



华夏英才基金学术文库

赵兴波 编著

分子诊断与动物 分子育种



科学出版社

张其成 主编

分子诊断与动物 分子育种





华夏英才基金学术文库

分子诊断与动物分子育种

赵兴波 编著

科学出版社

北京

内 容 简 介

动物分子育种及其相应的分子诊断技术是当今动物遗传育种研究领域最为核心和前沿的科学问题。本书从分子诊断的技术方法和动物分子育种的科研成果两个方面解析“基因-性状”研究的逻辑关系。全书分为分子诊断的策略与方法和动物分子育种中的分子诊断两篇内容。第一篇概括了已知基因、遗传标记连锁基因和表型差异基因的分子诊断技术和研究策略,第二篇重点阐述分子诊断技术的应用——动物分子育种取得的重要研究成果,并对分子诊断技术方法做了较为详尽的总结和分析。

本书可供从事遗传育种及相关学科研究和教学的科研、教学工作者、研究生和高年级本科生阅读参考。

图书在版编目(CIP)数据

分子诊断与动物分子育种 / 赵兴波编著. —北京: 科学出版社, 2011

(华夏英才基金学术文库)

ISBN 978-7-03-031888-6

I. ①分… II. ①赵… III. ①动物疾病-分子生物学-诊断②家畜育种
IV. ①S854.4②S82

中国版本图书馆 CIP 数据核字 (2011) 第 145540 号

责任编辑: 夏 梁 贺密青 / 责任校对: 钟 洋

责任印制: 钱玉芬 / 封面设计: 陈 敬

科学出版社出版

北京东黄城根北街 16 号

邮政编码: 100717

<http://www.sciencep.com>

新 蕾 印 刷 厂 印刷

科学出版社发行 各地新华书店经销

*

2011 年 8 月第 一 版 开本: B5 (720 × 1000)

2011 年 8 月第一次印刷 印张: 23 1/2

印数: 1—1 500 字数: 471 000

定价: 80.00 元

(如有印装质量问题, 我社负责调换)

序一

动物分子育种是当今国际上动物遗传育种学科最为前沿的研究领域之一，分子诊断作为分子育种研究最为核心的技术方法也处于生命科学研究的热潮中。目前，这两个研究领域正处于蓬勃发展时期，各种研究成果和技术方法日新月异。及时总结和梳理研究思路，包括研究进展和技术方法的总结无疑将对我国动物遗传育种理论和研究方法起到补充和完善的功效。

《分子诊断与动物分子育种》一书系统地阐述动物分子育种中的分子诊断技术方法和研究策略，其中包括该书作者的工作积累和总结。同时通过列举大量研究资料介绍动物分子育种领域的最新成果和研究进展，这些数据几乎涵盖目前农业动物重要经济性状分子育种领域最主要的研究成果。

赵兴波教授长期从事动物基因组和分子诊断技术方法的研究及教学工作，在研究工作中总结和吸收了许多有益的研究方法 and 研究策略，对该研究领域的实验方法和理论知识具有深刻的理解，并具有独到的见解。

该书将是一部值得同行学者翻阅和参考的学术著作。



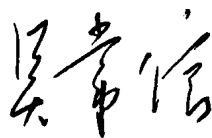
2011 年 1 月 25 日

序二

随着动物基因组研究计划的深入开展,基因的奥秘正在被逐渐揭开,人们逐渐从分子水平上了解数量性状的遗传变异。从发展趋势看,国际上动物遗传育种学科正在面临一场历史性的转变,那就是从传统的表型选择转变为基因型选择,动物基因组研究以及建立在此基础上的全新的育种技术——动物分子育种学也随之诞生。基因组学时代的动物遗传育种领域的主要研究方向涉及的 QTL 精细定位、候选基因分析、标记辅助分析、基因组关联分析等技术都与分子诊断技术密切相关。对分子诊断技术方法的汇总以及总结最新发展的动物分子育种的研究成果将加深和拓宽人们对这一前沿领域的认识。

