

DOI: 10.3724/SP.J.1005.2008.01585

## 11 个绵羊品种 *MSTN* 基因非翻译区的变异

孟详人<sup>1,2</sup>, 郭军<sup>1</sup>, 赵倩君<sup>1</sup>, 马月辉<sup>1</sup>, 关伟军<sup>1</sup>, 刘娣<sup>2</sup>, 狄冉<sup>1</sup>, 乔海云<sup>1,3</sup>, 那日苏<sup>1</sup>

1. 中国农业科学院北京畜牧兽医研究所, 北京 100193;
2. 黑龙江省农业科学院畜牧研究所, 哈尔滨 150086;
3. 河北工程大学农学院, 邯郸 056000

**摘要:** 利用 PCR-RFLP 技术对特克塞尔羊、夏洛莱羊、小尾寒羊、蒙古羊、乌珠穆沁羊、阿勒泰羊、呼伦贝尔羊、塔什库尔干羊、多浪羊、湖羊和岗巴羊 11 个品种的 345 个个体的肌肉生长抑制素(*Myostatin*, *MSTN*)基因非翻译区(UTR)的变异进行了多态性分析。结果表明大小为 271 bp 和 1 003 bp 的扩增片段经限制性内切酶 *Mbo* II 和 *Bsa* I 酶切后表现多态, 经卡方检验所有品种在该基因座位均处于平衡状态( $P>0.05$ ), 3 种基因型在 11 个绵羊品种中的分布差异极显著( $P<0.01$ )。通过限制性内切酶 *Hpy*CH4IV 酶切实验, 证明我国 9 个地方绵羊品种不存在特克塞尔绵羊中发现的导致肌肉发达的 SNP 位点, 并在 3'UTR 区发现了个别碱基突变位点能够形成 miRNA 作用的靶基序, 测序表明 3'UTR 区的突变频率较高。

**关键词:** *MSTN*; UTR; PCR-RFLP; MicroRNA; 多态性

## Variation of *MSTN* gene UTR in eleven sheep breeds

MENG Xiang-Ren<sup>1, 2</sup>, GUO Jun<sup>1</sup>, ZHAO Qian-Jun<sup>1</sup>, MA Yue-Hui<sup>1</sup>, GUAN Wei-Jun<sup>1</sup>, LIU Di<sup>2</sup>, DI Ran<sup>1</sup>, QIAO Hai-Yun<sup>1, 3</sup>, NA Ri-Su<sup>1</sup>

1. Institute of Animal Science, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Beijing 100193, China;
2. Institute of Animal Science, Heilongjiang Academy of Agricultural Sciences, Harbin 150086, China;
3. College of Agriculture, Hebei University of Engineering, Handan 056000, China

**Abstract:** PCR-RFLP was applied to analyze the polymorphism of *MSTN* gene UTR in 345 sheep that comprised of eleven sheep breeds, namely Texel sheep, Charolais sheep, Small-tailed Han sheep, Mongolian sheep, Ujumqin sheep, Altay Fat-rumped sheep, Hulunbeir sheep, Tashikurgan sheep, Duolang sheep, Hu sheep, and Gangba sheep. A 271 bp and a 1 003 bp long PCR products were digested with *Mbo* and *Bsa* to demonstrate polymorphism in the eleven sheep breeds, which were all at Hardy-Weinberg equilibrium ( $P>0.05$ ). The distribution of 3 genotypes in 11 sheep breeds was significantly different ( $P<0.01$ ). Digestion of the PCR products with *Hpy*CH4 proved that 9 domestic local sheep breeds were different from Texel sheep in the SNP site that was associated with muscularity. The individual mutation base could generate the motifs for miRNA in the 3 UTR, and sequencing analysis demonstrated high frequency of mutation in the 3 UTR

收稿日期: 2008-03-01; 修回日期: 2008-09-12

基金项目: “十一五”国家科技支撑项目(编号: 2006BAD13B08), 国家自然科技资源平台项目(编号: 2005DKA21101)和“十一五”863 计划项目(编号: 2006AA10Z198)资助[Supported by “11th Five-Year-Plan” of Chinese National Science and Technology Program (No. 2006BAD13B08), the Platform of National Resources for Natural Science and Technology (No. 2005DKA21101) and “11th Five-Year-Plan” of Chinese 863 Program (No. 2006AA10Z198)]

作者简介: 孟详人(1980-), 男, 黑龙江人, 硕士, 助理研究员, 研究方向: 动物遗传资源的保护和利用。Tel: 0451-87502330;  
E-mail: mxryx@163.com

通讯作者: 马月辉(1964-), 男, 吉林人, 博士, 研究员, 博士生导师, 研究方向: 动物遗传资源的保护和利用。Tel: 010-62813463;  
E-mail: yuehui.ma@263.net

region.

