

DOI: 10.1360/yc-007-1071

猪 α 1-岩藻糖转移酶基因(*FUT1*) M857 位点遗传变异分析

吴圣龙¹, 包文斌¹, 鞠慧萍¹, 朱国强², 李碧春¹, 陈国宏¹

1. 扬州大学动物科学与技术学院, 扬州 225009;
2. 扬州大学兽医学院, 扬州 225009

摘要: 肠毒素大肠杆菌 (ETEC) F18 是引起仔猪断奶后水肿和腹泻病的主要病原菌, α -1 岩藻糖转移酶(*FUT1*)基因是 ECEC F18 侵袭猪小肠的受体蛋白基因。利用 PCR-RFLP 方法检测了 1 个野猪以及 20 个中外家猪猪种(群)共 696 个个体在 *FUT1* 基因开放阅读框架的 857 核苷酸位点的遗传变异, 结果表明: 在所有猪种中, 均未检测到抗性的 AA 型纯合子, 在外来猪种杜洛克和约克夏、国内猪种临高猪和杂交猪种中检测到 AG 型杂合子, 外来猪种中的皮特兰、长白猪以及除临高猪外的所有国内猪种和野猪均表现为极端的单态分布, 只有易感的 GG 基因型。研究结果提示, 中国地方猪种不具备抵抗 ETEC F18 大肠杆菌的遗传基础, 与外来猪种确实存在差异, 这种差异可能与各自不同的起源有关, ETEC F18 抗性基因可能起源于欧洲野猪; 并推测猪种的生长速度与 ETEC F18 大肠杆菌病的发生具有密切的关系。

关键词: 大肠杆菌 F18; *FUT1* 基因; 遗传变异

Analysis of genetic variations at M857 locus of the α 1-Fucosyl-transferase (*FUT1*) ORF in pigs

WU Sheng-Long¹, BAO Wen-Bin¹, JU Hui-Ping¹, ZHU Guo-Qiang², LI Bi-Chun¹, CHEN Guo-Hong¹

1. College of Animal Science and Technology, Yangzhou University, Yangzhou 225009 China;
2. College of Veterinary Medicine, Yangzhou University, Yangzhou 225009 China

Abstract: Enterotoxigenic *Escherichia coli* F18 (ETEC F18) is the main pathogen that causes edema disease and post-weaning diarrhea in piglets, and α 1-fucosyltransferase (*FUT1*) gene has been identified as a receptor gene encoding the receptor for ETEC F18 bacteria. In this study, the method of PCR-RFLP was used to investigate the among 21 breeds including one wild boar breed and 20 western commercial and Chinese native pig breeds (populations). The results showed that none of the individuals in all 21 breeds possessed the resistant AA genotype, the genetic polymorphisms of the *FUT1* locus were only detected in two western pig breeds (Duroc and Yorkshire), Lingao pig and hybrid pig breeds, while the wild boar and all the other Chinese pig breeds only possessed the susceptible GG genotype. The results indicated that Chinese native pig breeds, unlike western pig breeds, lack the genetic background on the resistance to ETEC F18 bacteria. This may be owe to their different origination, as the resistance gene to ETEC F18 might be originated from European wild boar. It

收稿日期: 2007-03-19; 修回日期: 2007-05-11

基金项目: 江苏省高技术研究计划项目(编号: BG2006302)和扬州大学自然科学基金资助项目(编号: NK0513119)[Supported by Program of Development Strategies of Science and Technology of Jiangsu Province(No. BG2006302) and Program of Nature Science Fund of Yangzhou University(No. NK0513119)]

作者简介: 吴圣龙(1963-), 男, 江苏泰兴人, 博士, 副研究员, 研究方向: 动物遗传资源评价、保护与利用研究。E-mail: yddkws1@163.com
通讯作者: 陈国宏(1963-), 男, 江苏扬州人, 教授, 博士生导师, 研究方向: 动物遗传资源评价、保护与利用研究。E-mail: ghchen@yzu.edu.cn

was also inferred that edema disease and post-weaning diarrhea caused by ETEC F18 had close relationship with the growth speed of pigs.