赵兴波教授多年来一直在农业生物技术国家重点实验室从事研究工作,是国家自然科学基金委创新研究群体“畜禽基因组学与分子数量遗传学”的骨干成员,也是国家级教学团队和北京市优秀教学团队“动物科学本科专业遗传学系列课程教学团队”的主要成员。2000 年以来作为首席科学家助理和主要学术骨干参加“973”项目“农业动物遗传育种与克隆的分子生物学基础研究”(2000~2005 年)及“猪、鸡重要经济性状遗传的分子机制”(2006~2011 年)的研究工作,为项目的顺利实施和完成作出了重要的组织协调和研究贡献。

长期的科研和教学工作积累了该书作者对动物分子育种和分子诊断技术方法的感悟,最终促成了《分子诊断与动物分子育种》一书的出版。该书不仅是对当今国际上动物分子育种领域的进展和成果的盘点,其中许多内容也是作者所在实验室多年科研工作的经验总结,相信该书的出版将会使更多的同行学者受益。



2011 年 2 月 10 日

前 言

随着动物基因组研究的深入开展,动物遗传学全方位进入到基因组时代。依赖于动物遗传学理论的动物育种技术也在动物基因组学的指导下进入到了一个全新的阶段——动物分子育种阶段。目前以分子育种技术为方法的高新技术育种正在成为动物育种的发展趋势和方向。动物分子育种学在理论上依赖于分子数量遗传学,在技术方法上主要依赖于解析表型性状的分子诊断技术。分子诊断是通过分子生物学的技术方法,从DNA、RNA和蛋白质水平检测、分析基因的结构变异和表达状态,从而对表型性状作出遗传鉴定的方法。目前国际上动物分子育种及其相应的分子诊断技术研究领域处于蓬勃发展时期,但多数的研究方法和主要的研究进展处于萌芽和尝试阶段,因此本书在研究方法和实验技术章节中吸收和借鉴了人类医学领域的成功经验,同时拓宽了分子诊断技术的应用范畴。在分子育种的应用研究中,针对动物遗传育种学科的特点,主要搜集动物重要经济性状的分子诊断方法和研究成果、进展的素材范例,采取“基因—性状”的逻辑关系剖析分子育种的方法和原理。本书结构上采取“两段”式模式,使读者明确分子诊断和动物分子育种这两个相互关联又相互独立的研究领域。第一篇介绍分子诊断的研究策略与技术方法,侧重于实验技术方法和研究策略的描述。第二篇介绍分子诊断技术在动物分子育种中的应用,重点阐述猪、鸡、牛、羊等主要农业动物重要经济性状应用分子诊断技术的分子育种研究进展和取得的成果。本书的出发点是总结、概括动物分子育种研究中的分子诊断技术方法,而最终的立足点是对当今国际上动物分子育种领域的进展和成果的盘点。

本书的写作得益于本书作者在所在单位——中国农业大学动物科技学院和农业生物技术国家重点实验室进行长期研究工作的积累。感谢单位同事们和广大研究生营造的浓郁的研究氛围;由衷感谢作者恩师吴常信院士和李宁院士多年来的教诲和鼓励,成为我不断积极进步的楷模和动力源泉。

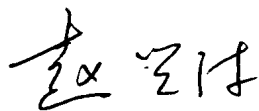
本书作者于1991~1997年在当时的西南民族学院(现西南民族大学)畜牧兽医系完成本科和硕士阶段的学习,在此衷心感激作者硕士阶段的导师钟光辉教授、蔡立教授、张成忠教授,三位恩师是我国牦牛研究的先行者,更是作者走上学术研究道路的引路人。

本书的部分研究内容是本书作者研究工作的总结,在这里感谢多年来陪伴作者潜心科研工作的研究生们。同时,本书的编著也得益于近年来毕业和在读研究

生们的帮助，先后帮助作者收集和整理著作素材的研究生有刘玉方博士、李红霞博士、方迟硕士和程甲硕士，在读研究生有曹梦、范启鹏、王曦、于光辉和向海。

成稿之际，作者要感谢华夏英才基金的鼓励，感谢中国农业大学党委统战部和民盟中国农业大学委员会全体盟员的支持和帮助。

由于作者水平有限，本书的总结和概括一定存在许多不足和本领域重要研究成果、技术方法的疏漏，在此向这些研究成果的作者和读者致歉，同时也期盼同行读者的批评指正！

A handwritten signature in black ink, appearing to read '赵志' (Zhao Zhi), written in a cursive style.

