

DOI: 10.3724/SP.J.1005.2008.01015

## 13/17 罗伯逊易位猪 *POU1F1* 基因多态性

姜丽花, 赵雯, 何晓波, 张廷荣, 孙金海

青岛农业大学动物科技学院, 青岛 266109

**摘要:** 采用外周血淋巴细胞培养制备染色体标本, 对 13/17 罗伯逊易位猪的 3 种杂交组合的 394 头后代进行核型分析, 出现 3 种核型猪: 13/17 易位纯合子猪[2n=36, XY 或 XX, rob(13;17)]、13/17 易位杂合子猪[2n=37, XY 或 XX, rob(13;17)]和正常核型猪[2n=38, XY 或 XX]。应用 PCR-RFLP 技术在 *POU1F1* 基因的 1 746 bp 扩增片段中检测到 1 个 *Rsa* I 限制性内切酶的多态位点。应用 PCR-SSCP 技术检测 *POU1F1* 基因第 4 外显子, 在 3 种杂交后代群中均未检测到突变。遗传多态性分析结果表明: *Rsa* I 酶切多态位点的突变在 3 种杂交后代群中 A 等位基因和 AA 基因型频率占优势, 在 3 种核型群体中也是 A 等位基因和 AA 基因型频率占优势, 其中 AB 基因型频率在易位杂合型群体中较高。各杂交后代群均未达到 Hardy-Weinberg 平衡, 不同核型群亦处于非平衡状态。13/17 易位杂合子猪×13/17 易位杂合子猪和 13/17 易位杂合子猪×约克两杂交后代群的 PIC 表现为中度多态, 而 13/17 易位杂合子猪×皮杜杂交后代群表现为低度多态; 易位杂合型群体表现为中度多态, 正常核型和易位纯合型群体表现低度多态性。

**关键词:** 猪; 罗伯逊易位; *POU1F1* 基因; 核型; 多态性

## Polymorphisms of *POU1F1* gene in 13/17 Robertsonian translocation pigs

JIANG Li-Hua, ZHAO Wen, HE Xiao-Bo, ZHANG Ting-Rong, SUN Jin-Hai

College of Animal Science and Veterinary Medicine, Qingdao Agricultural University, Qingdao 266109, China

**Abstract:** Karyotype analysis was carried out by means of culturing whole peripheral blood from 394 pigs, which were produced from three hybridization combinations of 13/17 Robertsonian translocation pig. Three types of karyotype were detected in these hybrids, i.e., the homozygous pigs [2n=36, XY or XX, rob (13; 17)], the heterozygous pigs [2n=37, XY or XX, rob (13; 17)], and the normal karyotype pigs [2n=38, XY or XX]. A *Rsa* I restriction enzyme polymorphic site in a 1 746 bp fragment of porcine *POU1F1* gene was detected by PCR-RFLP analysis. While no mutation in exon 4 of porcine *POU1F1* gene was detected by PCR-SSCP analysis in the hybrids of the three hybridization combinations. Population genetics analysis showed that for *Rsa* I -RFLP, the frequencies of allele A and genotype AA were significantly higher than allele B and genotype BB in the three hybrid populations and the three type of karyotype populations. The frequency of genotype AB was higher in the heterozygous translocation population than in the other two karyotype populations. Chi-square test suggested that all the populations did not reach Hardy-Weinberg equilibrium. The progeny populations of heterozygous 13/17 translocation pig × heterozygous 13/17 translocation pig, heterozygous 13/17 translocation pig × York-

收稿日期: 2008-01-03; 修回日期: 2008-04-09

基金项目: 国家自然科学基金项目(编号: 30270948)和教育部科学技术研究重点项目(编号: J06007)资助[Supported by the National Natural Science Foundation of China (No. 30270948) and the Key Research Project of Science and Technology, Ministry of Education, China (No. J06007)]

作者简介: 姜丽花(1980-), 女, 山东济宁人, 硕士, 专业方向: 分子遗传与动物育种。Tel: 13646397148; E-mail: jianglh1220@yahoo.com.cn

通讯作者: 张廷荣(1962-), 男, 山东安丘人, 教授, 研究方向: 动物遗传育种。Tel: 13963819925; E-mail: zhangtr2006@yahoo.com.cn

孙金海(1959-), 男, 山东潍坊人, 教授, 博士生导师, 研究方向: 动物遗传育种。Tel: 13210068917; E-mail: sunjinhai00528@sina.com

shire, and heterozygous pig population had medium polymorphism and others had low polymorphism.

