

6个牛品种在FSHR基因位点的遗传关系 及其多态对双胎性状的标记^{*}

雷雪芹^{1,2}, 魏伍川³, 陈宏^{1,4}, 许尚忠⁵, 徐廷生², 袁志发¹

(1 西北农林科技大学 动物科技学院, 陕西 杨凌 712100; 2 河南科技大学 动物科技学院, 河南 洛阳 471003;

3 湛江师范学院 生命科学系, 广东 湛江 524048; 4 徐州师范大学 生物技术研究, 江苏 徐州 221116;

5 中国农科院 畜牧研究所, 北京 100081)

[摘要] 用PCR-RFLP技术, 对秦川牛、中国荷斯坦牛、晋南牛、南阳牛、延边牛、中国西门塔尔牛6个牛品种176个个体的促卵泡素受体(FSHR)基因5'端进行多态性分析, 4种内切酶对PCR产物的单酶切结果发现, *Pst* I, *Sin* I和*Hae* III 3种内切酶的酶切产物均为单态, 而*Taq* I的酶切产物出现多态性, 表现为3种基因型(AA, BB, AB), 品种间基因频率和基因型频率均有较大差异。对3个有单双胎记录牛的品种分析发现, 秦川牛双胎母牛的等位基因A (Q 550 0)及基因型AA (Q 500 0)的频率高于单胎母牛(A: Q 350 0, AA: Q 300 0); 而荷斯坦牛双胎母牛的等位基因B (Q 593 7)及基因型BB (Q 687 5)的频率均高于单胎母牛(B: Q 541 6, BB: Q 416 7), 在后代中有同样的趋势; 在中国西门塔尔牛的双胎母牛、随机母牛及种公牛3种类群中, 双胎母牛和种公牛的等位基因B (Q 590 9, Q 541 7)和杂合子基因型AB (Q 818 2, Q 916 7)的频率高于随机母牛(B: Q 318 2; AB: Q 454 6)。根据Nei氏标准遗传距离聚类分析, 表现为西门塔尔牛和延边牛首先聚在一起, 然后晋南牛、秦川牛、荷斯坦牛、南阳牛依次加入。

[关键词] 牛; FSHR 基因; 双胎性状; PCR-RFLP

[中图分类号] S823.2 **[文献标识码]** A

[文章编号] 1671-9387(2004)07-0001-06

牛是单胎家畜, 自然状态下双胎率极低, 仅为0.15%~2.99%^[1]。为了研究牛的双胎性状, 美国建立了高繁殖力的肉牛群, 经过10余年(1982~1993年)的选育, 双胎率由3.4%提高到28.5%^[2~6], 这说明双胎具有一定的遗传性, 可以通过选育提高双胎率。但牛的双胎遗传力仅为0.03^[6], 常规选育方法提高很慢。Van Vleck等^[6]研究表明, 产仔率高低受卵巢排卵数的直接影响, 且双胎与排卵的遗传相关接近于1.00。因此, 与卵巢排卵有关的基因似可作为研究双胎的候选基因。卵巢机能受垂体促性腺激素调控, 其中垂体前叶分泌的促卵泡生成素(FSH)是调控卵泡发育、成熟的主导激素。为此, 人医中常用FSH治疗不孕, 而在畜牧生产中用于超数排卵。研究^[7~10]发现, 有些多胎品种或个体血浆中的FSH浓度高于单胎品种或个体, 且其垂体对促性腺激素释放激素(GnRH)的敏感性增强, 从而促进

FSH的分泌^[11,12], 且卵巢对促性腺激素的反应更加敏感(cAMP的生成量多)^[13,14]。然而, FSH必须与卵泡颗粒细胞膜上的促卵泡素受体(FSHR)结合, 并将信息传递到靶细胞内, 才能发挥其对卵泡的生物学功能。基因的表达是遗传信息转录和翻译的过程, 转录的启动和速率受基因5'端序列的调控, 这也是真核生物基因表达调控的主要方式。因此, 本试验利用PCR-RFLP技术, 对6个不同牛品种的FSHR基因5'端序列(5'端侧翼区和第1外显子区域)进行扩增和多态性研究, 以期寻找多态位点, 探求进一步研究该基因的遗传标记, 并分析该基因的5'端区与牛多胎性状的可能关系。

