

3个黄牛品种的 *myostatin* 5'调控区多态与生长性状的相关分析

张润锋^{1,3}, 陈宏^{1,2*}, 雷初朝¹, 张春雷^{1,2}, 张海军², 鲍斌²,
陈付英¹, 王轶敏⁴, 牛晖⁴, 王新庄⁴

(1. 西北农林科技大学动物科技学院 陕西省农业分子生物学重点实验室, 杨凌 712100;
2. 徐州师范大学细胞与分子生物学研究所, 徐州 221116; 3. 湖北师范学院生物系, 黄石 435002;
4. 河南省肉牛工程技术研究中心, 郑州 450003)

摘要: 用 PCR-RFLPs 方法对南阳牛、秦川牛、郟县红牛 3 个品种共 411 个个体的 *myostatin* 5'调控区的单核苷酸多态性(SNPs)进行分析。结果表明, 3 个品种在 *myostatin* 5'调控区 T→A 突变以等位基因 T 为主, 仅在郟县红牛中发现 1 个 AA 型纯合体, 郟县红牛品种显著偏离 Hardy-Weinberg 平衡状态 ($P < 0.05$), 其它品种处于 Hardy-Weinberg 平衡状态 ($P > 0.05$)。对黄牛 *myostatin* 5'调控区 T→A 突变与南阳牛、秦川牛和郟县红牛生长性状进行相关分析, 结果显示, TT 型南阳牛 6 月龄的胸围和胸围指数显著低于 TA 型个体, TT 型南阳牛 18 月龄的体高显著高于 TA 型个体 ($P < 0.05$), 但基因型对秦川牛和郟县红牛生长性状的效应不显著 ($P > 0.05$)。提示在南阳牛的育种实践中应该综合考虑南阳牛生长阶段和所要选择的性状。

关键词: *myostatin* 5'调控区; 突变; 生长性状; 黄牛

中图分类号: S823.8⁺¹.2

文献标识码: A

文章编号: 0366-6964(2007)12-1273-06

Association Analysis on *Myostatin* 5' Regulatory Region Polymorphism and Growth Traits in Three Cattle Breeds

ZHANG Run-feng^{1,3}, CHEN Hong^{1,2*}, LEI Chu-zhao¹, ZHANG Chun-lei^{1,2}, ZHANG Hai-jun²,
BAO Bin², CHEN Fu-ying¹, WANG Yi-min⁴, NIU Hui⁴, WANG Xin-zhuang⁴

(1. Shaanxi Key Laboratory of Molecular Biology for Agriculture, College of Animal Science and Technology, Northwest A&F University, Yangling 712100, China; 2. Institute of Cellular and Molecular Biology, Xuzhou Normal University, Xuzhou 221116, China;
3. Department of Biology, Hubei Normal University, Huangshi 435002, China; 4. Research Center of Beef Cattle Engineering and Technology in Henan, Zhengzhou 450003, China)

Abstract: Single nucleotide polymorphisms (SNPs) of *myostatin* 5' regulatory region in Nanyang, Qinchuan and Jiaxian Red cattle breeds were analyzed by PCR-RFLPs. The results showed that the allele T was dominant in the three breeds for the T→A mutation, and only one homozygous AA individual was detected in Jiaxian Red cattle which was at Hardy-Weinberg disequilibrium ($P < 0.05$). The Nanyang and Qinchuan populations were at Hardy-Weinberg equilibrium ($P > 0.05$). The effects of the T→A mutation on growth traits of the three breeds were also estimated. The results showed that six-month Nanyang cattle with genotype TT had lower heart girth and heart girth index than individuals with TA genotype, eighteen-month Nanyang cattle

收稿日期: 2006-12-13

基金项目: 国家“863”计划项目(2006AA10Z197); 国家科技支撑计划(2006BAD01A10-5); 国家自然科学基金(30771544); 河南省杰出人才创新基金项目(0521001900); 西北农林科技大学拔尖人才支持计划项目; 徐州师范大学专项基金资助

作者简介: 张润锋(1977-), 男, 陕西武功人, 博士, 主要从事动物遗传学研究, E-mail: zrfeng163@126.com

* 通讯作者: 陈宏, E-mail: chenhong1212@263.net

with TT genotype had higher withers heights than animals with TA genotype ($P < 0.05$), but the effects of *myostatin* genotypes on growth traits were not significant in Qinchuan cattle and Jiaxian Red cattle. These results indicated that the growth stages and the selected traits should be comprehensively considered in the breeding practice of Nanyang cattle.

