

wygdDOI: 10.3724/SP.J.1005.2009.00489

猪 *ACTA2* 基因的克隆、表达分析及其与生产性状的关联

黄京书^{1,2}, 熊远著¹

1. 华中农业大学农业部猪遗传育种重点开放实验室, 武汉 430070;
2. 湖北省农业科学院动物胚胎工程及分子育种湖北省重点实验室, 武汉 430064

摘要: 为鉴定对猪生产性状有重要影响的新分子标记,文章采用电子克隆结合 PCR 方法获得了猪肌动蛋白 $\alpha 2$ (Actin alpha 2, *ACTA2*)基因编码区序列和部分基因组序列,建立了第 2 内含子 C1554T 替换的 PCR-*Hinf* I - RFLP 基因分型方法,在所检测的 7 个不同猪群中除大白和梅大群体外,其他群体中均是 C 等位基因频率高于 T 等位基因的频率。标记与性状关联分析发现 *ACTA2* 基因型与肩部背膘厚、臀部背膘厚、肥肉率、瘦肉率、股二头肌 pH 和肌内脂肪显著或极显著相关,TT 基因型与 CC 基因型相比具有更高的瘦肉率以及更低的肥肉率和背膘厚。通过 Real-time RT-PCR 分析发现 *ACTA2* 在大白和梅山两个品种猪骨骼肌中的表达量都随着日龄的增加而降低,在各个阶段,梅山猪中的表达量都比大白猪中的表达量高。

关键词: 猪; *ACTA2*; PCR-RFLP; 表达谱; 关联分析

Cloning and expression analysis of porcine *ACTA2* gene and its association with production traits

HUANG Jing-Shu^{1,2}, XIONG Yuan-Zhu¹, DENG Chang-Yan¹

1. Key Laboratory of Swine Genetics and Breeding, Ministry of Agriculture, Huazhong Agricultural University, Wuhan 430070, China;
2. Hubei Key Laboratory of Animal Embryo Engineering and Molecular Breeding, Hubei Academy of Agricultural Sciences, Wuhan 430064, China

Abstract: To identify new DNA markers which have significant impact on pig production traits, the full coding sequence and partial genomic sequence of porcine *ACTA2*(Actin alpha 2)gene were isolated using in silico cloning and PCR. PCR-*Hinf* I -RFLP was developed to detect C1554T substitution in intron 2. The frequency of allele C is higher than that of allele T in all the seven detected pig populations except for Large White and Meishan×Large White. Association analysis of markers and production traits showed that the relation between *ACTA2* gene and shoulder fat thickness, buttock fat thickness, fat meat percentage, lean meat percentage, meat pH (*m.Biceps Femoris*, BF), and intramuscular fat were significant or highly significant. Compared with CC genotype, TT had a higher lean meat percentage, a lower fat meat percentage and backfat thickness. Real-time RT-PCR analysis showed that the expression level of *ACTA2* gene in the skeletal muscle of Large White and Meishan pigs decreased with the increasing of days. And during each period, the expression level was higher in Meishan pigs than in Large White pigs.

Keywords: pig; *ACTA2*; PCR-RFLP; expression profile; association analysis

收稿日期: 2008-09-26; 修回日期: 2008-10-04

基金项目: 国家重点基础研究发展规划(973 计划)项目(编号: 2006CB102102)资助

作者简介: 黄京书(1978-), 男, 博士, 研究方向: 分子生物学与动物育种。E-mail: hjs1996@163.com

通讯作者: 熊远著(1930-), 男, 中国工程院院士, 研究方向: 动物遗传育种。E-mail: xiongyzh@mail.hzau.edu.cn

致谢: 诚挚感谢华中农业大学农业部猪遗传与改良重点开放实验室和家畜工程中心老师和同学对本研究的帮助和支持。

肌肉是动物体内最丰富的组织,占肉用家畜体重的 45%~60%, 其生长发育相关性状和品质相关性状是肉用家畜最重要的性状。因此寻找和研究与猪肌肉生长发育及品质相关的候选基因或分子标记,并将其应用于实践,对于猪的育种工作具有非常重要的意义。

