

DOI: 10.3724/SP.J.1005.2011.00648

水稻减数分裂过程中染色体重组交换行为

陈军, 罗伟雄, 李明, 罗琼

云南农业大学, 农业生物多样性与病虫害控制教育部重点实验室/云南省植物病理重点实验室, 昆明 650201

摘要: 减数分裂在有性生物的生命周期中起着非常重要的作用, 其过程高度保守。减数分裂过程中, 染色体配对、联会和重组是遗传变异的源泉、有性生物进化的推动力, 也是减数分裂研究的热点之一。在植物减数分裂研究中, 还不可能直接观察到染色体在减数分裂过程中的交换情况, 往往是通过交换后群体的遗传分析来推测。文章通过图示基因型方法分析了来自花药培养的 32 个水稻双单倍体(DH)株系, 发现少数株系某些染色体部分区段为杂合状态, 并利用 STS 分子标记对杂合状态的真实进行了验证, 推测杂合区段的出现可能与染色体的修复不完全或修复错误有关。研究结果为解释植物减数分裂的机理提供了直接证据。

关键词: 水稻; 减数分裂; 染色体重组; 图示基因型

Chromosome recombination in rice meiosis

CHEN Jun, LUO Wei-Xiong, LI Ming, LUO Qiong

Ministry of Education Key Laboratory of Agriculture Biodiversity for Plant Disease Management/ Key Laboratory of Plant Pathology, Yunnan Agricultural University, Kunming 650201, China

Abstract: Meiosis is a highly conservative process, which plays important role in the life cycles of all sexually reproductive organisms, while the pairing, synapsis, and recombination are the key events in this process and have become the hot-spots in meiosis studies. At present, we cannot observe the process of cross and recombination of chromosomes directly in plant meiosis, and generally conclude the process by analysis the genetic population. In the present study, we analyzed 32 DH lines using graphical genotypes, and found 4 chromosomes out of 32 DH lines had regional heterozygosis, which was further confirmed using STS markers. We suggested that it may cause by repair incompleteness or mis-repair of chromosome. These results provide some directly evidence for explaining the mechanism of plant meiosis.

Keywords: rice; meiosis; recombination of chromosome; graphical genotypes

有性生殖的生物, 雌雄配子结合前其染色体数目必须减半, 以保证物种染色体数目的恒定, 这由减数分裂过程来完成。减数分裂是有性生殖个体形成生殖细胞过程中一种特殊的有丝分裂。在减数分裂过程中, 染色体复制一次, 细胞连续分裂两次, 形成染色体数目减半的配子, 每个配子都含有一份

完整的基因拷贝^[1]。

减数分裂过程在有性生殖生物的生命周期中起到非常重要的作用^[2]。不仅保证染色体的稳定遗传, 而且减数分裂过程中的同源染色体重组使配子的遗传多样化, 增加了后代的适应性, 是生物体进化的源泉, 同时, 也为生物的遗传变异提供了重要的物

收稿日期: 2010-12-28; 修回日期: 2011-02-15

基金项目: 国家自然科学基金项目(编号: 30760100, 30900885)和云南省应用基础研究计划项目(编号: 2007C0063M)资助

作者简介: 陈军, 硕士研究生, 专业方向: 生物化学与分子生物学。Tel: 010-64868537; E-mail: haminychen@163.com

通讯作者: 罗琼, 博士, 副教授, 硕士生导师, 研究方向: 分子遗传学。E-mail: qiongbf@yahoo.com.cn

质基础^[3]。

重组是指减数分裂中同源染色体 DNA 发生交换，它与同源染色体的联会有着密切的联系。重组过程的模式在酵母中研究的比较清楚。首先染色体在细线期开始浓缩，并通过识别同源序列搜索同源染色体^[4]，由横向细丝蛋白组成的中央元件形成复合体^[5, 6]，减数分裂重组起始于同源染色体的双链断裂(Double-strand break, DSB)^[7]，形成稳定的 3'末端尾巴攻击非断裂的同源双链 DNA^[8]，并形成异源双链的 D 环结构^[9-11]。D 环可进一步被加工为交叉或者非交叉。