Key words: *myostatin* 5' regulatory region; mutations; growth traits; cattle

Myostatin (MSNT), 亦称 GDF-8 (Growth and differentiation factor 8), 为肌肉生长抑制素, 属于 TGF- β (Transforming and growth factor- β) 超家族。Myostatin 是肌肉生成的负调控因子, 抑制成肌细胞增殖和成肌分化, 与动物骨骼肌总量的调节有关。Myostatin 功能缺失小鼠的骨骼肌组织是野生型小鼠的 2~3 倍^[1]。在肉牛中, *myostatin* 基因功能区的突变与双肌表型密切相关, 突变纯合体和杂合体肉牛均表现出肌肉发达、初生重增加、生长速度快等优势^[2,3]。许多牛的 *myostatin* 等位基因已经被发现, 但大部分是沉默突变和中性突变^[4]。已经发现牛的 6 个功能性突变是导致不同品种个体之间出现极端表型的主要原因, 但也发现有些品种的双肌表型与这些突变无关的现象^[5]。

南阳、秦川牛和郟县红牛是著名的役肉兼用品种, 以其结构紧凑, 肌肉较发达, 耐粗饲, 抗逆性强, 适应性好, 肉质细嫩, 味道鲜美著称, 是中国地方黄牛 3 大优良品种, 已被列入国家级种质资源保护对象。南阳、秦川和郟县红牛在我国黄牛改良中起到了重要作用, 但是与世界大型肉牛品种相比还存在着后躯欠发达、屠宰率低、生长速度较慢、泌乳量较少等缺陷, 不符合肉牛品种要求。因此, 如何在保持 3 个黄牛品种优良特性的基础上, 尽快纠正其不足, 提高其生产性能已成为当前发展的重中之重, 也是保种育种工作的关键所在。

本研究利用 PCR-RFLPs 技术首次分析了南阳、秦川牛、郟县红牛 *myostatin* 5' 调控区的遗传特性, 探讨了 *myostatin* 5' 调控区多态对南阳牛、秦川牛和郟县红牛生长发育的影响, 以期为中国黄牛品种改良和繁育提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 材料和资料来源

210 头 24 月龄南阳牛采自河南省南阳牛良种繁育场, 93 头 4 月龄秦川牛来自陕西省渭南市秦川牛保种区, 108 头 24 月龄郟县红牛来自河南省郟县主产区。颈静脉采血, ACD 抗凝, 置于冰盒迅速带

回实验室, -80°C 保存备用。

南阳牛的生长性状资料由南阳牛良种繁育场提供。秦川牛和郟县红牛的资料在采血时当场测量并记录。南阳牛的生长性状包括: 体重, 体高, 体斜长, 坐骨端宽, 胸围, 初生重, 不同阶段平均日增重, 体长指数, 胸围指数, 体躯指数。秦川牛和郟县红牛的生长性状包括: 体高, 体斜长, 坐骨端宽, 胸围, 十字部高, 尻长, 腰角宽, 管围 (仅郟县红牛有记录), 体长指数, 胸围指数, 体躯指数, 管围指数 (仅郟县红牛有记录)。

