

DOI: 10.3724/SP.J.1005.2010.00248

大黄鱼耐低温性状相关微卫星标记的筛选

高国强^{1,2}, 常玉梅¹, 韩启霞^{1,2}, 池炳杰^{1,2}, 李明云³, 薛良义³, 梁利群¹

1. 中国水产科学研究院黑龙江水产研究所, 哈尔滨 150070;
2. 上海海洋大学水产与生命学院, 上海 201306;
3. 宁波大学生命学院, 宁波 315211

摘要: 鱼类的耐低温性状是一种重要的经济性状。为了初步分析大黄鱼的耐低温性状, 文章采用 15 对荧光微卫星标记, 以 SSR-PCR 方法对大黄鱼低温耐受组和正常对照组 F₁ 代共 40 个个体进行了耐低温性状遗传差异分析。结果显示, 标记 LYC0002 在两组样品中共扩增出 5 个等位基因(片段大小分别为 112 bp、110 bp、108 bp、106 bp 和 104 bp), 其中 LYC0002_{112 bp} 等位基因在低温耐受组的出现频率达 60%, 而在正常对照组中的频率为零, 表明该等位基因对大黄鱼的温度敏感特性有较明显的偏好性, 可能与某种耐低温基因存在一定的连锁关系。此外, 对 LYC0002_{106 bp}、LYC0002_{108 bp}、LYC0002_{110 bp} 和 LYC0002_{112 bp} 4 个等位基因分别进行了回收、克隆及测序。序列比对结果显示, LYC0002_{112 bp} 等位基因含有 10 个(CA)重复单元, 而其他 3 个等位基因依次缺失 1 个(CA)重复单元, 说明 LYC0002 在本研究样本中的突变方式为微卫星逐步突变模型(Stepwise mutation model, SMM)。

关键词: 大黄鱼; 耐低温; 微卫星; 荧光染料

Screening of microsatellite markers associated with cold tolerance of large yellow croaker (*Pseudosciaena crocea* R.)

GAO Guo-Qiang^{1,2}, CHANG Yu-Mei¹, HAN Qi-Xia^{1,2}, CHI Bing-Jie^{1,2}, LI Ming-Yun³, XUE Liang-Yi³, LIANG Li-Qun¹

1. Heilongjiang River Fisheries Research Institute, Chinese Academy of Fishery Sciences, Harbin 150070, China;
2. College of Fisheries and Life Sciences, Shanghai Ocean University, Shanghai 201306, China;
3. College of Life Sciences, Ningbo University, Ningbo 315211, China

Abstract: Cold tolerance is one of the major economic characters in fish. In order to discuss the cold tolerance of large yellow croaker (*Pseudosciaena crocea* R.), fifteen fluorescent dye-labeled microsatellite markers were applied to detect genetic differences between F₁ offsprings of cold tolerance group and normal group of large yellow croaker by SSR-PCR. Each group contained 20 randomly and separately sampled individuals. As a result, marker LYC0002 five alleles (LYC0002_{104 bp}, LYC0002_{106 bp}, LYC0002_{108 bp}, LYC0002_{110 bp}, and LYC0002_{112 bp}) were amplified with marker LYC0002 in both groups and 60% (12/20) of individuals had allele LYC0002_{112 bp} in cold tolerance group exclusively, which indicated that this allele is probably sensitive to temperature and associated with gene for cold tolerance. In addition, four alleles (LYC0002_{106 bp}, LYC0002_{108 bp}, LYC0002_{110 bp}, and LYC0002_{112 bp}) were sequenced individually. Sequence alignments showed that LYC0002_{112 bp} allele contains 10 (CA) repeats, the remaining three alleles lacked one (CA) one by one, corresponding to the stepwise mutation model (SMM) of microsatellite.