Keywords: *Escherichia coli* F18; *FUT1* gene; genetic variation

在猪病中,断奶前后仔猪腹泻和水肿病是由肠毒素大肠杆菌(*Enterotoxigenic Escherichia coli*, ETEC)F18 引起的最常见的急性、致死性传染病,该病发病率和死亡率均较高,治愈率很低^[1]。ETEC F18 能否致病直接取决于仔猪小肠黏膜上皮细胞刷状缘有无与F18黏附素相应的受体,即*E. coli* F18受体(ETEC F18R)^[2]。Vogeli等^[3]研究表明,*FUT1*基因是ETEC F18受体蛋白基因,位于猪染色体6q11区段,开放阅读框(ORF)的长度为1 098 bp; Meijerink等^[4]研究也表明, $\alpha 1$ 岩藻糖转移酶基因(*FUT1*)开放阅读框架M307和M857处可存在G/A突变位点,并且均是G对A为显性,即AA型为ETEC F18R抗性猪,GG型为敏感猪,杂合子AG型也同样为敏感猪,Meijerink等^[4]将*FUT1*作为ETEC F18R的候选基因,在250头的瑞士大约克、杜洛克、汉普夏、皮特兰等猪种中进行基因型测定,依据测定结果通过适当的选种选配,成功实施了抗性育种。

国内外大多数*FUT1*基因的研究均集中在其M307位点的多态性分析^[5-9],然而对M857位点的研究相对较少。鉴于上述情况,本研究有选择性地系统分析了野猪和国内外20个家猪品种共计696个个体在*FUT1*基因M857位点的多态性,并对M857位点进行了克隆、测序,从DNA水平进一步证明对该位点多态性分析的可靠性,旨在为抗病育种提供详实的参考数据。

1 材料和方法

1.1 实验材料

实验动物杜洛克猪、约克夏猪、长白猪和淮猪采自安徽省农科院种猪场,皮特兰猪采自常熟市畜禽良种场,梅山猪、枫泾猪、二花脸猪和苏太猪采自江苏省苏州市苏太猪育种中心基因库,东北民猪和松辽黑猪采自吉林省农科院种猪场,乐平花猪、万安花猪和修水杭猪分别采自江西省乐平市、万安县和修水县的畜牧良种场,荣昌猪采自重庆市畜牧科学研究院荣昌猪实验场,临高猪采自海南省临高

县种猪场,五指山猪采自海南省农科院五指山猪育种中心,藏猪采自西藏自治区林芝地区,苏姜猪采自江苏省姜堰市种猪场,三元杂交猪采自江苏省扬州市三元杂交瘦肉型猪繁殖场,野猪采自安徽省金寨县。每个个体采耳组织块约1.0 g,放入1.5 mL的Eppendorf管内于冰盒中取回实验室备用。

1.2 组织DNA提取

猪耳组织DNA的提取采用常规酚/氯仿抽提法^[10]。

1.3 引物设计和PCR条件

根据GenBank上公布的猪*FUT1*基因序列L50534设计引物,正向:5'-TTACCTCCAGCAG-GCTATGGAC-3',反向:5'-ACCAGCAGCGCAAA-GTCCCTGAC-3',预期扩增片段为174 bp。引物送交上海基康生物技术有限公司合成。

M857位点PCR反应总体系25 μ L,包括基因组DNA(100 ng/ μ L)2 μ L,10 \times buffer 2.5 μ L,dNTP(2.5 mmol/ μ L)混合物2 μ L,引物(5 pmol/L)各2 μ L,*Taq*酶(5 U/ μ L)0.2 μ L,加灭菌蒸馏水补足至25 μ L。M307位点PCR扩增条件为:94 $^{\circ}$ C预变性5 min,94 $^{\circ}$ C变性40 s,56 $^{\circ}$ C复性40 s,72 $^{\circ}$ C延伸45 s,共进行30个循环,然后72 $^{\circ}$ C后延伸10 min,最后放入4 $^{\circ}$ C保存备用。

1.4 PCR产物酶切反应

选用*Aci*对PCR产物进行消化,酶切反应总体系为10 μ L,包括PCR扩增产物3 μ L,限制性内切酶0.2 μ L(10 U/ μ L),10 \times buffer 1 μ L,ddH₂O 5.8 μ L,置37 $^{\circ}$ C恒温反应2 h后经8%的聚丙烯酰胺凝胶电泳银染分析。

1.5 PCR产物克隆和序列测定

采用DNA Fragment Purification Kit纯化得到的PCR产物,16 $^{\circ}$ C条件下与pMD18-T Vector连接12 h,并转化至大肠杆菌DH5 α 感受态,筛选出阳性重组菌后,进一步抽提重组菌质粒DNA,经*Bam*H