**Keywords:** MSTN; UTR; PCR-RFLP; MicroRNA; polymorphism

肌肉生长抑制素(*Myostatin*, *MSTN*), 属于转化生长因子超家族, 是近年来发现的一类重要的肌肉生长负调控因子, 它通过抑制 MyoD 家族成员转录活性负向控制肌细胞的生长发育, 该基因的突变可导致动物骨骼肌的显著增长<sup>[1]</sup>。McPherron 等<sup>[2]</sup>研究发现该基因缺失的小鼠骨骼肌量显著增加, 肌群分布更广泛, 体重约是野生鼠 2 倍。后来又在双肌牛中发现该基因突变, 在相同饲养条件下, 双肌牛比普通牛多提供 30% 的肉产品<sup>[3]</sup>。有文章报道一名德国小男孩的肌肉格外健壮, 经研究发现是由 *MSTN* 基因的功能丧失所导致的<sup>[4]</sup>。当前对该基因在人、鼠、狗和斑马鱼中的作用已经进行了较为深入的研究, 但对猪、牛、绵羊和山羊等家畜的深入研究相对较少<sup>[5-7]</sup>。当前对该基因的研究已成为分子生物学领域的一个热点, 备受科学工作者的关注。

MicroRNA(miRNA)是一类非编码蛋白的 RNA 片段, 长度约为 22 个核苷酸。miRNA 是通过结合到目标 mRNA 的非翻译区上进而对该基因的表达进行调控<sup>[8]</sup>。由于 miRNA 存在的广泛性和多样性, 提示 miRNA 可能有非常广泛多样的生物调控功能<sup>[9, 10]</sup>。近年来, *MSTN* 基因和 miRNA 的关联性研究备受关注。据报道: *MSTN* 基因 3' UTR(非翻译区)中的一个碱基突变产生了 miRNA 靶位点导致了肌肉异常发达<sup>[11, 12]</sup>。因此也揭示了在 UTR 区域的 SNP 可以导致个体表型改变。本研究对 11 个绵羊品种的 *MSTN* 非翻译区进行了多态性检测, 期望在非翻译区找到具有群体代表性的 SNP。

## 1 材料和方法

### 1.1 材料来源和基因组 DNA

特克塞尔羊(北京昌平, 20 只)、夏洛莱羊(辽宁锦州, 40 只)、小尾寒羊(北京顺义, 20 只)、蒙古羊(内蒙古乌珠穆沁旗, 19 只)、乌珠穆沁羊(内蒙古锡林浩特, 30 只)、阿勒泰羊(新疆昌吉, 38 只)、呼伦贝尔羊(内蒙古呼伦贝尔盟, 35 只)、塔什库尔干羊(新疆塔什库尔干, 32 只)、多浪羊(新疆若羌县, 32 只)、湖羊(浙江湖州, 42 只)、岗巴羊(西藏岗巴县, 37 只), 11

个绵羊品种共计 345 个耳组织样品。常规酚和氯仿法提取基因组 DNA, TE 溶解后-20℃保存。

### 1.2 主要试剂和软件

*Taq* DNA 聚合酶、dNTPs 购自天根生化科技(北京)有限公司; 限制性内切酶 *Hpy*CH4, *Mbo*I, *Bsa*I 购自纽英伦生物技术(北京)有限公司; 测序反应由上海生工生物工程技术有限公司完成。