Keywords: large yellow croaker (*Pseudosciaena crocea* R.); cold tolerance; microsatellite; fluorescent dye

收稿日期: 2009-07-09; 修回日期: 2009-10-27

基金项目: 国家高技术研究发展计划项目(863 计划)(编号: 2006AA10A405)资助

作者简介: 高国强(1984-), 男, 硕士研究生, 专业方向: 鱼类分子生物学与基因工程育种。Tel: 13654660672; E-mail: gqgao2008@126.com

通讯作者: 梁利群(1965-), 女, 研究员, 硕士生导师, 研究方向: 水产动物基因工程育种。Tel: 0451-61900408; E-mail: llq-1019@163.com

大黄鱼(*Pseudosciaena crocea* Richardson)隶属鲈形目(Perciformes)、石首鱼科(Sciaenidae)、黄鱼属(*Pseudosciaena*), 俗称黄鱼、黄花鱼等, 为暖水性集群洄游鱼类, 生活于近海的中、下层^[1]。大黄鱼曾是我国著名的四大海洋捕捞对象之一, 也是闽、浙两省的重要经济鱼类^[2]。自1985年突破大黄鱼人工繁殖技术以来, 充足的苗种为我国东、南、黄海等地区的大黄鱼人工养殖提供了必要的保障, 到20世纪末, 大黄鱼已成为我国海水网箱单一品种养殖产量最高的鱼种之一^[3]。然而, 由于繁育群体过小及缺乏对良种的必要保护, 经过20多年的人工繁育、养殖, 在生产性能方面与野生种群比较, 人工培育的大黄鱼普遍存在性早熟、生长缓慢、抗逆性差等问题。

近年来, 由于全球环境破坏导致气候变化异常。我国沿海地区冬季常遭受寒潮袭击, 致使养殖海区水温长期偏低, 养殖的大黄鱼出现大量冻死, 尤以越冬鱼种为甚, 经济损失巨大, 严重制约了产业的发展^[4]。因此, 提高养殖大黄鱼的耐低温能力, 对延长其生长期, 降低越冬死亡率和越冬成本都显得非常重要。因此, 利用先进的遗传标记和科学的分子遗传分析技术, 跟踪、探讨导致养殖大黄鱼遗传资源流失成因, 在理论和实践两方面对实现大黄鱼渔业遗传资源保护都具有重要意义。

微卫星(Microsatellite) DNA, 也称之为简单重复序列(Single sequence repeats, SSR), 是指由1~6个核苷酸为基本单位组成的长达几十至几百个核苷酸的重复序列^[5], 由于具有多态性高、信息含量丰富^[6]、分析操作简单^[7]等特点被广泛应用于基因定位、群体鉴别、连锁分析、亲缘关系鉴定等研究领域。本研究利用微卫星分子标记技术, 对大黄鱼低温耐受组和正常对照组子代进行遗传差异分析, 以期获得与耐低温性状相关的等位基因或基因型, 为今后实现分子标记辅助培育大黄鱼耐低温新品种奠定基础。

1 材料和方法

1.1 材料

1.1.1 大黄鱼低温耐受子代的获得

2007年1月, 将940尾2龄岱衢族大黄鱼放入室内水泥池中(水温8℃), 通过加冰块的方式, 以-0.5℃/h

进行降温, 每次降温之后维持4 h。最后水温降至5.5℃时, 大黄鱼开始陆续出现死亡, 保持该水温2 d后, 约有227尾个体成活, 结束降温实验。

在降温实验中, 虽然有227尾个体能够耐受2 d的低温胁迫, 但是由于不同个体对低温的应急反应能力不同, 导致性腺萎缩, 最终到2007年4月底繁殖时(正常对照组岱衢族大黄鱼繁殖时间是3月份), 只有8尾个体成活并通过自交获得F₁代。

