

DOI: 10.3724/SP.J.1005.2008.00071

## 鸡 *Myf6* 基因遗传多态性及其遗传效应研究

孙文浩<sup>1</sup>, 朱庆<sup>1</sup>, 蒋小松<sup>2</sup>, 杜华锐<sup>3</sup>

1. 四川农业大学动物科技学院, 雅安 625014;

2. 四川省畜牧科学研究院, 成都 610066;

3. 大恒家禽育种有限公司, 成都 610066

**摘要:** 采用测序和单链构象多态(SSCP)的方法分析了 *Myf6* 基因在 5 个优质肉鸡纯系和 3 个杂交配套系中的遗传分布、遗传变异及群体杂合性等群体遗传信息, 并分析了 *Myf6* 基因对胴体性状及肉质性状的遗传效应。结果发现该基因的 CDS 区域非常保守, 仅在外显子 1 的 47 位处发生点突变由 G→A, 由于人工选育的原因, 该基因不同基因型的分布在 2 个优质肉鸡纯系中偏离了 Hardy-Weinberg 平衡, 并且杂合度较低, 遗传一致性较高, 但在 3 个杂交配套系中仍都服从 Hardy-Weinberg 平衡, 杂合度较高, 达到了配套杂交的目的。野生型 A 基因可显著地提高活重、屠体重、胸肌重和腿肌重 ( $P < 0.05$ ), 同时也会降低肉的嫩度。具体地讲, A 基因对增加活重、屠体重、胸肌重和腿肌重的加性效应值分别为 45.54 g, 41.03 g, 6 g 和 9.775 g; 对增加肌纤维直径和肌纤维密度的加性效应值分别为 1.025  $\mu\text{m}$  和 -29.99  $\text{mm}^2$ 。

**关键词:** 鸡; *Myf6* 基因; 遗传结构; 产肉量; 肌肉嫩度

## Genetic diversity and genetic effects of *Myf6* gene in chickens

SUN Wen-Hao<sup>1</sup>, ZHU Qing<sup>1</sup>, JIANG Xiao-Song<sup>2</sup>, DU Hua-Rui<sup>3</sup>

1. College of Animal Science, Sichuan Agricultural University, Ya'an 625014, China;

2. Sichuan Animal Science Academy, Chengdu 610066, China;

3. Sichuan Dahan Poultry Breeding Company, Chengdu 610066, China

**Abstract:** The population genetic information about genetic distribution, variation and heterozygosity of *Myf6* gene in five purelines and three crossbreds of chicken was analyzed using PCR-SSCP. And the genetic effects of *Myf6* gene on fiber density and partial carcass traits were investigated. Only one mutation G/A at base position 47 of the whole CDS was found among individuals in each line. The distribution of *Myf6* genotype strayed off the Hardy-Weinberg equilibrium and the heterozygosity was low in two purelines but not in three crossbreds. The wild-type allele A had significant positive effects on live-weight, carcass-weight, breast-muscle-weight and leg-muscle-weight ( $P < 0.05$ ), but had negative effects on most of meat quality traits. The A allele had additive effects of increasing 45.54 g of the live-weight, 41.03 g of the carcass-weight, 6 g of the breast-muscle-weight, 9.775 g of the leg-muscle-weight. The A allele had dominant effects of increasing 1.025  $\mu\text{m}$  of the diameter of muscle fiber, -29.99  $\text{mm}^2$  of the density of muscle fiber.

**Keywords:** chicken; *Myf6* gene; genetic diversity; meat production; muscle tenderness

收稿日期: 2007-06-17; 修回日期: 2007-10-12

基金项目: 四川省科技厅生物技术项目资助(编号: 05NG002 - 017)[Supported by the Bio-Tech Programs of Sichuan Province (No. 05NG002-017)]

作者简介: 孙文浩(1982-), 男, 硕士研究生, 专业方向: 动物遗传育种与繁殖。E-mail: sun\_xi\_wen@163.com

通讯作者: 朱庆(1959-), 男, 教授, 博士生导师, 研究方向: 动物遗传育种与繁殖。Tel: 0835-2882006; E-mail: zhuqing5959@163.com