和 *Hind* 限制性内切酶双酶切后, 经 1.0% 琼脂糖电泳检测证实插入目的片段与预期的片段大小相一致。用 RV-M 和 M13-47 通用引物对鉴定的阳性克隆 5 端和 3 进行测序。

2 结果与分析

2.1 PCR 扩增

21 个猪种 696 个个体在 M857 位点的 PCR 扩增产物经 10% 的聚丙烯酰胺凝胶电泳检测见图 1, 为 174 bp, 与预期的扩增片段大小相一致。

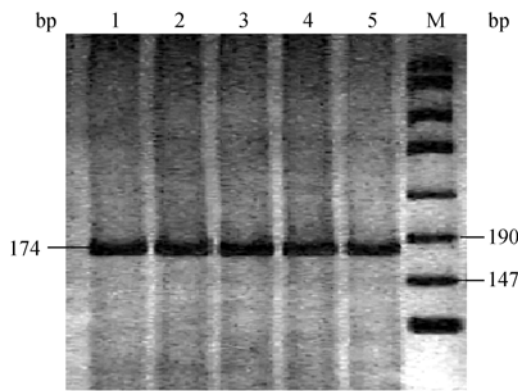


图 1 *FUT1* 基因 M857 扩增产物
M: pUC19 DNA/*Msp* I (*Hpa*)标准分子量。
Fig. 1 PCR amplified products of *FUT1* gene
M: pUC19 DNA/*Msp* I (*Hpa*)Markers

2.2 M307 的 PCR-RFLP 分型

FUT1 基因 M857 扩增产物经限制性内切酶 *Aci* I 酶切后仅产生 2 种带型, 其基因型分别定义为 *GG* 和 *AG*, 带型 为 136 bp/38 bp, 带型 为 174 bp/136 bp/38 bp(图 2)。带型 说明等位基因 G 存在一个 *Aci* 酶切位点, 扩增产物能被 *Aci* 完全消化; 当该位点发生点突变后, 由于酶切位点的消失仅产

生 174 bp 的片段, 与被消化片段形成杂合子就形成了带型 。

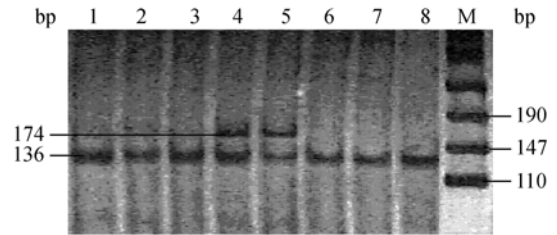


图 2 *FUT1* 基因 M857 扩增产物 *Aci* I 酶切图
M: pUC19 DNA/*Msp* I (*Hpa*)标准分子量; 1~3, 6~8 : *GG* 型; 4, 5 : *AG* 型。
Fig. 2 PCR amplified products of *FUT1* gene digested by *Aci*
M was pUC19 DNA/*Msp* I (*Hpa*) marker; 1~3, 6~8: *GG*; 4, 5: *AG*.

2.3 *FUT1* 基因 M857 的序列测定结果和分析

在 M857 位点处, 由于该位点未找到 *AA* 型纯合子, 随机挑选 3 个 *GG* 型个体和 6 个 *AG* 型个体进行克隆和测序, 结果发现 M857 处 *GG* 型个体碱基为 C, 6 个 *AG* 型个体在该位点处碱基 C 突变成 T(图 3); 在其他位点处序列与 GenBank 报道的一致。从上述 *FUT1* 基因 M857 序列测定表明 M857 处存在 C/T 突变, 而并非 A/G 突变。

2.4 各猪种 *FUT1* 基因 M857 的基因频率和基因型频率

根据 21 个猪种 M857 位点带型的测试和分析, 各猪种基因型频率和基因频率统计结果见表 1。

在所有检测的猪种中, 均未检测到 *AA* 型纯合子, 只有在外来猪种杜洛克和约克夏中检测到 *AG* 型杂合子, 外来猪种中的皮特兰、长白猪以及除临高猪外的所有国内猪种和野猪均未发现 *AA*、*AG* 型