1.1.2 用于本研究的实验鱼样品

2007年11月, 分别剪取低温耐受组F₁代(C)(6月龄)和正常对照组岱衢族大黄鱼F₁代(N)(7月龄)各20尾个体的尾鳍样品, 保存于无水乙醇中。

1.2 方法

1.2.1 总DNA的提取

剪取适当大小无水乙醇固定的大黄鱼尾鳍至离心管中, 双蒸水洗涤3~4次, 每次间隔约10 min。待乙醇全部挥发后, 用滤纸吸干水分, 转入新管。每管加入200 μL新鲜配制的组织裂解液(成份: 200 μg/mL蛋白酶K, 0.5%十二烷基肌氨酸钠, 10 mmol/L EDTA), 于50℃的保温箱中消化1~2 h, 期间缓慢地上下颠倒1~2次。消化后的样品加入等体积的苯酚/氯仿/异戊醇(25:24:1), 缓慢抽提3次; 2倍体积预冷的无水乙醇沉淀, 并用70%乙醇洗涤两次; 干燥后的DNA沉淀加入适量的TE溶解, 并于4℃保存备用。

1.2.2 微卫星引物

共采用15个微卫星标记。其中11个编号为“HLJDH”系列的标记是由本实验室自主开发^[8]的, GenBank登录号: EU590671~EU590681。另外4个编号为“LYC”系列的标记是引用Guo等^[9]在MEN上发表的标记(GenBank登录号: AY885692~AY885696), 所有上游引物5'端在合成时添加FAM荧光染料(上海生工生物工程技术服务有限公司)。引物信息见表1。

1.2.3 荧光标记SSR-PCR扩增及检测

PCR扩增体系: DNA模板2 μL(5 ng/μL), 自制Buffer 10.8 μL(含50 mmol/L KCl, 10 mmol/L Tris-HCl pH 8.0, 1.5 mmol/L MgCl₂, 100 μg/mL的明胶, 4种dNTP 100 μmol/L), 正、反向蓝色荧光标记引物

表 1 大黄鱼多态性 SSR 标记的引物信息

微卫星位点	引物序列 (5' 3')	核心基序	复性温度()	GenBank 登录号
HLJDH085	F: AATGTTCAC T GCGATGACTCC R: TCCTCCATGTGCAGTTACCA	(CA) ₁₄	55	EU590671
HLJDH107	F: ATTCTTCTGCCCCTCCAAAT R: ACTCCCCTGATGCGTCTCTA	(CA) ₁₂	55	EU590672
HLJDH125	F: TCAGCAGGCAAGGTACACAC R: TATGCAGTGCAGCTCTTTCC	(CA) ₁₅ CG(CA) ₃	55	EU590673
HLJDH165	F: CGATCCAAGTGCTCAACTCA R: ATCGCTTTGCTTTTGCAACT	(CA) ₁₉	55	EU590674
HLJDH137	F: TCAAGTTTCCCTGTAGTC R: AACAAAGACGCTGATTTTC	(AC) ₂₃	55	EU590675
HLJDH143	F: AATATGTGGAAGTGGGTG R: TGAAACTGGCTATGAAGG	(GT) ₃₃	59	EU590676
HLJDH156	F: GCTTCAGGAGCCCATTCT R: CGATCAGCCGTAGTGTCT	(GT) ₂₆	55	EU590677
HLJDH175	F: GGTATCATTCTCCACTTT R: CACTCATCTCCAGCACAA	(TG) ₁₉	55	EU590678
HLJDH182	F: ACTGTCGTGCTGCCTTGT R: TACGCTTGATTGTCTGTGCT	(AC) ₂₀	55	EU590679
HLJDH185	F: CTGACTCTGAACGCTTGG R: TTCTGTGGTCGTCGTCTT	(CTGT) ₁₀	55	EU590680
HLJDH186	F: AGACACTCCGAGCAATAC R: GACTAAATGCCTCCAGAT	(AC) ₃₅	55	EU590681
LYC0002	F: ACAGTCTAAAGCTGCCAGCA R: TGAGACCAACCACATTCTGT	(CA) ₁₀	50	AY885692
LYC0003	F: TATTACAGGCTGCTGTTGTGC R: ATGACCAGGCTTGCATTGAG	(CA) ₉	55	AY885693
LYC0004	F: CTCTTAGCCGTCATTCATCC R: CATTTAGCCAAGTTCATTCC	(TG) ₁₁	55	AY885694
LYC0006	F: GGTCAACAGGTCAGCAGTTA R: GCATCTCTCCTCAAGTCAC	(CA) ₁₉	55	AY885696