生肌决定因子(*MRFs*)家族基因控制着肌细胞的增殖和分化,与肌纤维的数量和大小都有密切的关系,因而对肉质和风味都有着非常重要的作用,该基因家族编码 4 种不同的转录因子,分别为*MyoD*, *MyoG*, *Myf5*, *Myf6*, 它们各自或协同控制着骨骼肌生成很多方面的关键调节因子<sup>[1-4]</sup>。1989 年 Braun 等根据人与小鼠生肌决定因子的同源性,从人类胎盘的骨骼肌 cDNA 文库中分离得到 *Myf6*, 并且在 1990 年将 *Myf6* 定位于人类第 12 号染色体上。根据 GenBank 上公布的序列,鸡的 *Myf6* 基因位于 1 号染色体,其 DNA 序列长为 1 836 bp (NC\_006088.2),由 2 个外显子和 2 个内含子构成,是该家族中的下游基因,直接影响着肌细胞的分化<sup>[5-7]</sup>,因此, *Myf6* 基因的遗传变异可能与鸡的胴体性状以及肉质性状都有着密切的关系<sup>[8]</sup>。

目前,很多肉质方面的候选基因都得到了充分的研究<sup>[9,10]</sup>,而 *Myf6* 作为其中的重要一员,在鸡上的研究却鲜有报道。本研究选择了 8 个优质肉鸡品系作为试验对象,用 PCR-SSCP 的方法对鸡 *Myf6* 基因 CDS 区进行 SNPs (single nucleotide polymorphisms) 检测,对该基因在各品系中的遗传分布及群体遗传结构进行了研究,并在此基础上进一步研究了 *Myf6* 基因的遗传效应,目的在于寻找与肉质等性状相关的遗传标记,为优质肉鸡的分子育种提供理论依据。

## 1 材料和方法

### 1.1 实验材料

以四川畜牧科学研究所和大恒家禽育种公司培育的 S01、S02、S03、S05、D99 等 5 个优质肉鸡纯系以及 S01×S10、S01×S05、S01×D99 3 个优质肉鸡杂交系为材料,每个品系各取 30 只,公母各半。S01 系:青脚白皮,体型高大,公鸡红羽或红麻羽,母鸡羽毛麻色。生长快,产蛋量高,抗病力强,肌苷酸和肌肉脂含量高,肌纤维密度高,肉质鲜嫩风味佳;S02 系:黑脚乌皮,体型较大,公鸡红黑羽,母鸡深麻色羽,体型外貌整齐。生长速度较快,产蛋量较高,肌纤维密度高,肉质鲜嫩;S03 系:黄脚白皮,体型大呈方形,公鸡红羽,母鸡黄麻羽。生长速度快,产蛋量较高,抗病力强;S05 系:青脚白皮,体型较大,公鸡羽毛棕红色,母鸡麻羽。生长速度较快,产蛋量较高,肌纤维密度高,鸡肉低脂细嫩;D99 系:青脚

白皮,体型较大,公鸡黄羽,母鸡黄麻羽,羽毛紧凑,体型外貌整齐。生长速度较快,产蛋量高,抗逆性强。

各品系均来自四川畜牧科学研究所和大恒家禽育种有限公司,采取同样的饲养管理方式。90 日龄全部进行屠宰,测定相关性能,采血,EDTA 抗凝,置于冰盒,带回实验室。

### 1.2 性能测定

屠宰按照国家家禽育种委员会制订的《家禽生产指标名称和计算方法》现场进行,同时记录屠宰性状,屠宰性状包括:活重(g)、屠体重(g)、全净膛重(g)、半净膛重(g)、胸肌重(g)、腿肌重(g)、腹脂重(g)和皮下脂肪厚(mm)。在屠宰的同时,选取左侧胸大肌的肌肉组织,为减少取样的误差,尽量以肌束为单位,分别沿肌束的垂直方向和顺肌纤维方向切取 3 cm × 2 cm 大小的肉样,浸入 10 % 的中性甲醛溶液,常规石蜡包埋组织切片。每个样制作 3 张切片, H-E 染色。共选取 60 根肌纤维进行肌纤维直径的计算,取平均值,肌纤维密度按每平方毫米的肌纤维根数进行统计。常规营养成分、氨基酸以及肌苷酸的测定均在四川农业大学动物营养研究所进行。