1 材料与方法

1.1 试验动物及基因组DNA的提取

本试验共采集了6个牛品种的176头份血样或

^{*} [收稿日期] 2003-12-12

[基金项目] 中华农业科教基金项目(99-03-A-5); 国家863计划项目(2001AA243052); 国家自然科学基金项目(30070551); 河南省青年骨干教师基金项目(2002122)

[作者简介] 雷雪芹(1962-), 女, 河南洛宁人, 副教授, 博士, 主要从事动物遗传育种研究。E-mail: xueqinlei@sina.com

[通讯作者] 陈宏(1955-), 男, 陕西西安人, 教授, 博士生导师, 主要从事生物技术与动物遗传育种研究。E-mail: chen hong1212@263.net

冻精, 其中秦川牛 24 头份、中国荷斯坦牛(简称荷斯坦牛) 32 头份、晋南牛 28 头份、南阳牛 28 头份、延边牛 30 头份、中国西门塔尔牛(简称西门塔尔牛) 血样和冻精 34 头份。其中不知道是否产过双胞胎的母牛称为随机母牛。用苯酚-氯仿法从冻精和血样中提取 DNA, -20℃ 保存备用。

1.2 引物序列与 PCR 反应

由于目前尚无牛的 FSHR 基因 5' 端序列发表, 因此参照 Sairam 和 Subbarayan 报道^[15] 的绵羊 FSHR 基因 5' 端侧翼序列和第 1 外显子序列设计引物: 上游引物 5'-AATTC ATTTG TGCCA GCA TCC 3'; 下游引物 5'-AGTTC GACCG CATCC CTG 3'; 扩增区域包括 FSHR 基因 5' 端侧翼区和第 1 外显子序列。引物由北京赛百盛公司合成。PCR 反应总体积 25.0 μ L, 扩增在 PTC-200 基因扩增仪上进行。

1.3 PCR 反应产物的检测与限制性酶切的筛选

在 10 μ L PCR 扩增产物中加入 2 μ L 上样缓冲液, 经质量分数 1.2% 琼脂糖凝胶电泳后, 用凝胶成像仪观察扩增结果。对达到含量标准的 PCR 产物, 将剩余的 15 μ L 用限制性内切酶 *Pst* I, *Sin* I, *Hae* III 或 *Taq* I 酶切。限制性内切酶购自大连宝生物工程公司, 酶切消化按照制造商的说明进行。

1.4 酶切产物的电泳

酶切产物在质量分数 2.5% 的琼脂糖凝胶上电泳, 条件为 60 V 电泳 3~4 h, EB 染色。在 UV BAND V. 99-凝胶成像系统成像, 根据图像判断基因型。

1.5 品种间遗传距离及系统聚类

根据 Nei 氏标准遗传距离进行系统聚类^[16]。

2 结果与分析

2.1 FSHR 基因区段 PCR 扩增结果与内切酶的酶切结果

本研究设计引物的扩增区域包括 FSHR 基因 5' 端转录调控区 818 bp 和第一外显子 152 bp, PCR 产物序列总长 970 bp。用 4 种内切酶对 176 头份的 PCR 扩增产物进行单酶切, 发现 *Pst* I, *Sin* I 和 *Hae* III 3 种内切酶的酶切产物均为单态(图略)。而 *Taq* I 内切酶的酶切产物出现了多态性(图 1)。

2.2 PCR 产物 *Taq* I 的酶切图谱

电脑扫描发现, *Taq* I 酶切位点(5'-T↓CGA-3') 分别位于序列的如下位置: -527→-524, -387→-384, +60→+63, +146→+149, 扩增产物经

Taq I 酶切后出现限制性片段的长度为 446, 292, 140, 86 和 6 bp (AA 型)。如果 -387→-384 位置的 *Taq* I 酶切位点因突变而消失, 则出现 586, 292, 86 和 6 bp 4 个片段(BB)。在 AB 型中, 则产生 586, 446, 292, 140, 86 和 6 bp 6 个片段。由图 1 可见, 酶切产物的电泳结果出现 3 种不同的带谱, 按照前 3 个大片段的有无, 判断图 1 中 1, 2, 3, 4, 8 为 AB 型, 6 为 BB 型, 5, 7 为 AA 型。3 种带型的共同切点是 -527→-524, +60→+63 和 +146→+149, 而 -387→-384 酶切位点有多态性突变。