引物设计软件 Primer Premier v5.0; DNA 序列分析软件 BioEdit 7.0.9; 遗传多样性分析软件 PopGen32。

### 1.3 引物设计和 PCR 反应条件

参照绵羊 *MSTN* 基因全序列(GenBank accession No. DQ530260) 引用一对引物(3' UTR 区域引物)(<http://www.nature.com/ng/journal/v38/n7/extre/ng1810-S8.pdf>)和设计一对引物(5' UTR 区域引物), 其扩增产物长度分别为 1 003 bp 和 271 bp(DQ530260 的对应位置为: 1~1 003 bp→9556~10 558 bp; 1~271 bp→3 389~3 659 bp), 由上海生工生物工程技术有限公司合成。引物序列如下:

3' UTR 区域引物:

上游引物: 5'-TTTGGTATATTTTACAGTAAGGAC-3';  
下游引物: 5'-TAAATAGTGTTGCACTTAAGGATTC-3'。

5' UTR 区域引物:

上游引物: 5'-CAGCAACAAGCAGCATAA-3';  
下游引物: 5'-GAGCAAGAGCCAATCACA-3'。

PCR 扩增体积为 20 μL, 包括 10×buffer (含 20 mmol/L Mg<sup>2+</sup>) 2.4 μL, dNTPs 2.4 μL, *Taq* DNA 聚合酶(5 U/μL) 0.5 μL, 上游引物和下游引物(10 pmol/μL)各 0.5 μL, 模板 DNA (100 ng/μL)为 2.0 μL。反应程序: 95℃预变性 5 min, 94℃变性 30 s, 55℃复性 30 s, 72℃延伸 30 s(5' UTR 的 PCR 扩增)和 72℃延伸 1 min(3' UTR 的 PCR 扩增), 35 个循环, 72℃延伸 10 min。

### 1.4 PCR 扩增产物的测序

从 11 个绵羊品种中选出 44 个个体(每个绵羊品种选 4 个样本)进行序列测定, 找出 SNP 位点, 测序反应由上海生工生物工程技术有限公司完成。

### 1.5 PCR-RFLP 基因型检测

根据测序所发现的 SNP, 利用 *Hpy*CH4 和 *Bsa* 和 *Mbo* 酶分别进行 PCR-RFLP 检测。反应体系为 10  $\mu$ L: 2.5  $\mu$ L PCR 产物, 10  $\times$  buffer 1  $\mu$ L, H<sub>2</sub>O 6.2  $\mu$ L, 限制性内切酶(*Hpy*CH4IV(10 U/ $\mu$ L)、*Bsa* (10 U/ $\mu$ L)和 *Mbo* (5 U/ $\mu$ L) 0.3  $\mu$ L, 分别在 37  $^{\circ}$ C 消化 5 h, 50  $^{\circ}$ C 消化 4 h 和 37  $^{\circ}$ C 消化 1 h。用 2 % 琼脂糖凝胶电泳检测酶切结果, 用凝胶成像系统拍照, 根据带型判断基因型。

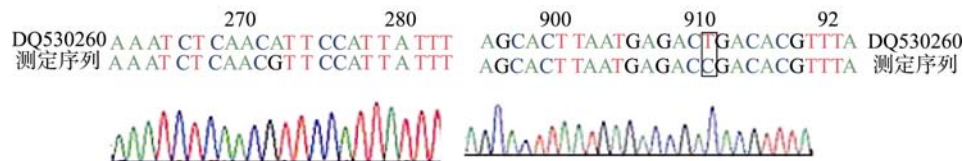


图 1 绵羊 *MSTN* 基因 3'UTR 区域的测序结果  
272 和 910 处的变异位点用方框标出。

Fig. 1 The 3'UTR sequence of *MSTN* gene in sheep  
The signs indicate mutations in 272 and 910 sites.

测序发现 5'UTR 区的第 176 bp 处存在 C A 的单碱基突变, 并在其相邻 179 处存在 T C 突变点(图 2)。

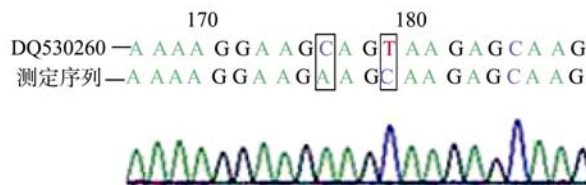


图 2 绵羊 *MSTN* 基因 5'UTR 区域的测序结果  
176 和 179 处的变异位点用方框标出。

Fig. 2 The 5'UTR sequence of *MSTN* gene in sheep  
The signs indicate mutations in 176 and 179 sites.

