

DOI: 10.3724/SP.J.1005.2008.01033

鸡 *PRKAB2* 基因 PCR-SSCP 分析及其与屠宰性状和肉质性状的相关性

王金雷¹, 朱庆¹, 刘益平¹, 杜华锐²

1. 四川农业大学动物科技学院, 雅安 625014;

2. 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(Single-strand conformation polymorphism, SSCP)的方法, 分析了 *PRKAB2* (Protein kinase, AMP-activated, beta 2 non-catalytic subunit)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 *PRKAB2* 基因对屠宰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 406 bp 处发生点突变, 由 T→C。野生型 *A* 基因可显著提高活重、屠体重、腿肌重和腹脂重 ($P < 0.05$), 同时也会提高肉的嫩度。

关键词: 鸡; *PRKAB2* 基因; 屠宰性状; 肉质性状

Associations between SNP of chicken *PRKAB2* gene and slaughter and meat quality traits

WANG Jin-Lei¹, ZHU Qing¹, LIU Yi-Ping¹, DU Hua-Rui²

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

2. Sichuan Daheng Poultry Breeding Company, Chengdu 610066, China

Abstract: SSCP (Single-strand conformation polymorphism, SSCP) technique was applied in this study to analyze the population genetic information about genetic distribution, variation and heterozygosity of *PRKAB2*(Protein kinase, AMP-activated, beta 2 non-catalytic subunit) gene in five purelines and three crossbreds. The genetic effects of *PRKAB2* gene on fiber density and partial carcass traits were also analyzed. Only one point mutation T→C at base position 406 located among the first exon of the whole CDS was found in the whole CDS. The wild-type allele *A* had significant positive effects on live-weight, carcass-weight, leg-muscle-weight and abdomen-fat-weight ($P < 0.05$), and had positive effects on meat tenderness.

Keywords: chicken; *PRKAB2* gene; slaughter trait; meat quality trait

PRKAB2 (Protein kinase, AMP-activated, beta 2 non-catalytic subunit, 又称 *AMPKβ2* 基因)是蛋白激酶家族中的一个基因, 基因全长 6 090 bp, 有 5 个内含子, 6 个外显子, 主要存在于真核细胞中, 在能量

调节中起着重要作用^[1]。在一磷酸腺苷转化为三磷酸腺苷过程中, *PRKAB2* 被活化。有活性的 *PRKAB2* 打开 ATP 的产生通路, 同时关闭 ATP 的消耗通路^[2]。*PRKAB2* 能阻止糖原合成酶的磷酸化, 并刺激脂肪

收稿日期: 2007-11-19; 修回日期: 2008-03-23

基金项目: 四川省科技厅十五攻关项目“肉鸡配套系选育”(编号: 2006-YZGG-19) 资助[Supported by the Province Key Technologies R & D Program of Science and Technology Institution in Sichuan during the 11th Five-Years Plan Period (No. 2006-YZGG-19)]

作者简介: 王金雷 (1981-), 男, 硕士研究生, 专业方向: 动物遗传育种与繁殖。E-mail: wjlzxm2006@126.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

的氧化作用^[3],在脂肪和葡萄糖的新陈代谢中起重要作用^[4]。

目前,随着生活水平的不断提高,人们对肉品质的需求也不断提高,所以我国优质肉鸡育种市场面临着前所未有的大好形势^[5]。*PRKAB2* 基因可能是影响家禽屠宰性状的重要基因,一经证实并应用于生产,将为今后的家禽育种工作提供重要指导。目前对*PRKAB2* 基因的研究还比较少,特别是在国内还无人对该基因做相关性研究;国外有人在猪上做过此基因的相关性研究,证实了它是影响家畜肉质性状的一个重要决定因素^[6]。

影响肉鸡肉质性状的很多基因已经被人们大量研究,但对*PRKAB2* 基因在优质肉鸡上的研究尚未见报道。本研究选择 8 个优质肉鸡品系作为实验对象,采用 PCR-SSCP 方法对*PRKAB2* 基因是否影响优质肉鸡的屠宰性状或者肉质性状展开相关性研究。