1.2 方法

按照 Chen 等^[6] 方法从全血中提取基因组 DNA, 紫外分光光度计测定浓度后, -80°C 保存备用。按照 Crisa 等^[7] 设计引物, 引物序列为: 5'-CCCTACAGAGGCCACTTCAA-3' 和 5'-CTCGC TGTTCATTCAGATC-3'。引物由上海生物工程有限公司合成。PCR 反应体系为 25 μL , 包括 1 U *Taq* DNA 聚合酶 (TaKaRa, China), 1.5 mmol/L MgCl_2 , 10 \times Buffer, 200 $\mu\text{mol/L}$ dNTPs, 100 ng 基因组 DNA, 上下游引物各 0.20 $\mu\text{mol/L}$ 。PCR 反应步骤为 94 $^{\circ}\text{C}$ 预变性 4 min; 94 $^{\circ}\text{C}$ 变性 30 s, 63 $^{\circ}\text{C}$ 退火 40 s, 72 $^{\circ}\text{C}$ 延伸 2 min, 35 个循环; 72 $^{\circ}\text{C}$ 延伸 10 min。检测后的 PCR 产物, 按照限制性内切酶的使用说明书, 使用 *Dra*I、*Taq*I、*Hinf*I、*Hae* III、*Hind* III 进行酶切反应。酶切产物用 3% 琼脂糖凝胶电泳, EB 染色, Bio-Rad 凝胶成像系统照相, 分型。

1.3 统计方法

对酶切后的基因型进行统计, 计算基因频率和基因型频率, 并进行 χ^2 检验。计算多态信息含量 (PIC)^[8], 有效等位基因数 (N_e)^[9], 位点杂合度 (h)^[10] 和 Shannon's 信息熵^[9]。

采用 SAS 软件 (Version 8.0) GLM (General Linear Models) 程序, 依据分析的性状和试验具体情况建立模型, 分析基因型对生长发育性状的影响:

$$y_{ijkl} = \mu + \text{Marker}_i + \text{Age}_j + (M \cdot A)_k + (\text{Marker}/\text{Age})_l + \epsilon_{ijkl}$$

式中, y 为性状表型值, μ 为群体均值, *Marker*

为标记效应, Age 为年龄效应, $M \cdot A$ 为标记与年龄之间的互作效应, $Marker/Age$ 为年龄内标记效应, ε_{ijkl} 为残差效应。

2 结果与分析

2.1 南阳、秦川牛和郟县红牛 *myostatin* 5'调控区的 PCR-RFLP 分析

对牛 *myostatin* 5'调控区的 PCR 扩增得到大小为 1 346 bp 的条带, 位于牛 *myostatin* 序列 (GenBank 登录号 AF348479) 的 9 142~10 486 bp 之间。利用限制性内切酶 *Dra*I、*Taq*I、*Hinf*I、*Hae* III、*Hind* III 消化后, 只有 *Dra*I 酶切表现多态性。牛 *myostatin* 5'调控区 *Dra*I 酶切多态是由于-371 位碱基 (相对于 ATG start codon 而言) T→A 突变引起的^[7]。PCR 产物经过 *Dra*I 酶切后, TT 型个体表现为 505、427、321 和 93 bp, AA 型个体表现为 505、365、321、93 和 62 bp, TA 型个体表现为 505、427、365、321、93 和 62 bp (图 1)。

表 1 3 个黄牛品种 *myostatin* 5'调控区 *Dra*I 多态位点的基因型频率和基因频率

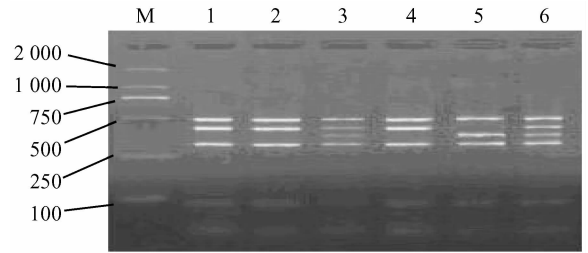
Table 1 Frequencies of genotype and allele of *myostatin* 5' regulatory region digested by *Dra*I in three cattle breeds