### 1.3 引物设计和 PCR 扩增

根据 *Myf6* 的 DNA 序列 (GenBank 登录号: NC\_006088.2), 用 Primer5.0 和 Oligo6.0 结合设计鸡 *Myf6* 基因特异引物。本次实验预期扩增 *Myf6* 基因的 CDS 区 562 bp 长的片段,结果仅发现 1 个突变位点,在此仅列出该位点的引物序列为:

Upper: 5'-CGGCTCCTATTTCTTCTAC-3';

Lower: 5'-CGACTTTCTCTTGCAGGTTTT-3'

该位点的扩增片段长度为 244 bp。

PCR 扩增总体积为 10  $\mu$ L, PCR 扩增体系的组成为 2 × *Taq* PCR MasterMix 5  $\mu$ L、ddH<sub>2</sub>O 3.4  $\mu$ L、引物(10 pmol/ $\mu$ L) 各 0.3  $\mu$ L、模板 DNA (50 ng/ $\mu$ L) 1  $\mu$ L。PCR 扩增程序: 预变性 94  $^{\circ}$ C 5 min; 94  $^{\circ}$ C 30 s, 60.5  $^{\circ}$ C 30 s, 72  $^{\circ}$ C 1 min, 35 个循环; 最后 72  $^{\circ}$ C 继续延伸 8 min。PCR 产物用 1% 琼脂糖凝胶电泳检测,结束后用 UVP 凝胶成像系统分析检测扩增结果。

### 1.4 SSCP 分析

2  $\mu$ L PCR 产物经 98  $^{\circ}$ C 变性 10 min, 迅速插入冰中,使之保持变性状态。12% 非变性聚丙烯酰胺凝胶 (Acr:Bis=29:1) 电泳。10 V/cm 电泳 10~11 h 后,银染显色。

## 1.5 测序

经 PCR-SSCP 分析后, 取 2 个不同基因型纯合个体的 PCR 扩增产物在上海英骏生物技术有限公司进行纯化和测序, 然后与鸡的染色体组序列进行序列比对。

## 1.6 统计分析

### 1.6.1 各品系基因分布的分析

根据电泳结果直接判断出每一个体的基因型, 计算各等位基因在各品系中的基因频率并运用卡方检验和最大似然率法分别进行符合 Hardy-Weinberg 平衡的检验。

### 1.6.2 群体遗传结构的分析

采用 Alberta 大学生物技术中心开发的 PopGene 32(Population Genetic Analysis, Version 1.31) 软件进行 *Myf6* 基因在各品系内的遗传变异、群体杂合性及群体遗传结构等分析。各参数的计算方法详见 Nei 等的报道<sup>[11,12]</sup>, 分析内容涉及:

*Myf6* 基因位点在各品系内的遗传变异: 基因的观察等位基因数( $N_a$ )、有效等位基因数( $N_e$ )、Shannon's 信息指数( $I$ );

*Myf6* 基因位点的群体杂合性: 多态信息含量( $PIC$ )、群体纯合度(Homozygosity,  $Hom$ )、群体杂合度(Heterozygosity,  $Het$ )、Wright's 固定指数( $Fis$ )等。

### 1.6.3 各种基因型与相关性状间的关联性分析

采用 SAS 统计软件(SAS Institute Inc, Version 8.0)glm 程序进行最小二乘分析, 同时采用 reg 程序计算基因加性效应和显性效应。所采用模型为:

$$Y_{ijk} = \mu + L_i + G_j + S_k + (L_i \times G_j) + (S_k \times G_j) + e_{ijk}$$

其中:  $Y_{ijk}$  为性状表型值,  $\mu$  为平均值;  $L_i$  为品系效应;  $G_j$  为基因型效应(包括基因加性效应和显性效应; 加性效应用 -1, 0 和 1 分别代表 AA、AB 和 BB 基因型, 显性效应用 1, -1 和 1 分别代表 AA、AB 和 BB 基因型);  $S_k$  为性别效应;  $(L_i \times G_j)$  为品系与基因型的互作效应;  $(S_k \times G_j)$  为性别与基因型的互作效应;  $e_{ijk}$  为随机残差效应。