1 材料和方法

1.1 材料

以 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。各品系均来自四川畜牧科学研究院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,相关性能测定,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

根据原鸡*PRKAB2* 基因的 DNA 序列(GenBank 登录号: NC_006095.2),用 Primer5.0 和 Oligo6.0 软件设计扩增鸡*PRKAB2* 基因的特异引物,在该基因的 6 个外显子中,仅设计出一对特异引物(命名为 P1)。引物序列为: F: 5'-TGCCTTCTTCTCCCTCTCAC-3'; R: 5'-CCCCTACCTTGGAGTCGT-3'。

PCR 扩增总体积为 10 μ L,包括 2×*Taq* PCR MasterMix 5 μ L、ddH₂O 3.4 μ L、各引物(10 pmol/ μ L) 0.3 μ L、模板 DNA(50 ng/ μ L)1 μ L。PCR 扩增程序: 94 预变性 5 min; 94 变性 30 s, 60.5 复性 30 s, 72 延伸 1 min, 35 个循环; 最后再 72 延伸 10 min。PCR 产物用 1%琼脂糖凝胶电泳检测,用 UVP 凝胶成像系统分析检测结果。

1.4 SSCP 分析

2 μ L PCR 产物经 98 变性 10 min 后迅速置入冰中,使之保持变性状态。用 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*PRKAB2* 基因在各品系内的遗传变异、群体杂合性等分析。各参数的计算方法详见 Nei 等^[7]的报道,分析内容涉及:

PRKAB2 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);

PRKAB2 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

根据Liu^[8]所述方法建立单标记回归统计模型,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:

$$Y_{ijk} = \mu + G_i + X_j + S_k + b_{ijk} + e$$

其中: Y_{ij} 为性状表型值, μ 为平均值, G_i 为基因型效应(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), X_j 为品系效应, S_k 为性别效应; b_{ijk} 为屠宰体重的回归系数, e 为随机残差效应。

2 结果与分析

2.1 PCR-SSCP 检测结果

用所设计的引物对不同品系鸡的基因组 DNA 进行扩增, PCR 产物用 1% 琼脂糖凝胶电泳检测(图 1)。结果发现特异性扩增良好, 片段长度与预期的相符, 片段长度为 207 bp, 可直接进行 SSCP 分析。对该位点的 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 2)。

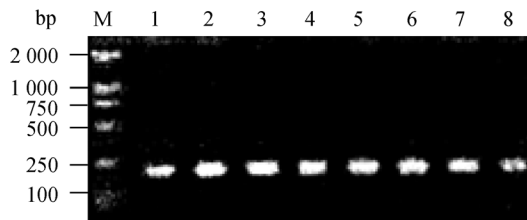


图 1 P1 扩增产物琼脂糖凝胶电泳检测

1~8: 不同个体的 PCR 扩增产物; M: DL2000 DNA marker。

Fig. 1 PCR amplified products using primer of P1

1~8: Individual PCR products; M: DL2000 DNA marker.

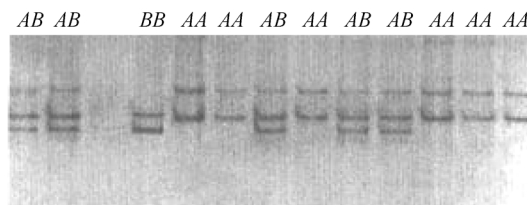


图 2 *PRKAB2* 基因不同基因型个体的 SSCP 分析结果

Fig. 2 SSCP analysis on PCR amplification with primer in different individuals of *PRKAB2* gene

2.2 不同基因型的纯合子个体的测序

根据引物 P1 扩增 *PRKAB2* 基因的 CDS 区, 结果仅发现一个突变位点。在该位点取 2 个纯合基因型个体的 PCR 扩增产物送至上海英俊公司进行测序。结果表明, 多态性是由该段序列中的 406 位处发生点突变由 T → C(正向测序) 造成的(图 3), 该位点位于第 1 外显子内。