### 2.2 PCR 产物酶切电泳检测

通过序列分析软件 BioEdit 分析发现, *MSTN* 基因 3'UTR 区扩增的 1 003 bp 片段存在 2 个 *Hpy*CH4

## 2 结果与分析

### 2.1 UTR 区域测序分析

通过对 44 个个体的 *MSTN* 基因扩增产物进行测序, 结果发现 3 UTR 区的第 272 bp 处存在 G A 的单碱基突变, 该突变形成了八聚体基序(ACATTCCA)并为 mir-1 和 mir-206 的靶位点, 在第 910 bp 处存在 T C 的单碱基突变(图 1)。

酶切位点(644 bp+271 bp+88 bp), 当此酶切位点变异(G A)时, 会导致 *Hpy*CH4 酶切成两个片段 915 bp 与 88 bp。当此酶切位点未变异时, 将切成 3 个片段 644 bp、271 bp 和 88 bp, *Hpy*CH4 酶切产物的琼脂糖凝胶(2 %)电泳图像见图 3。

*MSTN* 基因 3 UTR 区扩增片段存在 1 个 *Bsa*I 酶切位点(900 bp+103 bp), 当酶切位点变异(T C)时, 会导致 *Bsa* 酶切成两个片段 900 bp 与 103 bp。将 *Bsa* 酶切产生的基因型定义为: CC (900 bp, 103 bp)、CT (1 003 bp, 900 bp/103 bp)、TT (1 003 bp)。5 UTR 区扩增片段存在 1 个 *Mbo* 酶切位点(185 bp+86 bp), 当酶切位点变异(C A)时, 会导致 *Mbo* 酶切成两个片段 185 bp 与 86 bp。将 *Mbo* 酶切产生的基因型定义为: AA (185 bp, 86 bp)、AC (271 bp, 185 bp/86 bp)、CC (271 bp)。

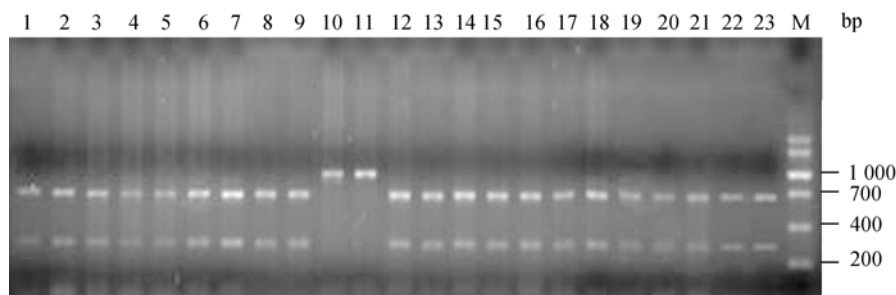


图 3 绵羊 *MSTN* 基因 3'UTR 区域的 *Hpy*CH4IV 酶切图像  
M: DNA marker ; 1~23: 11 个羊品种, 其中 10, 11 为 Texel 羊。

Fig. 3 A profile of *MSTN* gene 3' UTR for amplification products digested by *Hpy*CH4IV in sheep  
M: DNA marker ; 1~23: Eleven sheep breeds (10, 11: Texel sheep).

### 2.3 *MSTN* 基因非编码区的基因频率和基因型频率

由表 1 可知, 除特克塞尔羊外其他 10 个绵羊品种 *MSTN* 基因 3'UTR 区经 *Bsa* 酶切后均呈现多态, 并且该位点基因型在各群体中分布符合 Hardy-Weinberg 定律( $P>0.05$ )。 *TT* 基因型频率明显高于 *CC* 基因型频率, *T* 等位基因频率明显高于 *C* 等位基因频率; 多浪羊 *CC* 基因型频率最高, 特克塞尔羊和小尾寒羊不存在 *CC* 基因型; 阿勒泰羊的 *CT* 基因型频率高于所有绵羊品种。