## 2 结果与分析

### 2.1 PCR-SSCP 检测结果

用设计的引物对不同品系鸡的基因 DNA 进行扩增, PCR 产物用 1% 琼脂糖检测。发现特异性扩增良

好, 片段长度与预期的相符, 可直接进行 SSCP 分析。对该位点 PCR 产物进行 SSCP 分析, 结果该位点表现出 3 种基因型(命名为 AA、AB、BB) (图 1)。

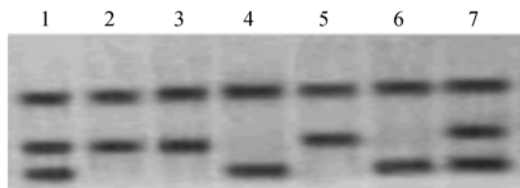


图 1 *Myf6* 基因不同基因型个体的 SSCP 分析

Fig. 1 SSCP analysis on PCR amplification in different individuals of *Myf6* gene

1、7: AB; 2、3、5: AA; 4、6: BB。

### 2.2 不同基因型的纯合子个体的测序

在该位点各取 2 个纯合基因型的片段进行回收, 并进行测序。测序结果表明, 多态性是由该段序列中的 1 个核苷酸的点突变造成的(图 2), 47 位处发生点突变由 G → A(正向测序), 该位点位于第 1 外显子内, 该位点 AA 型与 GenBank(Accession No: NC\_006088.2)中的一致, 定义为野生型; BB 型定义为突变型。

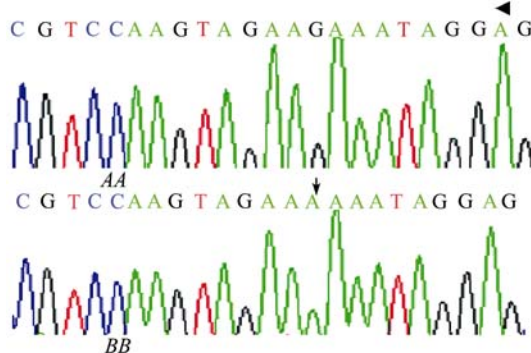


图 2 *Myf6* 基因 SNP 序列分析

箭头处表示发生碱基替代的位置。

Fig. 2 Sequence analysis on the isolated genotype of *Myf6* gene  
Arrow denotes substitution.

### 2.3 不同品系基因型和基因频率统计结果

不同鸡种 *Myf6* 基因的基因型频率和基因频率统计结果见表 1。在各个品系内, 对该位点而言, AA 基因型和 A 等位基因频率明显地高于 BB 基因型和 B 等位基因。用卡方检验和最大似然率法分别对各品系内 *Myf6* 基因的基因型分布进行服从 Hardy-Weinberg 平衡的检验。结果表明 3 个杂交系全都符合 Hardy-Weinberg 平衡, 可以看出在此育种过程中, 杂交配套的针对性是很强的; 两种方法都证明该基因在 S03 和 D99 两个纯系内均极显著的偏离了

Hardy-Weinberg 平衡( $P<0.01$ ), 而其他 3 个纯系尚未偏离 Hardy-Weinberg 平衡( $P>0.05$ ), 由此也可以看出各个品系的选择力度及选育时间可能存在差异。就检验效率而言, 两种方法在此基本一致, 并无优劣之分。

#### 2.4 *Myf6* 基因在不同品系内的遗传变异及中性选择分析

多态信息含量及遗传杂合度等指标是度量群体遗传变异的重要参数, 多态信息含量以及遗传杂合度越低, 表明遗传一致性越高。由表 2 可知, 除纯系 S02 外, 各品系的多态信息含量均在 0.25 与 0.5 之间, 该位点属于中度多态性。就群体杂合度而言, 3 个杂交系的杂合度较高, 均位于期望值左右, 而 5 个纯系中, 除 S05 外杂合度均偏低, 遗传一致性较高, 纯系 S05 的杂合度是所有品系中最高的, 初步推断其

选育时间较短。通常当杂合子观察频率大于随机交配情况下的预期频率时, 固定指数为负值, 若存在近交效应时, 杂合子频率的观察值减小, 则固定指数为正。本实验中除 S05 外, 各个纯系均存在近交效应, 这与杂合度分析的结果基本一致。