终浓度为 0.25 $\mu\text{mol/mL}$, *Taq* DNA 聚合酶 2 U(MBI), 灭菌去离子水补足至总体积 15 μL 。

PCR 循环程序分两步进行: 第一步为 94 变性 20 s, 50 ~59 复性 30 s(表 1), 72 延伸 45 s, 8 个循环; 第二步为 89 变性 20 s, 50 ~59 复性 30 s, 72 延伸 45 s, 20 个循环, 最后 72 延伸 10 min。

PCR 产物在含有 6 mol/L 尿素、浓度为 4.5%的变性聚丙烯酰胺凝胶上进行分离, 以内标 ROX-500(ABI)为参照, 以 ABI Prism 377 Data Collection Software 进行图像扫描, 由 ABI Prism 377 GeneScan Analyze Software 判读分子量大小, 记录数据。

1.2.4 普通 SSR-PCR 扩增及检测

将在两组检测样品中出现差异片段的标记进行普通 SSR-PCR 扩增, 其 PCR 扩增体系和循环程序均与荧光标记 SSR-PCR 扩增的相同。扩增产物经 10% 的非变性聚丙烯酰胺凝胶电泳分离, 电泳结束后, 参考许绍斌等^[10]的方法进行银染, 扫描后保存图像。

1.2.5 特异性片段回收、克隆及测序

采用 Sambrook 等^[11]的压碎与浸泡法, 对微卫星 LYC0002 位点的 4 种等位基因(其分子量大小分别为 112 bp、110 bp、108 bp、106 bp)从聚丙烯酰胺凝胶中回收, 以回收的 DNA 片段为模板, 进行二次 PCR 扩增, 使用 BioSpin PCR Purification Kit(Bioer)对二次 PCR 扩增产物进行纯化, 然后连接到 pMD18-T 载体 (TaKaRa 公司), 转入感受态大肠杆菌 *E.coli* DH5 α , 每个片段大约得到 300~500 个重复克隆, 随机挑取 10 个克隆用于 PCR 检测, 阳性克隆率达到 90%~100%。每个条带挑取 3 个重复克隆(共 12 个), 由北京诺赛基因组研究中心有限公司完成序列测定工作, 共测得序列 12 个, 用软件 DNAssist 2.2 比对重复序列, 确定 DNA 片段的序列。

2 结果与分析

2.1 荧光标记 SSR-PCR 扩增结果

15 对微卫星引物在低温耐受组和正常对照组共

40 个 DNA 样品中共检测到 5~13 个等位基因, 每个位点平均 9 个。另外, 通过基因型分析发现, 标记 LYC0002 在低温耐受组的 12 个个体中均扩增出片段大小为 112 bp 的等位基因(60%), 而在对照组中均无此带。LYC0002 标记的 5 个等位基因在两组样品中的出现频率见表 2。

2.2 标记 LYC0002 PCR 产物的银染结果

使用未加荧光标记的 LYC0002 引物重新扩增 C 组含有 112 bp 等位基因的 12 个个体和 N 组 20 个个体, PCR 产物经 10%非变性聚丙烯酰胺凝胶电泳进行分离(图 1)。从图 1 可以看出, 普通 PCR 扩增的结果完全与荧光 SSR-PCR 扩增结果相同, 在 N 组中均无 112 bp 的等位基因。