2011年3月31日

目 录

序一

序二

前言

第一章 绪论	1
第一节 分子诊断的概念及其技术方法	1
第二节 动物基因组研究进展	4
第三节 动物分子育种技术的发展	8
参考文献	11

第一篇 分子诊断的策略与方法

第二章 分子诊断的基本策略	15
第一节 以动物分子育种为目的的分子诊断策略	15
第二节 动物疫病的分子诊断策略	19
第三节 动物亲缘关系的分子诊断策略	20
参考文献	35
第三章 已知基因的分子诊断技术	39
第一节 基因结构变异的分子诊断技术	39
第二节 RNA 转录的分子诊断技术	72
第三节 蛋白质表达的分子诊断技术	78
参考文献	88
第四章 遗传标记连锁基因的分子诊断	94
第一节 分子标记与连锁图谱	94
第二节 基因定位的技术方法	112
第三节 全基因组关联分析	116
参考文献	122

第五章 表型差异基因的分子诊断技术	126
第一节 基因组结构分析与新一代测序技术	126
第二节 基因转录与转录组分析技术	142
第三节 蛋白质表达与蛋白质组分析技术	152
参考文献	160

第二篇 动物分子育种中的分子诊断

第六章 鸡分子育种中的分子诊断	167
第一节 鸡性连锁矮小性状的分子诊断与矮小鸡的培育	167
第二节 鸡鱼腥味基因的分子诊断	173
第三节 鸡白化基因的分子诊断	178
第四节 鸡羽毛特征基因的分子诊断与雌雄鉴别品系的培育	183
第五节 鸡冠型性状基因的分子诊断与分子育种	196
第六节 其他性状的分子诊断与分子育种	201
参考文献	214
第七章 猪分子育种中的分子诊断	225
第一节 生长发育相关性状的分子诊断	226
第二节 繁殖性状的分子诊断	232
第三节 肉质性状的分子诊断	237
第四节 其他性状的分子诊断	245
参考文献	254
第八章 牛分子育种中的分子诊断	259
第一节 <i>MSTN</i> 的分子诊断与双肌牛的培育	259
第二节 遗传缺陷的分子诊断	263
第三节 <i>DGAT</i> 的分子诊断与产奶性状的分子育种	274
第四节 毛色基因的分子诊断	278
第五节 其他性状的分子诊断	283
参考文献	286
第九章 羊的分子诊断与分子育种	292
第一节 生长性状相关基因的分子诊断	292

第二节 繁殖性状相关基因的分子诊断	303
第三节 产毛性状相关基因的分子诊断	313
第四节 抗性基因的分子诊断与抗病育种	325
参考文献	334
第十章 分子诊断的其他应用	342
第一节 非损伤性取样样品的分子诊断	342
第二节 古 DNA 研究中的分子诊断	345
第三节 核线粒体假基因的分子诊断	352
参考文献	359

第一章 绪 论

第一节 分子诊断的概念及其技术方法

1978 年,美籍华裔科学家简悦威 (Yuet Wai Kan) 首次利用 DNA 分子杂交技术成功地进行了镰形细胞贫血症的分子诊断,开辟了分子诊断研究与应用的时代先河。1999 年 11 月,美国研究病理学会 (The American Society for Investigative Pathology) 和分子病理学协会 (The Association for Molecular Pathology) 创刊出版了 *The Journal of Molecular Diagnostics*, 标志着分子诊断技术已发展成为一门成熟的学科——分子诊断学 (molecular diagnostics)。