分子进化的中性理论认为自然群体中分子水平上的遗传变异在很大程度上是中性的, 各种变异的存在与否完全决定于遗传漂变和净化选择作用。对实验中遗传变异情况的进化形式进行中性选择分析。先计算各群体在该基因座位上杂合度的观察值, 再根据中性理论进行样本含量为 1 000 的模拟群体的遗传变异预测。由表 2 可知, 观察值与预测值间存在显著水平的变异( $P<0.05$ ), 表明该基因在进化过程中并不遵循中性选择模式。即在进化历史中各品系受到选择的作用。

表 1 *Myf6* 基因在不同品系间的遗传分布

Table 1 The genetic distribution of *Myf6* gene among different breeds

品系 Lines	检测个数 Number	基因型分布 Genotype distribution			等位基因频率 Allele frequency		适合性检验法 Chi-square		似然率检验法 Likelihood ratio test	
		AA	AB	BB	A	B	$\chi^2$ 值	P	G <sup>2</sup> 值	P
S01	29	18	8	3	0.7586	0.2414	2.0816	0.1491	1.8953	0.1686
S02	28	21	5	2	0.8393	0.1607	3.7993	0.0513	2.9428	0.0863
S03	29	16	6	7	0.6552	0.3448	9.1568	0.0025	9.1341	0.0025
S05	29	8	19	2	0.6034	0.3966	3.5938	0.0580	3.8268	0.0504
D99	28	16	6	6	0.6786	0.3214	7.8644	0.0050	7.6636	0.0056
S01 × S10	30	11	14	5	0.6000	0.4000	0.0602	0.8062	0.0600	0.8064
S01 × S05	30	14	14	2	0.7000	0.3000	0.2697	0.6036	0.2785	0.5977
S01 × D99	30	12	15	3	0.6500	0.3500	0.2029	0.6524	0.2060	0.6499
总计 Total	233	116	87	30	0.6845	0.3155	4.4167	0.0356	4.3201	0.0377

表 2 *Myf6* 基因等位基因位点的群体杂合性及中性选择分析

Table 2 The heterozygosity analysis and the Ewens-Watterson test for neutrality of *Myf6* gene loci in different breeds

品系 Lines	基因 个数 Number	观察值		Levene's 期望值		Nei's 期望杂 合度 <i>H</i>	多态信 息含量 <i>PIC</i>	有效等位 基因数 <i>Ne</i> Effective number of alleles	固定 指数 Wright's fixation index ( <i>Fis</i> )	信息指数 Shannon's Informa- tion index	观察值 F Ob- served F	期望值	
		Observed values		Expected values								Expected values	
		群体纯 合度 <i>Hom</i>	群体杂 合度 <i>Het</i>	群体纯 合度 <i>Hom</i>	群体杂 合度 <i>Het</i>							F	SE
S01	58	0.7241	0.2759	0.6273	0.3727	0.3662	0.2992	1.5779	0.2468	0.5527	0.6338	0.7909	0.0263
S02	56	0.8214	0.1786	0.7253	0.2747	0.2698	0.2334	1.3694	0.3381	0.4409	0.7302	0.7822	0.0269
S03	58	0.7931	0.2069	0.5402	0.4598	0.4518	0.3498	1.8243	0.5421	0.6442	0.5482	0.7859	0.0269
S05	58	0.3448	0.6552	0.5130	0.4870	0.4786	0.3641	1.9179	-0.3689	0.6716	0.5214	0.7891	0.0273
D99	56	0.7857	0.2143	0.5558	0.4442	0.4362	0.3411	1.7738	0.5088	0.6279	0.5638	0.7918	0.0266
S01 × S10	60	0.5333	0.4667	0.5119	0.4881	0.4800	0.3648	1.9231	0.0278	0.6730	0.5200	0.7876	0.0274
S01 × S05	60	0.5333	0.4667	0.5729	0.4271	0.4200	0.3318	1.7241	-0.1111	0.6109	0.5800	0.7879	0.0271
S01 × 99	60	0.5000	0.5000	0.5373	0.4627	0.4550	0.3515	1.8349	-0.0989	0.6474	0.5450	0.7953	0.0257
总计 Total	466	0.6266	0.3734	0.5672	0.4328	0.4319	0.3386	1.7602	0.1354	0.6234	0.5681	0.8481	0.0289