对植物减数分裂中同源染色体之间 DNA 交换情况的了解，目前还没有直接的观察方法，通常通过研究同源染色体交换后的群体来推测同源染色体上遗传物质的交换情况。

DH(Doubled haploid)群体即利用花药培养诱导再生植株通过自发或人工加倍形成的加倍单倍体所构成的群体^[12]。DH 为纯合基因型，性状稳定，遗传干扰较少^[13]。徐吉臣等^[14]利用 160 个分子标记建立的遗传连锁图对 52 个水稻 DH 株系进行了图示基因型分析，可直观每个 DH 株系减数分裂过程中染色体的交换情况，研究结果表明每个株系均为纯合重组体。

本研究利用 STS 标记对水稻 32 个 DH 株系减数分裂过程中染色体的交换情况进行了图示基因型分析，发现少数 DH 株系部分染色体出现了杂合区段，这与徐吉臣等^[14]的研究结果不完全一致。这一现象的发现和有助于我们进一步研究解植物减数分裂过程中的一些交换规律，揭示籼粳交花药培养后代的遗传现象。

1 材料和方法

1.1 双单倍体(DH)群体的构建

以 9311 和日本晴为亲本，对其杂交 F₁ 代花药进行离体培养，诱导愈伤组织，经过自然加倍，获得 DH

植株。实验材料均由扬州大学水稻育种实验室提供。

1.2 基因组 DNA 提取

采用 CTAB 法提取水稻叶片基因组 DNA^[15]，晾干后溶于 100 μL TE 缓冲液中，保存于-20℃ 冰箱中备用。

1.3 分子标记

根据籼稻 9311 和粳稻日本晴已发布序列(<http://www.ncbi.nlm.nih.gov>)，利用 DNASTAR 软件设计合成 STS(Sequence-tagged site)分子标记共 308 对(标记均有记录可查)使之相对均匀的覆盖水稻的 12 条染色体。表 1 为检测杂合染色体片段使用的 4 对分子标记(分子标记均由 Invitrogen 公司合成)。

1.4 PCR 扩增和目的片段的回收与连接

PCR 扩增体系为 20 μL，包括：10×PCR 的缓冲液 2.0 μL，25 mmol/L MgCl₂ 2.0 μL，200 μmol/L 的 dNTP 0.4 μL，4 pmol/L 的引物 1.5 μL，模板 DNA 2.0 μL，*Taq* 酶 1 U，加 ddH₂O 补足 20 μL。PCR 扩增条件为：94℃ 预变性 5 min；94℃ 变性 1 min；50~60℃ 复性 1 min，温度因引物不同而异；72℃ 延伸 1 min，25 个循环；最后 72℃ 延伸 10 min，4℃ 保温。产物用 3%琼脂糖凝胶电泳法检测。

为了确保回收率，并且测序结果更准确，目的 DNA 片段的回收采用 1%琼脂糖凝胶切胶回收，按照试剂盒说明书操作(OMEGA 胶回收试剂盒)。连接载体选用 TaKaRa 公司的 pMD18-T Simple 载体，连接反应在 16℃ 下进行 16 h。

1.5 图示基因型分析

将每一染色体上的遗传标记所表示的染色体片段来源的数据用图表示出来。根据 STS 标记在每条染色体的物理位置，用不同的颜色代表不同的 DNA 片段来源，用 Illustrator 软件在坐标上按照标记在染色体上相应位置作出代表 DNA 各部分不同来源的图示基因型。

表 1 测序的 4 对引物

引物编号	正向引物(5' 3')	反向引物(5' 3')
S1	GATCTCGATTGACCACTG	TTCATTGACAGACCCATC
S2	AAGTAAGCATATGCTCTCTC	AGAAAGAGGGAGCATATGTT
S3	CTAAGTACTCCCTCGTTCAC	ATGTAGCCAATTAATACAGA
S4	AGGTCTTCTGTCCAAGTTCA	AACCATATAAACTCATCTGC