一、分子诊断的概念与其技术特征

分子诊断技术在人类医学对疾病基因诊断中率先得以应用。随着分子诊断技术的不断改进和日臻成熟,特别是 20 世纪 80 年代中期聚合酶链反应 (polymerase chain reaction, PCR) 技术的问世以及 90 年代初人类基因组计划实施以来带动的 DNA 测序、基因芯片、蛋白质质谱等高通量生物大分子检测技术的出现,使分子诊断技术研究和应用的领域不断延伸,在动、植物遗传分析的研究应用中得到了快速的发展,并取得了许多研究与应用成果。动物分子诊断涉及的研究应用领域主要集中在 4 个方面。一是基因与表型性状的发生关系。以发现、鉴定和利用影响经济性状功能基因为目的,包括功能已知基因的分子诊断、遗传标记连锁基因的分子诊断和表型差异基因的分子诊断。二是亲缘关系的分子诊断。包括不同品种 (品系/种群) 以及不同个体的亲缘关系的鉴定,主要采用分子标记的方法进行遗传分析。三是外源基因 (微生物、寄生虫) 引发的各种感染和寄生虫病等的分子诊断。常采用外源物种特异基因或表达产物的分子诊断方法。四是非损伤性取样本中物种成分的鉴定。涉及实验材料的“去伪取真”的分子诊断。

分子诊断是指利用分子生物学的技术方法,检测 DNA、RNA 和蛋白质等生物大分子的结构变异和表达特性,通过分子特征分析做出综合鉴定的方法。其中从 DNA 水平检测并分析基因的结构和遗传变异的方法称为 DNA 诊断,用于遗传分析鉴定的分子诊断称为基因诊断。

分子诊断技术是以分子生物学为理论基础,结合细胞学、遗传学、生物化

学、免疫学、生物信息学等的技术方法,突破了传统检测手段的限制,极大地提高了分子检测的特异性和灵敏度,不仅对样本处理要求宽泛、对样本需要微量即可,而且实验操作的安全性、自动化程度也在不断提高,使得检测结果具有准确、快速、稳定的特点。

分子诊断的特点可以概括为以下几个方面。

(1) 特异度好。针对生物大分子(DNA、RNA、蛋白质)直接检测,排除了外因的干扰。

(2) 灵敏度高。PCR 技术检测突变的灵敏度达到 10^{-6} , 基因芯片的检测精度也已经提高到了与实时定量 PCR 相当的水平。

(3) 标本微量。DNA 样本借助 PCR 技术往往都在皮克(pg)水平就已足够, RNA 样本在微克(μg)水平, 蛋白质样本在毫克(mg)水平。

(4) 结果可靠。分子诊断中可设置多个对照和重复, 无需重复取样, 避免了重复取样的烦琐, 保证了实验结果的稳定性。

(5) 诊断范围广。分子诊断不仅能对表型作出确切的基因型诊断, 还能确定基因型表达的状态, 如 RNA、蛋白质的表达检测。

(6) 具有预见性。分子诊断技术不仅可以鉴定已经表现的性状的基因型, 还能对未表现的基因型进行准确预见, 如出生仔猪的氟烷应激检测。

分子诊断技术的这些特性使人们对这项技术的广阔应用前景和巨大商业价值寄予了厚望。

二、分子诊断技术的发展历程与发展趋势

分子诊断技术不仅局限于在人类医学的应用, 在整个生命科学领域都有十分广阔的应用空间。特别是在现今基因组研究不断深入完善的基因组研究时代, 分子诊断技术已成为生命科学领域研究最为活跃和应用最为广泛的实验技术。

分子诊断技术的发展大致经历了三个重要阶段。

第一个阶段是在 20 世纪 40 ~ 80 年代, 主要利用 DNA 分子杂交技术结合限制性片段长度多态性(RFLP)分析进行的分子诊断, 简悦威建立的鉴定镰形细胞贫血症的分子诊断技术就是这一时期最为瞩目的科学成就。这一时期的经典实验技术是当时广泛用于个体和群体亲缘鉴定的小卫星多态分析技术, 也就是 DNA 指纹分析技术。虽然分子杂交的检测方法可鉴定基因型, 但往往需要大量的样本 DNA, 实验操作中分子探针多用同位素标记, 技术过程繁琐。这一时期是分子诊断技术的建立阶段, 用于检测的样本为 DNA, 因此, 这一时期的分子诊断技术称为 DNA 诊断。