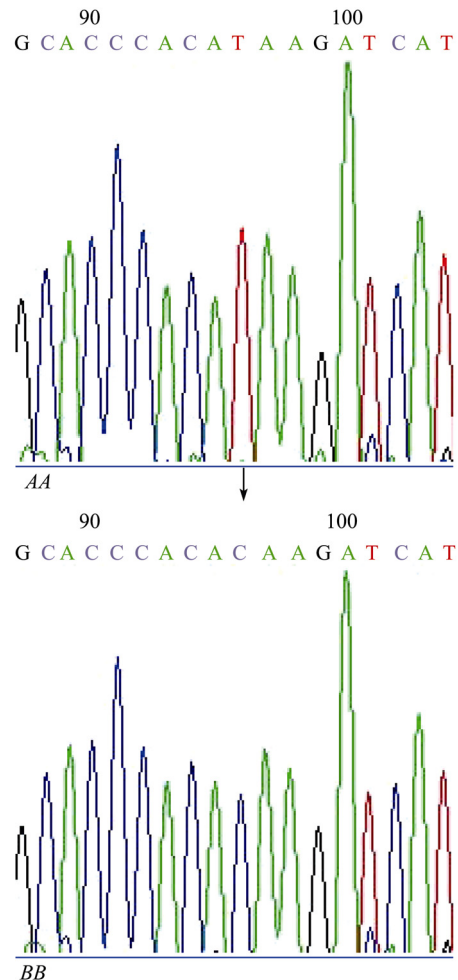


图 3 *PRKAB2* 基因 SNP 序列分析

箭头处表示发生碱基替代的位置(T → C)。

Fig. 3 Sequence analysis for the isolated genotype of *PRKAB2* gene

Arrow denotes substitution(T → C).

2.3 *PRKAB2* 基因在不同品系间的基因型分布

对四川畜牧科学研究所和大恒家禽育种公司培育的优质肉鸡 S03、S02、S05、S01、D99 系(父母代), S01 × S10、S01 × S05、S01 × D99 系(商品代)进行基因型检测, 计算不同鸡种 *PRKAB2* 基因的基因

型频率和基因频率, 结果见表 1。*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。用卡方检验对 *PRKAB2* 基因的基因型分布进行 Hardy-Weinberg 平衡的检验。结果表明 3 个杂交系全都符合 Hardy-Weinberg 平衡, 而 S02、S05 和 D99 3 个纯系均极显著的偏离了 Hardy-Weinberg 平衡 ($P<0.01$), 而 S01 和 S03 显著的偏离 Hardy-Weinberg 平衡 ($0.01<P<0.05$)。

2.4 *PRKAB2* 基因在不同品系内的遗传变异分析

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, 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

度较低, 跟纯系的杂合度差异不显著。而 5 个纯系中, 除 S02 系外, 杂合度均偏低, 遗传一致性较高。纯系 S02 的杂合度是所有品系中最高的, 初步推断其选育时间较短。

2.5 各基因型与屠宰性能关系的统计分析

2.5.1 *PRKAB2* 基因各基因型与胴体性状的相关研究

由表 3 可知, *PRKAB2* 基因各基因型对活体重、屠体重、腿肌重、腹脂重和皮脂厚都有显著性影响 ($P<0.05$), 其中 *AA* 型为野生型, 该基因型的活重、屠体重、腿肌重、腹脂重和皮脂厚均显著高于突变型 *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、胸肌率和胸肌重等性状都未造成显著性影响 ($P>0.05$), 其加性效应和显型效应也较弱。

表 1 *PRKAB2* 基因在不同品系间的遗传分布
Table 1 The genetic distribution of *PRKAB2* 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	
		<i>AA</i>	<i>AB</i>	<i>BB</i>	<i>A</i>	<i>B</i>	χ^2	<i>P</i>	G^2	<i>P</i>
S01	30	13	9	8	0.5833	0.4167	4.3974	0.0360	1.8953	0.1686
S02	30	15	8	7	0.6333	0.3667	5.4407	0.0097	2.9428	0.0863
S03	31	15	8	8	0.6126	0.3874	6.4500	0.0211	9.1341	0.0025
S05	30	14	8	8	0.6000	0.4000	5.9260	0.0049	3.8268	0.0504
D99	30	15	12	3	0.7000	0.3000	0.0680	0.0082	7.6636	0.0056
S01 × S10	30	6	24	0	0.6000	0.4000	13.3333	0.0853	0.0600	0.8064
S01 × S05	30	14	8	8	0.6000	0.4000	5.9259	0.8749	0.2785	0.5977
S01 × D99	30	12	12	6	0.6000	0.4000	0.8333	0.5673	0.2060	0.6499
总计 Total	241	104	89	48	0.6162	0.3838	11.5856	0.0007	4.3201	0.0377