图示基因型可直观表示染色体在减数分裂时交换和重组的结果,但其是按照两个邻近标记间可能发生的最少交换次数来确定的^[14],由于标记数量的限制,实际发生的交换和重组可能超过统计结果。

从图示基因型中我们可以直观地统计分析染色体的重组交换情况。分析减数分裂中染色体的平均交换次数,重组后端粒和着丝粒的偏好性等,从中分析得出减数分裂重组交换的规律。

1.6 PCR 产物的转化和检测

将感受态细胞(DH5 α)置于冰浴中融化。取 50 μ L 感受态细胞于 1.5 mL 预冷的无菌离心管中,加入 2~5 μ L 连接产物,轻轻旋转混匀,冰上放置 30 min 后将离心管置室温(25 $^{\circ}$ C)下 10 min 左右,42 $^{\circ}$ C 水浴 1.5 min。迅速将离心管转冰上冷却 1~2 min。每管加入 500~800 μ L 的 LB 培养基,置于 37 $^{\circ}$ C 摇床振荡(137 r/min)培养 45 min。将适量体积菌液均匀涂布在含氨苄青霉素 50~100 μ g/mL 的 LB 琼脂培养基平板

上,于 37 $^{\circ}$ C 培养 12~16 h。挑取单菌落, LB 液体培养基培养 2 h,菌液直接 PCR 检测,根据 PCR 结果,将目标菌液送诺赛公司测序。

2 结果与分析

2.1 不同株系的图示基因型

利用 308 对分子标记对来自 9311 和日本晴杂交 F₁ 代植株花药培养获得的 32 个 DH 系进行图示基因型分析,图 1 列出具有代表性的 2 个 DH 株系的图示基因型,红色区段显示的染色体来自 9311 基因组,蓝色区段来自日本晴基因组,杂合重组区段用橙黄色表示。与徐吉臣等^[6]的研究结果相似,大多数株系的基因组中都有少数未见重组的染色体存在,即完全来自于单一亲本基因组(图 1,表 2),不同的是在本研究中发现部分株系染色体的某些区段为杂合状态(图 1,表 3)。这可能和染色体交换后的修复不完全或修复错误有关。