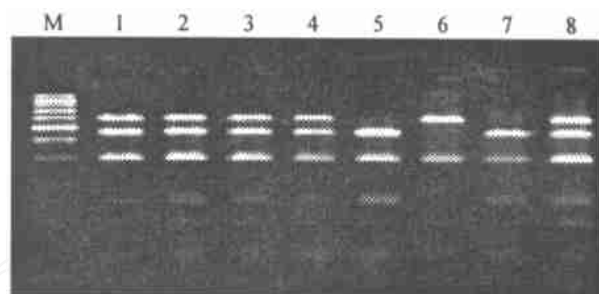


图 1 牛 FSHR 基因 5' 端 *Taq* I 的酶切图谱

M. 100 bp DNA ladder Marker;

1~8 不同个体的 *Taq* I 酶切片段电泳图谱

Fig 1 The patterns of FSHR gene 5' region PCR products digested with endonuclease *Taq* I in bovine

M. 100 bp DNA ladder Marker; 1-8 Electrophoretic patterns from 1-8 individuals of cattle

2.3 6 个牛品种 FSHR 基因 5' 端区等位基因频率和基因型频率

根据琼脂糖凝胶电泳结果, 将 6 个牛品种 FSHR 基因 5' 端区不同基因型数目、等位基因频率及基因型频率的统计结果列于表 1。经 χ^2 检验, 所测的秦川牛、荷斯坦牛、晋南牛、南阳牛和延边牛处于 Hardy-Weinberg 平衡状态($P > 0.05$), 而中国西门塔尔牛的基因型频率处于 Hardy-Weinberg 非平衡状态($P < 0.05$)。

由表 1 可以看出, FSHR 基因的 5' 端在 6 个品种间均表现出多态性, 其基因频率和基因型频率均有较大差异。从基因型来看, AA 纯合子的频率大小依次为: 南阳牛(0.926 8), 秦川牛(0.416 7), 延边牛(0.266 7), 晋南牛(0.214 3), 中国西门塔尔牛(0.147 1), 荷斯坦牛(0.125 0); 杂合子 AB 的频率大小依次为: 中国西门塔尔(0.735 3), 延边牛(0.533 3), 秦川牛(0.500 0), 晋南牛(0.428 6), 荷斯坦牛(0.281 3), 南阳牛(0.071 4); 纯合子 BB 的频率依次为: 荷斯坦奶牛(0.593 8), 晋南牛(0.357 1), 延边牛(0.200 0), 中国西门塔尔牛

(Q 117 6), 秦川牛(Q 083 3), 南阳牛(Q 000 0); 等位基因A 的频率大小依次为南阳牛(Q 964 3), 秦川牛(Q 666 7), 延边牛(Q 533 3), 中国西门塔尔牛(Q 514 7), 晋南牛(Q 428 6), 荷斯坦牛(Q 265 6), 等位基因B 的频率顺序与基因A 相反。

表 1 6 个牛品种在 FSHR 基因 5 端的等位基因频率和基因型频率

品种 Breeds	基因型频率 Frequencies of genotypes			基因频率 Frequencies of alleles	
	AA	AB	BB	A	B
秦川牛 Qinchuan cattle	Q 416 7(10/24)	Q 500 0(12/24)	Q 083 3(2/24)	Q 666 7	Q 333 3
荷斯坦牛 Holstein	Q 125 0(4/32)	Q 281 3(9/32)	Q 593 8(19/32)	Q 265 6	Q 734 4
晋南牛 Jinnan cattle	Q 214 3(6/28)	Q 428 6(12/28)	Q 357 1(10/28)	Q 428 6	Q 571 4
西门塔尔牛 Simmental	Q 147 1(5/34)	Q 735 3(25/34)	Q 117 6(4/34)	Q 514 7	Q 485 3
南阳牛 Nanyang cattle	Q 926 8(26/28)	Q 071 4(2/28)	Q 000 0	Q 964 3	Q 035 7
延边牛 Yanbian cattle	Q 266 7(8/30)	Q 533 3(16/30)	Q 200 0(6/30)	Q 533 3	Q 466 7

2 4 单胎和双胎牛群在 FSHR 基因 5 端的等位基因和基因型频率

将秦川牛、荷斯坦牛以及中国西门塔尔牛有双胎和非双胎牛群的等位基因和基因型频率进行比较, 结果见表 2。经 χ^2 检验, 秦川牛的单胎和双胎牛群等位基因位点处于 Hardy-W einberg 平衡状态($P > 0.05$); 荷斯坦牛的单胎牛群也处于平衡状态($P > 0.05$), 但双胎牛群的基因位点表现并不平衡(P

