

DOI: 10.3724/SP.J.1005.2010.00480

## 藏猪繁殖性状多基因效应分析

刘轩<sup>1</sup>, 强巴央宗<sup>2</sup>, 王强<sup>3</sup>, 凌遥<sup>1</sup>, 辜雪冬<sup>2</sup>, 吴克亮<sup>1</sup>, 张浩<sup>1</sup>

1. 中国农业大学动物科技学院, 北京 100193;
2. 西藏农牧学院动物科学系, 林芝 860000;
3. 安徽省农业科学院情报研究所, 合肥 230031

**摘要:** 藏猪是我国特有的高原型地方猪种, 具有适应高海拔恶劣气候环境、抗病、耐粗、肉质鲜美等特点, 但繁殖力低。文章以促卵泡素  $\beta$  亚基(FSH $\beta$ )、雌激素受体(ESR)、促乳素受体(PRLR)和视黄醛结合蛋白 4(RBP4)等基因作为繁殖性状主要候选基因, 测定 76 头藏猪的基因型, 分析单基因和多基因合并对繁殖性状的影响效应。结果说明, 在藏猪群体中, FSH $\beta$ 、ESR 和 PRLR 基因不同基因型繁殖性状差异显著, 优良基因型分别为 BB、BB 和 AA。藏猪 RBP4 基因只有 2 种基因型, 对繁殖性状影响不显著。FSH $\beta$ -ESR-PRLR 基因的合并优良基因型为 BB-BB-AA, 多基因聚合效应高于单基因效应。

**关键词:** 藏猪; 繁殖性状; 主效基因; 多基因合并基因型

## Effects of multi-genes for reproductive traits in Tibet pig

LIU Xuan<sup>1</sup>, Chamba Yangzom<sup>2</sup>, WANG Qiang<sup>3</sup>, LING Yao<sup>1</sup>, GU Xue-Dong<sup>2</sup>,  
WU Ke-Liang<sup>1</sup>, ZHANG Hao<sup>1</sup>

1. College of Animal Science and Technology, China Agricultural University, Beijing 100193, China;
2. College of Agriculture and Animal Husbandry, Linzhi 860000, China;
3. Institute of Informatics, Anhui Academy of Agricultural Sciences, Hefei 230031, China

**Abstract:** Tibet pig is a unique native breed in the plateau of China, which has good adaptation to the harsh climate of high land and resistance to diseases and crude feeding. However, its reproductive rate is low. The objectives of this study were to search for the polymorphisms of estrogen receptor (ESR), follicle-stimulating hormone (FSH $\beta$ ), prolactin receptor (PRLR), and retinol binding protein 4 (RBP4) in Tibet pig and to analyze the effects of these variants and their combination genotypes on reproductive traits. The results showed that the effects of FSH $\beta$ , ESR, and PRLR genes were significant in the Tibet pig population, and the effective genotypes of the three genes for reproductive traits were BB, BB, and AA, respectively. There were two genotypes for RBP4 gene in Tibet pig, which did not have significant effect on the reproductive traits. The optimal genotype of FSH $\beta$ -ESR-PRLR is BB-BB-AA, which is more effective on reproductive traits than any single gene in Tibet pig.

**Keywords:** Tibet pig; reproductive traits; major gene; combined genotype of multi-genes

藏猪是我国青藏高原独特的品种资源, 属放牧饲养较原始的瘦肉型猪种, 对高原低氧、低温和粗放的饲养环境具有较强的适应性, 沉脂能力强, 肉质细腻, 风味独特, 素有“高原之珍”的美誉。但长

收稿日期: 2009-09-07; 修回日期: 2009-11-30

基金项目: 国家科技支撑项目(编号: 2008BADB2B01)和西藏自治区科技计划项目资助

作者简介: 刘轩(1988-), 女, 硕士研究生, 专业方向: 动物分子遗传学。Tel: 010-62816646; E-mail: liuxuante@163.com

通讯作者: 张浩(1968-), 男, 副研究员, 博士, 研究方向: 动物分子数量遗传学与资源保存利用。Tel: 010-62733233; E-mail: zhanghao827@163.com