**Keywords:** pigs; Robertsonian translocation; *POU1F1* gene; karyotype; polymorphism

垂体特异性转录因子(Pituitary specific transcription factor 1, Pit-1)是POU结构域(PIT-OCT-UNC domain)因子家族的一员,目前已被正式命名为POU1F1。POU1F1在哺乳动物垂体发育和激素表达过程中起重要作用。猪POU1F1基因已经被发现并定位于13号染色体q46区域<sup>[1]</sup>。基因图谱研究表明,与生长和背膘厚相关的QTL位于13号染色体靠近POU1F1的区域<sup>[2]</sup>。Tuggle等<sup>[3]</sup>早在1993年就开始了Pit-1基因多态性与猪生长及胴体性状关系的研究。另外一些研究也发现猪的生长与胴体组成等性状与Pit-1基因型有关<sup>[4-6]</sup>。庞瑾等<sup>[7]</sup>对Pit-1基因部分片段进行扩增测序,俞沛初等<sup>[8]</sup>对香猪及对照猪种(上海白猪、大约克夏猪)的Pit-1基因进行了单核苷酸多态性分析。

近年来,猪13、17号染色体上的基因和标记的定位研究进展迅速,并已证明13号染色体的数量性状基因座(QTLs)影响猪的早期增重。我国家猪13/17罗伯逊易位是孙金海等<sup>[9]</sup>于1989年在国内加系长白猪群中首次发现的,并于1991年通过遗传手段在国内外首次培育了能稳定遗传的易位纯合子猪[2n=36, XY或XX, rob(13;17)], 13/17罗伯逊易位杂合子猪[2n=37, XY或XX, rob(13;17)]在某些生产性能上比正常核型猪[2n=38, XY或XX]具有优势。13/17罗伯逊易位猪的种质特性、遗传效应、杂交利用、染色体的显微分离、遗传机制等研究已取得一些进展<sup>[10-13]</sup>。本研究选取了3种杂交组合的后代猪,应用PCR-SSCP及PCR-RFLP技术,对POU1F1基因进行突变分析,为13/17罗伯逊易位猪品种选育及研究13/17罗伯逊易位效应的遗传机制奠定基础。

## 1 材料和方法

### 1.1 材料

实验猪选用山东六和集团寿光原种猪场13/17易位杂合子猪×13/17易位杂合猪、13/17易位杂合子猪×皮杜( $\delta$ )、13/17易位杂合子猪×约克( $\delta$ )3种杂交组合的后代猪共394头。

### 1.2 方法

#### 1.2.1 染色体标本制备

猪前腔静脉采血,采用微量全血培养法制备染色体标本片, Giemsa染色。在低倍镜下寻找分散良好的中期相,转置油镜下进行染色体计数、显微摄影和组型分析<sup>[14]</sup>。

#### 1.2.2 基因组DNA的制备<sup>[15]</sup>

取耳组织样约10 mg(小米粒大小)放入1.5 mL离心管中,用小剪刀尽量剪碎;加入600  $\mu$ L组织提取液[Tris-HCl (pH 8.0)、EDTA(pH 8.0)、NaCl]、10% SDS至终浓度1%以及蛋白酶K至终浓度100  $\mu$ g/mL;置55℃水浴消化过夜。加等体积Tris饱和酚,缓慢颠倒后离心,收集上清。于上清中加入等体积饱和酚:氯仿(1:1)缓慢颠倒后离心,收集上清。在上清液中加入等体积的氯仿:异戊醇(24:1)混合液,缓慢颠倒后离心,收集上清。在收集的上清液中加入二倍体积冰冷无水乙醇和1/10体积的3 mol/L NaAc沉淀DNA,然后用70%乙醇洗涤DNA沉淀两次,干燥后加80  $\mu$ L TE溶解(4℃过夜), -20℃保存备用。