品种 Breeds	个体数 Individuals	基因型频率 Genotype frequencies			等位基因频率 Allele frequencies	
		TT	TA	AA	T	A
南阳牛 Nanyang	210	0.910	0.090	0.000	0.955	0.045
秦川牛 Qinchuan	93	0.946	0.054	0.000	0.973	0.027
郟县红牛 Jiaxian Red	108	0.935	0.056	0.009	0.972	0.028

基因型, 还出现了 1 个 AA 纯合体, 该群体偏离 Hardy-Weinberg 平衡状态。在所研究的 3 个群体中, TT 型纯合体占绝大多数, TT 基因型为优势基因型, T 为优势等位基因。

2.3 南阳、秦川牛和郟县红牛 *myostatin* 5'调控区 *Dra*I 位点的遗传参数

Myostatin 5'调控区 *Dra*I 多态位点在南阳、秦川和郟县红牛群体中的杂合度、有效等位基因数、Shannon's 信息熵和多态信息含量见表 2。从表 2 可以看出, 南阳、秦川牛和郟县红牛在该位点的 PIC 均小于 0.25, 因此该位点属于低度多态位点。依据 h 、 Ne 、 I 和 PIC , 3 个品种的遗传多态性丰富程度从大到小依次为南阳牛、秦川牛、郟县红牛。



1, 2, 4. TT; 3, 6. TA; 5. AA; M. DL2000 marker

图 1 *Myostatin* 5'调控区产物的 *Dra*I 酶切电泳

Fig. 1 Electrophoresis patterns of digesting *myostatin* 5' regulatory region PCR products with *Dra*I

2.2 南阳、秦川和郟县红牛 *myostatin* 5'调控区 *Dra*I 多态位点的基因型频率和基因频率

南阳、秦川牛和郟县红牛 *myostatin* 5'调控区 *Dra*I 多态位点的基因型频率和基因频率见表 1。南阳牛和秦川牛出现了 TT 和 TA 两种基因型, 无 AA 纯合体, 这两个群体处于 Hardy-Weinberg 平衡状态; 而在 108 头郟县红牛中, 除了 TT 和 TA 两种

表 2 *Dra*I 多态位点在 3 个黄牛品种中的遗传多态参数

Table 2 Parameters of genetic diversity of the *Dra*I polymorphic locus in three cattle breeds

品种 Breeds	h	Ne	I	PIC
南阳牛 Nanyang	0.054 5	1.057 6	0.127 9	0.053 0
秦川牛 Qinchuan	0.052 3	1.055 2	0.123 7	0.050 1
郟县红牛 Jiaxian Red	0.086 4	1.094 6	0.184 2	0.082 6

2.4 南阳、秦川和郟县红牛 *myostatin* 5'调控区 *Dra*I 多态与生长性状的相关分析

牛 *myostatin* 5'调控区 *Dra*I 多态位点两种基因型 TT 和 TA 对南阳牛生长性状的效应见表 3。对体高而言, 6、12、24 月龄基因型为 TA 的南阳牛

均高于 TT 型个体,但差异不显著;而 18 月龄南阳牛 TT 型个体显著高于 TA 型个体($P<0.05$)。对胸围来说,TA 型个体在各个年龄阶段都高于 TT 型个体,但仅在 6 月龄两种基因型个体之间差异显

著($P<0.05$)。在 6 月龄阶段,TT 型南阳牛的胸围指数显著低于 TA 型个体($P<0.05$)。其余的生长性状在两种基因型个体之间差异不显著。

表 3 牛 *DraI* 多态位点不同基因型在南阳牛群体中的最小二乘均值及标准误
Table 3 The LSM and SE between genotypes of the *DraI* polymorphic locus in Nanyang cattle