肌动蛋白是首先在肌肉细胞中发现的一种重要的收缩蛋白,其后的许多研究表明,该蛋白也存在于非肌细胞中。肌动蛋白主要存在于细胞质中,是肌小节和细胞骨架微丝的主要组成成分,受多种肌动蛋白结合蛋白的调控,参与与细胞形态相关的多种生理过程^[1]。肌动蛋白是细胞内最重要的蛋白质之一,在体内,肌动蛋白不仅作为不可或缺的成分参与肌球蛋白介导的肌肉收缩运动^[2,3],而且也可以通过受调控的聚合动力学过程^[4]或凝胶-溶液转化^[5]单独介导细胞运动。除此以外,越来越多的研究表明,肌动蛋白参与了远比以前人们认为的更加广泛和复杂的生命活动,如细胞粘附、信号转导、离子通道调控等等^[6~10]。细胞骨架之所以能够形成稳定结构又可形成动态结构是由于微丝特别是肌动蛋白微丝和微管的作用。 α -肌动蛋白是一种具有两个亚基的蛋白质,其主要作用是将肌动蛋白微丝锚定在肌节Z线上。对禽类胚胎期的肌动蛋白基因表达的研究表明,肌动蛋白基因表达在胚胎期不仅出现发育阶段性,而且具有组织特异性。心肌 α -肌动蛋白基因表达的活化是在肌肉细胞分化开始时,而骨骼肌 α -肌动蛋白基因的表达却和一些非肌肉性组织一样要早得多^[11]。

肌动蛋白 $\alpha 2$ (Actin alpha 2, ACTA2)是鸟类和哺乳动物中存在的 6 种肌动蛋白亚类之一,正常情况下主要分布于肌纤维母细胞、肌上皮细胞、血管平滑肌等。肌纤维母细胞是组织损伤修复的重要细胞成分,也是组织纤维化关键因素。ACTA2 是肌纤维母细胞的细胞表型可靠标志蛋白^[12]。目前,ACTA2 基因在猪中的研究尚未见报道,而正因为肌动蛋白所具有的重要生物学功能,我们选择了ACTA2 作为猪的候选基因进行研究,以期应用于育种实践。

1 材料和方法

1.1 材料

大白、长白、梅山、大白 \times 长白 F_1 、长白 \times 大白

F_1 、大白 \times 梅山 F_1 、梅山 \times 大白 F_1 猪以及大白 \times 梅山 F_2 代均来自华中农业大学精品猪场。另采集大白、长白、梅山 3 个猪种的背最长肌组织(用于基因分离),以及 1 日龄、60 日龄、120 日龄的大白猪和 30 日龄、60 日龄、120 日龄的梅山猪(各 3 头)背最长肌组织(用于基因发育表达和品种间表达研究)。

1.2 方法

1.2.1 DNA、总 RNA 的提取、cDNA 合成及性状测定

采集所有实验猪的血液,采用常规的酚/氯仿法进行基因组 DNA 的提取。背最长肌组织采用 Trizol Reagent 进行总 RNA 的提取,并在如下的反应体系中反转录成 cDNA: 5 \times 反应缓冲液 5 μ L, 含 4 种 dNTP 的混合液 2 μ L, RNasin 0.5 μ L, M-MLV 反转录酶 1 μ L, 2 μ g 总 RNA, 1 μ L Oligo(dT)₁₅及 DEPC 处理水至终体系为 25 μ L。

实验猪群的性状测定包括活体性状测定,体重达 90 kg 左右时,集中屠宰测定胴体性状、肉质性状和其他性状。测定方法根据《种猪测定原理与方法》进行^[13]。

1.2.2 引物设计

根据 GenBank 数据库中的猪 ESTs(GenBank 登录号分别为 BP464931、AJ943349、AJ944857 和 AK240348)设计引物 A-1 以扩增 ACTA2 的 cDNA 序列;根据人 CDS 序列和人基因组序列比对结果,在预测的猪 ACTA2 基因组结构的基础上,参照分离得到的 cDNA 序列,设计引物 A-2 扩增第 2 内含子序列;引物 A-3 和 A-4 被分别设计用于 PCR-RFLP 分型和表达谱分析。所有引物由上海生物工程技术有限公司合成,引物序列和复性温度见表 1。