期以来由于历史、社会、环境和科技等因素的影响，人们缺乏对藏猪的保种和选育意识，使其生长速度慢、繁殖力低。这些不足掩盖了藏猪许多的优点，尤其是繁殖性能低严重制约着其产业化发展，猪肉产品远远不能满足高原地区内外的市场需求，影响高原畜牧业经济的发展。繁殖性能是受环境影响较大的经济性状，较宜采用分子标记选择育种，然而目前对藏猪分子遗传的研究主要是多态性分析<sup>[1, 2]</sup>，藏猪群体中确认的影响繁殖性能的分子标记尚未见报道。本文测定藏猪群体中雌激素受体 (ESR)、促卵泡素  $\beta$  亚基 (FSH $\beta$ )、促乳素受体 (PRLR) 和视黄醛结合蛋白 4 (RBP4) 4 个重要的繁殖性状主效候选基因的基因型，分析单基因标记和多基因聚合效应，为藏猪品种资源保存利用，以及分子育种提供依据，对藏猪遗传选育和生产实践具有一定的指导意义。

1 材料和方法

1.1 样品和数据

繁殖性状数据来自西藏农牧学院教学实习牧场 2007~2008 年品系选育性能测定记录。采集具有繁殖性状记录的藏猪个体耳组织样，共 76 份。该地海拔约 3 000 m，属藏东南河谷地区，为藏猪资源主要分布区。

1.2 方法

1.2.1 DNA 提取

采用常规的苯酚/氯仿抽提法提取藏猪基因组 DNA，-20℃ 冷冻保存。

1.2.2 引物设计

根据猪 FSH $\beta$ <sup>[3]</sup>、ESR<sup>[4]</sup>、PRLR<sup>[5]</sup> 和 RBP4<sup>[6]</sup> 基因的功能性多态位点，应用 Primer Premier 5.0 软件设

计引物，引物信息见表 1。

1.2.3 PCR 扩增

PCR 扩增体系为 25  $\mu$ L，其中 10 $\times$ PCR buffer 2.5  $\mu$ L，10 mmol/L dNTP mix 2  $\mu$ L，20 pmol/ $\mu$ L 的引物各 0.5  $\mu$ L，Taq DNA 聚合酶(5 U/ $\mu$ L)0.5  $\mu$ L，DNA 模板 1  $\mu$ L，加 ddH<sub>2</sub>O 至 25  $\mu$ L。PCR 扩增条件：95℃ 预变性 5 min，95℃ 变性 30 s，55~60℃ 退火 30 s，72℃ 延伸 1 min，36 个循环；再 72℃ 延伸 7 min，4℃ 保持。

1.2.4 酶切分型

除 FSH $\beta$  基因扩增产物直接用 2% 琼脂糖胶电泳分型外，ESR、PRLR 及 RBP4 基因扩增产物分别用 PvuⅡ、AluⅠ 及 MspⅠ 内切酶进行酶切。反应体系为 15  $\mu$ L，其中酶 0.5  $\mu$ L，10 $\times$ buffer 1.5  $\mu$ L，PCR 产物 8  $\mu$ L，加 ddH<sub>2</sub>O 至 15  $\mu$ L。反应条件 37℃，反应时间 4~6 h。酶切产物采用 10% 聚丙烯酰胺凝胶电泳，银染显色分型。

1.2.5 统计分析

基因型分析用 POPGENE1.32 软件，计算基因型和基因频率，并进行哈迪-温伯格平衡适合性检验。采用 SAS 软件 GLM 过程进行基因型与繁殖性状的相关性方差分析，模型如下：

单基因效应方差分析： $Y_{ij}=\mu+\text{Genotype}_i+\text{随机残差效应}$ 。

多因素有交互方差分析： $Y=\mu+\text{FSH}\beta\text{ 效应}+\text{ESR 效应}+\text{PRLR 效应}+\text{RBP4 效应}+\text{FSH}\beta*\text{ESR 交互效应}+\text{FSH}\beta*\text{PRLR 交互效应}+\text{FSH}\beta*\text{RBP4 交互效应}+\text{ESR}* \text{PRLR 交互效应}+\text{ESR}* \text{RBP4 交互效应}+\text{FSH}\beta*\text{ESR}* \text{PRLR 交互效应}+\text{FSH}\beta*\text{ESR}* \text{RBP4 交互效应}+\text{ESR}* \text{PRLR}* \text{RBP4 交互效应}+\text{随机残差效应}$ 。

表 1 猪 ESR、FSH $\beta$ 、PRLR 和 RBP4 基因多态位点引物信息

基因名称	引物序列(5' - 3')	产物(bp)	Tm(℃)
FSH $\beta$	F: ACTGGTCTATTCATCCTCTC	500/220	55
	R: CCTTTAAGACAGTCAATGGC		
ESR	F: CTGTGTTTTACAGTGACTTTTACAGAG	121	57
	R: CACTTCGAGGGTCAGTCCAATTAG		
PRLR	F: CGTGGCTCCGTTTGAAGAACC	163	57
	R: CTGAAAGGAGTGCATAAAGCC		
RBP4	F: GAGCAAGATGGAATGGGTT	565	52
	R: CTCGGTGTCTGTAAAGGTG		