< 0.05)。对中国西门塔尔牛, 按双胎母牛、种用公牛和随机母牛(不知道产过双胎与否, 随机抽样)分 3 种类群, 计算基因频率和基因型频率并作统计检验, 发现随机样本牛群处于 Hardy-W einberg 平衡状态($P > 0.05$); 而双胎母牛和种用公牛处于非平衡状态($P < 0.05$)。以上不平衡现象可能是由于对种用公牛或双胎母牛样本施加的选择打破了该位点的平衡。

表 2 3 个牛品种不同类群在 FSHR 基因 5 端的等位基因和基因型频率

品种 Breeds	类群 Type	基因型频率 Frequencies of genotypes			基因频率 Frequencies of alleles	
		AA	AB	BB	A	B
秦川牛 Qinchuan cattle	双胎母牛 Twinned cows	Q 500 0(5/10)	Q 400 0(4/10)	Q 100 0(1/10)	Q 550 0	Q 450 0
	单胎母牛 Monovular cows	Q 300 0(3/10)	Q 600 0(6/10)	Q 100 0(1/10)	Q 350 0	Q 650 0
	双胎牛后代 Descendant of twinned cows	Q 500 0(2/4)	Q 500 0(2/4)	Q 000 0	Q 500 0	Q 500 0
荷斯坦奶牛 Holstein	双胎母牛 Twinned cows	Q 062 5(1/16)	Q 250 0(4/16)	Q 687 5(11/16)	Q 406 3	Q 593 7
	单胎母牛 Monovular cows	Q 250 0(3/12)	Q 333 3(4/12)	Q 416 7(5/12)	Q 458 4	Q 541 6
	双胎牛后代 Descendant of twinned cows	Q 000 0	Q 250 0(1/4)	Q 750 0(3/4)	Q 375	Q 625 0
西门塔尔牛 Simmental	双胎母牛 Twinned cows	Q 000 0	Q 818 2(9/11)	Q 181 8(2/11)	Q 409 1	Q 590 9
	种用公牛 Breeding bull	Q 000 0	Q 916 7(11/12)	Q 083 3(1/12)	Q 458 3	Q 541 7
	随机样本 Control	Q 454 6(5/11)	Q 454 6(5/11)	Q 090 9(1/11)	Q 681 8	Q 318 2

秦川牛双胎母牛的纯合子基因型AA 的频率高于单胎母牛, 单胎母牛AB 基因型的频率较高, 二者BB 基因型的频率相同。相应地, 双胎母牛A 基因频率高于单胎母牛。因此, 就秦川牛而言, 等位基因A 在双胎牛中是优势基因, 尤其是AA 纯合子。而荷斯坦牛双胎母牛的BB 基因型频率高于单胎母牛, 从基因频率看, 双胎母牛的B 基因频率均高于单胎母牛, 在后代中也表现出相同的趋势。另外, 4 个双胎母牛后代中有 3 个和母亲的基因型一致, 为BB 型。

所以, 在荷斯坦牛双胎母牛的B 基因为优势基因, 尤其是BB 纯合型。在中国西门塔尔牛的 3 个类群中, 双胎母牛和种公牛的杂合子基因型AB 高于随机母牛, 双胎母牛和种用公牛的B 等位基因频率高于A 等位基因频率。

2 5 6 个牛品种间的 Nei 氏标准遗传距离及系统聚类

对 6 个牛品种间 Nei 氏标准遗传距离的计算结果列于表 3。由表 3 可以看出, 延边牛和西门塔尔牛

的距离最近(0.01034), 荷斯坦牛和南阳牛的距离 最远(0.98170)。

表 3 6 个牛品种间的 Nei 氏标准遗传距离

品种 Breeds	秦川牛 Qinchuan cattle	荷斯坦牛 Holstein	晋南牛 Jinnan cattle	西门塔尔 Simmental	南阳牛 Nanyang cattle	延边牛 Yanbian cattle
秦川牛 Qinchuan cattle	0					
荷斯坦奶牛 Holstein	0.32198	0				
晋南牛 Jinnan cattle	0.11156	0.04462	0			
西门塔尔牛 Simmental	0.04337	0.11364	0.014726	0		
南阳牛 Nanyang cattle	0.09384	0.98170	0.46323	0.28457	0	
延边牛 Yanbian cattle	0.03259	0.13326	0.02353	0.01034	0.25308	0