性状 Traits	基因型 Genotypes	6 月龄 Six-month	12 月龄 Twelve-month	18 月龄 Eighteen-month	24 月龄 Two-year
体重/kg Body weight	TT	159.680±1.878	222.794±2.289	297.373±3.129	366.951±4.034
	TA	169.333±6.355	221.000±7.707	297.000±10.532	365.333±13.581
坐骨端宽/cm Hucklebone width	TT	18.379±0.134	20.729±0.159	23.240±0.179	25.407±0.223
	TA	18.333±0.452	20.667±0.537	22.500±0.602	24.778±0.752
体高/cm Withers heights	TT	106.117±0.516	114.088±0.397	121.284±0.645 ^a	126.225±0.444
	TA	106.444±1.744	114.333±1.336	120.778±2.171 ^b	126.667±1.494
胸围/cm Heart girth	TT	128.748±0.726 ^a	141.088±0.774	156.029±0.849	168.642±0.983
	TA	134.444±2.455 ^b	145.667±2.606	156.444±2.860	172.000±3.309
体斜长/cm Body length	TT	105.544±0.584	116.892±0.746	129.461±0.710	138.127±0.748
	TA	108.556±1.977	119.556±2.510	129.444±2.389	137.778±2.517
体长指数 Body length index	TT	0.995±0.002	1.015±0.010	1.069±0.005	1.094±0.005
	TA	1.011±0.008	1.045±0.033	1.072±0.018	1.088±0.016
胸围指数 Heart girth index	TT	1.214±0.005 ^a	1.226±0.012	1.288±0.007	1.336±0.006
	TA	1.252±0.016 ^b	1.275±0.040	1.295±0.023	1.358±0.022
体躯指数 Ratio of heart girth and body length	TT	1.221±0.004	1.209±0.005	1.206±0.005	1.221±0.005
	TA	1.238±0.014	1.221±0.017	1.210±0.015	1.250±0.015

同栏中具有不同上标的 LSM 之间差异显著($P<0.05$)

LSM in a column with no common superscripts differ significantly($P<0.05$)

Myostatin 5'调控区 *DraI* 多态位点对秦川牛和郟县红牛生长性状的效应均不显著(见表 4)。

3 讨论

Myostatin 的正常功能是调节动物骨骼肌的生长,使之保持适当的比例^[11]。该基因功能区缺失的小鼠表现出骨骼肌的异常肥大,肌肉总量显著增加^[12]。比利时蓝牛和皮埃蒙特牛的双肌性状即是该基因功能区的突变造成的,该突变还使牛的初生重和周岁体高增加^[2]。通过对牛 *myostatin* 基因在发育过程中表达水平的变化^[13]和 *myostatin* 对生肌细胞和脂肪前体细胞的作用研究^[14,15],说明 *myostatin* 的表达与生长发育有关。牛 *myostatin* 5'调控区的突变可能影响该基因的表达,进而影响牛的生长发育。

在猪 *myostatin* 5'调控区的相同位置也发现了

T→A 突变^[16]。姜运良等^[17]对该突变与猪的生长性状进行相关分析,结果表明 TA 型个体的平均日增重显著高于 TT 型个体。对该突变与牛肌肉指数(Muscularity index)的相关分析发现该突变与肌肉指数没有直接相关,但是在 Marchigiana 牛中,mh/+ (exon3)-TT(*DraI*)组合基因型个体与其它基因型个体之间存在显著差异,表明启动子区对 *myostatin* 的表达有重要的调控作用^[6]。序列分析发现 *myostatin* 5'调控区 *DraI* 位点 A 等位基因导致产生一个 Pit1(-372 相对于 ATG 转录起始点)和一个 WAP-US6(-374)结合基序。本研究分析了该突变对中国 3 个黄牛品种生长发育的效应,结果表明该突变对南阳牛体高、胸围和胸围指数的影响显著,而且在不同生长发育阶段该突变影响的性状各异。提示在南阳牛育种实践中应该综合考虑南阳牛的生长发育阶段和所选择的性状。

表 4 牛 *Dra*I 多态位点不同基因型在秦川牛和郟县红牛群体中的最小二乘均值及标准误Table 4 The LSM and SE between genotypes of the *Dra*I polymorphic locus in Qinchuan cattle and Jiaxian cattle

