

附件 1：第二十三次全国动物遗传育种学术讨论会征文通知

第二十三次全国动物遗传育种学术讨论会征文通知

根据中国畜牧兽医学会动物遗传育种学分会理事会精神，本次会议主要收集研究论文摘要，且不公开出版，其目的是让各位研究者提供最新研究成果供会议交流而不影响在专业杂志上发表。现将有关事项通知如下：

一、征文范围

动物（家养动物、水生动物、特种经济动物、实验动物）遗传育种领域的最新研究进展的研究报告、经验交流、研究简报等，包括：

1. 动物基因组组装及群体遗传研究
2. 动物遗传资源的评价、保护与利用
3. 动物重要经济性状的遗传机制解析
4. 动物起源、进化及遗传多样性
5. 动物育种理论与方法
6. 基因克隆、基因功能、基因编辑
7. 动物育种实践
8. 动物遗传育种学相关课程的教学方法
9. 其他

二、征文要求

1. 本次征文必须是未曾在国内外公开发表过的学术论文（被其他学术会议录用但未正式出版的仍可提交，但应注明被哪个会议录用）。

2. 本次征文以研究报告为主，除特约稿外，一般不接受综述性文章。

3. 本次会议除特约稿外，只征集论文摘要。每篇论文摘要字数不超过 1500 字（含题目、作者、作者单位、地址和邮编、引言、材料与方法、结果、讨论等），论文编排要求及模板见附件，每篇摘要限 2 个表格和 1 张插图，可接受全英文摘要。

论文撰写符合国际和国内撰写科技学术论文的通用惯例，提交前请反复校对，避免错别字、错误标点符号，精心修饰，做到准确无误。

4. 大会组委会原则上不对录用的论文进行修改，文责自负。

5. 如果有照片，请提供清晰的扫描照片，或寄送标注明确、清晰的照片。

6. 应征论文概不退还，请自留底稿。

三、征文期限与提交方式

论文征集截止时间至 **2025 年6月 1 日**，过期不予受理。请各位作者尽早通过会议系统提交论文摘要。

会议征文系统链接：<https://ncagb2025.scimeeting.cn/>

四、征文评审、出版及评优

会议征集的学术论文经有关专家严格评审，根据专家意见优胜劣汰，以百度网盘分享的方式发送至各位参会代表，不公开出版。

优秀论文评选：由全国动物遗传育种学分会学术部评选会议优秀论文，给入选优秀论文的作者发荣誉证书。

诚挚邀请各位同仁参会，踊跃投稿！

主办单位：中国畜牧兽医学会动物遗传育种学分会

承办单位：东北农业大学

2025年3月15日

附：论文摘要格式要求和模板

一、计算机输入要求

MS Word 2003及以上版本或兼容的软件。

二、纸张要求

A4纸（页面设置请用WORD默认，上下2.54 厘米，左右3.18 厘米）。

三、排版要求

单倍行距，中文字体为宋体五号字，英文字体为 Times New Roman 10.5 pt，篇幅限于1页。

四、格式要求

摘要包括题目、作者、地址、摘要正文。正文内容应包括如下小标题：引言、材料方法、结果、讨论等。小标题用黑体，单独一行。

五、论文摘要模板

鸡 UCP3 基因多态性及其与饲料转化效率的关联分析

金四华¹, 陈思睿¹, 张德祥², 季从亮², 杨宁^{1*}

(1. 中国农业大学动物科技学院, 北京 100193;

2. 广东温氏南方家禽育种公司, 广东新兴 527439)

引言

饲料转化效率和生长速度受到机体能量平衡调节能力和脂肪代谢等的影响, 解偶联蛋白基因 3(uncoupling protein 3, UCP3)能够增加机体能量的消耗, 在机体能量平衡及脂类代谢的过程中具有重要作用, 它能调节骨骼肌葡萄糖和线粒体脂肪转运, 提供非颤抖生热作用。因此, 本研究以 UCP3 基因作为候选基因, 研究 UCP3 基因的多态性及其与饲料转化效率的关联性, 为黄羽肉鸡的标记辅助育种提供参考依据。

材料与方法

以广东温氏南方家禽育种公司提供的两个品系(N301 和 N202)796 只黄羽肉种公鸡为试验材料, 其中 N301 品系 486 只, N202 品系 310 只。按照广东温氏育种公司肉种鸡的饲养标准进行饲养管理。42 天时, 将试验鸡转至个体笼进行饲喂, 测定 49 天、70 天体重, 以及 49-70 天的采食量, 计算得到这期间的体增重和饲料转化效率。采集血样使用常规方法提取基因组 DNA, 采用基质辅助激光解析电离飞行时间质谱法(MALDI-TOF MS)进行 SNPs 分型, 利用 Haploview 和 Simwalk2 软件推测单倍型。建立统计分析模型, $Y_{ij} = \mu + S_i + G_j + e_{ij}$, 其中 Y_{ij} 为个体表型观测值; μ 为群体均值; S_i 为品系效应; G_j 为 SNP 效应或单倍型效应; e_{ij} 为随机残差效应, 采用 SAS 9.2 进行分析。