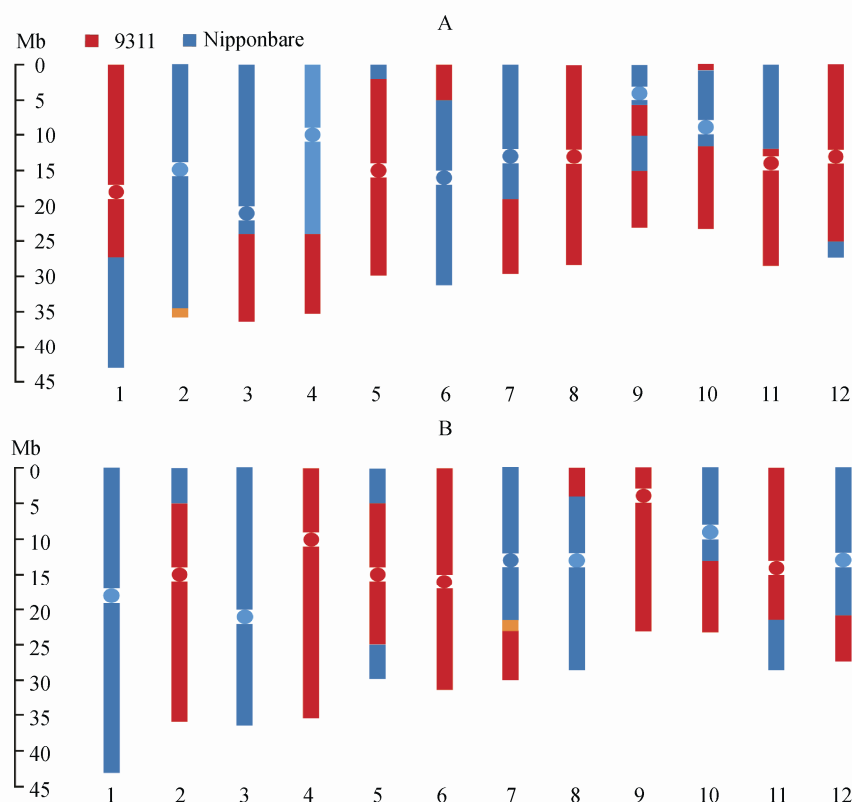


图 1 部分株系的图示基因型

A 和 B 分别代表两个 DH 株系。两种颜色的交接处就代表一次染色体在重组过程中发生了一次交换,单一颜色代表没有发生交换,圆圈代表着丝粒区域,从图中可以看出,在染色体端部或者中部的任何区域都可能出现杂合体片段。其中,红色:代表染色体片段来源于 9311;蓝色:代表染色体片段来源于日本晴;橙色:代表杂合片段;横坐标为染色体编号,纵坐标为染色体物理距离。

表 2 染色体交换次数分布

发生交换的次数	0	1	2	3	4	5	6
染色体数	99	168	81	27	6	1	2

表 3 不同染色体发生交换的差异

染色体编号	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
交换次数	61	29	50	34	40	43	27	64	29	24	21	28

2.2 DH 株系的染色体重组交换分析

在 32 个 DH 株系中，共 384 对染色体，来源于 9311 且没有发生交换的染色体数为 53 对，占总数的 13.8%；来源于日本晴(Nipponbare)而且没有发生交换的染色体数为 47 对，占总数的 12.2%。在 32 个株系中，有 2 个株系的染色体全部发生交换，其余株系没有交换的染色体从 1 对到 7 对不等。由此可见由 32 个 DH 株系组成的花培后代群体未出现偏分离。

在全部 384 对染色体中，最高交换发生频率为 6 次。其中发生 1 次交换的染色体最多，为 168 对。无交换的染色体为 99 对，发生 2 次交换的染色体为 81 对(表 2)。单株 12 条染色体最低和最高交换频率分别为 8 次和 22 次。由此可见，不同的染色体交换的频率上是有差异的。

不同染色体发生交换的差异很明显，其中发生最少交换的是 11 号染色体，发生交换次数为 21 次，最多是 8 号染色体，发生了 64 次交换(表 3)。平均每对染色体发生 0.6~2 次交换，无规律性，交换随机发生。

2.3 着丝粒和端粒的偏好性

着丝粒是两个染色体臂间的一段高度重复的 DNA 序列，在染色体上的位置较恒定^[16]。很多生物的着丝粒区域的界定十分困难，高等生物的着丝粒区域因为重复序列的重复次数及重复单元多而难以界定^[17]。因而，着丝粒根据水稻每对染色体上对应恒定的区域来进行统计。在全部染色体中，着丝粒来源于 9311 基因组的有 173 对，来源于日本晴基因组的有 202 对；染色体对的着丝粒为杂合的有 9 对，即两条姐妹染色单体的着丝粒区段分别来源于 9311 和日本晴。着丝粒来源于 9311 与来源于日本晴的比值为 1:1(卡平方测定 $P>0.05$)，表明在减数分裂中，着丝粒的选择没有偏向性。

端粒由一系列短的串联重复序列组成，其长度在各个物种之间差异很大，重复单元从 100~1 000 bp 不

等，且不一定是连续的^[18]。其偏好性的统计方法和着丝粒类似，其中两端都来源于 9311 的为 89 对，两端都来源于日本晴的为 87 对，两端分别来源于 9311 和日本晴的为 207 对，占总数的 54%，即在减数分裂中，端粒的交换也没有偏向性，发生交换的机率约为 50%。