品种 Breeds	性状 Traits	基因型 Genotypes	
		TT	TA
秦川牛 Qinchuan cattle	体高/cm Withers heights	93.113±0.656	87.750±3.212
	十字部高/cm height at hip cross	97.266±0.704	94.125±3.449
	体斜长/cm Body length	92.234±1.628	94.500±7.974
	坐骨端宽/cm Hucklebone width	9.439±0.196	8.250±0.959
	尻长 cm/Rump length	31.773±0.274	32.750±1.344
	胸围/cm Heart girth	112.042±1.007	111.875±4.936
	腰角宽/cm Hip width	25.206±0.420	24.500±2.058
	体长指数 Body length index	0.990±0.015	1.071±0.071
	胸围指数 Heart girth index	1.203±0.007	1.268±0.032
	体躯指数 Ratio of heart girth and body length	1.366±0.163	1.185±0.753
郟县红牛 Jiaxian Red cattle	体高/cm Withers heights	125.436±0.489	125.250±2.052
	十字部高/cm Height at Hip Cross	124.272±0.511	123.417±2.141
	体斜长/cm Body length	153.155±0.962	151.667±4.031
	坐骨端宽/cm Hucklebone width	23.110±0.389	22.333±1.630
	尻长/cm Rump length	47.270±0.308	47.667±1.290
	胸围/cm Heart girth	177.765±0.947	175.250±3.970
	管围/cm Circumference of cannon bone	17.369±0.098	17.625±0.411
	腰角宽/cm Hip width	43.917±0.348	43.667±1.461
	体长指数 Body length index	1.215±0.008	1.216±0.035
	胸围指数 Heart girth index	1.413±0.007	1.421±0.031
体躯指数 Ratio of heart girth and body length	1.167±0.009	1.169±0.038	
管围指数 Cannon bone index	0.139±0.001	0.142±0.004	

在已经公布的牛的 *myostatin* 序列 (GenBank 登录号 AF348479) 中, -360 位 (相对于 ATG 转录起始点) 碱基为 C, 而 Crisa 等^[7] 却发现该位置碱基为 A, 因此牛 *myostatin* 在该位点存在多态性, 且可以用 PCR-RFLP-*Taq*I 检测。本研究使用内切酶 *Taq*I (T/CGA) 对牛 *myostatin* 5' 调控区的 PCR 产物进行消化, 证实 -360 位的碱基为 A。而且, 约 1 340 bp 的片段不存在内切酶 *Taq*I 的多态位点, 这与闵令江^[18] 对山羊的研究结果不一致, 这可能归因于 *myostatin* 在物种间的遗传特性不同。

对 *myostatin* 5' 调控区的研究有助于阐明哺乳动物 *myostatin* 基因的调控机制。不管双肌性状是否有利于牛的育种, 这些研究都将促进育种计划的发展。*Myostatin* 在非双肌牛品种也起作用, 为了获得理想的肌肉组织等级, *myostatin* 启动子区突变体的研究有助于调整育种选择计划, 对引进国外著名肉牛品种进行中国地方黄牛品种改良和中国真正

的肉牛品种的培育有现实的指导意义。

参考文献:

- [1] McPherron A C, Lee S J. Double muscling in cattle due to mutations in the myostatin gene[J]. Proceedings of the National Academy of Sciences, 1997, 94: 12 457~12 461.
- [2] Casas E, Keele J W, Fahrenkrug S C, et al. Quantitative analysis of birth, weaning, and yearling weights and calving difficulty in Piedmontese crossbreds segregating an inactive myostatin allele[J]. J Anim Sci, 1999, 77: 1 686~1 692.
- [3] Casas E, Bennett G L, Smith T P L, et al. Association of myostatin on early calf mortality, growth, and carcass composition traits in crossbred cattle[J]. J Anim Sci, 2004, 82: 2 913~2 918.
- [4] Karim L, Coppieters W, Grobet L, et al. Convenient genotyping of six myostatin mutations causing double-muscling in cattle using a multiplex oligonucleotide