表 1 引物序列和 PCR 反应复性温度

引物	序列(5'→3')	复性温度()
A-1	F: CCAGAGCAATCAGGGACC	58
	R: TTTAGAAGCATTGCGGTGG	
A-2	F: ACAATGGTTCTGGGCTCT	58
	R: TTTTGTCCCATTCCACC	
A-3	F: TAATGATGGAGTGCCAAAC	55
	R: CGAACCTCTGAACCGATA	
A-4	F: TGGTTCTGGGCTCTGTAAGG	62
	R: GATGCCGTGTTCTATTGGGT	

1.2.3 PCR 扩增

PCR 反应总体积为 25 μL , 反应体系如下: 50 ng 模板, 0.5 μL primer(5 $\mu\text{mol/L}$), 1.5 μL dNTP(2 mmol/L), 2.5 μL 10 \times PCR buffer, 1.5 μL MgCl_2 (25 mmol/L) 和 1 U *Taq* DNA 聚合酶。PCR 反应程序: 94 预变性 4 min; 然后 94 变性 50 s, 复性 50 s(复性温度见表 1), 72 延伸 1 min, 共 35 个循环; 最后 72 延伸 10 min。PCR 产物通过 pGEM $\text{\textcircled{R}}$ -T Vector 连接转化到大肠杆菌 DH5 α 感受态细胞,送北京奥科生物技术有限责任公司进行序列测定。

1.2.5 PCR-RFLP 分析

8.5 μL PCR 产物加入 0.5 μL (10 U/ μL)*Hinf* 和 1 μL 10 \times buffer(含 10 \times BSA), 在 37 酶切 4 h, 酶切产物用琼脂糖凝胶电泳检测, 成像系统观察和记录酶切结果。

1.2.5 序列分析

猪 *ACTA2* 基因组结构是根据不同物种间剪切位点的保守性参考人和小鼠 *ACTA2* 基因组结构分析而获得; 多序列比对采用 CLUSTALX 1.83 软件进行。

1.2.6 统计分析

根据Liu^[14]所述方法建立单标记回归统计模型, 采用SAS统计软件(SAS Institute Inc, Version 8.0) glm过程进行单标记方差分析, 同时采用reg过程计算基因加性效应和显性效应, 并进行显著性检验, 所采用模型为:

$$Y_{ijkl} = \mu + G_i + F_j + S_k + Y_l + b_{ijkl}X_{ijkl} + e_{ijkl}$$

Y_{ijkl} 为性状表型值, μ 为平均值, G_i 为基因型效应; S_k 、 Y_l 、 F_j 为固定效应, 分别为性别、年度、家系效应, b_{ijkl} 为屠宰体重或屠宰日龄的回归系数, 胴体性状以屠宰体重为协变量, 肉质性状以屠宰日龄为协变量, e_{ijkl} 为残差效应。

1.2.7 表达谱分析

采用 Real-time RT-PCR 方法进行猪 *ACTA2* 基因在不同品种、不同发育阶段骨骼肌中的表达分析, 荧光染料采用 SYBR Green I, 以 18S rRNA 作为内参, 引物序列如下:

正向引物: 5'-TTTCGCTCTGGTCC GTCTTG-3';

反向引物: 5'-TTCGGAAGTGAAGCCA TGAT-3'。

PCR 反应体系为 25 μL , 其中模板 cDNA 为 50

ng, 每条引物浓度为 0.4 $\mu\text{mol/L}$, SYBR Green I 混合液 12.5 μL , 加去离子水至总体积 25 μL 。PCR 扩增程序为: 95 预变性 1 min; 然后 95 变性 15 s、62 复性 15 s、72 延伸 15 s(82 30 s 读板), 共 40 个循环, 最后 72 延伸 5 min。

将所得结果按规定格式提交给 Bio-Rad 公司的 Macro 软件并通过比较 $\text{Ct}(\Delta\Delta\text{Ct})$ 值方法来计算 mRNA 相对表达量。

2 结果与分析

2.1 猪 *ACTA2* 基因的克隆和序列分析

以大白、长白、梅山 3 个猪种肌肉组织提取总 RNA 反转录合成的 cDNA 为模板, 用表 1 所示的引物 A-1 进行 PCR 扩增, 扩增产物回收纯化后克隆测序, 测序结果显示片段长度为 1 172 bp(GenBank 登录号为 FJ547477), 序列分析表明, 该 cDNA 序列具有 1 134 bp 的开放阅读框, 编码了 377 个氨基酸组成的蛋白质; 以大白、长白和梅山猪基因组 DNA 为模板, 用表 1 所示的引物 A-2 进行 PCR 扩增, 扩增产物回收后克隆测序, 测序结果表明, 引物 A-2 在猪基因组中的扩增片段长度是 1 771 bp, 其中内含子 2 长度为 1 653 bp(GenBank 登录号为 FJ547478)。