2.4 染色体杂合区段的进一步验证

双单倍体植株染色体的每一个位点都被认为是纯合的^[19]，本研究通过基因型图示分析的 32 个 DH 株系中，发现有 4 个株系带有杂合染色体区段(图 1，表 3)。为了进一步验证杂合的真实性，我们使用 STS 标记(表 1)对 4 个带有杂合染色体区段的株系进行 PCR 扩增和检测。扩增出的两条片段差异较小(相差 20 bp 左右，使用 3%可以分辨为两条带)，两条带在 1%琼脂糖凝胶中不能完全分开，故一起切胶回收，得到混合的 DNA 片段与载体(pMD18-T simple, Ta-KaRa)连接，转化培养后进行菌液 PCR 检测，分别选出含单一目的 DNA 片段的菌株进行测序。序列比对(<http://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>)结果表明，两个染色体片段，一个与 9311 染色体对应位点序列相同，一个与日本晴染色体的对应位点序列相同，即两条姊妹染色单体为杂合体。结果表明，在双单倍体群体中，可能会有不完全的纯合体株系。

表 4 有杂合重组区段的染色体

植株 编号	染色体编号											
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
1		△										
2	△		△	△		△		△	△	△	△	△
3	△		△	△	△	△	△	△	△	△		△
4	△					△		△				

注：△代表该染色体有杂合的染色体片段。

3 讨论

花药培养是选取花粉发育到单核中期到单核晚期，即单核靠边期的花药，放入诱导培养基，诱导产生愈伤组织(约 3 周)，愈伤组织转移到再生培养基上产生再生植株^[20]。一般认为，由花粉愈伤组织再生的二倍体及多倍体是来源于核内有丝分裂或营养核与生殖核的核融合细胞^[21]。薛建平等^[22]对不同基因型小麦花药培养过程中药壁变化的研究表明，易

诱导材料花药培养过程中,药壁细胞发育充实,活力强,降解衰退较难诱导材料有所延缓。暗示在花药培养过程中,药壁、药隔等组织可能会对花药培养植株染色体加倍产生影响。

从理论上讲,DH株系应为纯合体^[19],但在本研究所分析的32个DH株系中,发现了4个带有杂合染色体区段的株系,根据目前的一些研究结果推测可能有以下几方面的原因:一是在花药培养染色体自然加倍过程中,发生细胞核融合畸变产生杂合体片段;另一种可能是在植株产生花粉之前第一次减数分裂过程中单链入侵后的染色体修复过程错误或者不完全。在这个过程中,3'单链侵入到其同源染色体并与之同源的染色体片段配对时,利用3'末端为引物,以与其配对的DNA链为模板从5'到3'修补缺口^[23,24],如果这个修复过程出现错误或者修复不完全,其结果会使染色体DNA双链的一条链的碱基序列发生改变,从而在加倍后产生杂合的染色体片段;还有一种可能就是在减数分裂过程中3'末端侵入后形成D环。一般认为在这个过程中,3'末端单链只经历了一个很短的延伸,就从配对的DNA链中甩了出来,形成非交叉产物^[25-27],结果会在染色体片段中保留一小段异源的DNA片段,也会产生杂合的染色体片段。

根据目前的研究,D环结构在减数分裂过程中可以被加工为交叉和非交叉的产物^[23,25,28],推测产生杂合双链的后两种分别是在这两个过程中发生的。形成交叉的过程相对研究得较清楚,其一是形成交叉后修复出错;另一种是形成非交叉产物产生的DNA链杂合现象。人们普遍认为通过合成依赖链退火形成的非交叉^[25,26],但是从来没有分离到中间产物,从理论上来说,非交换产物中的杂合片段相对较小^[27],但在实验中由于分子标记的局限性,并没有发现较小的交换片段。在DH群体中发现杂合体,有可能对弄清减数分裂这两个过程中的某些疑问会有所帮助。

参考文献(References):

