

中国畜牧兽医学会动物遗传育种学分会

关于举办“中国畜牧兽医学会动物遗传育种学分会第十一次全国会员代表大会暨第二十三次全国动物遗传育种学术讨论会”的通知（第二轮）

2025年4月2日

尊敬的各位会员、专家、同行：

根据中国畜牧兽医学会动物遗传育种学分会理事会的决定，于2025年7月9-13日在黑龙江省哈尔滨市召开“中国畜牧兽医学会动物遗传育种学分会第十一次全国会员代表大会暨第二十三次全国动物遗传育种学术讨论会”，同期召开“盛志廉先生诞辰100周年纪念大会”。大会由中国畜牧兽医学会动物遗传育种学分会主办，东北农业大学承办，诚挚邀请各位参加本次会议。

本次会议以加快推进种业振兴行动为目标，届时将汇聚国内外从事动物遗传育种教学、科研和生产的专家、学者及技术人员，从学术研究、种业创新技术和未来发展战略等不同层面，共同研讨动物遗传育种领域科研教学、学科建设、人才培养的最新进展和未来趋势，展示当前国内外本领域最前沿的研究进展、成果和方向，为我国畜牧业高质量发展提供科技、人才支撑，并致力为国内外动物遗传育种领域同行打造开放交流平台。本次会议将是国内动物遗传育种领域的一次学术盛会，也是缅怀、纪念和学习为中国动物遗传育种创新发展做出重大贡献的前辈科学家的大会。现将有关事项通知如下：

一、组织机构

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

协办单位：黑龙江省畜牧兽医学会、黑龙江省农业科学院、黑龙江八一农垦大学

二、会议主题

创新引领生物育种新质生产力

三、会议内容

1.全国会员代表大会：回顾总结分会工作，换届选举中国畜牧兽医学会动物遗

传育种学分会第十一届理事会成员及领导班子。

2.大会报告：大会邀请国内外知名专家和学者，就数量遗传学、基因组学、群体遗传学、分子遗传学、功能基因组学、生物信息学、系统生物学、生物技术与信息技术智能设计育种等新型交叉学科、畜禽遗传资源保护与利用、畜禽遗传改良与种质自主创新等学科方向的新理论、新方法、新技术、新成果进行专题报告与讨论。

3.纪念盛志廉先生报告会、纪念仪式和座谈会：报告会邀请国内外知名专家和学者，就盛志廉学术成果，以及数量遗传学、群体遗传学等学科方向进行专题报告。纪念仪式和座谈会邀请学会和业界同仁，共同学习先生的科学精神，缅怀先生为畜牧学学科和动物育种发展努力奋斗的光辉一生。

4.分组报告：组委会根据提交论文情况按畜种和研究领域分组进行报告讨论。

5.墙报展示：对动物遗传育种领域最新研究成果、重要学术论文、主要产品及其相关发明专利进行宣传。

6.新技术、新产品展览：动物遗传育种、生物技术相关的仪器设备以及种畜禽新产品和新成果展示。

四、会议安排

会议时间：2025年7月9日全天报到，10-12日正式会议，13日离会。

会议地点：哈尔滨国际会展中心（华旗饭店）

黑龙江省哈尔滨市南岗区红旗大街301号

五、注册及费用

参会代表需在会议系统中进行注册，如因技术等原因无法进行网络注册，请与会务组联系。每位参会人员均需在会议系统中注册，请各位参会代表务必提前注册，以便统计实际参会人员数量，合理安排会务。在线注册时间截止至7月9日。会议系统链接及二维码如下：

会议系统链接：<https://ncagb2025.scimeeting.cn/>

会议系统二维码：



根据注册费到账时间不同，实行分段优惠（见表1）。

表1 会务费收费标准

注册类别	5月10日前	5月10日后
普通会议代表	1200	1500
学生会议代表	1000	1300

* 高级会员按同档位的八折（高级会员指有中国畜牧兽医学会高级会员证，并于2025年注册缴费的高级会员）；学生请在注册时提供有效证件，审核通过后方可报名。

本次会议分为线上和线下付款。线上付款可以在付款时选择微信、支付宝支付和公对公转账汇款，请在备注栏中务必注明“姓名、单位及遗传育种会务费”等信息。如选择公对公转账汇款，同时需将转账凭证拍照发至邮箱：sinomeeting_86@163.com，以便核对。转账时联系人：沈忱 0451-82640581。如有需要使用公务卡的老师，可以通过微信或支付宝绑定的公务卡进行支付。发票于会议期间统一开具。