2.2 猪 *ACTA2* 基因的 SNPs 研究

利用 CLUSTAL X(1.83)比对我们所获得的大白、长白、梅山猪 *ACTA2* 基因序列, 发现了部分潜在 SNPs 位点。其中, 第 2 内含子的 C1554T 替换会引起 *Hinf* 酶切位点(G \downarrow ANTC)多态性。我们针对该位点设计了表 1 所示的引物 A-3 进行 *Hinf* -RFLP 多态分析。PCR 产物长度为 282 bp, 当该位点为 C 时, *Hinf* 酶切后产生两个片段, 长度分别为 215 bp 和 67 bp(C 等位基因); 当该位点为 T 时, 不能被 *Hinf* I 酶切, 酶切后只有一个片段, 长度为 282 bp(T 等位基因)。猪 *ACTA2* 基因的 *Hinf* -RFLP 酶切分型结果如图 2 所示。CC 基因型有两个片段, 215 bp 和 67 bp; CT 基因型有 3 个片段, 282 bp, 215 bp 和 67 bp; TT 基因型只有一个片段 282 bp。

利用 *Hinf* -RFLP 方法, 在大白、长白、梅山、大白 \times 长白、长白 \times 大白、大白 \times 梅山、梅山 \times 大白猪中进行了基因分型。如表 2 所示, 在大白群体中 C 等位基因的频率要低于 T 等位基因的频率, 梅山 \times 大白

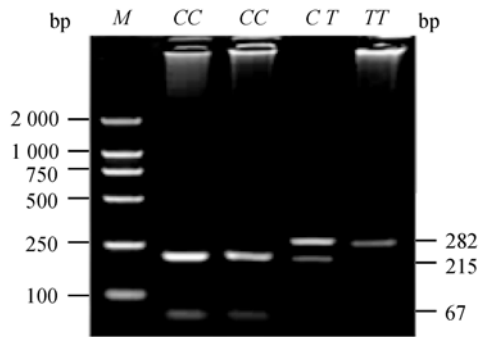


图 2 猪 *ACTA2* 基因 *Hinf* I-RFLP 多态分型结果
M: DL 2000 Markers。

群体中 *C* 等位基因和 *T* 等位基因的频率相同, 其他群体中均是 *C* 等位基因频率要高于 *T* 等位基因的频率, 尤其是梅山群体中 *C* 等位基因的频率达到了 0.97。

2.3 猪 *ACTA2* 基因 *Hinf* I-RFLP 基因型与生产性状的统计分析

应用模型 $Y_{ijkl} = \mu + G_i + F_j + S_k + Y_l + b_{ijkl}X_{ijkl} + e_{ijkl}$, 运行 SAS 软件 glm 和 reg 过程, 进行猪 *ACTA2* 基因

Hinf I-RFLP 不同基因型与猪生产性状的关联分析, 用于统计分析的实验材料为大白×梅山 F_2 代总共 296 头猪, 所分析的性状主要为胴体性状和肉质性状。基因型检测结果表明: 在所检测的 296 头大白×梅山 F_2 代个体中, *CC* 基因型 172 头, *CT* 基因型 110 头, *TT* 基因型 14 头。不同基因型与生产性状间的统计分析结果总结于表 3。由表 3 可以看出: *ACTA2* 基因型与肩部背膘厚相关极显著, 与肥肉率、瘦肉率、臀部背膘厚、股二头肌 pH 和肌肉脂肪相关显著。*TT* 基因型与 *CC* 基因型相比具有更高的瘦肉率以及更低的肥肉率和背膘厚。基因效应方面肌肉脂肪显性效应达到显著水平。

2.4 猪 *ACTA2* 基因在不同品种、不同发育阶段骨骼肌的表达分析

为进一步分析猪 *ACTA2* 基因在不同品种、不同发育阶段骨骼肌中的表达情况, 我们利用表 1 所示的引物 A-4 进行 Real-time RT-PCR, 从而进行表达分析。如图 3 所示, *ACTA2* 在大白和梅山两个品种