2.3 序列比对结果

使用 DNAssist 2.2 软件, 对 LYC0002 位点测序的 4 个等位基因进行序列比对。结果显示等位基因 LYC0002_{112 bp} 含有 10 个(CA)重复单元, 而其他 3 个等位基因 LYC0002_{110 bp}、LYC0002_{108 bp} 和 LYC0002_{106 bp} 依次缺失一个(CA)重复单元(图 2), 符合微卫星逐步突变模型(Stepwise mutation model, SMM)。

3 讨论

3.1 鱼类耐低温研究

鱼类耐低温问题一直受到鱼类遗传学家和育种

学家普遍关注, 问题的关键在于对低温耐受的机理不清楚^[12], 但经过众多科学家的不懈努力, 也取得了一定的成绩^[13~15]。随着分子生物学技术的快速发展, 尤其是分子标记的广泛应用, 为深入研究鱼类耐低温机制提供了新的技术。梁利群等^[16]首次应用 RAPD 技术获得了 10 个与鲤耐寒性状相关的分子标记, 且将其中的 1 个标记定位在鲤第 5 号连锁群上^[17], 随后, 潘贤等^[18]又鉴定了 2 个与鲤耐寒性状相关的 SSR 标记, 这些标记的开发及应用将加快鲤耐寒新品种的培育。

近年来, 特别是 2008 年初南方地区罕见的冰冻雨雪灾害天气, 使得海区水温急剧下降。低水温持续时间较长, 浙江沿海网箱养殖的大黄鱼损失惨重。因此, 加快大黄鱼耐低温品系的选育和耐低温机理的研究迫在眉睫, 但目前对大黄鱼的耐低温基础研究较少, 仅见徐镇^[4]等对大黄鱼进行过低温耐受力的研究; 冀德伟等^[19]温度胁迫对血清生化指标影响的研究, 而使用分子生物学手段的研究更是凤毛麟角, 所以使用先进的分子生物学技术从遗传本质入手去研究大黄鱼的低温耐受性状是一个有效的方法。然而, 大黄鱼目前可利用的遗传资源十分有限, SSR 标记也只有几十个。本研究通过建立 SSR 标记与性状的关联分析, 首次找到了 1 个与大黄鱼耐低温性状相关的 SSR 标记, 该研究结果为今后深入开展大黄鱼的耐低温性状的遗传机理研究奠定了基础。

表 2 LYC0002 标记各等位基因在两组个体扩增带型中出现的频率

等位基因片段大小(bp)	CA 重复次数	占 C 组总数(百分比%)	占 N 组总数(百分比%)
112	10	12/20 (60.0)	**
110	9	3/20 (16.7)	2/20 (10.0)
108	8	4/20 (20.0)	15/20 (75.0)
106	7	10/20 (50.0)	3/20 (16.7)
104	—	6/20(30.0)	7/20(35.0)