卡方检验结果表明, 3 种基因型在 11 个绵羊品

种中分布差异极显著( $P<0.01$ )。对两个品种间卡方检验表明: 特克塞尔羊和小尾寒羊与其余 9 个品种间差异显著( $P<0.05$ )。

由表 2 可知, 11 个绵羊品种的 *MSTN* 基因 5'UTR 区(启动区)经 *Mbo* 酶切后都呈现多态, 经卡方检验, 各群体该位点基因型分布符合 Hardy-Weinberg 定律( $P>0.05$ )。 *CC* 基因型频率明显高于 *AA* 基因型频率, *C* 等位基因频率明显高于 *A* 等位基因频率; 特克塞尔羊和小尾寒羊不存在 *AA* 基因型, 阿勒泰羊 *AA* 基因型频率最高。

表 1 11 个绵羊品种 *MSTN* 基因 3'UTR 区的(*Bsa* I 酶切 910 位点)基因频率和基因型频率

Table 1 The frequency distributions of *MSTN* gene 3'UTR in eleven sheep breeds

品种 Breeds	样本数 Sample Size	基因型频率 Genotype frequency			基因频率 Allele frequency	
		<i>CC</i>	<i>CT</i>	<i>TT</i>	<i>C</i>	<i>T</i>
特克塞尔羊 Texel sheep	20	0.0000 (0)	0.0000 (0)	1.0000 (20)	0.0000	1.0000
夏洛来羊 Charolais sheep	40	0.1250 (5)	0.3750 (15)	0.5000 (20)	0.3125	0.6875
小尾寒羊 Small-tailed Han sheep	20	0.0000 (0)	0.0500 (1)	0.9500 (19)	0.0250	0.9750
蒙古羊 Mongolian sheep	19	0.0526 (1)	0.1579 (3)	0.7895 (15)	0.1316	0.8684
乌珠穆沁羊 Ujumqin sheep	30	0.1330 (4)	0.3000 (9)	0.5670 (17)	0.2830	0.7170
阿勒泰羊 Altay Fat-rumped sheep	38	0.0526 (2)	0.5000 (19)	0.4474 (17)	0.3026	0.6974
呼伦贝尔羊 Hulunbeir sheep	35	0.0857 (3)	0.4000 (14)	0.5143 (18)	0.2875	0.7125
塔什库尔干羊 Tashikurgan sheep	32	0.1560 (5)	0.2810 (9)	0.5630 (18)	0.2970	0.7030
多浪羊 Duolang sheep	32	0.1875 (6)	0.3125 (10)	0.5000 (16)	0.3438	0.6562
湖羊 Hu sheep	42	0.0476 (2)	0.4048 (17)	0.5476 (23)	0.2500	0.7500
岗巴羊 Gangba sheep	37	0.0810 (3)	0.2430 (9)	0.6760 (25)	0.2025	0.7975

注: 括号内的数字为检测的个体数。

Note: The numbers detected were shown in bracket.

表 2 11 个绵羊品种 *MSTN* 基因 5'UTR 区的(*Mbo* II 酶切 176 位点)基因频率和基因型频率

Table 2 The frequency distributions of *MSTN* gene 5'UTR in eleven sheep breeds

品种 Breeds	样本数 Sample Size	基因型频率 Genotype frequency			基因频率 Allele frequency	
		<i>AA</i>	<i>AC</i>	<i>CC</i>	<i>A</i>	<i>C</i>
特克塞尔羊 Texel sheep	20	0.0000 (0)	0.1000 (2)	0.9000 (18)	0.0500	0.9500
夏洛来羊 Charolais sheep	40	0.1750 (7)	0.3250 (13)	0.5000 (20)	0.3375	0.6625
小尾寒羊 Small-tailed Han sheep	20	0.0000 (0)	0.1000 (2)	0.9000 (18)	0.0500	0.9500
蒙古羊 Mongolian sheep	19	0.0526 (1)	0.4211 (8)	0.5263 (10)	0.2632	0.7368
乌珠穆沁羊 Ujumqin sheep	30	0.2330 (7)	0.3330 (10)	0.4340 (13)	0.4000	0.6000
阿勒泰羊 Altay Fat-rumped sheep	38	0.2895 (11)	0.3421 (13)	0.3684 (14)	0.4610	0.5390
呼伦贝尔羊 Hulunbeir sheep	35	0.2570 (9)	0.4290 (15)	0.3140 (11)	0.4715	0.5285
塔什库尔干羊 Tashikurgan sheep	32	0.1874 (6)	0.4063 (13)	0.4063 (13)	0.3906	0.6094
多浪羊 Duolang sheep	32	0.1875 (6)	0.3125 (10)	0.5000 (16)	0.3438	0.6562
湖羊 Hu sheep	42	0.1190 (5)	0.3095 (13)	0.5715 (24)	0.2738	0.7262
岗巴羊 Gangba sheep	37	0.0810 (3)	0.4595 (17)	0.4595 (17)	0.3108	0.6892