第二个阶段是在 1985 年美国科学家 Mullis 等发明 PCR 技术以来发展的以

PCR 技术和自动化 DNA 测序技术为基础的分子诊断技术。PCR 技术只需简单的操作就可在短时间内完成靶 DNA 序列的大量扩增,从而突破了以往研究中不易获取足够量靶 DNA 的技术瓶颈。PCR 技术以其操作简便、快捷、安全、灵敏度高的优点被广泛应用于分子生物学研究和应用领域。同时,以 PCR 技术为基础衍生出了许多灵敏而便捷的分子诊断方法。例如,检测与特定酶切位点有关的碱基突变的 PCR-RFLP,根据 PCR 产物的有无鉴定基因型的等位基因特异性 PCR (allele specific PCR, AS-PCR),依据凝胶电泳中分子构象变化检测碱基突变的 PCR-SSCP、PCR-DSCP、PCR-HA、PCR-ddf、PCR-DGGE、PCR-TGGE 等,用于检测微卫星多态的 PCR-STR (simple tandem repeat, STR),多个 PCR 反应结合的多重 PCR,针对 mRNA 转录分析的 RT-PCR、定量 PCR,以及 PCR 技术和蛋白质免疫技术结合的免疫 PCR 等。

第三个发展阶段是 20 世纪 90 年代基因组计划实施以来以生物芯片(基因芯片、蛋白质芯片和组织芯片)检测技术为代表的高通量诊断技术,包括基因组深度测序技术以及各种高通量、自动化的 SNP 检测技术、RNA 定量分析技术、蛋白质谱分析技术和分子间互作分析技术等。在人类基因组计划实施完成并进入到功能基因组研究时代的同时,动物基因组测序也在陆续完成,动物功能基因组研究时代也接踵而至。海量生物信息数据的涌现成为功能基因组研究的时代特征,生物信息学分析技术伴随基因组学、转录组学、蛋白质组学、代谢组学等研究内容应运而生,为高通量、自动化的分子诊断技术提供了充分的更加全面和有力的技术保障,多学科交叉、多技术集成、高通量、自动化成为当今分子诊断技术最显著的特征。

分子诊断技术的发展历程展示了分子诊断技术的研究策略从最初的 DNA 定性诊断发展到 DNA、RNA、蛋白质等生物大分子动态、定量的多层次诊断;分子诊断的技术方法从利用分子杂交、PCR 等单一手动或半自动技术发展到低通量、多技术集成的综合诊断方法;分子诊断的实验对象从单基因诊断发展到基因组、转录组、蛋白质组、代谢组、表型组的全方位诊断;分子诊断的应用范畴从标准组织样本、功能已知基因的诊断(如人类白化病和血红蛋白病、猪氟烷应激、牛的双肌性状和鸡的矮小性状)发展到复杂样本(微量、陈腐、多成分)、表型差异基因(如牛的产奶量、鸡的产蛋率、猪的肥育性状和羊的产毛性状等)的诊断。图 1-1 概括了动物分子诊断的技术方法与主要应用领域。

2008 年 10 月 30 日美国《时代》杂志评选出的“50 项最重要的发明”中,美国 23andMe 公司的“个人 DNA 测试服务”(personal genome service)位居榜首,当选为 2008 本年度最佳发明。23andMe 公司“个人 DNA 测试服务”的核心内容就是以基因芯片对 55 万个 SNP 进行分子诊断,通过遗传分析对 100 多项健康状况指标进行评估,包括 30 项疾病基因(clinical report)和 86 项潜在健康基