户 名：哈尔滨鑫赛诺会展服务有限公司

开户行：锦州银行股份有限公司哈尔滨南岗支行

账 号：4101 0021 8142 829

行 号：313261011112

六、会议日程（初定）

日期	时间	会议内容
7月9日	全天	参会代表报到
	20:00-21:00	分会第十届理事会会议
7月10日	8:30-9:10	大会开幕式

	9:10-11:55	大会特邀报告
	9:40-12:00	缅怀盛志廉先生纪念活动 (于东北农业大学动物科学技术学院召开)
	12:00-13:30	自助午餐
	14:00-17:45 (分论坛报告)	猪遗传育种技术
		家禽遗传育种技术
		草食动物遗传育种技术
		功能基因组与生物技术
		纪念盛志廉先生报告专场
	18:00-19:30	自助晚餐
	18:00-19:00	分会第十一届理事会会议
7月11日	8:30-12:00 (分论坛报告)	猪遗传育种技术
		家禽遗传育种技术
		草食动物遗传育种技术
		整合组学与动物育种
		基因组选择与统计基因组 (8:30-10:30)
		动物遗传育种教学研讨会 (10:30-12:00)
	12:00-13:30	自助午餐
	14:00-17:45 (学生报告专场)	猪遗传育种技术
		家禽遗传育种技术
		草食动物遗传育种技术
		畜禽功能基因组
		畜禽基因编辑
	18:00-19:30	自助晚餐
7月12日	8:30-11:00	大会特邀报告
	11:00-12:00	大会闭幕式
	12:00-13:30	自助午餐
7月13日	全天	离会

七、会议住宿

会务组在哈尔滨国际会展中心（华旗饭店）周边预订了酒店，具体房型及价格

见网站信息（链接及二维码同“注册及费用”），费用自理。由于会议协议酒店房间数量有限，请各位与会代表按照会议系统中公布的酒店联系信息（链接及二维码同“注册及费用”），尽早与协议酒店工作人员联系，进行房间预定，成功预订了房间的各位代表请尽快完成房费支付。

预订酒店问题请联系：

国辉老师：138 3616 7525

住宿费用付款方式按照协议酒店的具体规定完成。

八、会议征文、墙报交流和口头报告

本次会议提供论文集、墙报和口头报告三种参与交流方式。欢迎各位专家、学者、学生及同行积极提交论文，请各位作者尽早通过会议系统提交论文摘要。论文征集截止**2025年6月1日**，过期不予受理。论文格式参照**附件1**样本要求。本次会议不出纸质版论文摘要集，将以百度网盘分享的方式发送至各位参会代表。

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

在注册登记提交论文的同时，请注明是否参与墙报交流和口头汇报，根据作者意愿，由学术委员会遴选确定墙报展示和口头报告的名单。墙报规格要求：**90 cm（宽）*120 cm（高）**，墙报写作要求参照**附件2**要求。请各位代表按要求自行打印墙报，于**2025年7月9日20:00**之前带至大会报到处，按给定编号贴挂于会议中心指定位置，并请墙报作者务必按指定时间留在墙报前解答会议代表提问与讨论。

九、交通指南

本次会议安排接驳车服务。

其中，**7月9日**接站安排如下：

站点1：哈尔滨太平国际机场：可接驳抵达太平机场的参会嘉宾；

站点2：哈尔滨站、哈尔滨西站：设置接待点，引导代表乘坐地铁前往会场；

乘火车抵达其它车站的参会嘉宾，可乘坐地铁自行到达，有特殊需求可与会务组单独联系。

7月12日下午、13日上午 安排机场返程接驳车。

十、会议联系

1.会议微信群

群名称及号码：更新信息见会议系统（链接及二维码同“注册及费用”）

入群标注：请标注单位、姓名，如“张正-东北农业大学”

2. 有关会议注册事宜

联系人：朱泽昊 老师 电话 187 2460 2921

3. 有关会议赞助事宜

联系人：殷志明 老师，电话 158 0466 4707

4. 学会秘书处

联系人：刘剑锋 老师 电话 137 1807 7060

孙东晓 老师 电话 158 1001 9668

孙从佼 老师 电话 159 1070 7895

5. 大会秘书处：

联系人：姚玉昌 老师 电话 136 2450 2776

张 慧 老师 电话 130 8998 7790

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4月2日

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 Songheir 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).

附件 2：第二十三次全国动物遗传育种学术讨论会墙报制作说明

第二十三次全国动物遗传育种学术讨论会墙报制作说明

一、内容说明

墙报内容包括摘要，正文和主要参考文献三大部分，其中正文一般分3个小节：引言，研究内容及结果，结论及展望。

1. 摘要：简明扼要，字数一般控制在 250 ~ 500 字。

2. 正文：引言部分对研究意义及背景进行简要介绍，研究内容及结果扼要介绍论文中的实验、方法、理论、数据及结果。关键信息以图表顺序列出。

3. 主要参考文献：采用以下简要格式列出主要参考文献，格式为：作者，论文名称，期刊名，发表时间，期卷页码。

Legnini I, Di Timoteo G, Rossi F, et al. Circ-ZNF609 is a circular RNA that can be translated and functions in Myogenesis. Mol Cell, 2017, 66(1):22-37.

于金成等，鹅伴性羽色性状的遗传分析。中国农业科学，2019，5:949-954.

4. 其他要求：墙报中除与文章有关的内容作者可以按规范制作外，不得有其他与本会议无关图标文字，否则后果自负。

5. 提交日期：论文墙报提交意向在会议注册时明确指定，报名截止日期为 **2025 年 6 月 1 日**。被遴选上墙报的参会代表请于 **2025 年 7 月 9 日 20:00** 之前将制作好的墙报带到大会报到处，按给定编号贴挂于会议中心指定位置。

二、尺寸说明

墙报成品尺寸为 90 cm（横向宽度）* 120 cm（竖向高度）。

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