注: 括号内的数字为检测的个体数。

Note: The numbers detected were shown in bracket.

独立性检验(卡方检验)结果表明, 3 种基因型在 11 个绵羊品种中分布差异极显著( $P<0.01$ )。对两个品种间卡方检验结果表明: 特克塞尔羊和小尾寒羊与其余 9 个品种间差异极显著( $P<0.01$ )。

2.4 群体多样性分析

杂合度是用于衡量突变位点的信息含量程度的值。因此也是衡量群体多样性的一个重要指标。用遗传多样性分析软件 PopGen32 的计算得出表 3。从表中可以看出: 除夏洛来羊外, 其他 10 个绵羊群体在 272 位点没有杂合子, 多浪羊在 910 位点的期望杂合度最高, 呼伦贝尔羊在 176 位点的期望杂合度最高。特克塞尔羊在 3 个位点的观察杂合度和期望杂合度均最低, 且观察杂合度和期望杂合度值基本一致。

2.5 遗传分化程度分析

由  $F$ -统计 ( $F$ -statistics) 分析中的 3 个固定指数 (Fixation index):  $Fis$ (亚群体的固定指数),  $Fit$ (总群体的固定指数),  $Fst$ (亚群体间的基因分化比率, 相当于基因分化系数( $Gst$ ))来评估群内和群间的遗传分化。 $Fst<0.05$  族群间没有遗传分化。 $0.05<Fst<0.15$  族群间的分化程度中等。 $0.15<Fst<0.25$  族群间有高

度分化<sup>[13]</sup>。

通过 PopGen32 软件的计算得出表 4。从表中可以看出, loc272 的遗传分化系数最高为 0.9616, 表明 loc272 位点在不同品种间的基因分化占总群体基因多样性的 96.16%, 即不同品种间在该位点的基因变异为 96.16%。以 11 个绵羊品种为总体, 其在 3 个位点的平均遗传分化系数为 0.1929, 即不同群体间的基因变异为 19.29 %。

3 讨 论

*MSTN* 基因与动物骨骼肌总量的调节有关, 其功能的缺失会造成骨骼肌的异常肥大<sup>[14]</sup>。Marcq 等<sup>[15]</sup>分析了特克塞尔双肌绵羊的遗传机制, 与普通绵羊相比, 双肌羊的 *MSTN* 基因的编码区没有碱基的差异, 但采用该基因侧翼序列的微卫星标记进行连锁分析表明, 在绵羊染色体 2q 远端区存在一个对肌肉发育产生效应的 QTL (数量性状遗传位点), 因此推断, 影响该基因表达的区域可能在 C 端或 N 端的非翻译区域。Clap 等<sup>[11]</sup>对特克塞尔绵羊 *MSTN* 基因非翻译区的研究中发现了影响双肌性状的变异( $G A$ )位点, 并在试验中证明该位点的变异产生了能被骨骼肌中高度表达的 microRNAs(mir-1 和 mir-206)

表 3 11 个绵羊品种(群体)3 个突变位点的基因杂合度分析  
Table 3 Gene heterozygosity of three mutation loci in eleven sheep breeds