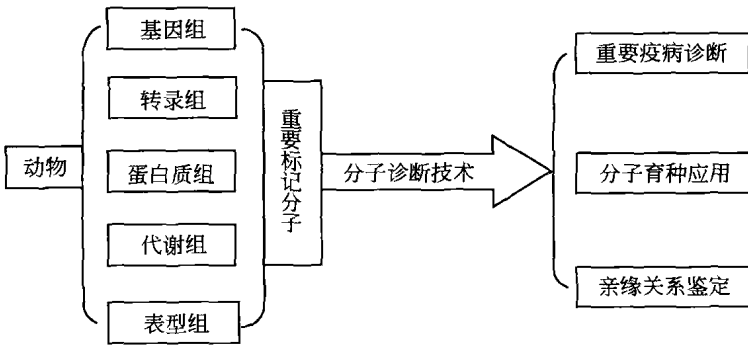


图 1-1 动物分子诊断的技术方法与应用

因 (research report) 的评估报告 (www.23andme.com)。检测方法通过顾客唾液获得基因组样本, 最低检测费用仅为 399 美元。目前全球 DNA 测试服务的公司不断涌现, 测试指标在不断增加, 费用也在不断降低, 个人健康状况的分子诊断正在成为一种健康的时尚。同时新一代测序技术 (next-generation sequencing, NGS) 的出现, 使以边合成边测序为特征的基因组深度测序技术 (deep sequencing technology) 发展成为新一代的测序技术。2006 年以来以 Roche (454) GSFLX Sequencer、Illumina genome analyzer (Solexa)、Applied Biosystems SOLiD Sequencer、HeliScope Sequencer 为代表的新一代测序技术以快速、高通量、高准确性、价格低廉等优势掀起了基因组测序的浪潮, 测序个人基因组只需 1000 美元的目标将极大地促进包括动物分子诊断在内的研究和应用领域的深远发展。可以预见, 分子诊断技术的研究和应用将迎来蓬勃发展的时代。

第二节 动物基因组研究进展

一、动物基因组测序进展

1990 年, 人类基因组计划 (human genome project, HGP) 全面启动; 2000 年, 人类基因组工作草图公开发表, 人类基因组长度约为 30 亿个碱基对、约有 26 000 个蛋白质编码基因、SNP 数量约 300 万个; 2003 年, 人类基因组计划的测序任务圆满完成。在人类基因组计划的带动下, 美国和欧盟等发达国家和地区纷纷制订出农业动物基因组计划。2002 年 C57BL/6J 小鼠品系基因组测序完成, 包括 25 亿个碱基对, 约有 25 000 个蛋白质编码基因, SNP 数量至少 34 万个; 2004 年大鼠基因组测序完成, 包括 28 亿个碱基对, 约有 25 000 个蛋白质编码基因, SNP 数量达 30 万个; 2004 年黑猩猩基因组测序完成, 其基因组长度约为 24 亿个碱基对, 约有 28 000 个蛋白质编码基因, SNP 数量至少 170 万个。家养动物基因组计

划也已全面展开,进入21世纪后,美国、欧盟、日本等国家和组织在原有物种基因组计划之外,增加了大量的经费用于牛、鸡、羊、猪、马、狗等动物的全基因组测序计划,组成了国际合作研究组织,并取得了突破性进展。目前已完成鸡、牛、马、猪、狗、猫、兔等主要家养动物的基因组序列测定,绵羊、火鸡的序列测定正在进行。从基因组层面掌控数量性状的遗传变异,并在此基础上建立分子育种技术正成为动物育种中提高选种准确性、加快优良畜禽品种(系)培育速度的重要途径和发展趋势。表1-1罗列了主要家养动物基因组测序与完成情况。

