊投稿以电子邮件方式为主, 稿件以不超过 5000 字为宜, 文中表格以三线表格为准, 文中插图要求图像清晰并以附件的形式另寄一份。
- 4、对作者投稿反应迅速: 电子邮件投稿无特殊情况下 3 天之内回复; 1-2 个月内发表。书写稿件将不再受理。
- 5、本刊不退稿件, 电子邮件投寄的稿件一周内未收到回复的视作未被采用, 作者可自行处理。请作者在未收到录用通知前勿投他刊。禁止一稿多投。

6、一稿多投的作者, 一经本刊发现将取消其稿酬, 并对其以后的投稿将不再受理。

7、凡是不愿上网的作者, 请在投稿时声明, 以便作相应的处理。

征文专用电子邮箱: chenjieedu@126.com (注明“畜牧兽医科技信息”)

联系人: 陈杰 13581686819