根据表 3 画出系统聚类图(图 2), 由图 2 可见, 川牛、荷斯坦牛、南阳牛依次加入, 西门塔尔牛和延边牛首先聚在一起, 然后晋南牛、秦

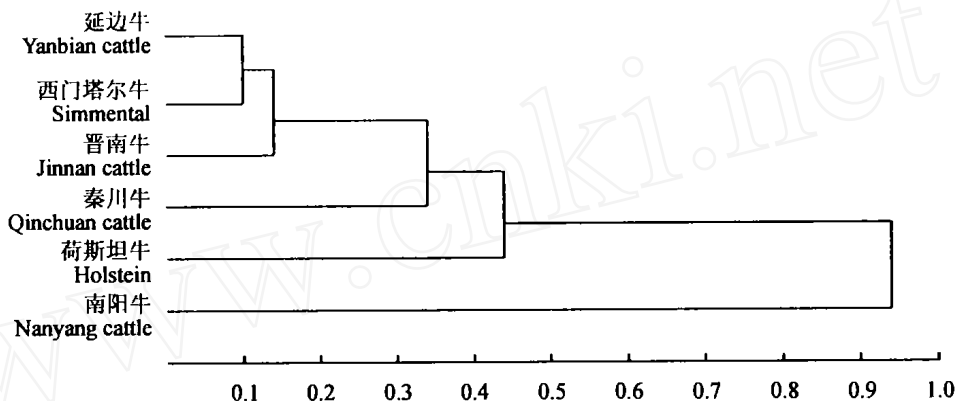


图 2 6 个牛品种间系统聚类图

Fig 2 Phylogenetic tree of 6 bovine breeds

3 讨论与结论

目前, 国内外对牛 FSHR 基因的多态性、牛群体遗传关系及牛双胎性状的遗传标记研究报道很少, 所以无论是试验设计, 还是试验方法都是一种探索, 虽然取得了一定的结果, 但仍有许多问题有待进一步研究。

1) 对 3 个有单、双胎记录牛品种的分析发现, 双胎性状的优势基因型和等位基因在不同品种内表现不一致, 如秦川牛为 AA 和 A, 荷斯坦牛为 BB 及 B, 在后代中也有同样的趋势, 中国西门塔尔牛的双胎母牛、随机母牛及种用公牛类群中为 AB 及 B。鉴于以上分析结果, 可以认为 FSHR 基因 5 端的 PCR-RFLP 标记, 在同一品种单胎母牛和双胎母牛之间有相同趋势, 但不同品种的趋势不同, 因此该标记尚不能作为双胎标记的必要条件。另外, 该基因位点可能存在品种特异性, 如秦川牛是我国的地方品种, 而中国荷斯坦牛和中国西门塔尔牛均是引进培育品种, 这 3 个品种虽然都属于黄牛, 但在长期的培育和

进化过程中, 其遗传基础肯定发生了分化, 从而表现出了品种特性, 如在采样时发现秦川牛的母牛大多在第 7~9 胎时产双胎, 而本研究中的荷斯坦牛所产的双胎均在 5 胎以前, 以第二胎双胎率最高。所以仍需进一步研究 FSHR 基因 5 端的 PCR-RFLP 对双胎性状的标记, 这对于品种内双胎牛的选育或许有一定价值。但不同的牛品种表现出不一致的现象, 说明用一个位点来标记牛的双胎性状值得商榷, 就双胎这个阈值性状而言, 应寻找更多的位点进行标记。

2) 由于自然状态下牛双胎性状的发生率很低, 因此采样较为困难, 样本偏少, 应进一步加大双胎牛样本的采集量, 并进行深入研究, 必将对双胎牛的选育和生产效率的提高产生重要作用。

3) 有关牛的起源进化研究, 过去多借助血液蛋白多态和 mtDNA 的方法, 而根据 FSHR 基因 5 端多态性进行聚类的报道尚未见到, 本研究中 6 个品种的系统聚类结果说明了该位点的遗传进化关系, 今后应扩大品种数量, 进行更深入的探索。

[参考文献]