注: C: 低温耐受组; N: 对照正常组; **: 表示在该组中没有此等位基因; —: 未测序。

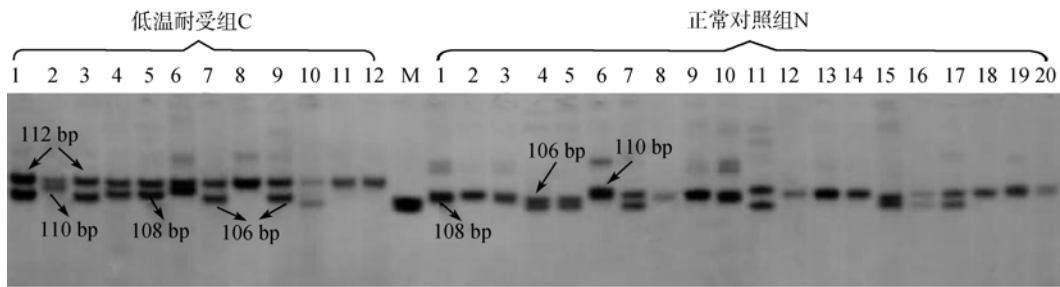


图 1 标记 LYC0002 在大黄鱼两组样品中扩增的微卫星电泳图

Sequence 1	1	ATTACAGTCTAAAGCTGCCAGCACTGCCTGCTTCCTGAGAACACATGACACACACACACACA	62
Sequence 2	1	ATTACAGTCTAAAGCTGCCAGCACTGCCTGCTTCCTGAGAACACATGACACACACACACACA	62
Sequence 3	1	ATTACAGTCTAAAGCTGCCAGCACTGCCTGCTTCCTGAGAACACATGACACACACACACACA	62
Sequence 4	1	ATTACAGTCTAAAGCTGCCAGCACTGCCTGCTTCCTGAGAACACATGACACACACACACACA	62
Sequence 1	63	CACACATCCAAACACATTGAAAAATGTACAGAAATGTGGTTGGCTCAAAT	112
Sequence 2	63	CACA--TCCAAACACATTGAAAAATGTACAGAAATGTGGTTGGCTCAAAT	110
Sequence 3	63	CA----TCCAAACACATTGAAAAATGTACAGAAATGTGGTTGGCTCAAAT	108
Sequence 4	63	-----TCCAAACACATTGAAAAATGTACAGAAATGTGGTTGGCTCAAAT	106

图 2 LYC0002 位点 4 个等位基因的比对结果
各等位基因相同的序列以阴影标注。

3.2 微卫星标记辅助育种

微卫星作为近年来发展迅速、应用广泛的分子标记之一,由于其具有保守性好、呈共显性遗传的特点,在辅助育种操作中具有其他标记不可比拟的优势^[20]。微卫星标记辅助选育在农作物^[21, 22]及畜禽^[23, 24]的研究比较多,而多数水产动物受限于微卫星标记量的不足,与性状紧密连锁并推广应用的标记更是少之又少,所以,在水产动物选育方面开展的应用研究较少。本研究首次使用微卫星标记对大黄鱼耐低温性状进行相关性分析,而且发现一个与耐低温相关的LYC0002 标记,其等位基因LYC0002₁₁₂ bp在低温耐受组中的出现频率达 60%,而对照组均无此等位基因,这个特异等位基因片段对大黄鱼的温度敏感特性有较明显的偏好性,从而揭示该微卫星位点可能与某种耐低温基因存在一定的连锁关系^[25]。另外,通过观察低温耐受组子代的基因型可以看出(图 1),12 个个体为含有该基因的杂合型和纯合型子代,由此可以推断其父母本在此位点(LYC0002)应该呈现杂合状态,而其余 8 个子代由于没有遗传到该等位基因,所以这 8 个个体的低温耐受力可能较差。经过片段回收测序与比对,结果发现该位点的所有等位基因均在核心序列发生突变,特异的等位基因片段 112 bp含有 10 个(CA)重复单元,其余 3 种等基因在核心序列依次缺失 1 个(CA)重复单元,符合许多研究^[26-28]支持的微卫星逐步突变模型(SMM),由此推测,很可能正是由于不耐低温个体(CA)重复单元的丢失而导致了与大黄鱼某个耐低温相关基因的失活。本实验所得的结果还将在后续的研究中进一步进行验证和完善,有待在更多的实验材料中验证LYC0002 标记与耐低温性状的相关性。

参考文献(References):