#### 1.2.3 PCR扩增

引物P1是参考文献<sup>[16]</sup>中的原有引物, P2是根据GenBank上发表的有关序列用Primer 5.0软件设计。扩增1746 bp(部分第4内含子、第5外显子、第5内含子、第6外显子及部分3'侧翼序列)的引物P1为:F: 5'-AGTGTAGCCAGAGCATCT-3', R: 5'-ACCACATCTGCACACTCA-3'; 扩增159 bp(第4外显子)的引物P2为:F: 5'-TTTCACAGGATACACCCA A-3', R: 5'-GCTTCCTCCAGCCATT-3'。应用引物P1对所提取的基因组DNA进行扩增的反应程序为:95℃预变性4 min; 94℃变性45 s, 61℃复性45 s, 72℃延伸3 min, 34个循环;最后72℃再延伸6 min, 4℃保存。应用引物P2的PCR反应程序为:95℃预变性4 min; 94℃变性30 s, 53.5℃复性30 s, 72℃延伸30 s, 33个循环;最后72℃再延伸6 min, 4℃保存。

25  $\mu$ L反应体系中各组分分别为:dNTPs 2  $\mu$ L, MgCl<sub>2</sub>

2  $\mu\text{L}$ ,混合上下游引物 2  $\mu\text{L}$ , *Taq* DNA 聚合酶 0.2  $\mu\text{L}$ , 2.5  $\mu\text{L}$  10 $\times$ *Taq* buffer, DNA 模板 2  $\mu\text{L}$ (约 50 ng/ $\mu\text{L}$ )。PCR 扩增产物根据其片段大小分别用 0.8%和 1.0% 琼脂糖凝胶电泳检测。

2 结果与分析

2.1 染色体标本制备及核型分群

实验获得了分散较好的细胞中期染色体标本(染色体分裂相见图 1),虽然 13/17 易位染色体与 1 号染色体的大小、形态比较相似,但 1 号染色体的短臂明显大于 13/17 易位染色体的短臂,同时 1 号染色体相对长度小于融合后的 13/17 易位染色体,因此根据相对长度及短臂的长度可在显微镜下准确识

别 13/17 易位染色体。核型分群出现了 3 种核型猪: 13/17 易位纯合子猪[2n=36,XY 或 XX, rob(13;17)]、13/17 易位杂合子猪[2n=37,XY 或 XX, rob(13;17)]和正常核型猪[2n=38,XY 或 XX]。对实验猪群核型统计结果见表 1。

2.2 *POU1F1* 基因在猪群中的遗传多态性分析

2.2.1 猪 *POU1F1* 基因的 PCR-RFLP 检测与分析  
对猪 *POU1F1* 基因 1 746 bp 扩增产物,选用 *Pst*、*Rsa* 两种限制性内切酶进行酶切,但只有 *Rsa* 酶切产物呈现多态性(图 2),出现 3 种基因型(*AA*、*AB*、*BB*)。不同杂交组合后代群、核型群中的基因和基因型频率分别见表 2、表 3。