- [1] 雷雪芹, 陈宏, 袁志发. 牛双胎的研究与应用[J]. 黄牛杂志, 2001, 27(6): 33- 37.
- [2] Gregory K E, Echternkamp S E, Dickerson G E, et al. Twinning in cattle: I. Foundation animals and genetic and environmental effects on twinning rate[J]. J Anim Sci, 1990, 68: 1867- 1876.
- [3] Echternkamp S E, Gregory K E, Dickerson G E, et al. Twinning in cattle II. Genetic and environmental effects on ovulation rate in pubertal heifers and postpartum cows and the effects of ovulation rate on embryonic survival[J]. J Anim Sci, 1990, 68: 1877- 1888.
- [4] Gregory K E, Bennett G L, Van Vleck L D. Genetic and environmental parameters for ovulation rate, twinning rate, and weight traits in a cattle population selected for twinning[J]. J Anim Sci, 1997, 75: 1213- 1222.
- [5] Gregory K E, Echternkamp S E, Dickerson G E. Twinning in cattle III. Effects of twinning on dystocia, reproductive traits, calf survival, calf growth and cow productivity[J]. J Anim Sci, 1990, 68: 3133- 3144.
- [6] Van Vleck L D, Gregory K E, Echternkamp S E. Ovulation rate, twinning rate in cattle: Heritabilities and genetic correlation[J]. 1991, 69: 3213- 3219.
- [7] Bindon B M. Reproductive biology of Booroola Merino sheep[J]. Aust J Biol Sci, 1984, 37: 163- 189.
- [8] Fleming J S, Greenwood P J, Heath D A, et al. Expression of gonadotrophin subunit genes in sheep that were homozygous carrier and non-carrier of the Booroola fecundity gene *FecB* [J]. J Reprod Fertil, 1995, 103: 315- 321.
- [9] McNatty K P, Hudson N, Henderson K M, et al. Differences in gonadotrophin concentration and pituitary responsiveness to GnRH between Booroola ewes which were homozygous (FF) and non-carriers (+ +) of a major gene influencing their ovulation rate[J]. J Reprod Fertil, 1987, 80: 577- 588.
- [10] McNatty K P, Hudson N L, Shaw L, et al. Gonadotrophin-releasing hormone (GnRH)-induced gonadotrophin secretion in hypothalamic-pituitary disconnected (HPD-OVX) Booroola ewes[J]. J Reprod Fertil, 1991, 91: 583- 592.
- [11] McNatty K P, Hudson N L, Shaw L, et al. Plasma concentration of FSH, LH, Thyroid-stimulating hormone and Growth hormone after exogenous stimulation with GnRH in Booroola ewes that are homozygous carrier or non-carriers of *FecB* gene [J]. J Reprod Fertil, 1994, 102: 177- 183.
- [12] Bindon B M. Genetic and hormonal factors affecting super ovulation[J]. Theriogenology, 1986, 25(1): 53- 70.
- [13] Fry R C, Clark I J, Cummins J T, et al. Induction of ovulation in chronically hypohysectomized Booroola ewes[J]. J Reprod Fertil, 1988, 82: 711.
- [14] Abdennebi L, Monget P, Pisselet C, et al. Comparative expression of luteinizing hormone and follicle-stimulating hormone receptor in ovarian follicles from high and low prolific sheep breeds[J]. Biology of Reproduction, 1999, 60: 845- 854.
- [15] Sairam M R, Subbarayan V S R. Characterization of the 5' flanking region and potential control elements of the ovine follitropin receptor gene[J]. Mol Reprod Develop, 1997, 48(4): 480- 487.
- [16] 根井正利. 分子群体遗传学与进化论[M]. 王家玉译. 北京: 农业出版社, 1983. 122- 123.

Polymorphism on the 5' flanking region of FSHR gene in 6 bovine breeds and the relationship between its polymorphisms and the twinning traits in 3 bovine breeds

LEI Xue-qin^{1,2}, WEI Wu-chuan³, CHEN Hong^{1,4}, XU Shang-zhong⁵, XU Ting-sheng², YUAN Zhi-fa¹

(1 College of Animal Science and Technology, Northwest Sci-Tech University of Agriculture and Forestry, Yangling, Shaanxi 712100, China;