表 2 *ACTA2* *Hinf* I-RFLP 在不同群体中的多态性

群 体	数 量	基因型			基因频率	
		<i>CC</i>	<i>CT</i>	<i>TT</i>	<i>C</i>	<i>T</i>
大白	32	2	22	8	0.41	0.59
长白	39	16	11	12	0.55	0.45
梅山	52	49	3	0	0.97	0.03
大白×长白	21	13	3	5	0.69	0.31
长白×大白	23	13	8	2	0.74	0.26
大白×梅山	75	35	37	3	0.71	0.29
梅山×大白	40	14	12	14	0.50	0.50

表 3 *ACTA2* 基因 *Hinf* I-RFLP 基因型与生产性状的统计分析表

性 状	<i>ACTA2</i> <i>Hinf</i> I-RFLP 基因型 ($\mu \pm SE$)			基因效应 ($\mu \pm SE$)	
	<i>CC</i>	<i>CT</i>	<i>TT</i>	加性效应	显性效应
肥肉率	24.198±0.368 ^a	23.476±0.462	21.038±1.316 ^b	-1.580±0.683	-0.429±0.413
瘦肉率	53.793±0.316 ^a	55.027±0.398 ^b	54.563±1.133	0.385±0.588	-0.424±0.356
肩部背膘厚	3.741±0.060 ^A	3.480±0.076 ^B	3.532±0.215	-0.104±0.112	0.078±0.068
6~7 腰椎间背膘厚	2.868±0.049	2.788±0.062	2.566±0.175	-1.151±0.091	-0.035±0.055
胸腰椎间背膘厚	2.096±0.047	2.078±0.058	1.801±0.166	-0.147±0.086	-0.065±0.052
臀部背膘厚	1.991±0.055	2.027±0.069 ^a	1.611±0.198 ^b	-0.190±0.103	-0.113±0.062
三点平均背膘厚	2.666±0.047	2.578±0.059	2.378±0.169	-0.144±0.088	-0.028±0.053
眼肌面积	29.342±0.381	30.156±0.480	29.863±1.366	0.261±0.709	-0.277±0.429
背最长肌 pH	6.365±0.009	6.349±0.011	6.344±0.032	-0.010±0.016	0.003±0.010
股二头肌 pH	6.423±0.007 ^a	6.408±0.009	6.369±0.024 ^b	-0.027±0.013	-0.006±0.008
肌肉脂肪	3.674±0.035	3.742±0.044 ^a	3.471±0.124 ^b	-0.102±0.064	-0.085±0.039*

注: 以上数值为最小二乘均值±标准误; 含有相同字母表示差异不显著, 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 ($P < 0.01$); 加性效应负值表示 *T* 等位基因降低性状表型值; * 表示 $P < 0.05$ 。

中的表达量都随着日龄的增加而降低,初生时表达量高,120日龄时表达量很低,其中大白120日龄时由于表达量太低图中未显示出来。另外,在各个阶段,梅山猪中的表达量都比大白猪中的表达量要高。

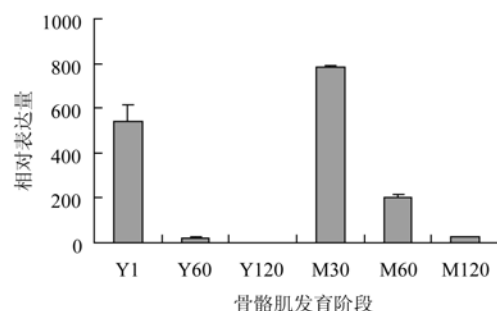


图3 *ACTA2* 基因在不同品种、不同发育阶段骨骼肌中的表达模式图

Y1、Y60和Y120分别代表大白猪1日龄、60日龄和120日龄;M30、M60和M120分别代表梅山猪30日龄、60日龄和120日龄。

3 讨论

分子标记辅助选择的基础是可靠的分子标记,本研究就是从基因的生理生化功能出发,通过对与猪肌肉生长发育及品质相关的候选基因 *ACTA2* 进行研究,筛选、鉴定基因内新的单核苷酸多态标记 (Single Nucleotide Polymorphisms, SNP), 并将标记与猪生产性状关联分析,以期用于分子标记辅助选择。