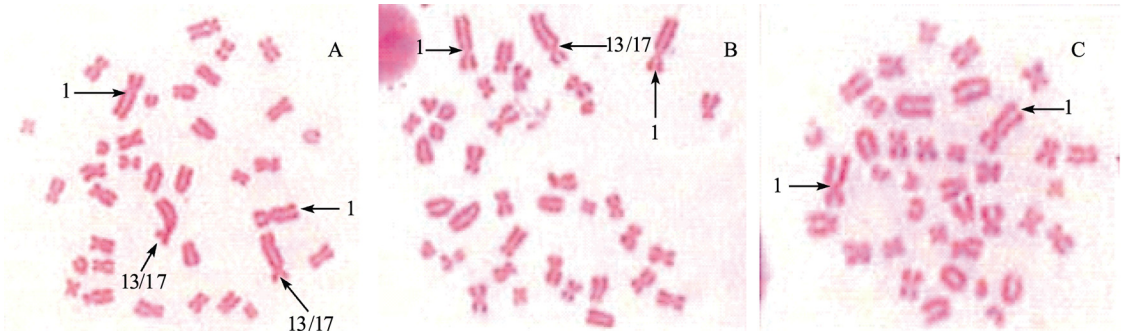


图 1 3 种核型猪的中期染色体  
A: 13/17 易位纯合子猪; B: 13/17 易位杂合子猪; C: 正常核型猪。  
Fig. 1 Metaphase chromosomes for three karyotype pigs  
A: The homozygous 13/17 translocation pigs; B: The heterozygous 13/17 translocation pigs; C: The normal karyotype pigs.

表 1 3 种杂交组合后代核型分析  
Table 1 Karyotype analyses in offsprings of three hybridized combinations

杂交组合 Hybridized combination	样本数 No.	核型 Karyotype		
		2n=38	2n=37	2n=36
H $\times$ H	199	68	100	31
H $\times$ PD	109	73	36	0
H $\times$ Y	86	39	47	0

H: 13/17 易位杂合子猪; PD: 皮杜猪; Y: 约克猪。  
H: The heterozygous 13/17 translocation pig; PD: Pietrain  $\times$  Duroc; Y: Yorkshire.

由表 2、表 3 可知, *Rsa* 酶切多态位点的突变在 3 种杂交后代群中 *A* 等位基因和 *AA* 基因型频率占优势; 在 3 种核型群体中也是 *A* 等位基因和 *AA* 基因型频率占优势, 其中 *AB* 基因型频率在易位杂合型群体中较高。等位基因频率不同杂交组合间、核型间差异不显著( $P>0.05$ ), 基因型频率不同杂交组合间、核型间差异显著( $P<0.05$ )。

表 2 猪 *POU1F1* 基因 1 746 bp 扩增片段 *Rsa* I -RFLP 的等位基因频率及基因型频率  
Table 2 Allele and genotypes frequencies of *Rsa* I -RFLP in 1 746 bp fragment of porcine *POU1F1* gene

杂交组合 Hybridized combination	样本数(头) No.	等位基因频率 Allele frequency		基因型频率 Genotype frequency		
		<i>A</i>	<i>B</i>	<i>AA</i>	<i>AB</i>	<i>BB</i>
H $\times$ H	199	0.80 <sup>a</sup>	0.20 <sup>a</sup>	0.66 <sup>a</sup>	0.27 <sup>a</sup>	0.07 <sup>a</sup>
H $\times$ PD	109	0.88 <sup>a</sup>	0.12 <sup>a</sup>	0.80 <sup>b</sup>	0.17 <sup>a</sup>	0.03 <sup>a</sup>
H $\times$ Y	86	0.82 <sup>a</sup>	0.18 <sup>a</sup>	0.70 <sup>ab</sup>	0.24 <sup>a</sup>	0.06 <sup>a</sup>

H: 13/17 易位杂合子猪; PD: 皮杜猪; Y: 约克猪。同一列上角字母完全不同表示差异显著( $P<0.05$ )。  
H: the heterozygous 13/17 translocation pig; PD: Pietrain  $\times$  Duroc; Y: Yorkshire. Completely different letters in the same column indicate a significant difference ( $P<0.05$ ).