表 2 *PRKAB2* 基因等位基因位点的群体杂合性分析
Table 2 The heterozygosity analysis of *PRKAB2* gene loci in different breeds

品系 Lines	基因总数 Number	观察值 Observed values		Levene's 期望值 Expected values		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 fixa- tion index (<i>Fis</i>)
		群体纯合度	群体杂合度	群体纯合度	群体杂合度				
		<i>Hom</i>	<i>Het</i>	<i>Hom</i>	<i>Het</i>				
S01	60	0.5139	0.4861	0.6273	0.4727	0.3662	0.3679	1.9459	0.2468
S02	60	0.5355	0.4645	0.7253	0.4747	0.4698	0.3566	1.8674	0.3381
S03	62	0.5257	0.4743	0.5402	0.4598	0.4518	0.3617	1.9022	0.5421
S05	60	0.5200	0.4800	0.5130	0.4870	0.4786	0.3648	1.9231	-0.3689
D99	60	0.5800	0.4200	0.5558	0.4442	0.4362	0.3318	1.7241	0.5088
S01 × S10	60	0.5200	0.4800	0.5119	0.4881	0.4800	0.3648	1.9231	0.0278
S01 × S05	60	0.5200	0.4800	0.5729	0.4271	0.4200	0.3648	1.9231	-0.1111
S01 × D99	60	0.5200	0.4800	0.5373	0.4627	0.4550	0.3648	1.9231	-0.0989
总计 Total	482	0.5270	0.4730	0.5672	0.4328	0.4319	0.3611	1.7602	0.1354

表 3 *PRKAB2* 基因不同基因型对胴体性状的影响
Table 3 Effect of different genotype in *PRKAB2* gene on carcass traits

性状 Traits	基因型 Genotype			加性效应 <i>a</i>	显性效应 <i>d</i>
	<i>AA</i>	<i>AB</i>	<i>BB</i>		
活重 LW(g)	1864.57 ± 28.26 ^A	1855.5 ± 35.58 ^A	1804.26 ± 28.72 ^B	30.16	21.07
屠体重 CW(g)	1653.63 ± 26.35 ^A	1648.7 ± 33.17 ^A	1609.49 ± 26.78 ^B	22.07	17.20
半净膛率 EP(%)	92.70 ± 0.28	92.69 ± 0.28	93.11 ± 0.35	-0.21	0.22
全净膛率 WEP(%)	77.22 ± 0.28	77.53 ± 0.29	76.90 ± 0.36	0.16	-0.47
胸肌重 BW(g)	202.73 ± 4.31	192.41 ± 4.38	197.81 ± 5.43	2.46	7.86
胸肌率 BP(%)	12.23 ± 0.15	11.92 ± 0.15	12.01 ± 0.19	0.11	0.20
腿肌重 LMW(g)	290.01 ± 5.89 ^A	284.75 ± 5.98 ^A	265.37 ± 7.41 ^B	12.32	7.06
腿肌率 LMP(%)	19.40 ± 0.16 ^A	17.55 ± 0.17 ^B	16.90 ± 0.20 ^B	1.25	0.60
腹脂重 AW(g)	41.99 ± 2.48 ^A	36.07 ± 2.52 ^B	35.86 ± 3.12 ^B	3.07	-2.86
腹脂率 AP(%)	2.58 ± 0.18	2.30 ± 0.15	2.19 ± 0.15	0.20	-0.09
皮脂厚 CFT(mm)	3.91 ± 0.09 ^A	3.63 ± 0.09 ^B	3.45 ± 0.12 ^B	0.23	-0.05

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; $a = (AA - BB)/2$; $d = AB - (AA+BB)/2$.