根据多因素有互作方差分析结果,剔除效应不明显的单基因和互作,分析多基因合并基因型效应: $Y=\mu+FSH\beta$  效应+ $ESR$  效应+ $PRLR$  效应+ $FSH\beta*ESR*PRLR$  互作效应+随机残差效应。

## 2 结果与分析

### 2.1 基因型分布

藏猪  $FSH\beta$ 、 $ESR$ 、 $PRLR$  和  $RBP4$  基因的基因型检测见图 1,其基因型分布见表 2。藏猪群体中  $FSH\beta$  基因出现 3 种基因型,其中  $BB$  型频率最高, $AA$  型频率最低; $A$ 、 $B$  等位基因频率分别为 0.3289 和 0.6711。 $ESR$  基因  $Pvu$  位点在藏猪群体中也呈现 3 种基因型,其中  $BB$  型的频率最大, $AA$  型频率最低; $A$ 、 $B$  等位基因频率分别为 0.2303 和 0.7697。 $PRLR$  基因  $Alu$  位点出现 3 种基因型,其中  $AB$  型频率最高, $BB$  型最低; $A$ 、 $B$  等位基因频率分别为 0.5197 和 0.4803。 $RBP4$  基因  $Msp$  位点在藏猪群体中只有  $AA$  和  $AB$  两种基因型,等位基因  $A$  和  $B$  频率分别为 0.8618 和 0.1382。4 个基因的基因型分布均符合哈迪-温伯格平衡( $P>0.05$ )。

### 2.2 单基因效应

对藏猪群体中  $FSH\beta$ 、 $ESR$ 、 $PRLR$  和  $RBP4$  基因的单基因效应进行分析,其不同基因型繁殖性状见表 3。对于  $FSH\beta$  基因, $BB$  型个体繁殖性能各指标均较高,其一胎产仔数、一胎活仔数、一胎窝重、一胎断奶仔猪数、一胎断奶窝重、二胎断奶仔猪数和二胎断奶窝重均与  $AA$  型差异显著( $P<0.05$ );与  $AB$  型相比,也有显著较高的一胎窝重、一胎断奶仔猪数、一胎断奶窝重、二胎活仔数、二胎断奶仔猪数和二胎断奶窝重( $P<0.05$ );藏猪群体中  $ESR$  基因  $BB$  型为

优良基因型,其一胎产仔数、一胎活仔数、一胎窝重、一胎断奶仔猪数、二胎活仔数、二胎断奶仔猪数显著高于  $AA$  型( $P<0.05$ )。对于  $PRLR$  基因, $AA$  型藏猪繁殖性能各指标均较高,与  $BB$  型相比,一胎产仔数、一胎活仔数、一胎窝重、一胎断奶仔猪数、一胎断奶窝重、二胎产仔数差异显著( $P<0.05$ )。藏猪群体中  $RBP4$  基因的  $AA$  型个体与  $AB$  型比较,各繁殖指标差异均未达显著水平( $P>0.05$ )。

### 2.3 多基因聚合效应

用多因素有互作模型方差分析发现,藏猪繁殖性状指标受  $FSH\beta$ 、 $ESR$  和  $PRLR$  基因影响显著,而  $RBP4$  单基因以及基因间的互作效应均未达显著水平( $P>0.05$ )(分析结果未列表)。因此在进行多基因合并基因型效应分析时,只选用了  $FSH\beta$ 、 $ESR$  和  $PRLR$  3 个基因,分析其对藏猪第一胎繁殖指标的影响(表 4)。由表 4 可见,藏猪群体中  $BB-BB-AA$  为 3 个基因的繁殖性状优良合并基因型,与单基因效应分析结果一致,说明基因间互作较小。与  $BB-BB-AA$  基因型个体性状差异不显著的基因型还有  $AB-BB-AA$ 、 $BB-BB-AB$  和  $AB-AB-AA$ 。