### 2.2.2 猪 *POUIF1* 基因第 4 外显子的 PCR-SSCP 分析

对猪 *POUIF1* 基因 159 bp 扩增产物进行 12% 聚丙烯酰胺凝胶电泳并未发现多态性。

### 2.3 猪群的 Hardy-Weinberg 平衡检验

不同杂交组合群体、核型群体的 *POUIF1* 基因的 Hardy-Weinberg 平衡检验的结果见表 4。由表 4 可知, *POUIF1* 基因的 *Rsa* I 酶切多态突变位点在各群体均未达到 Hardy-Weinberg 平衡。

### 2.4 猪 *POUIF1* 基因的杂合度、有效等位基因数和多态信息含量

不同猪群体 PCR-*Rsa* I 的纯合度、杂合度、有效等位基因数和多态信息含量见表 5 和表 6。

由表 5、表 6 中数据可见: 13/17 易位杂合子猪 × 13/17 易位杂合子猪和 13/17 易位杂合子猪 × 约克两杂交后代群的 PIC 表现为中度多态; 而 13/17 易位杂合子猪 × 皮杜杂交后代群表现为低度多态。3 种核型群体中, 易位杂合型群体的 PIC 表现为中度多态, 正常和易位纯合型群体表现低度多态性。

## 3 讨论

在 3 种杂交后代群中表现出的 *Rsa* I-RFLP 多态性是 A 型等位基因频率和 AA 基因型频率占优势。其中又以 13/17 易位杂合子猪 × 皮杜杂交后代群的 A 型等位基因频率最高为 0.88, 由此说明等位基因 A 在此猪群中的突变频率低(B 为突变型), 此后代猪群在该多态位点较为保守。在 3 种核型群体中也是 A

表 3 猪 *POUIF1* 基因 1 746 bp 扩增片段 *Rsa* I-RFLP 的等位基因频率及基因型频率

Table 3 Allele and genotypes frequencies of *Rsa* I-RFLP in 1 746 bp fragment of porcine *POUIF1* gene

核型 Karyotype	样本数(头) No.	等位基因频率 Allele frequency		基因型频率 Genotype frequency		
		A	B	AA	AB	BB
2n=38	180	0.83 <sup>a</sup>	0.17 <sup>a</sup>	0.77 <sup>a</sup>	0.13 <sup>a</sup>	0.10 <sup>a</sup>
2n=37	183	0.81 <sup>a</sup>	0.19 <sup>a</sup>	0.64 <sup>b</sup>	0.34 <sup>b</sup>	0.02 <sup>b</sup>
2n=36	31	0.89 <sup>a</sup>	0.11 <sup>a</sup>	0.81 <sup>ab</sup>	0.16 <sup>ac</sup>	0.03 <sup>ab</sup>

注: 同一列上角字母完全不同表示差异显著( $P < 0.05$ )。

Note: Completely different letters in the same column indicate a significant difference ( $P < 0.05$ ).

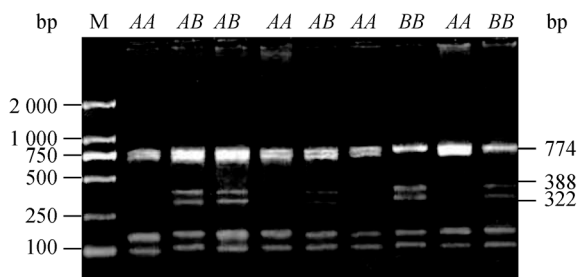


图 2 猪 *POUIF1* 基因 1 746 bp 扩增产物的 *Rsa* I 酶切  
Fig.2 Separation of 1 746 bp PCR product of *POUIF1* gene following digestion with *Rsa* I  
M: Marker DL2000.

表 4 不同猪群的 Hardy-Weinberg 平衡检验

Table 4 Equilibrium analysis of Hardy-Weinberg for pig populations

杂交组合 Hybridized combination	Chi-square	核型 Karyotype	Chi-square
H × H	6.57*	2n=38	7.31**
H × PD	16.20**	2n=37	7.79**
H × Y	7.94**	2n=36	19.46**

H: 13/17 易位杂合子猪; PD: 皮杜猪; Y: 约克猪。\*  $0.01 < P < 0.05$ , \*\*  $P < 0.01$ ,  $\chi^2_{0.05(1)} = 3.84$ ,  $\chi^2_{0.01(1)} = 6.63$ 。

H: The heterozygous 13/17 translocation pig; PD: Pietrain × Duroc; Y: Yorkshire.