- [1] Petronczki M, Siomos MF, Nasmyth K. Un ménage à quatre: the molecular biology of chromosome segregation in meiosis. *Cell*, 2003, 112(4): 423-440.
- [2] Hamant O, Ma H, Cande WZ. Genetics of meiotic prophase I in plants. *Annu Rev Plant Biol*, 2006, 57: 267-302.
- [3] Szostak JW, Orr-Weaver TL, Rothstein RJ, Stahl FW. The double-strand-break repair model for recombination. *Cell*, 1983, 33(1): 25-35.
- [4] 刘春霞, 何群燕, 金危危. 植物减数分裂中的染色体配对、联会和重组研究进展. *遗传*, 2010, 32(12): 1223-1231.
- [5] Wang M, Wang KJ, Tang D, Wei CX, Li M, Shen Y, Chi ZC, Gu MH, Cheng ZK. The central element protein ZEP1 of the synaptonemal complex regulates the number of crossovers during meiosis in rice. *Plant Cell*, 2010, 22(2): 417-430.
- [6] Wang KJ, Wang M, Tang D, Shen Y, Qin BX, Li M, Cheng ZK. PAIR3, an axis-associated protein, is essential for the recruitment of recombination elements onto meiotic chromosomes in rice. *Mol Biol Cell*, 2011, 22(1): 12-19.
- [7] Yu HX, Wang M, Tang D, Wang KJ, Chen FL, Gong ZY, Gu MH, Cheng ZK. OsSPO11-1 is essential for both homologous chromosome pairing and crossover formation in rice. *Chromosoma*, 2010, 119(6): 625-636.
- [8] Wang KJ, Tang D, Wang M, Lu JF, Yu HX, Liu JF, Qian BX, Gong ZY, Wang X, Chen JM, Gu MH, Cheng ZK. MER3 is required for normal meiotic crossover formation, but not for presynaptic alignment in rice. *J Cell Sci*, 2009, 122(12): 2055-2063.
- [9] Bishop DK. RecA homologs Dmc1 and Rad51 interact to form multiple nuclear complexes prior to meiotic chromosome synapsis. *Cell*, 1994, 79(6): 1081-1092.
- [10] Hunter N, Kleckner N. The single-end invasion: an asymmetric intermediate at the double-strand break to double-holliday junction transition of meiotic recombination. *Cell*, 2001, 106(1): 59-70.
- [11] Whitby MC. Making crossovers during meiosis. *Biochem Soc Trans*, 2005, 33(6): 1451-1455.
- [12] 陈红, 秦瑞珍. 水稻花药培养过程中各种影响因子的研究进展. *中国农业科技导报*, 2007, 9(3): 52-56.
- [13] 李平, 朱立煌, 周开达, 陈英, 陆朝福, 何平. 利用分子标记和水稻籼粳交双单倍体群体进行遗传作图研究. *植物学报*, 1996, 38(11): 881-886.
- [14] 徐吉臣, 陆朝福, 陈洪, 何平, 陈英, 朱立煌, 徐云碧. 水稻双单倍体群体的分子标记图示基因型分析. *遗传学报*, 1995, 22(5): 343-352.
- [15] Stewart CN Jr, Via LE. A rapid CTAB DNA isolation technique useful for RAPD fingerprinting and other PCR applications. *Biotechniques*, 1993, 14(5): 748-750.
- [16] Pluta AF, Mackay AM, Ainsztein AM, Goldberg IG, Earnshaw WC. The centromere: hub of chromosomal activities. *Science*, 1995, 270(5242): 1591-1594.
- [17] Clarke L. Centromeres of budding and fission yeasts. *Trends Genet*, 1990, 6(5): 150-154.
- [18] Shampay J, Szostak JW, Blackburn EH. DNA sequences of telomeres maintained in yeast. *Nature*, 1984, 310(5973): 154-157.