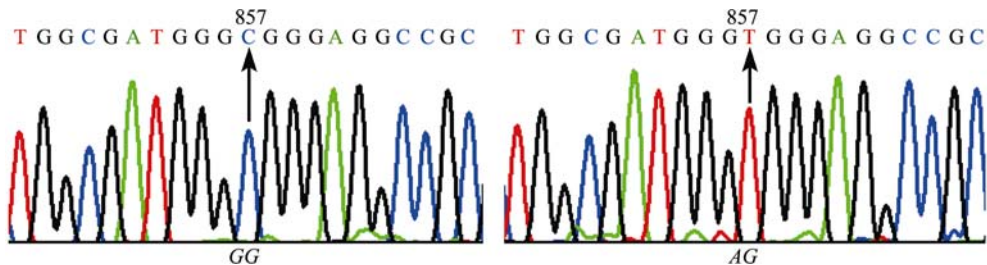


图 3 *GG*和*AG*基因型M857处突变的测序峰图
Fig. 3 The mutation at M857 locus in *GG* and *AG* genotype

表 1 各猪种 *FUT1* 基因 M857 的基因型频率及其等位基因频率Table 1 Genotype frequencies and allele frequencies of *FUT1* gene in various pig breeds

猪种 Breeds	数量 Number	基因型频率 Genotype frequency		基因频率 Allele frequency	
		AG	GG	A	G
杜洛克 Duroc pig	32	6(0.188)	26(0.812)	0.094	0.906
约克夏 Yorkshire pig	31	11(0.355)	20(0.645)	0.178	0.822
皮特兰 Pietrain pig	18	0(0.000)	18(1.000)	0.000	1.000
长白猪 Landrace pig	28	0(0.000)	28(1.000)	0.000	1.000
二花脸 Erhualian pig	19	0(0.000)	19(1.000)	0.000	1.000
枫泾猪 Fengjing pig	23	0(0.000)	23(1.000)	0.000	1.000
梅山猪 Meishan pig	50	0(0.000)	50(1.000)	0.000	1.000
淮猪 Huai pig	35	0(0.000)	35(1.000)	0.000	1.000
乐平花猪 Leping spotted pig	35	0(0.000)	35(1.000)	0.000	1.000
修水杭猪 Xiushuihang pig	36	0(0.000)	36(1.000)	0.000	1.000
万安花猪 Wan spotted pig	31	0(0.000)	31(1.000)	0.000	1.000
临高猪 Lingao pig	31	9(0.290)	22(0.710)	0.145	0.855
东北民猪 Northeast min pig	14	0(0.000)	14(1.000)	0.000	1.000
荣昌猪 Rongchang pig	26	0(0.000)	26(1.000)	0.000	1.000
松辽黑猪 Songliao black pig	19	0(0.000)	19(1.000)	0.000	1.000
五指山猪 Wuzhishan pig	30	0(0.000)	30(1.000)	0.000	1.000
藏猪 Tibetan pig	42	0(0.000)	42(1.000)	0.000	1.000
苏姜猪 Sujiang pig	32	2(0.000)	30(1.000)	0.063	0.937
苏太猪 Sutai pig	98	5(0.051)	93(0.949)	0.025	0.975
三元杂交猪 Hybrid pig	40	24(0.600)	16(0.400)	0.300	0.700
亚洲野猪 Asian wild boar	26	0(0.000)	26(1.000)	0.000	1.000

个体, 全部为 *GG* 型个体, 呈极端偏态分布。临高猪和杂交猪种均检测到 *AG* 型和 *GG* 个体。

3 讨论

对本研究 21 个猪种中的 *FUT1* 基因开放阅读框 857 bp 位点的多态性进行分析, M857 位点经 *Aci* 酶切后仅产生两种不同的酶切片段, 其中外来猪种中杜洛克和约克夏同时存在 *AG* 和 *GG* 两种基因型; 国内地方猪种中, 临高猪表现得较为特殊, 31 个临高猪中有 9 个个体存在 *AG* 型, 其余猪种均仅存在 *GG* 型, 这一结果与晏学明等^[6,7]在研究 M307 时检测到国内地方猪种中除临高猪外均仅存在 *GG* 型相一致。对于临高这一猪种在研究该基因时所表现的特殊性以及 M307 和 M857 两位点间是否存在一定的相关还是值得探讨的问题。