- [1] 朱元鼎, 伍汉霖. 石首鱼科. 见: 朱元鼎主编. 福建鱼类志(下卷). 福州: 福建科技出版社, 1985, 101-136.
- [2] 张祖兴, 李明云. 大黄鱼种质资源研究进展. 水产科学, 2006, 25(7): 376-378.
- [3] 张彩兰, 刘家富, 李雅瑾, 陈植. 福建省大黄鱼养殖现状分析与对策. 上海水产大学学报, 2002, 11(1): 79-83.
- [4] 徐镇, 江锦坡, 陈寅儿. 不同品系大黄鱼致死低温的研究. 宁波大学学报, 2006, 19(4): 462-464.
- [5] 邱芳, 伏健民, 金德敏, 王斌. 遗传多样性的分子检测. 生物多样性, 1998, 6(2): 143-150.
- [6] Tautz D. Hypervariability of simple sequence as a general source for polymorphic DNA markers. *Nucleic Acid Res*, 1989, 17(16): 6463-6471. [\[DOI\]](#)
- [7] 杜长斌, 孙效文, 楼允东, 沈俊宝, 滕春波. 微卫星在水产动物种质资源研究方面的应用. 水产学杂志, 2000, 13(1): 68-73.
- [8] Chang YM, Ding L, Wang WW, He JG, Liang LQ, Lei QQ. Isolation and characterization of 11 microsatellite markers for the large yellow croaker, *Pseudosciaena crocea*. *Conserv Genet*, 2008a, DOI 10. 1007/s10592-008-9708-9.
- [9] Guo W, Wang ZY, Wang YL, Zhang ZP, Gui JF. Isolation and characterization of six microsatellite markers in the large yellow croaker (*Pseudosciaena crocea* Richardson). *Mol Ecol Notes*, 2005, 5(2): 369-371. [\[DOI\]](#)
- [10] 许绍斌, 陶玉芬, 杨昭庆, 褚嘉祐. 简单快速的DNA银染和胶保存方法. 遗传, 2002, 24(3): 335-336.
- [11] Sambrook J, Russell DW. 分子克隆实验指南. 第三版. 北京: 科学出版社, 2001, 426-429.
- [12] 常玉梅, 孙效文, 梁利群. 鲤鱼耐寒性研究. 上海水产大学学报, 2003, 12(2): 102-105.
- [13] 冯祖强, 王祖熊. 鲢鱼冷休克及其死亡的某些生化因素. 水生生物学集刊, 1984, 8(3): 290-297.
- [14] 吴力钊, 王祖熊. 鲢鱼和二代混精鲢鱼低温耐受能力的差异. 水生生物学报, 1993, 17(3): 206-210.
- [15] 沈俊宝, 刘明华. 荷包红鲤抗寒品系的筛选和培育. 淡水渔业, 1988, (3): 14-17.
- [16] 梁利群, 高俊生, 李绍戊, 孙效文, 雷清泉. 与鲤鱼抗

- 寒性状相关的 RAPD 分子标记的筛选及其克隆. 中国水产科学, 2006, 13(3): 360–364.
- [17] 梁利群, 孙效文. 鲤耐寒性状分子标记在遗传连锁图上的定位. 大连水产学院学报, 2003, 18(4): 278–281.
- [18] 潘贤, 梁利群, 雷清泉. 筛选与鲤鱼抗寒性状相关的微卫星标记. 哈尔滨工业大学学报, 2008, 40(6): 915–918.
- [19] 冀德伟, 李明月, 王天柱, 张呈念, 徐镇, 许万土. 不同低温胁迫时间对大黄鱼血清生化指标的影响. 水产科学, 2009, 28(1): 1–4.
- [20] 鲁翠云, 曹顶臣, 孙效文, 梁利群. 微卫星分子标记辅助镜鲤家系构建. 中国水产科学, 2008, 15(5): 893–901.
- [21] 何风华, 席章营, 曾瑞珍, Akshay Talukdar, 张桂权. 利用高代回交和分子标记辅助选择建立水稻单片段代换系. 遗传学报, 2005, 32(8): 825–831.
- [22] 郭旺珍, 张天真, 丁业掌, 朱一超, 沈新莲, 朱协飞. 分子标记辅助聚合两个棉纤维高强主效 QTLs 的选择效果. 遗传学报, 2005, 32(12): 1275–1285.
- [23] Zhang JH, Xiong YZ, Zuo B, Lei MG, Jiang SW, Li FE, Zheng R, Li JL, Xu DQ. Detection of quantitative trait loci associated with several internal organ traits and teat number trait in a pig population. *Gen Genome*, 2007, 34(4): 307–314. [\[DOI\]](#)
- [24] 张英杰, 赵有璋, 刘月琴, 李玉, 孙少华, 孙洪新. 3 个山羊群体中 4 个微卫星 DNA 多态性及其与杂种优势的关系. 遗传, 2004, 26(5): 631–636.
- [25] 卢钟磊, 池信才, 王义权, 沈月毛, 郑忠辉, 宋思扬. 褐牙鲈耐热性状相关的微卫星分子标记筛选. 厦门大学学报, 2007, 46(3): 396–402.
- [26] Weber JL, Wong C. Mutation of human short tandem repeats. *Hum Mol Genet*, 1993, 2(8): 1123–1128. [\[DOI\]](#)
- [27] Schlotterer C, Tautz D. Slippage synthesis of simple sequence DNA. *Nucleic Acids Res*, 1992, 20(2): 211–255. [\[DOI\]](#)
- [28] Steinberg EK, Lindner KR, Galea J, Maxwell A, Meng J, Alendof FW. Rates and patterns of microsatellite mutations in pink salmon. *Mol Biol Evol*, 2002, 19(7): 1198–1202.