- [19] 李平, 朱立煌, 周开达, 陈英. 利用 RFLP 标记分析一对水稻粳籼交双单倍体的基因型. *植物学报*, 1997, 39(2): 137–143.
- [20] 李梅芳, 周开达. 水稻生物技术育种. 北京: 中国农业科技出版社, 2001: 26–27.
- [21] 王清连. 植物组织培养. 北京: 中国农业出版社, 2002: 72–73.
- [22] 薛建平, 张爱民. 不同基因型小麦花药培养过程中药壁变化的研究. *植物学通报*, 2002, 19(3): 354–358.
- [23] Bishop DK, Zickler D. Early decision: meiotic crossover interference prior to stable strand exchange and synapsis. *Cell*, 2004, 117(1): 9–15.
- [24] Anderson LK, Offenberg HH, Verkuijlen WMHC, Heyting C. RecA-like proteins are components of early meiotic nodules in lily. *Proc Natl Acad Sci USA*, 1997, 94(13): 6868–6873.
- [25] Allers T, Lichten M. Differential timing and control of non-crossover and crossover recombination during meiosis. *Cell*, 2001, 106(1): 47–57.
- [26] Terasawa M, Ogawa H, Tsukamoto Y, Shinohara M, Shirahige K, Kleckner N, Ogawa T. Meiotic recombination-related DNA synthesis and its implications for cross-over and non-cross-over recombinant formation. *Proc Natl Acad Sci USA*, 2007, 104(14): 5965–5970.
- [27] Lynn A, Soucek R, Börner GV. ZMM proteins during meiosis: crossover artists at work. *Chromosome Res*, 2007, 15(5): 591–605.
- [28] Börner GV, Kleckner N, Hunter N. Crossover/noncrossover differentiation, synaptonemal complex formation, and regulatory surveillance at the leptotene/zygotene transition of meiosis. *Cell*, 2004, 117(1): 29–45.

• 综合信息 •

“第十六次全国动物遗传育种学术讨论会暨纪念吴仲贤先生诞辰 100 周年大会”在扬州召开

2011 年 5 月 13~17 日, 由中国畜牧兽医学会动物遗传育种学分会主办, 扬州大学与中国农业科学院家禽研究所共同承办的“第十六次全国动物遗传育种学术讨论会暨纪念吴仲贤先生诞辰 100 周年大会”在扬州市会议中心隆重举行。来自全国 30 余个省、市区 167 家高等农业院校科研院所和生产科研推广单位共 1300 余名专家学者、在校研究生和科技推广人员参加了本次大会。

今年 5 月适逢我国著名动物遗传学家、教育家、中国动物数量遗传学科奠基人、中国畜牧兽医学会动物遗传育种学分会名誉理事长、中国农业大学教授吴仲贤先生诞辰 100 周年, 组委会利用两个多小时隆重举行了纪念吴仲贤先生诞辰 100 周年大会。吴仲贤先生 5 名学生或弟子(张沅、盛志廉、吴常信、张勤、李明定)分别从 5 个不同方面介绍了吴仲贤先生辉煌成就和精神品质, 青年科技工作者心灵深受震撼。

在大会报告环节, 国内外专家分别从细胞遗传学、表观遗传学、基因组学、发育生物学、系统生物学等方面介绍了最新研究进展。

在分组学术交流中, 143 位代表们在畜禽基因组学和生物信息学、畜禽重要经济性状分子遗传基础、细胞工程与转基因动物和数量遗传与动物育种四个分组中报告了动物遗传育种各个方面的最新研究进展。许多报告精彩、具有较高学术水平, 引起了代表们的广泛兴趣和热烈讨论。此外, 更多青年科技人才的涌现使学术报告活动充满了活力。

本次会议围绕“弘扬前辈精神, 理论联系实际, 创新求实发展”的主题, 大会共收到来自全国科研高校研究论文 597 篇, 会议期间安排了 3 个特邀报告、15 个大会报告、4 个分会共 143 个专题报告、4 个专题研讨会、65 篇论文墙报展览以及新产品和新成果展示。此次盛会为全国动物遗传育种领域的专家学者和科研人员提供了广泛的内外交流平台, 必将进一步推动我国动物遗传育种事业的发展; 同时也是对广大立志从事动物遗传育种事业的青年科技工作者的一次学术熏陶, 必将激励更多年轻学子继承前辈科研精神, 投身我国动物遗传育种事业。