品种 Breeds	位点 Loci					
	Loc272		Loc910		Loc176	
	<i>Ho</i>	<i>He</i>	<i>Ho</i>	<i>He</i>	<i>Ho</i>	<i>He</i>
特克塞尔羊 Texel sheep	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.1000	0.0974
夏洛来羊 Charolais sheep	0.0750	0.0731	0.3750	0.4149	0.3250	0.4528
小尾寒羊 Small-tailed Han sheep	0.0000	0.0000	0.0500	0.0500	0.1000	0.0974
蒙古羊 Mongolian sheep	0.0000	0.0000	0.1579	0.2347	0.4211	0.3983
乌珠穆沁羊 Ujumqin sheep	0.0000	0.0000	0.3000	0.4130	0.3000	0.4944
阿勒泰羊 Altay Fat-rumped sheep	0.0000	0.0000	0.5000	0.4277	0.3158	0.5053
呼伦贝尔羊 Hulunbeir sheep	0.0000	0.0000	0.4000	0.4141	0.4286	0.5056
塔什库尔干羊 Tashikurgan sheep	0.0000	0.0000	0.1875	0.4365	0.4062	0.4836
多浪羊 Duolang sheep	0.0000	0.0000	0.3125	0.4583	0.3125	0.4583
湖羊 Hu sheep	0.0000	0.0000	0.4048	0.3795	0.2619	0.4231
岗巴羊 Gangba sheep	0.0000	0.0000	0.2432	0.3277	0.4595	0.4343

*Ho*: 观察杂合度; *He*: 期望杂合度。  
*Ho*: Observed heterozygosity; *He*: Expected heterozygosity.

表 4 3 个突变位点的遗传变异分析  
Table 4 Genetic variation of three mutation loci

位点 Loci	基因总数 Number	亚群体固定指数 <i>Fis</i>	总群体固定指数 <i>Fit</i>	亚群体间基因分化率 <i>Fst</i>
Loc272	690	-0.0390	0.9601	0.9616
Loc910	690	0.1632	0.2247	0.0735
Loc176	690	0.1988	0.2704	0.0894
平均值 Mean	690	0.1812	0.3392	0.1929



干扰的靶位,进而导致 *MSTN* 基因的翻译过程受到抑制,破坏了 *MSTN* 基因的调节功能,改变了特克塞尔羊的表型。本试验检测了影响特克塞尔绵羊表型的变异位点,其结果与 Clop 等人的报道完全一致。

群体遗传多样性分析表明,多浪羊和呼伦贝尔羊的 *MSTN* 基因变异在种群内遗传多样性丰富,特克塞尔羊群体没有受外来选择的影响,处于平衡状态。遗传分化程度分析表明,特克塞尔羊的 *MSTN* 基因变异(G A)与其他 10 个绵羊品种间存在遗传高度分化。这可能是由于国外引进绵羊种(系)与中国地方品种之间具有明显的品种特异性和遗传差异,相对于中国绵羊品种,国外引进绵羊种(系)在此位点其序列高度保守。

测序中发现夏洛莱羊 *MSTN* 基因 3' UTR 区的 183 位点存在 T G 的变异,该处变异可形成八聚体基序(CAGTGTTA),并且为 mir-200a 和 mir-141<sup>[16,17]</sup> 的干扰靶位点,该变异是否被 miRNA 干扰有待于后续的研究。

*MSTN* 基因突变动物的骨骼肌肌群分布广泛,而且肉质性状优良,所以 *MSTN* 基因是提高畜禽产肉数量和质量的理想基因。本研究选取了我国具有代表性的 9 个绵羊品种来研究 *MSTN* 基因,其中的蒙古羊、乌珠穆沁羊、阿勒泰羊、呼伦贝尔羊和多浪羊都是我国知名的肉用羊品种,这些绵羊品种的 *MSTN* 基因非翻译区的变异是否与反映肉用性能(体重、日增重及屠宰率等)的数量性状具有内在联系,尚需进一步研究。