## 3 讨论

国内外学者都很重视猪繁殖性状分子遗传的研究, $FSH\beta$ 、 $ESR$ 、 $PRLR$  和  $RBP4$  是目前报道的几个最主要的繁殖性状主效候选基因<sup>[7]</sup>。赵要风等<sup>[8]</sup>发现  $FSH\beta$  基因由于插入了一个长度为 292 bp 的逆转座子造成了该基因位点的多态性, $BB$  型为优良基因型,头胎总产仔数和活仔数比  $AA$  型分别高 2.53 头和 2.12 头。 $ESR$  基因是较早发现与猪产仔数相关的标猪窝产仔数多 1 头,每一  $B$  等位基因决定 0.9 头/胎的总产仔数<sup>[9]</sup>。在中国地方猪(二花脸和香猪)中也记,

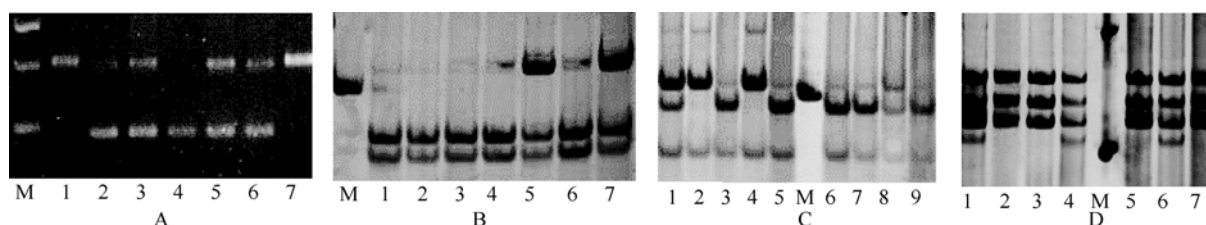


图 1 藏猪  $FSH\beta$ 、 $ESR$ 、 $PRLR$ 、 $RBP4$  基因电泳分型结果

A:  $FSH\beta$  基因琼脂糖凝胶电泳分型,其中 1、7 为  $AA$  型,4 为  $BB$  型,2、3、5、6 为  $AB$  型;B:  $ESR$  基因  $Pvu$  II 酶切电泳分型,其中 1~4、6 为  $BB$  型,5、7 为  $AB$  型;C:  $PRLR$  基因  $Alu$  I 酶切电泳分型,其中 3、5~7、9 为  $AA$  型,2、4 为  $BB$  型,1、8 为  $AB$  型;D:  $RBP4$  基因  $Msp$  I 酶切电泳分型,其中 1、4、6 为  $AB$  型,2、3、5、7 为  $AA$  型。M: DL2000 Marker。

表 2 藏猪 *ESR*、*FSHβ*、*PRLR* 和 *RBP4* 基因的基因型频率分布

基因	样本数	基因型频率			基因频率		$\chi^2$ 值
		<i>AA</i>	<i>AB</i>	<i>BB</i>	<i>A</i>	<i>B</i>	
<i>FSHβ</i>	76	0.1448	0.3684	0.4868	0.3289	0.6711	2.2595
<i>ESR</i>	76	0.0789	0.3026	0.6185	0.2303	0.7697	1.7966
<i>PRLR</i>	76	0.2237	0.5921	0.1842	0.5197	0.4803	2.4472
<i>RBP4</i>	76	0.7237	0.2763	0	0.8618	0.1382	1.8497