表 5 *POUIF1* 基因在 3 种杂交后代群中的多态信息含量、纯合度、杂合度和有效等位基因数

Table 5 Homozygosities ( $H_o$ ), heterozygosities ( $H_e$ ), effective number of alleles ( $N_e$ ), polymorphism information contents (PIC) of *POUIF1* gene in three hybrid populations

杂交组合 Hybridized combination	样本数 No.	纯合度 $H_o$	杂合度 $H_e$	有效等位基因数 $N_e$	多态信息含量 PIC
H × H	199	0.68	0.32	1.47	0.27
H × PD	109	0.78	0.22	1.28	0.19
H × Y	86	0.70	0.30	1.42	0.25

H: 13/17 易位杂合子猪; PD: 皮杜猪; Y: 约克猪。

H: The heterozygous 13/17 translocation pig; PD: Pietrain × Duroc; Y: Yorkshire.

表 6 *POU1F1* 基因在 3 种核型群体中的多态信息含量、纯合度、杂合度和有效等位基因数Table 6 Homozygosities (*Ho*), heterozygosities (*He*), effective number of alleles (*Ne*), polymorphism information contents (*PIC*) of *POU1F1* gene in three karyotype groups

核型 Karyotype	样本数 No.	纯合度 <i>Ho</i>	杂合度 <i>He</i>	有效等位基因数 <i>Ne</i>	多态信息含量 <i>PIC</i>
2n=38	180	0.72	0.28	1.38	0.24
2n=37	183	0.70	0.30	1.43	0.26
2n=36	31	0.80	0.20	1.25	0.18

*PIC* < 0.25 : 低度多态; 0.25 < *PIC* < 0.5 : 中度多态; *PIC* > 0.5 : 高度多态。

*PIC* < 0.25: Low polymorphism; 0.25 < *PIC* < 0.5: Medium polymorphism; *PIC* > 0.5: High polymorphism.

等位基因和 *AA* 基因型频率占优势, 易位纯合群的 *A* 型等位基因频率最高为 0.89。等位基因频率在杂交组合间、核型间均差异不显著。*AA* 基因型频率在杂交组合间差异显著, 13/17 易位杂合子猪×皮杜杂交后代群的最高; 3 种基因型在核型间均差异显著, *AA* 基因型频率在易位纯合型群体中最高, *BB* 基因型频率在正常核型群体中最高, *AB* 基因型频率在易位杂合型群体中最高为 0.34, 由此推测基因型可能与核型有一定的关系。

在猪 *POU1F1* 基因第 4 外显子并未检测到突变, 这可能与杂交组合的猪品种有关, 此研究结果与有关国外引进品种(系)表现为单态而地方品种呈现多态性的报道基本一致。这可能是由于国外引进猪种(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, 相对于中国猪种, 国外引进猪种(系)在此位点其序列高度保守。

猪 *POU1F1* 基因的 *Rsa* -RFLP 突变位点在各杂交后代群和各核型群均未达到 Hardy-Weinberg 平衡, 造成这种不平衡状态的原因可能与人工选择有关, 还可能与数据结构和所选杂交组合的品种有关。

从群体遗传多态性角度分析, 多数群体表现为中度多态, 由此说明 *POU1F1* 基因标记的多态信息含量较高, 遗传变异较大, 因此, 可望获得更多的选择效果。有效等位基因数与实际检测到的等位基因的个数不太接近, 说明该等位基因在群体中分布不均匀。