M857 位点只有在外来猪种杜洛克和约克夏中检测到 *AG* 型杂合子, 外来猪种中的皮特兰、长白猪

以及除临高猪外所有的国内地方猪种均未发现 *AA* 型纯合子和 *AG* 型杂合子, 均为 *GG* 型纯合子, 呈极端偏态分布。晏学明^[11]对外来猪种和国内地方猪种 *FUT1* 基因 M857 位点研究中也发现, 所有的国内地方猪种均不存在 *AA* 基因型和 *AG* 基因型, 全部为 *GG* 基因型, 呈极端偏态分布; 而外来猪种 M857 位点基因具有多态型, 均检测到 *AA* 基因型。晏学明等^[6,7]、施启顺等^[8]和刘月环^[9]等人分别对杜洛克、皮特兰、约克夏、长白猪和汉普夏等对 5 个外来猪种和几十个国内地方猪种 M307 位点的研究中, 发现所有的地方猪种均未检测到 *AA* 型个体, 而且除临高猪外, 所有的国内地方猪种均未发现 *AG* 型个体, 全部为 *GG* 型, 呈极端偏态分布, 而杜洛克、皮特兰、约克夏和长白猪等外来猪种中 M307 位点基因具有多态性。这与本研究 M857 位点的结果一致, 可见 M307 位点和 M857 位点在外来猪种中具有多态性, 但在中国地方猪种中没有 *AA* 基因型存在。

对 M857 位点克隆和测序的结果发现, 该位点存在 C/T 突变, 突变的结果导致氨基酸由精氨酸变为色氨酸, Meijerink 等^[4]在国外猪种中发现该位点突变为 A/G, 氨基酸改变为精氨酸到谷氨酸, 与本研究的结果不一致。这也表明中国猪种和国外猪种抗病性状的遗传基础可能存在差异。该位点的变异是否在中国猪种中具有普遍性, 还有待进一步验证。

本实验结果和相关研究均表明中国地方猪种均不具备抵抗 ETEC F18 大肠杆菌的遗传基础, 我们认为这种差异并非由于众多中国地方猪种 *FUT1* 基因研究中所分析的猪种以及每个猪种所包括的猪数量均偏少, 或每个猪种所测猪群血源太窄, 而是由于在抵抗 ETEC F18 大肠杆菌病的遗传基础上与外来猪种确实存在差异。中国地方猪种起源于亚洲野猪, 外来猪种起源于欧洲野猪^[12,13], 本试验亚洲野猪全部为 GG 型, 呈极端偏态分布; 中国地方猪种与外来猪种 *FUT1* 基因 M857 遗传背景的差异也可能与这种不同的起源有关, 本试验虽然未能获得欧洲野猪的样本, 但有理由相信 ETEC F18 抗性基因可能起源于欧洲野猪。

国内近 10 个省份 ETEC F18 大肠杆菌病(主要诱发仔猪水肿病)的流行病学调查结果表明, 外来猪种和含外血的杂种猪发病率高于国内地方品种猪^[14], 这种普遍现象一方面进一步证实抵抗 ETEC F18 大肠杆菌病的遗传基础上与外来猪种确实存在差异, 另一方面似乎与中国地方猪种不具备抵抗 ETEC F18 大肠杆菌的遗传基础这一事实不符。本研究初步推测, 猪种的生长速度与 ETEC F18 大肠杆菌病的发生具有密切的关系, 猪种较高的生长速度往往伴随着较高发病率的产生, 国内外养猪生产实践中生长速度快的仔猪发病率高于生长速度慢的仔猪这一事实充分证实了这个推断。在长期的进化过程中, *FUT1* 基因可能发生突变, 在外来猪种长期的培育和选择过程中, 外来猪种更侧重生长速度的提高和改良, 针对生长速度的高度人工选择, 往往引发水肿病发病率的快速上升, 猪种为了适应这种高强度的选择压力, 致使 A 基因的基因频率上升; 而国内地方猪种在进化和形成过程中受到的生长速度方面的选择压力很小, 生长速度普遍较低, 虽然不具有抗性基因, 但 ETEC F18 大肠杆菌病的发病率仍然明显低于国外生长速度较快的猪品种。