Shannon 信息指数是衡量群体间分化水平的测度,可度量一个随机交配群体在品种选育过程中所受选择、变异和遗传漂变的合并影响。在所检测的各品系中,品系 S02(0.4409)的信息指数最低,其他各品系的值都较高,整个试验群体的总体平均信息指数较高,达 0.6234。信息指数高表明各实验群体的遗传变异性较高,有较大的育种潜力,该检测结果与群体杂合度的分析基本一致。

## 2.5 各种基因型与生产性能的相关研究

由表 3 可知, *Myf6* 基因部分基因型对活体重、屠体重、胸肌重和腿肌重等胴体性状都有显著性影响( $P<0.05$ ),其中 AA 型为野生型,该基因型的活重、屠体重、胸肌重和腿肌重均显著高于突变型 BB 型和杂合型 AB 型( $P<0.05$ ),并且以增重的正向加性效应为主。但对于半净膛率、全净膛率、腹脂率、胸肌率、腿肌率、腹脂重和皮脂厚等性状都未造成显著性影响( $P>0.05$ ),其加性效应和显性效应也较弱。

*Myf6* 基因部分基因型对肌纤维密度和肌纤维直径两嫩度指标有显著性影响( $P<0.05$ ),AA 型和 AB 型的肌纤维密度均显著低于 BB 型( $P<0.05$ ),该基因对增加肌纤维密度的加性效应和显性效应分别为 -29.99 和 -21.18,而 AA 型和 AB 型的肌纤维直径均显著高于 BB 型( $P<0.05$ ),其增加肌纤维直径的加性

效应和显性效应分别为 1.025 和 0.835。该基因的各基因型对 3 个风味和鲜味指标肌内脂肪含量、肌苷酸含量、谷氨酸含量都没有显著性的影响( $P>0.05$ ),其加性效应和显性效应也较弱。

## 3 讨 论

### 3.1 *Myf6* 基因遗传分布与变异

由于目前在鸡中尚没有发现从分子水平上研究 *Myf6* 基因的变异与产肉量及肌肉嫩度的关系,本研究利用 PCR-SSCP 技术和 DNA 测序寻找鸡 *Myf6* 基因的 SNPs 位点,并于该基因第 1 外显子内的 47 位发现了 G A 突变,然后以此位点为标记,应用软件 POPGENE32 分析了该基因在 5 个优质肉鸡纯品系和 3 个杂交配套系中的遗传分布、群体杂合性以及选择变异情况,该位点的等位基因 A 的分布占绝对优势,并且在 5 个纯系中主要以纯合子存在, S03 和 D99 两个纯系均极显著偏离 Hardy-Weinberg 平衡( $P<0.01$ ),而且群体杂合度均较低,但 5 个纯系仍属于中度多态性,因此还具有选择潜力,在 3 个杂交配套系中 A 的纯合子与杂合子分布比较平均,基因分布都符合 Hardy-Weinberg 平衡,而且群体杂合度都较高,可见配套杂交的效果是明显的。