Brunsch 等的<sup>[4]</sup>研究表明, 在欧洲野猪×皮特兰的杂交家系中, *Rsa* -RFLP 多态性与 14 个生长和胴体组成性状有关。Yu 等<sup>[5]</sup>选用了包括 4 个中国梅山猪和欧洲的长白猪组成的 3 代杂交资源家系为试验动物, 结果发现 *Msp* -CC 基因型的猪对于 *DD* 基因

型的猪有较大的初生重。在背膘厚的测量指标上, 也均高于 *DD* 基因型的猪。因此推测本试验检测到的 *Rsa* -RFLP 多态位点与猪的某些生长及胴体性状可能有一定的相关性, 还需结合相应性状指标测定继续深入研究和探讨。

猪的基因组图已取得很大成就, 有研究证明 13 号染色体的数量性状基因座影响猪的早期增重<sup>[17]</sup>。据研究, 13/17 罗伯逊易位在杂合状态对猪的繁殖力并无明显损害。在断奶以前, 易位杂合子猪在生长发育方面比非易位猪有一定的优势, 易位杂合子公猪在体高增长方面比非易位猪有较强的优势(差异显著, 提高了 16.09%)。至于产生以上现象的机理, 已从生理生化等方面研究并取得一些进展, 但其遗传机制仍需进一步研究。本研究在猪 *POU1F1* 基因扩增长度为 1 746 bp 的片段上找到的突变位点为进一步研究其对生产性状的作用提供了基础, 并为探索 13/17 罗伯逊易位效应的遗传机制奠定基础。

## 参考文献(References):

- [1] Archibald AL, Haley CS, Brown JF, Coupewright S, McQueen HA, Nicholson D, Coppieters W, Vande WA, Stratil A, Wintoro AK. The PigMap consortium linkage map of the pig (*Sus scrofa*). *Mamm Genome*, 1995, 6(3): 157-175. [\[DOI\]](#)
- [2] Bidanel JP, Milan D, Iannuccelli N, Amigues Y, Boscher MY, Bourgeois F, Caritez JC, Gruand J, Le RP, Lagant H, Quintanilla R, Renard C, Gellin J, Ollivier L, Chevalet C. Detection of quantitative trait loci for growth and fatness in pigs. *Genet Sel Evol*, 2001, 33(3): 289-309. [\[DOI\]](#)
- [3] Tuggle CK, Yu TP, Helm J, Rothschild MF. Cloning and restriction fragment length polymorphism analysis of a cDNA for swine *PIT-1*, a gene controlling growth hormone expression. *Anim Genet*, 1993, 24(1): 17-21.
- [4] Brunsch C, Sternstein I, Reinecke P, Bieniek J. Analysis of associations of *PIT1* genotypes with growth, meat, quality