在养猪生产实践中, 为了克服地方猪种生长速

度较慢这一缺点, 近年来已大量引入外来猪种进行杂交改良, 杂交后代在生长速度提高的同时, 水肿病的发病率也会随之提高, 尽管近年来养猪生产中营养条件和环境条件已得到大大改善, 但是在这种情况下, 全国猪水肿病的发病率仍然呈逐年上升趋势^[14]。究其原因, 主要是因为养猪生产中, 国内地方猪种的比例呈逐年下降趋势, 杂交猪种和外来猪种的饲养规模不断扩大, 目前已占我国养猪生产的主导地位。可见, 虽然在生产实践中可以通过控制诱发猪水肿病发生的诸多因素, 使之在一定程度上降低 F18 大肠杆菌病的发生率, 但提高抗性基因 A 的基因频率仍然十分必要。中国地方猪种普遍生长速度较慢, 猪水肿病的发病率很低, 因此, 不需要针对 *FUT1* 基因而改变中国地方猪种固有的遗传结构。但在商品化养猪生产中, 例如在三元杂交猪的生产中, 建议引进外来猪种时应当选用 *FUT1* 基因 AA 型纯合子作为第一父本和终端父本, 针对这种基因型进行标记辅助选择和标记辅助选配, 培育出专门化的抗病配套系, 进而从遗传基础上降低猪水肿病的发病率。

参考文献(References):

- [1] Imberechts H, De Greve H, Schlicker C, Bouchet H, Pohl P, Charlier G, Bertschinger H, Wild P, Vandekerckhove J, van Damme J. Characterization of F107 fimbriae of *Escherichia coli* 107/86, which causes oedema disease in pigs and nucleotide sequence of F107 major fimbrial subunit gene, *fedA*. *Infect Immun*, 1992, 60(5): 1963-1971.
- [2] SHI Qi-Shun, XIE Xin-Min, LIU Xiao-Chun, HUANG Sheng-Qiang, HE Chang-Qing. Experimental results on enterotoxigenic *E.coli* F18 receptor genotypes. *Hereditas (Beijing)*, 2002, 24(6): 656-658.
施启顺, 谢新民, 柳小春, 黄生强, 贺长青. 猪肠毒素大肠杆菌 (ETEC) F18 受体基因型检测报告. *遗传*, 2002, 24(6): 656-658.
- [3] Vogeli P, Meijerink E, Fries R, Stricker C, Bertschinger H U. A molecular test for the detection of *E.coli* F18 receptors: a breakthrough in the struggle against oedema and post-weaning diarrhoea in swine. *Schweiz Arch Tierheilk*, 1997, 139(11): 479-484.
- [4] Meijerink E, Fries R, Vogeli P, Masabanda J, Wigger G, Stricker C, Neuenschwander S, Bertschinger HU, Stranzinger G. Two α (1,2) fucosyltransferase genes on porcine chromosome 6q11 are closely linked to the blood group inhibitor (S) and *Escherichia coli* F18 receptor (ECF18R) loci. *Mamm Genome*, 1997, 8: 736-741. [DOI](#)
- [5] Klukowska J, Urbaniak B, Switonski M. High frequency