2 College of Animal Science and Technology, Henan University of Science & Technology, Luoyang, Henan 471003, China;

3 Department of Life Sciences, Zhanjiang Normal University, Zhanjiang, Guangdong 524048, China;

4 Institute of Biotechnology, Xuzhou Normal University, Xuzhou, Jiangsu 221116, China;

5 Institute of Animal Science, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Beijing 100081, China)

Abstract: PCR-RFLPs of 5' flanking region of the follicle-stimulating hormone receptor (FSHR) gene, which includes exon 1 from 176 cattle of 6 breeds (Qinchuan cattle, Chinese Holstein, Jinnan cattle, Nanyang cattle, Yanbian cattle, Chinese simmental), were analyzed with restriction endonucleases *Pst* I, *Sin* I, *Hae* III and *Taq* I. The results demonstrated that no polymorphism was found after digestion of PCR products with restriction endonucleases *Pst* I, *Sin* I and *Hae* III, but 3 genotypes (AA, BB, AB) were

found after digestion of PCR products with restriction endonuclease *Taq* I and there were great differences in frequencies of genes and genotypes among 6 breeds. The relationship between the polymorphism and the twinning traits was further analyzed in 3 bovine breeds. The results indicated that the frequencies of allele A (Q 550 0) and genotype AA (Q 500 0) in twinned cows were higher than those of allele A (Q 350 0) and genotype AA (Q 300 0) in monovular cows for Qinchuan cattle, while the frequencies of allele B (Q 593 7) and genotype BB (Q 687 5) in twinned cows were higher than those of allele B (Q 541 6) and genotype BB (Q 416 7) in monovular cows for Holstein cattle. In 3 populations of Chinese Simmental, the frequencies of allele B and genotype AB were higher in twinned cow and seed bull than in the control cattle. Based on frequencies of the alleles of 6 cattle breeds to estimate the Nei-standard genetic distances among 6 breeds, the phylogenetic tree showed that Chinese Simmental and Yanbian cattle would cluster together first, than Jinnan cattle, Qinchuan cattle, Holstein and Nanyang cattle would be joined in turn.

Key words: bovine; FSHR; twinning trait; PCR-RFLP

· 简 讯 ·

“黄土区水-土-作物关系及其最优调控机制研究” 获 2003 年陕西省科学技术一等奖

由中国科学院、水利部水土保持研究所、西北农林科技大学农业水土工程专家、博士生导师、教育部长江学者特聘教授康绍忠主持的“黄土区水-土-作物关系及其最优调控机制研究”，于 2004 年 4 月获得陕西省政府颁发的 2003 年陕西省科学技术一等奖。该项研究涉及到土壤物理学、作物生理学、生态水文学和农业水管理学等学科领域。为了提高降水和灌溉水的利用率与生产效率，经过专家们的辛勤研究取得了如下主要成果：(1) 建立了能较准确反映作物叶面蒸腾与棵间蒸发分摊系数变化规律的计算模式，提出了用作物相对气孔导度估算水分胁迫条件下土壤水分修正系数的新方法；建立了作物系数与地下水埋深的定量关系式，获得了不同地表湿润条件下的作物系数值，为农业节水提供了科学依据。(2) 发现作物在水分胁迫下产生的根系收缩和土-根界面行为强弱与其抗旱性关系密切，提出了用作物土-根界面行为强弱评估其抗旱性的新观点，建立了既具有物理基础又较实用的作物根系吸水模式。(3) 基于植物干旱信号的反馈机制，首次系统提出了“控制性作物根系分区交替灌溉”的新方法，比常规方法节水 30%，为西北旱区农业节水开辟了一种基于作物需水信息调控作物用水的新途径。(4) 研究发现，大气 CO₂ 浓度增加对作物光合速率和生长的正效应及其对蒸发蒸腾的抑制作用，削弱了水分胁迫对作物光合作用和生长的不利影响，在低水分条件下，大气 CO₂ 浓度增加使作物水分利用效率的增加比例大于高、中水分条件。(5) 揭示了黄土区典型小流域不同水土保持措施和下垫面状况下，土壤入渗性能、入渗过程中土壤水分动态和入渗后土壤水分再分布的过程，引入了结皮消减系数和权重系数，建立了天然降雨条件下坡地水量转化的动力学模式；同时考虑滞后作用，使模拟精度大为提高。研究期间，共发表学术论文 115 篇，其中三大国际检索机构收录 40 篇；出版学术著作 3 部，被 10 多个国家和国内 78 个单位的专家引用 780 余次，收到了很好的应用效果。通过该项理论成果开拓的节水新技术与模式，受到了国内学术界和生产应用部门的广泛关注，已在甘肃民勤等地得到了一定面积的推广。

(温晓平 供稿)