表 3 *Myf6* 基因不同基因型对生产性状的影响

Table 3 Effect of different genotypes of *Myf6* gene on production traits

性状 Traits	基因型 Genotype				加性 效应 a	显性 效应 d
	AB	BB	AA	P		
活重(LW)/g	1867.98 ± 10.88 <sup>a</sup>	1832.73 ± 13.65 <sup>b</sup>	1776.90 ± 22.91 <sup>c</sup>			
屠体重(CW)/g	1669.10 ± 11.87 <sup>a</sup>	1621.53 ± 14.88 <sup>b</sup>	1587.04 ± 24.98 <sup>b</sup>			
半净膛率(EP)/%	92.79 ± 0.24	92.74 ± 0.30	93.45 ± 0.50	<0.0001	45.54	10.29
全净膛率(WEP)/%	77.12 ± 0.24	76.95 ± 0.31	77.84 ± 0.51	<0.0001	41.03	-6.54
胸肌重(BW)/g	199.67 ± 1.61 <sup>a</sup>	192.15 ± 2.02 <sup>b</sup>	187.67 ± 3.39 <sup>b</sup>	0.2104	-0.33	-0.38
胸肌率(BP)/%	13.87 ± 0.09	13.64 ± 0.11	13.57 ± 0.18	0.2036	-0.36	-0.53
腿肌重(LMW)/g	290.82 ± 3.50 <sup>a</sup>	282.25 ± 4.39 <sup>ab</sup>	271.27 ± 7.37 <sup>b</sup>	<0.0001	6	-1.52
腿肌率(LMP)/%	20.17 ± 0.20	19.99 ± 0.25	19.61 ± 0.41	0.3172	0.15	-0.08
腹脂重(AW)/g	39.61 ± 1.63	38.59 ± 2.04	43.86 ± 3.42	<0.0001	9.775	1.205
腹脂率(AP)/%	2.77 ± 0.11	2.74 ± 0.14	3.18 ± 0.24	0.2943	0.28	0.1
皮脂厚(CFT)/mm	3.80 ± 0.09	3.79 ± 0.11	3.74 ± 0.18	0.1325	-2.125	-3.145
肌纤维密度(FD)/mm <sup>2</sup>	877.87 ± 20.66 <sup>a</sup>	886.68 ± 15.02 <sup>a</sup>	937.85 ± 12.98 <sup>b</sup>	0.1532	-0.205	-0.235
肌纤维直径(FDM)/um	36.57 ± 0.80 <sup>a</sup>	36.38 ± 0.58 <sup>a</sup>	34.52 ± 0.51 <sup>b</sup>	0.1834	0.03	0.02
肌内脂肪含量(IMF)/%	5.38 ± 0.49	5.33 ± 0.36	5.39 ± 0.31	<0.0001	-29.99	-21.18
肌苷酸含量(IMP)/%	1.52 ± 0.06	1.58 ± 0.05	1.61 ± 0.04	0.3415	1.025	0.835
谷氨酸含量(GLU)/%	10.73 ± 0.57	10.98 ± 0.42	11.65 ± 0.36	0.2311	-0.005	-0.055
				0.2045	-0.045	0.015
					-0.46	-0.21

注: 同一行间字母不同表示差异显著( $P<0.05$ ); a = (AA-BB)/2; d = AB-(AA+BB)/2。

Notes: Different letters mean significant difference at 0.05 level; a = (AA-BB)/2; d = AB-(AA+BB)/2.

### 3.2 关于 *Myf6* 基因在各品系内的选择变异

在 5 个纯系的组建过程中, 该基因受到了人工选择的影响, 并不遵循中性选择模式, 使得其纯合度较高, 遗传一致性也较高, 但同时也存在着一定的近交效应, 可能是由于其规模所限, 因此在继续选育的过程中, 最好能再扩大基础群<sup>[13]</sup>。在 3 个杂交配套系中, 该基因也受到了人工选择的影响, 但方向恰好相反, 通过配套杂交使其杂合度较高, 近交效应除在 S01 × S10 品系内还有微弱影响外, 在另外两个杂交配套系内已经消失。

### 3.3 *Myf6* 基因多态性对生产性能的遗传效应

在各品系对 3 种基因型和胴体、肉质等性状进行了最小二乘分析, AA 型个体的肌纤维直径、活体重、屠体重、胸肌重和腿肌重均显著高于 BB 型个体 ( $P < 0.05$ ), 而 BB 型个体的肌纤维密度显著高于 AB 型和 AA 型个体 ( $P < 0.05$ )。据此可以推断: *Myf6* 基因的 PCR-SSCP 多态性位点与鸡的肌纤维密度和直径以及部分胴体性状有一定的相关性。

分析 *Myf6* 基因不同基因型对肉质和胴体性状的影响, 可以得出, *Myf6* 的 A 基因具有使肌纤维生长更充分, 肌纤维变粗的作用, A 基因还具有提高活重、屠体重、胸肌重和腿肌重, 降低腹脂重、腹脂率和肌纤维密度等效应。这可能与 *Myf6* 基因在肌肉生成的早期表达, 参与早期肌肉分化的作用有关<sup>[6, 14]</sup>。通过对优质鸡的研究发现, *Myf6* 基因主要以加性作用方式发挥作用, 但由于所研究的群体规模有限, *Myf6* 基因所引起的性状差异及作用方式在不同的群体中也可能不完全相同。