## 参考文献(References):

- [1] Lee SJ, McPherron AC. Myostatin and the control of skeletal muscle mass. *Curr Opin Genet Dev*, 1999, 9(5): 604-607. [\[DOI\]](#)
- [2] McPherron AC, Lee SJ. Suppression of body fat accumulation in myostatin-deficient mice. *J Clin Invest*, 2002, 109(5): 595-601.
- [3] Kambadur R, Sharma M, Smith TP, Bass JJ. Mutations in myostatin (GDF8) in double-muscling Belgian Blue and Piedmontese cattle. *Genome Res*, 1997, 7(9): 910-916.
- [4] Schuelke M, Wagner KR, Stolz LE, Hubner C, Riebel T, Komen W, Braun T, Tobin JF, Lee SJ. Myostatin mutation associated with gross muscle hypertrophy in a child. *New Engl J Med*, 2004, 350(26): 2682-2688. [\[DOI\]](#)
- [5] DU Li-Xin, WU Chang-Xin, LI Ning, JIANG Yun-Liang. Analysis on single nucleotide polymorphisms of porcine myostatin gene in different breeds. *Acta Genetica Sinica*, 2001, 28(9): 840-845.  
杜立新, 吴常信, 李宁, 姜运良. 不同品种猪肌肉生长抑制素基因单核苷酸多态性分析. *遗传学报*, 2001, 28(9): 840-845.
- [6] LIU Zheng-Zhu, LI Xiang-Long, GONG Yuan-Fang, LI Jin-Quan. Polymorphism analysis of the *MSTN* gene digested with *Mnl* in main native goat breeds of China. *Journal of Henan Agricultural Sciences*, 2006, (8): 131-134.  
刘铮铸, 李祥龙, 巩元芳, 李金泉. 我国主要地方山羊品种 *MSTN* 基因的 *Mnl* 酶切多态性分析. *河南农业科学*, 2006, (8): 131-134.
- [7] LV Wen-Fa, YUAN Tian-Xiang, KONG Zhen-Xing. Cloning and prokaryotic expression of bovine myostatin gene. *Veterinary Science in China*, 2006, 36 (6): 482-484.  
吕文发, 袁天祥, 孔振兴. 牛肌肉生成抑制素基因功能区的克隆与原核表达. *中国兽医科学*, 2006, 36 (6): 482-484.
- [8] Farh KK, Grimson A, Jan C, Lewis BP, Johnston WK, Lim LP, Burge CB, Baetzel DP. The widespread impact of mammalian microRNAs on mRNA repression and evolution. *Science*, 2005, 310(5755): 1817-1821. [\[DOI\]](#)
- [9] Bartel DP. MicroRNAs: genomics, biogenesis, mechanism, and function. *Cell*, 2004, 116(2): 281-297. [\[DOI\]](#)
- [10] Zamore PD, Haley B. Ribo-gnome: the big world of small RNAs. *Science*, 2005, 309(5740): 1519-1524. [\[DOI\]](#)
- [11] Clop A, Marcq F, Takeda H, Pirottin D, Tordoir X, Bibé B, Bouix J, Caiment F, Elsen JM, Eycheenne F, Larzul C, Laville E, Meish F, Milenkovic D, Tobin J, Charlier C, Georges M. A mutation creating a potential illegitimate microRNA target site in the myostatin gene affects muscularity in sheep. *Nat Genet*, 2006, 38(7): 813-818. [\[DOI\]](#)
- [12] Stark A, Brennecke J, Bushati N, Russell RB, Cohen SM. Animal MicroRNAs confer robustness to gene expression and have a significant impact on 3' UTR evolution. *Cell*, 2005, 123(6): 1133-1146. [\[DOI\]](#)
- [13] ZHANG Lao, LI Yu-Kui. Population Genetics Conspectus. Beijing: China Agricultural Press, 1999, 127-134.  
张芳, 李玉奎. 群体遗传学概论. 北京: 中国农业出版社, 1999, 127-134.
- [14] Lee SJ, McPherron AC. Myostatin and the control of skeletal muscle mass. *Curr Opin Genet Dev*, 1999, 9(5): 604-607. [\[DOI\]](#)
- [15] Marcq F, Elsen JM, El Barkouki S, Bouix J, Eycheenne F, Grobet L, Karim L, Laville E, Nezer C, Royo L, Sayd T, Bibé B, Leroy PL, Georges M. Investigating the role of *Myostatin* in the determination of double muscling characterizing Belgian Texel sheep. *Anim Genet*, 1998, 29 (Suppl.1): 52.
- [16] Xie X, Lu J, Kulbokas EJ, Golub TR, Mootha V, Lindblad-Toh K, Lander ES, Kellis M. Systematic discovery of regulatory motifs in human promoters and 3'UTRs by comparison of several mammals. *Nature*, 2005, 434: 338-345. [\[DOI\]](#)
- [17] Rajewsky N. microRNA target predictions in animals. *Nat Genet*, 2006, 38: s8-13.