2.5.2 *PRKAB2* 基因各基因型与肉质性状的相关研究

由表 4 可知, *PRKAB2* 基因各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高于 *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 36.8 和 48.51, 而 *AA* 型的肌纤维直

径均显著高于 *BB* 型和 *AB* 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 1.300 和 -0.820。该基因还能显著提高肌内脂肪含量(IMF), 其加性效应和显性效应分别为 0.488 和 0.478。该基因的各基因型对其他与肉质性状有关的指标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。

表 4 *PRKAB2* 基因不同基因型对肉质性状的影响
Table 4 Effect of different genotype in *PRKAB2* on meat quality traits

性状 Traits	基因型 Genotype			加性效应 <i>a</i>	显性效应 <i>d</i>
	<i>AA</i>	<i>AB</i>	<i>BB</i>		
干物质含量 Dry matter(%)	92.781 ± 2.171	92.335 ± 1.822	88.460 ± 2.232	2.161	-1.731
蛋白质含量 Protein(%)	83.085 ± 0.807	83.572 ± 0.678	82.948 ± 0.830	-0.074	-0.455
肌内脂肪含量 IMF(%)	5.986 ± 0.420 ^A	5.979 ± 0.355	5.016 ± 0.435 ^B	0.488	0.478
粗灰分含量 ash(%)	4.303 ± 0.054	4.351 ± 0.045	4.288 ± 0.055	0.008	-0.153
肌苷酸含量 IMP(%)	1.549 ± 0.042 ^A	1.459 ± 0.035 ^B	1.460 ± 0.043 ^C	0.045	0.046
肌纤维密度 FD(mm)	911.77 ± 58.96 ^A	922.48 ± 48.89 ^A	836.17 ± 62.30 ^B	36.80	48.51
肌纤维直径 FDM(μm)	37.580 ± 0.695 ^A	35.46 ± 0.473 ^B	34.98 ± 0.607 ^B	1.300	-0.820

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 讨论

3.1 *PRKAB2* 基因遗传分布与变异

在鸡中尚未发现从分子水平上研究 *PRKAB2* 基因的变异与屠宰性状的关系。本研究利用 PCR-SSCP 技术和 DNA 测序寻找鸡 *PRKAB2* 的 SNPs 位点, 并于该基因第 1 外显子内的第 406 位发现了 T C 突

变, 以此位点为标记, 应用 SAS8.0 软件和 PopGene32 软件分析了该基因在 8 个优质肉鸡品系中的遗传分布、群体杂合性等变异情况。该位点的等位基因 *A* 的分布占绝对优势。S02、S05 和 D99 等 3 个纯系均极显著偏离 Hardy-Weinberg 平衡($P < 0.01$), 而其他两个纯系显著的偏离 Hardy-Weinberg 平衡($0.01 < P < 0.05$), 由此也可以看出各个品系的选择力度不同, 或

者选育时间的长短存在差异,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,基因分布都符合 Hardy-Weinberg 平衡,可以看出在育种过程中,杂交配套的针对性是很强的,效果是明显的。

3.2 *PRKAB2* 基因各基因型与生产性能的相关性

本研究结果表明,鸡 *PRKAB2* 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屠体性状有一定的相关性。在各品系中,对 3 种基因型与胴体、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、腿肌重和腹脂重均显著高于 BB 型个体($P<0.05$),而 AB 型个体的肌纤维密度显著高于 AA 型个体($P<0.05$),说明杂交配套系已经显著提高了野生型个体的肉质。该基因还能显著提高肌内脂肪含量(IMF)。研究结果显示在育种过程中,不但提高了产肉量,还改善了肉质状况。

3.3 *PRKAB2* 基因的遗传效应分析

PRKAB2 基因的 AA 型具有增加肌纤维密度,使肌纤维变粗的作用,AA 型还具有提高活重、屠体重、腿肌重和腹脂重等效应。通过对优质鸡的研究发现,*PRKAB2* 基因主要以加性作用方式发挥作用,研究显示鸡 *PRKAB2* 基因所引起的性状差异及作用方式在不同的品系中不同。因此,对 *PRKAB2* 基因的作用方式及其与产肉量、嫩度等性状的具体连锁关系尚需进一步研究。