表1-1 主要家养动物基因组测序与完成情况

物种	测序动物	基因组长度 /bp (拼接 版本)	编码基因数 (时间)	测序方法 (覆盖率)	SNP 数量	测序机构
普通牛 (<i>Bos taurus</i>)	雄性海福特(Hereford)	2.91×10^9 (Btau4.0)	20 648 (2009)	whole-genome shotgun/BAC (7.1 ×)	2 200 000	BCM-HGSC
绵羊 (<i>Ovis aries</i>)	6 个品种(Romney、Texel、Scottish Blackface、Merino、Poll Dorset 和 Awassi)的血样	2.78×10^9 (OAR1.0)	— (2008)	whole-genome shotgun/ (3 ×)	594 681	AgResearch/ BCM-HGSC / CSIRO/ University of Otago
猪 (<i>Sus scrofa</i>)	雄性杜洛克猪(Duroc)	2.26×10^9 (Sscrofa9)	12 678 (2009)	minimal tile-path BAC by BAC (6 ×)	115 572	Sanger Institute
	5 个品种(ErHuaLian、Duroc、Landrace、Yorkshire 和 Hampshire)的血样	2.1×10^9	— (2005)	whole-genome shotgun (0.66 ×)		Sino-Danish Pig Genome Project
马 (<i>Equus caballus</i>)	雌性纯血马(Thoroughbred)	2.47×10^9 (EquCab 2)	17 254 (2009)	whole-genome shotgun/BAC (6.8 ×)	1 500 000	BL/MIT
猫 (<i>Felis catus</i>)	名为“肉桂”(Cinnamon)的雌性阿比西尼亚猫(Abyssinian)	2.64×10^9 (CAT)	13 271 (2007)	whole-genome shotgun (1.87 ×)	—	Agencourt Bioscience/BI
兔 (<i>Oryctolagus cuniculus</i>)	雌性 Thorbeckexi 新西兰白兔	2.67×10^9 (OryCun2.0)	14 346 (2009)	whole-genome shotgun (7.48 ×)	—	BL/MIT
狗 (<i>Canis familiaris</i>)	名为 Tasha 的雌性拳师犬(Boxer)	2.38×10^9 (Canfam2.0)	15 900 (2005)	whole-genome shotgun/BAC (7.6 ×)	2 544 508	BL/MIT
	名为 Shadow 的雄性狮子狗(Poodle)	$2.3 \times 10^9 \sim 2.47 \times 10^9$	18 473 ~ 24 567 (2003)	whole-genome shotgun (1.5 ×)		NHGRI/BI

续表

物种	测序动物	基因组长度 /bp (拼接 版本)	编码基因数 (时间)	测序方法 (覆盖率)	SNP 数量	测序机构
鸡 (<i>Gallus gal- lus</i>)	雌性红原鸡	1.05×10^9 (WASHUC2)	16 450 (2004)	whole- genome shotgun/BAC (6.6 ×)	2 800 000	WUGSC
火鸡 (<i>Oryctolagus gallopavo</i>)	匿名雌火鸡	1.08×10^9 (UMD2)	11 145 (2009)	BAC/other large clone shotgun	11 287	Virginia Bioin- formatics Insti- tute/USDA Be- ltsville/ Univer- sity of Maryland

WUGSC, Washington University Genome Sequencing Center, <http://genome.wustl.edu>
Sanger Institute, http://www.sanger.ac.uk/Projects/S_scrofa/
BCM- HGSC: Baylor College of Medicine The Human Genome Sequencing Center, <http://www.hgsc.bcm.tmc.edu/project-species-x-organisms.hgsc>
BL/MIT: <http://www.broadinstitute.org/mammals/>
鸡基因组数据库:
<http://genome.wustl.edu/genomes/view/>
http://www.ensembl.org/Gallus_gallus/Info/Index/
狗基因组数据库:
<http://www.broadinstitute.org/mammals/dog>
[http://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/36796739? report = genbank](http://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/36796739?report=genbank)
http://www.ensembl.org/Canis_familiaris/Info/Index/
牛基因组数据库:
<http://genomes.arc.georgetown.edu/bovine/>
[http://www.hgsc.bcm.tmc.edu/project-species-m-AnalysisBovine.hgsc? pageLocation = Bovine](http://www.hgsc.bcm.tmc.edu/project-species-m-AnalysisBovine.hgsc?pageLocation=Bovine)
http://www.ensembl.org/Bos_taurus/Info/Index/
马基因组数据库:
<http://www.broadinstitute.org/mammals/horse>
http://www.ensembl.org/Equus_caballus/Info/Index
猪基因组数据库:
<http://www.piggenome.org/>
http://www.sanger.ac.uk/Projects/S_scrofa/
http://www.ensembl.org/Sus_scrofa/Info/In
绵羊基因组数据库:
<http://www.sheepmap.org/>
<http://www.livestockgenomics.csiro.au/sheep/>
<https://isgdata.agresearch.co.nz/>
猫基因组数据库:
http://www.ensembl.org/Felis_catus/Info/Index/
兔基因组数据库:
http://www.ensembl.org/Oryctolagus_cuniculus/Info/Index
<http://www.broadinstitute.org/science/projects/mammals--models/rabbit/rabbit-genome-sequencing-project>
火鸡基因组数据库:
http://www.ensembl.org/Meleagris_gallopavo/Info/Index/