- of M307^A mutation at FUT1 locus, causing resistance to oedema disease, in an autochthonous polish pig breed, the Zlotnicka Spotted. *J Anim Breed Genet*, 1999, 116(6): 519–524. [DOI](#)
- [6] YAN Xue-Ming, REN Jun, GUO Yuan-Mei, DING Neng-Shui, CHEN Ke-Fei, GAO Jun, AI Hua-Shui, CHEN Cong-Ying, MA Jun-Wu, HUANG Lu-Sheng. Research on the genetic variations of α 1-Fucosyltransferase (*FUT1*) gene in 26 pig breeds. *Acta Genetica Sinica*, 2003, 30(9): 830–834.
晏学明, 任军, 郭源梅, 丁能水, 陈克飞, 高军, 艾华水, 陈从英, 麻骏武, 黄路生. 猪 α 1岩藻糖转移酶基因(*FUT1*)在26个中外猪种中的遗传变异研究. *遗传学报*, 2003, 30(9): 830–834.
- [7] YAN Xue-Ming, GUO Yuan-Mei, DING Neng-Shui, REN Jun, HUANG LU-Sheng. Study on the genetic variation of α 1-fucosyltransferase gene in different pig breed. *Chin Journal of Animal Science*, 2004, 40(3): 8–10.
晏学明, 郭源梅, 丁能水, 任军, 黄路生. 不同品种猪 α 1岩藻糖转移酶基因遗传变异初析. *中国畜牧杂志*, 2004, 40(3): 8–10.
- [8] SHI Qi-Shun, HUANG Sheng-Qiang, LIU Xiao-Chun, HE Chang-Qing, JIANG Jun. Polymorphism of *E.coli* F18 receptor gene in different pig breeds. *Acta Genetica Sinica*, 2003, 30(3): 221–224.
施启顺, 黄生强, 柳小春, 贺长青, 蒋隽. 不同猪种 *E.coli* F18 受体基因的多态性. *遗传学报*, 2003, 30(3): 221–224.
- [9] LIU Yue-Huan. Study on effects of halothane gene and *FUT1* gene for the performances of swine[Dissertation]. Zhejiang University, 2001.
- 刘月环. 氟烷基因与 *FUT1* 基因对猪生产性能效应的研究[学位论文]. 浙江大学, 2001.
- [10] Sambrook J, Russell DW. *Molecular Cloning: A Laboratory Manual*. New York: CSHL Press, 2001.
- [11] YAN Xue-Ming. Research on the genetic variations and cSNPs screening and identification of natural resistance-associated macrophage protein 1 (NRAMP1) gene and α 1-Fucosyltransferase (*FUT1*) gene in pig[Dissertation]. Jiangxi Agricultural University, 2003.
晏学明. 猪自然抗性相关巨噬蛋白 1 基因 (NRAMP1) 和 α 1-岩藻糖转移酶基因 (*FUT1*) 遗传变异及 cSNPs 的搜寻、鉴别分析[学位论文]. 江西农业大学, 2003.
- [12] Giufra E, Kijas JMH, Armager V, Carlborg O, Jeon JT, Andersson L. The origin of the domestic pig: independent domestication and subsequent introgression. *Genetics*, 2000, 154: 1785–1791.
- [13] HAN Hong-Jin, WU Gui-Sheng, SHI Xian-Wei, ZHANG Ya-Ping. Sequence variation of *TYR* exon 1 and origin of pigs. *Hereditas (Beijing)*, 2005, 27(5): 719–723.
韩洪金, 吴桂生, 史宪伟, 张亚平. *TYR* 基因外显子 1 的序列变异与家猪的起源研究. *遗传*, 2005, 27(5): 719–723.
- [14] HE Wei-Ming, JIANG Yan-Fen, LUO Wen-Huan, HUANG Jian-Wen, ZHANG Ying-Jiang, LI Ming-Quan, LIU Bei-Zhan. Pathogenic diagnosis and epidemiological investigation on edema disease of pigs. *Acta Agriculturae Boreali-occidentalis Sinica*, 2001, 10(4): 1–5.
何维明, 姜艳芬, 罗文焕, 黄建文, 张迎江, 李明全, 刘备战. 猪水肿病流行病学调查和病原诊断研究. *西北农业学报*, 2001, 10(4): 1–5.

中国免疫学杂志

《中国免疫学杂志》是中国免疫学会会刊(1985年创刊),由中国科协主管,中国免疫学会和吉林省卫生厅主办,是国家自然科学基金核心期刊,代表着中国免疫学的研究前沿,代表着中国免疫学的整体水平和特色。

刊载内容:国家自然科学基金、国家高科技发展规划(“863”)、国家重点基础研究发展规划(“973”)等项目中,同时重视解决实际问题的应用性文章,并根据实际需要及时调整栏目设置。报道范围逐年增加,涉及生命科学的各个分支学科。

主要栏目:分子与细胞免疫学、中医中药免疫学、遗传免疫学、肿瘤免疫学、抗感染免疫学、移植免疫学、生殖免疫学、神经内分泌与免疫、兽医免疫学、临床免疫学、免疫学技术与方法、SARS与免疫、述评等。

技术指标:1989年以来,被美国《化学文摘》(CA)收为统计源期刊。被收录入中国科学引文数据库、中国核心期刊(遴选)数据库、万方数据资源系统数据化期刊群、中文核心期刊要目总览(第四版)、中国生物医学文献光盘数据库、中文科技期刊数据库、中国生物学文献数据库、中国学术期刊综合评价数据库源期刊等以及中文科技资料目录—医药卫生(光盘版)核心期刊。被中国学术期刊文摘、中国药学年摘、中国生物学文摘、中国医学文摘 14家分册摘引。

联系方式:

地址:长春市建设路971号 中国免疫学杂志编辑部, 邮政编码:130061

电话/传真:0431-88925027 E-mail:zhmizazh@126.com 联系人:许四平