SNPs是指基因组水平上由单个核苷酸的变异所引起的DNA序列多态性。SNPs表现的多态性只涉及到单个碱基的变异,这种变异可由单个碱基的转换或颠换所引起,也可由碱基的插入或缺失所致^[15]。一般认为发生在内含子中的SNPs对生物不会有严重的影响。但目前的一些研究已经发现,也有许多内含子序列对基因表达具有调控作用。内含子序列对表达调控的机制可能有如下几种:一是某些内含子序列含有增强子或其它顺式作用元件,从而调控基因的转录^[16];二是内含子的剪接增加mRNA在核内的稳定性^[17];三是内含子中可能包含某序列,能开放染色体的功能域,或通过影响核质成分、位置等来提高外源基因在转基因动物中的表达^[18]。因此,从SNPs的生物学效应来看,对本研究中*ACTA2*

基因第2内含子的SNPs进行更深入的研究亦具有重要的意义。

通过进行猪*ACTA2* 基因Hinf I-RFLP不同基因型与猪生产性状的关联分析,我们发现TT基因型的个体与CC基因型的个体相比具有更高的瘦肉率、更低的肥肉率和背膘厚,然而却具有更低的股二头肌pH值和肌肉脂肪,说明TT基因型的个体在提高了胴体性状的同时也引起了肉质性状的降低。这一结果显示出胴体性状与肉质性状的矛盾。这种现象以前也有报道,如Lonergan等^[19]对一个瘦肉生长性状连续选择了5个世代的杜洛克品系与未经选择的对照系研究发现,经选育的品系眼肌主观坚实度评分显著低,眼肌、半触肌和半膜肌的水分和蛋白质损失大,屠宰后pH值低,更易产生PSE肉。结果表明选育能很大程度地改良生长和胴体性状,选育后的品系瘦肉生长率明显提高,背膘厚显著降低,瘦肉率显著增加,但同时肉质造成了很大的负面效应。这在一定程度上,也说明在育种过程中猪胴体性状与肉质性状是一个矛盾的统一体。我们在育种时,应根据需求,制定合理的育种目标,确定要选择的性状,从而选择合适的基因型。

通过对猪 *ACTA2* 基因进行表达谱分析,发现 *ACTA2* 基因的表达量在骨骼肌的不同发育阶段差异很大,表明 *ACTA2* 基因的表达具有发育阶段性。另外,值得注意的是,在各个日龄阶段的骨骼肌中, *ACTA2* 基因在梅山猪中的表达量都比大白猪中的表达量要高,而不同群体中等位基因频率分布的研究(表2)表明梅山猪中以C等位基因为主,而大白猪中以T等位基因占优势,这是否暗示我们C等位基因的存在可能会增强 *ACTA2* 基因的表达,或者说T等位基因的存在降低 *ACTA2* 基因的表达,从而导致其在梅山猪中的表达量要高于大白猪中的表达量。这一假设如果在以后的研究中得到验证,将为我们在前面提到的“许多内含子序列对基因表达具有调控作用”提供进一步的证据。

参考文献(References):

- [1] Sheterline P, Sparrow JC. Actin. *Protein Profile*, 1994, 1(1): 1-121.
- [2] Holmes KC. A molecular model for muscle contraction. *Acta Crystallogr A*, 1998, 54: 789-797. [\[DOI\]](#)