3.4 *PRKAB2* 基因在不同物种所起作用的分析

根据资料显示,*PRKAB2* 基因在人类医学上研究的比较广泛,证实 *PRKAB2* 基因与人类 2 型糖尿病有关^[9]。另外研究最多的就是在猪上,在猪的第 4 条染色体上不但找出了一个影响脂肪酸代谢的数量性状遗传位点,还证实了 *PRKAB2* 基因是影响猪肉品质的重要基因^[10,11]。通过本研究,我们又得出了这样的结论:*PRKAB2* 基因对鸡的屠宰性状和肉质性状有着重要影响。由此推断,*PRKAB2* 基因也可能是影响其他家畜肉质性状的一个重要决定因素,这需要对 *PRKAB2* 基因做更加深入的研究。

参考文献(References):

- [1] Turnley AM, Stapleton D, Mann RJ. Cellular distribution and developmental expression of AMP-activated protein kinase isoforms in mouse central nervous system. *J Neurochem*, 1999, 72: 1707-1716. [\[DOI\]](#)
- [2] Thorton C, Snowden MA, Carling D. Identification of a novel AMP-activated protein kinase beta subunit isoform that is highly expressed in skeletal muscle. *J Biol Chem*, 1998, 273: 12443-12450. [\[DOI\]](#)
- [3] Hardie DG, Carling G, Carlson M. The AMP-activated SNF1 protein kinase subfamily: metabolic sensors of the eukaryotic cell. *Annu Rev Biochem*, 1998, 67: 821-855. [\[DOI\]](#)
- [4] Yamauchi T, Kamon J, Waki H, Imai Y, Shiozawa N, Hioki K, Uchida S, Ito Y, Takakuwa K, Matsui J, Takata M, Eto K. Globular adiponectin protected ob/ob mice from diabetes and apoE-deficient mice from atherosclerosis. *J Biol Chem*, 2003, 278: 2461-2468. [\[DOI\]](#)
- [5] ZHANG De-Xiang, YANG Shan. The breeding present situation and forecast of high quality chicken in our country. *Raising Livestock and Veterinarian of Heilongjiang*, 1998, (10): 44-45.
张德祥, 杨山. 我国优质鸡育种的现状及展望. *黑龙江畜牧兽医*, 1998, (10): 44-45.
- [6] Yerle M, Echard G, Robic A, Mairal A, Dubut-Fontana C, Riquet J, Pinton P, Milan D, Lahbib-Mansais Y, Gellin J. A somatic cell hybrid panel for pig regional gene mapping characterized by molecular cytogenetics. *Cytogenet Cell Genet*, 1996, 73: 194-202. [\[DOI\]](#)
- [7] Nei M. Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals. *Genetics*, 1978, 89: 583-590
- [8] Liu BH. Statistical Genomics: Linkage. In: Mapping and QTL Analysis. LLC: CRC Press, 1998, 404-409.
- [9] Koistinen HA, Galuska D, Chibalin AV, Yang J, Zierath JR, Holman GD, Wallberg-Henriksson H. 5-aminoimidazole carboxamide riboside increases glucose transport and cell surface GLUT4 content in skeletal muscle from subjects with type 2 diabetes. *Diabetes*, 2003, 52: 1066-1072. [\[DOI\]](#)
- [10] Perez-Enciso M, Clap A, Noguera JL, Ovilo C, Coll A, Folch JM, Babot D, Eastany J, Oliver MA, Diaz I, Sanchez A. A QTL on pig chromosome 4 affects fatty acid metabolism: evidence from an Iberian by Landrace intercross. *J Anim Sci*, 2000, 78: 2525-2531.
- [11] Marklund L, Nystrom PE, Stern S, Andersson-Eklud L, Andersson L. Confirmed quantitative trait loci for fatness and growth on pig chromosome 4. *Heredity*, 1999, 82: 134-141. [\[DOI\]](#)