• 综合信息 •

“中国遗传学会模式生物与人类健康研讨会”即将召开

中国遗传学会定于 2010 年 4 月 12–15 日在江西南昌举办主题为“模式生物与人类健康”的研讨会。会议将就模式动物和植物在生物学研究中的应用及其推动人类健康研究的最新进展举行演讲和探讨。希望通过此次研讨会, 推动模式生物在国内生物学和医学研究中的应用, 促进交流与合作。会议将从投稿论文中遴选报告人, 并评选青年优秀论文, 为青年学者提供学术交流的平台。

1、主办单位

中国遗传学会、江西农业大学、中国军事医学科学院生物工程所、中国医学科学院基础医学研究所、上海交通大学 E-研究院

2、承办单位

中国遗传学会发育遗传委员会、动物遗传委员会、江西农业大学动物科学技术学院

3、会议组织委员会

薛勇彪, 孟安明, 杨晓, 杨维才, 王海波, 王铸钢, 林鸿宣, 金力, 傅松滨, 朱大海, 高翔, 李宁, 黄路生, 陈大华, 吴晓晖

4、特邀大会报告人

孟安明院士(中科院动物所), 王铸钢教授(上海交通大学), 朱大海教授(中国医学科学院基础所), 陈晔光教授(清华大学), 陈大华研究员(中科院动物所), 李华顺教授(四川大学), 吴晓晖教授(复旦大学), 林鑫华研究员(中科院动物所), 杨崇林研究员(中科院发育遗传学所), 杨晓研究员(军事医学科学院), 周琪研究员(中科院动物所), 戚益军研究员(北京生命科学研究所), 徐瓊教授(南京大学), 黄路生教授(江西农业大学), 彭金荣教授(浙江大学), 熊敬维教授(北京大学)。

5、会议报到时间和地点

2010 年 4 月 12 全天在南昌市高新开发区火炬大街 539 号园中源酒店报到(五星级)。300 元/标间在园中源酒店, 200 元/标间在晶帝商务大酒店。

6、会议注册费

网上注册 800 元、会员 700 元、学生 600 元, 签到时请出示会员证和学生证; 现场注册各增加 100 元。

7、会务联系人

江西农业大学动物科技学院 国家重点实验室 肖石军

电话: 0791-3813080, 手机: 13979108992, 传真: 0791-3900189, Email: shjx_jxau@hotmail.com

中国遗传学会办公室 王长城 肖明杰

电话: 010-64889611, 传真: 010-64853199, Email: ccwang@genetics.ac.cn