- [3] Pollard TD. Actin. *Curr Opin Cell Biol*, 1990, 2(1): 33–40.[\[DOI\]](#)
- [4] Smith SJ. Neuronal cytomotility: the actin-based motility of growth cones. *Science*, 1988, 242(4879): 708–715.[\[DOI\]](#)
- [5] Pollard TD, Aebi U, Cooper JA, Fowler WE, Tseng P. Actin structure, polymerization, and gelation. *Cold Spring Harb Symp Quant Biol*, 1982, 46(2): 513–524.
- [6] Heldman AW, Goldschmidt-Clermont PJ. Cell signalling and motile activity. *Symp Soc Exp Biol*, 1993, 47: 317–24.
- [7] Gavin RH. Microtubule-microfilament synergy in the cytoskeleton. *Int Rev Cytol*, 1997, 173: 207–242.[\[DOI\]](#)
- [8] Atencia R, Asumendi A, Garcia-Sanz M. Role of cytoskeleton in apoptosis. *Vitam Horm*, 2000, 58: 267–297.[\[DOI\]](#)
- [9] Luo L. Actin cytoskeleton regulation in neuronal morphogenesis and structural plasticity. *Annu Rev Cell Dev Biol*, 2002, 18: 601–635.[\[DOI\]](#)
- [10] Critchley DR, Holt MR, Barry ST, Priddle H, Hemmings L, Norman J. Integrin-mediated cell adhesion: the cytoskeletal connection. *Biochem Soc Symp*, 1999, 65: 79–99.
- [11] 贺淹才. 肌动蛋白和肌动蛋白基因的研究进展. 生命的化学, 2002, 22(3): 248–250.
- [12] Magro G, Fraggetta F, Colombatti A, Lanzafame S. Myofibroblasts and extracellular matrix glycoproteins in palmar fibromatosis. *Gen Diagn Pathol*, 1997, 142(3–4): 185–190.
- [13] 熊远著, 邓昌彦. 种猪测定原理与方法. 北京: 中国农业出版社, 1999, 57–118.
- [14] Liu BH. Statistical genomics: linkage, mapping, and QTL analysis. CRC Press, LLC, Amercian, 1998.
- [15] 杨昭庆, 洪坤学. 单核苷酸多态性的研究进展. 国外医学遗传学分册, 2000, 23(1): 4–8.
- [16] Bachl J, Olsson C, Chitkara N, Wabl M. The Ig mutator is dependent on the presence, position and orientation of the large intron enhancer. *Proc Natl Acad Sci USA*, 1998, 95(5): 2396–2399.[\[DOI\]](#)
- [17] Nobuyoshi M, Lin XH, Takimoto Y, Deuel TF, Wang ZY. Transcription regulation of the PDGF A-chain gene by first intron elements. *Biochem Biophys Res Commun*, 1997, 230(3): 569–572.[\[DOI\]](#)
- [18] Svaren J, Chalkley R. The structure and assembly of active chromatin. *Trends Genet*, 1990, 6(2): 52–56.[\[DOI\]](#)
- [19] Lonergan SM, Huff-Lonergan E, Rowe LJ, Kuhlers DL, Jungst SB. Selection for lean growth efficiency in Duroc pigs influences pork quality. *J Anim Sci*, 2001, 79(8): 2075–2085.

•综合信息•

“2009 植物生物学研讨会”将在山东烟台举行

为展示植物发育、环境应答和分子进化等研究领域的最新成果, 探讨分子遗传学、基因组学和系统生物学研究技术的发展, 2009 年 8 月在山东烟台举行“2009 植物生物学研讨会”。

1 主办与承办单位

主办单位: 中国植物学会、中国细胞生物学学会、中国遗传学会

承办单位: Journal of Integrative Plant Biology(JIPB)、烟台大学

2 会议时间、地点、网站和语言

时间: 2009 年 8 月 10 日—14 日; 地点: 山东省烟台市东海宾馆;

网站: www.jipb.net/jipbsymposium; 语言: 中文和英文

3 会议学术委员会

主席: 许智宏院士、武维华院士; 副主席(按姓氏拼音排序): 刘春明、瞿礼嘉、孙大业、薛勇彪、左建儒

4 会议分组

(1) 细胞与发育生物学; 代谢生物学与生物化学; 信号转导与胁迫和应答;

(2) 系统生物学与分子生理学; 生态与进化生物学

会议注册

参会代表人民币 950 元, 中国植物学会、中国细胞学会和中国遗传学会会员可根据各学会会员折扣比例享受相应优惠(凭会员证或会员编号), 报到当天可申请加入各学会(会议签到处准备各学会申请材料); 家属 700 元; 研究生 550 元(凭学生证)。2009 年 6 月 30 日前注册, 会议注册费将在上述基础上优惠 5%。注册费不包含会后考察费用。

6 会议执行秘书及联系人

陈凌凤 JIPB 编辑部 13161594205 010-62836133 chenlf@ibcas.ac.cn

柳瑞雪 烟台大学 13668656094 0535-6902699 plantbiology2009@163.com