### 参考文献(References):

- [1] Naidu PS, Ludolph DC, Hinterberger TJ, Konieczny SF. Myogenin and MEF2 function synergistically to activate the MRF4 promoter during myogenesis. *Mol Cell Bio*, 1995, 15 (5): 2707–2718.
- [2] Cupelli L, Renault B, Leblanc-Straceski J, Banks A, Ward D, Kucheralapati RS, Krauter K. Assignment of the human myogenic factors 5 and 6 (MYF5, MYF6) gene cluster to 12q21 by in situ hybridization and physical mapping of the locus between D12S350 and D12S106. *Cytogenet Cell Genet*, 1996, 72(2-3): 250–251.
- [3] Braun T, Bober E, Busechhausen-Denker G, Kotz S, Grzeschik KH, Arnold HH. Differential expression of myogenic determination genes in muscle cells: possible autoactivation by the MYF gene products. *EMBO*, 1989, 8(12): 3617–3625.
- [4] Braun T, Bober E, Arnold HH. MYF6 a new member of the human gene family of myogenic determination factors evidence for a gene cluster on chromosome 12. *EMBO*, 1990, 9(3): 821–831.
- [5] Carvajal JJ, Cox D, Summerbell D, Rigby PW. A BAC transgenic analysis of the Mrf4/Myf5 locus reveals interdigitated elements that control activation and maintenance of gene expression during muscle development. *Development*, 128(10), 1857–1868.
- [6] Maak S, Neumann K, Swalve HH. Identification and analysis of putative regulatory sequences for the MYF5/MYF6 locus in different vertebrate species. *Gene*, 2006, 379(1): 141–147. [\[DOI\]](#)
- [7] Chang TH, Primig M, Hadchouel J, Tajbakhsh S, Rocancourt D, Fernandez A, Kappler R, Scherthan H, Buckingham M. An enhancer directs differential expression of the linked Mrf4 and Myf5 myogenic regulatory genes in the mouse. *Dev Biol*, 2004, 269(2): 595–608. [\[DOI\]](#)
- [8] Te Pas MF, Verbung FJ, Gerritsen CL, De Greef KH. Messenger ribonucleic acid expression of the MyoD gene family in muscle tissue at slaughter in relation to selection for porcine growth rate. *J Anim Sci*, 2000, 78(1): 69–77.
- [9] ZHANG Zeng-Rong, ZHU Qing, JIANG Xiao-Song, DU Hua-Rui. Study on correlation between single nucleotide polymorphism of *CAPN1* gene and muscle tenderness and carcass traits in chicken. *Hereditas (Beijing)*, 2007, 29(8): 982–988.  
张增荣, 朱庆, 蒋小松, 杜华锐. 钙蛋白酶 (*CAPN1*) 基因多态性与鸡肉嫩度和屠体性状的相关研究. *遗传*, 2007, 29(8): 982–988.
- [10] YOU Xiao-Yan, LIU Yi-Ping, ZHU Qing, YANG Zhi-Qin. Study on SNP of the *H-FABP* gene and its association with slaughter performance in chicken. *Hereditas (Beijing)*, 2007, 29 (2): 230–234.  
游小燕, 刘益平, 朱庆, 杨志勤. 鸡 *H-FABP* 基因多态性及其与屠宰性能的关联分析. *遗传*, 2007, 29 (2): 230–234.
- [11] Nei M, Kumar S. *Molecular Evolution and Phylogenetics*. Oxford University Press, 2000.
- [12] Avise JC. *Molecular markers, natural history and evolution*. New York: Chapman & Hall, 2000.
- [13] TANG Guo-Qing, LI Xue-Wei. Maximizing the response of selection with control of inbreeding and different number of age class between sire and dam. *Acta Veterinaria Et Zootechnica Sinica*, 2007, 38(3): 209–213.  
唐国庆, 李学伟. 公母畜间有不同的年龄组数目条件下控制近交最大化选择反应. *畜牧兽医学报*, 2007, 38(3): 209–213.
- [14] Fomin M, Nomokonova N, Arnold HH. Identification of a critical control element directing expression of the muscle-specific transcription factor MRF4 in the mouse embryo. *Dev Biol*, 2004, 272(2), 498–509. [\[DOI\]](#)