- ligation assay[J]. *Anim Genet*, 2000, 31: 396~399.
- [5] Grobet L, Poncelet D, Royo L J, *et al.* Molecular definition of an allelic series of mutations disrupting the myostatin function and causing double-muscling in cattle[J]. *Mammalian Genome*, 1998, 9: 210~213.
- [6] Chen H, Leibenguth F. Restriction endonuclease analysis of mitochondrial DNA of three farm animal species cattle, sheep and goat[J]. *Comp Biochem Physiol*, 1995, 111B: 643~649.
- [7] Crisa A, Marchitelli C, Savarese M C, *et al.* Sequence analysis of myostatin promotor in cattle[J]. *Cytogenet Genome Res*, 2003, 102: 48~52.
- [8] Vaiman D, Mercier D, Moazami-Goudarzi K, *et al.* A set of 99 cattle microsatellites characterization synteny mapping and polymorphism [J]. *Mamm Genome*, 1994, 5: 288~297.
- [9] 郭满才. 群体遗传变异的信息学模型研究[D]. 杨凌: 西北农林科技大学, 2002.
- [10] Nei M. Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals[J]. *Genetics*, 1978, 89: 583~590.
- [11] Lee S J, McPherron A C. Myostatin and the control of skeletal muscle mass[J]. *Curr Opin Genet Dev*, 1999, 9: 604~607.
- [12] McPherron A C, Lawler A M, Lee S J. Regulation of skeletal muscle mass in mice by a new TGF-beta superfamily member[J]. *Nature*, 1997, 387: 83~90.
- [13] Shibata M, Ohshima K, Kojima T, *et al.* Nucleotide sequence of myostatin gene and its developmental expression in skeletal muscles of Japanese Black beef [J]. *J Anim Sci*, 2003, 74: 383~390.
- [14] Wagner K R, Liu X, Chang X, *et al.* Muscle regeneration in the prolonged absence of myostatin[J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 2005, 102: 2 519~2 524.
- [15] Rebbapragada A, Benchabane H, Wrana J L, *et al.* Myostatin signals through a transforming growth factor β -like signaling pathway to block adipogenesis[J]. *Mol Cell Biol*, 2003, 23: 7 230~7 242.
- [16] Strail A, Kopečný M. Genomic organization, sequence and polymorphism of the porcine myostatin (GDF-8; MSTN) gene[J]. *Animal Genetics*, 1999, 30: 462~470.
- [17] 姜运良, 李 宁, 杜立新, 等. 猪肌肉生长抑制素基因 5'调控区 T→A 突变与生长性状的相关分析[J]. *遗传学报*, 2002, 29: 413~416.
- [18] 闵令江. 山羊肉用性能候选基因遗传分析及生长发育性状 QTL 定位[D]. 杨凌: 西北农林科技大学, 2005.

动物疫情速递

瑞士发生蓝舌病

2007年10月29日,瑞士向OIE报告了蓝舌病疫情。疫情始于2007年10月26日,于10月28日得到确诊。此次疫情的病原是8型蓝舌病病毒,属于临床病例,诊断方法为怀疑、临床检查、实验室检测(基础和高级)。Institut für Viruskrankheiten und Immunprophylaxe IVI国家实验室的ELISA和RT-PCR检测均为阳性。疫区位于巴塞爾城市半州 Bettingen 的一个农场,有19头易感牛、6例病例,未出现死亡,销毁1例。感染群包括9头未断奶的小牛,其中6头血清学、病毒学检测阳性,1头有临床症状;另外该场还有10头奶牛,检测呈阴性。临近养殖场动物的检测结果也是阴性。感染由载体介导。瑞士已根据欧盟法典在10月9日宣布全国为控制区,目前已划分20 km的感染带。目前瑞士不允许使用疫苗,但可能会根据未来的情况允许使用。瑞士采取的控制措施有国内限制移运、浸泡/喷雾消毒、区域化,并且禁止免疫,未对动物进行治疗。

(摘译自 OIE 网站)