- and carcass composition traits in pigs. *J Appl Genet*, 2002, 43(1): 85–91.
- [5] Yu TP, Tuggle CK, Schmitz CB, Rothschild MF. Association of *PIT1* polymorphisms with growth and carcass traits in pigs. *J Anim Sci*, 1995, 73(5): 1282–1288.
- [6] Franco MM, Antunes RC, Silva HD, Goulart LR. Association of *PIT1*, *GH* and *GHRH* polymorphisms with performance and carcass traits in Landrace pigs. *J Appl Genet*, 2005, 46(2): 195–200.
- [7] PANG Jin, ZHENG You-Min, LI Hong-Bin. Cloning and sequencing of pig *Pit-1* gene intron3 sequence. *Biotechnol Bull*, 2004, (6): 41–43.
- 庞瑾, 郑友民, 李宏滨. 猪 *Pit-1* 基因第三内含子序列的克隆测序. *生物技术通报*, 2004, (6): 41–43.
- [8] YU Pei-Chu, QIAO Zhong-Dong, GUO Chuan-Jia, HUA Xiu-Guo, FANG Xin-Kui. Intron polymorphisms of *Pit-1* gene in Xiang Pig. *J Shanghai Jiaotong Univ (Agri Sci)*, 2004, 22(2): 109–114.
- 俞沛初, 乔中东, 郭传甲, 华修国, 方心葵. 香猪 *Pit-1* 基因内含子多态性的研究. *上海交通大学学报(农业科学版)*, 2004, 22(2): 109–114.
- [9] SUN Jin-Hai, LI Lai-Ji, CHEN Jing-Yun, LIU Ya-Xiu, XIA Chao. The discovery of 13/17 chromosome translocation in domestic pig and research on its phenotypic effects I. The discovery and identification of 13/17 chromosome translocation in domestic pig. *Bull Veterinary College PLA*, 1990, 10(3): 276–279.
- 孙金海, 李来记, 陈景云, 刘亚秀, 夏超. 家猪染色体 13/17 易位的发现及表型效应的研究. *家猪染色体 13/17 易位的发现与鉴定*. 兽医大学学报, 1990, 10(3): 276–279.
- [10] SUN JH, WANG HT, Schook LB. Molecular genetic studies on homozygous 13/17 Robertsonian translocation pigs: DNA fingerprinting and marker analysis. *Anim Genet*, 1998, 29(1): 56–56.
- [11] LI Mu, SUN Jin-Hai, HE Xiang-Rui. Synaptonemal complex analysis of 13/17 Robertsonia translocation in the homozygous pigs. *Chinese J Veterinary Sci*, 2000, 20(6): 608–611.
- 李慕, 孙金海, 贺祥瑞. rob(13/17)纯合子猪的联会复合体分析. *中国兽医学报*, 2000, 20(6): 608–611.
- [12] GENG Ke-Xiang, YAN Shou-Qing, LI Bing, SUN Jin-Hai. Microdissection and LA-PCR amplification of swine single 13/17 Robertsonia translocation chromosome. *China Anim Husbandry Veterinary Med*, 2007, 34(4): 72–74.
- 耿克祥, 闫守庆, 李冰, 孙金海. 猪单条 13/17 罗伯逊易位染色体的显微分离与 LA-PCR 扩增. *中国畜牧兽医*, 2007, 34(4): 72–74.
- [13] SHUAI Li-Fang, SUN Jin-Hai, ZHAO Yong. Clone and analysis sequence *SRY* gene of 13/17 Robertsonia translocation in the domestic pig. *China Anim Husbandry Veterinary Med*, 2006, 33(3): 27–30.
- 帅丽芳, 孙金海, 赵勇. 13/17 罗伯逊易位猪 *SRY* 基因的克隆及其序列分析. *中国畜牧兽医*, 2006, 33(3): 27–30.
- [14] SUN Jin-Hai, LI Mu, ZHANG Yuan. Studies on the inheritance law of 13/17 Robertsonia translocation chromosomes in the domestic pig. *Chinese J Anim Sci*, 2000, 36(1): 8–10.
- 孙金海, 李慕, 张沅. 家猪 13/17 罗伯逊易位染色体遗传规律的研究. *中国畜牧杂志*, 2000, 36(1): 8–10.
- [15] Sambrook J, Russell DW. *Molecular Cloning: A Laboratory Manual*. 3rd ed. (Previous volume). Beijing: Science Press, 2002, 467–469.
- J.萨姆布鲁克, D.W.拉塞尔 著, 黄培堂 译. *分子克隆试验指南(第三版)(上册)*. 北京: 科学出版社, 2002, 467–469.
- [16] Yu TP, Schmitz CB, Rothschild MF, Tuggle CK. Expression pattern, genomic cloning and RFLP analyses of the swine *PIT-1* gene. *Anim Genet*, 1994, 25(4): 229–233.
- [17] Andersson L, Haley CS, Ellegren H, Knott SA, Johansson M, Andersson K, Andersson EL, Edfors LI, Fredholm M, Hansson I, Hakansson J. Genetic mapping of quantitative trait loci for growth and fatness in pigs. *Science*, 1994, 263(25): 1771–1774. [\[DOI\]](#)