结果

本研究根据 SNP 数据库(<http://genome.ucsc.edu/cgi-bin/hgGateway>)选取 UCP3 基因的 4 个 SNPs 位点(rs13997809、rs13997810、rs13997811、rs13997812)进行分型, 通过分型检出率、最小等位基因频率、Hardy-Weinberg 平衡检验分析, 剔除位点 rs13997810。剩余 3 个 SNPs 位点与生长和饲料转化率性状进行关联分析, 结果表明 UCP3 基因位点 rs13997809 与饲料转化效率和采食量显著相关($P < 0.05$)位点 rs13997811 与 70 天体重和平均日增重显著关联($P < 0.05$); 位点 rs13997812 与 70 天体重和采食量显著相关($P < 0.05$)。单倍型关联分析结果表明, UCP3 基因剩余 3 个 SNPs 组合形成的单倍型与 70 天体重、饲料转化效率、采食量显著相关($P < 0.05$)。

讨论与结论

在肉鸡生产中, 饲料成本大约占生产总成本的 70% 左右, 因此, 提高饲料转化效率, 降低生产成本是生产者和研究者共同的追求目标。利用候选基因法分离和鉴定与饲料转化效率显著关联的候选分子标记是提高家禽饲料利用效率的有效手段之一。

UCP3 是调控能量代谢的重要候选基因, 主要分布于线粒体内膜, 能够将氧化呼吸产生的能量以热量的方式散发, 对机体的能量代谢、脂肪代谢和饲料转化效率等具有显著影响。陈翠等研究报道中国西门塔尔牛 UCP3-Bgl I 酶切位点多态性与饲料转化效率和平均日增重性状显著相关, 且 AA 基因型肉肉比较低、日增重较高。Sherman 等报道肉牛 UCP3 基因内含子 3 的 A/G 突变与平均日增重和饲料转化效率显著相关。目前, 关于黄羽肉鸡 UCP3 基因多态性与饲料转化效率的关联性分析在国内外比较少见, 本研究为黄羽肉鸡饲料转化效率性状的标记辅助选择奠定了理论基础, 下一步将更深入地探讨该基因的功能, 以使之运用于实际的育种工作之中。

关键词: 鸡; UCP3 基因; 饲料转化效率; SNPs; 关联分析

Mapping quantitative trait loci for cell-mediated immunity in the pig

Xin LU¹, Yuan-Fang GONG^{1,2}, Qin ZHANG¹

¹Key Laboratory Animal Genetics and Breeding of the Ministry of Agricultural, State Key Laboratory of Agrobiotechnology, College of Animal Science and Technology, China Agricultural University, Beijing 100193, China; ²Department of Animal Science, Hebei Normal University of Science and Technology, Chang li, Hebei 066600, China

Keywords: cell-mediated immune traits; quantitative trait loci; swine

Introduction

Genetic improvement of general immune capacity is an effective way to increase disease resistance and enhance the welfare and productivity of farm animals. Cell-mediated immune traits are essential diagnostic parameters in veterinary practice. Differences in cell-mediated immune traits among individuals provide an evidence of genetic control, but little is known about the genetics underlying these traits, especially in swine. Identification of these variants may be beneficial for the genetic improvement through selection.

Materials and method

The experiment population consisted of seven Large White sire families, five Landrace sire families and four Songhei sire families. In total, 446 pigs were included. At 21 days of age, all piglets were vaccinated with modified live CSF vaccine. Blood samples were sampled when the piglets were 20 and 35 days of age, respectively. The proportions of CD4+CD8+, CD4+CD8-, CD4-CD8+, and CD4-CD8- in T cells and IFN- γ and IL-10 concentrations in serum were measured. 206 microsatellites distributed over all the 18 autosomes and the X chromosome were selected from NCBL A QTL interval mapping analysis was performed using the program MQreml. The likelihood ratio (LR) was calculated as test statistic for each particular location on the chromosome. To control the type I error, the false discovery rate (FDR) control approach was used.

Results and discussion

62 QTLs with P value < 0.05 were identified on all the autosomes and the X chromosome. Of these QTLs, 47 (4 for the percentage of CD4+CD8- T cells, 3 for the percentage of CD4+CD8+ T cells, 2 for the percentage of CD4-CD8- T cells, 2 for the percentage of CD4-CD8+ T cells, 7 for the ratio of CD4+ to CD8+ T cells, 16 for IFN- γ concentration, 1 for IL-10 concentration and 12 for the ratio of IFN- γ to IL-10 concentration) were detected with FDR-value < 0.05, of which 26 QTLs were with FDR-value < 0.01. Some QTLs controlling variations in levels of T and B lymphocyte subpopulations have been mapped in human before. Corresponded to human chromosomes via RH map, we found several QTLs are in the corresponding regions of human chromosomes. A number of positional candidate genes (eg, MUC1, IL6R, NFKBIA, MUC20, TLR3, TH1L, CD ID, TGFBR1, VNN1, IL17, and F5) were found in these regions. All of these genes are health-related and have direct or indirect relationships with the traits in our research. Some of these candidate genes have been investigated in swine already. Some of these QTLs were found to be associated with more than one trait., suggesting that these QTLs have pleiotropic effects. Further studies are needed for identifying the significant positional candidate genes.

Acknowledgements

This study was supported by the National Key Basic Research Program (Grant N0.2006CB102104).