注：表中数值为平均值±标准误，同组列内肩标无相同字母表示差异显著( $P<0.05$ )。

表 3 藏猪 *FSHβ*、*ESR*、*PRLR* 和 *RBP4* 基因不同基因型对繁殖性状的影响

基因	基因型 (个体数)	第一胎					第二胎				
		产仔数	活仔数	窝重	断奶仔数	断奶窝重	产仔数	活仔数	窝重	断奶仔数	断奶窝重
<i>FSHβ</i>	<i>AA</i> (11)	5.27±0.26 <sup>b</sup>	4.82±0.27 <sup>b</sup>	3.69±0.20 <sup>b</sup>	4.45±0.28 <sup>b</sup>	22.04±1.34 <sup>b</sup>	6.33±0.58 <sup>a</sup>	6.00±0.58 <sup>a</sup>	4.37±0.95 <sup>a</sup>	5.00±0.43 <sup>b</sup>	24.73±1.83 <sup>b</sup>
	<i>AB</i> (28)	6.07±0.16 <sup>a</sup>	5.50±0.17 <sup>a</sup>	3.92±0.13 <sup>b</sup>	4.86±0.18 <sup>b</sup>	22.88±0.82 <sup>b</sup>	7.11±0.23 <sup>a</sup>	6.26±0.23 <sup>b</sup>	4.88±0.38 <sup>a</sup>	5.74±0.17 <sup>b</sup>	27.83±0.73 <sup>b</sup>
	<i>BB</i> (37)	6.46±0.14 <sup>a</sup>	5.84±0.15 <sup>a</sup>	4.32±0.11 <sup>a</sup>	5.62±0.15 <sup>a</sup>	28.25±0.72 <sup>a</sup>	7.56±0.20 <sup>a</sup>	6.96±0.20 <sup>a</sup>	4.87±0.33 <sup>a</sup>	6.52±0.15 <sup>a</sup>	32.79±0.64 <sup>a</sup>
<i>ESR</i>	<i>AA</i> (6)	5.33±0.37 <sup>b</sup>	4.67±0.37 <sup>b</sup>	3.47±0.28 <sup>b</sup>	4.33±0.40 <sup>b</sup>	22.57±2.09 <sup>a</sup>	6.33±0.60 <sup>a</sup>	5.00±0.56 <sup>b</sup>	3.97±0.90 <sup>a</sup>	4.92±0.48 <sup>b</sup>	26.57±2.40 <sup>a</sup>
	<i>AB</i> (23)	5.91±0.19 <sup>a</sup>	5.26±0.19 <sup>b</sup>	4.00±0.14 <sup>a</sup>	4.96±0.21 <sup>a</sup>	24.83±1.07 <sup>a</sup>	7.38±0.29 <sup>a</sup>	7.00±0.27 <sup>a</sup>	5.69±0.43 <sup>a</sup>	6.08±0.23 <sup>a</sup>	30.30±1.16 <sup>a</sup>
	<i>BB</i> (47)	6.36±0.13 <sup>a</sup>	5.83±0.13 <sup>a</sup>	4.20±0.10 <sup>a</sup>	5.38±0.14 <sup>a</sup>	25.99±0.75 <sup>a</sup>	7.35±0.19 <sup>a</sup>	6.61±0.17 <sup>a</sup>	4.57±0.28 <sup>b</sup>	6.23±0.15 <sup>a</sup>	30.61±0.75 <sup>a</sup>
<i>PRLR</i>	<i>AA</i> (17)	6.59±0.22 <sup>a</sup>	5.88±0.22 <sup>a</sup>	4.35±0.16 <sup>a</sup>	5.59±0.23 <sup>a</sup>	27.56±0.19 <sup>a</sup>	7.73±0.30 <sup>a</sup>	7.00±0.31 <sup>a</sup>	4.89±0.49 <sup>a</sup>	6.45±0.26 <sup>a</sup>	31.26±1.28 <sup>a</sup>
	<i>AB</i> (45)	6.09±0.14 <sup>a</sup>	5.62±0.14 <sup>a</sup>	4.16±0.10 <sup>a</sup>	5.24±0.14 <sup>a</sup>	25.60±0.73 <sup>a</sup>	7.31±0.19 <sup>a</sup>	6.59±0.19 <sup>a</sup>	4.96±0.30 <sup>a</sup>	6.00±0.16 <sup>a</sup>	30.09±0.79 <sup>a</sup>
	<i>BB</i> (14)	5.79±0.25 <sup>b</sup>	5.00±0.25 <sup>b</sup>	3.52±0.17 <sup>b</sup>	4.43±0.26 <sup>b</sup>	21.97±1.31 <sup>b</sup>	6.57±0.38 <sup>b</sup>	6.14±0.39 <sup>a</sup>	4.31±0.62 <sup>a</sup>	6.00±0.33 <sup>a</sup>	29.46±1.60 <sup>a</sup>
<i>RBP4</i>	<i>AA</i> (55)	6.09±0.13 <sup>a</sup>	5.51±0.13 <sup>a</sup>	4.07±0.09 <sup>a</sup>	5.13±0.14 <sup>a</sup>	25.29±0.70 <sup>a</sup>	7.34±0.18 <sup>a</sup>	6.74±0.18 <sup>a</sup>	4.95±0.27 <sup>a</sup>	6.11±0.15 <sup>a</sup>	30.22±0.72 <sup>a</sup>
	<i>AB</i> (21)	6.29±0.21 <sup>a</sup>	5.71±0.21 <sup>a</sup>	4.12±0.15 <sup>a</sup>	5.29±0.22 <sup>a</sup>	25.60±0.13 <sup>a</sup>	7.17±0.30 <sup>a</sup>	6.25±0.30 <sup>a</sup>	4.54±0.47 <sup>a</sup>	6.08±0.25 <sup>a</sup>	30.42±1.22 <sup>a</sup>

注：表中数值为平均值±标准误，同组列内肩标无相同字母表示差异显著( $P<0.05$ )。

表 4 藏猪群体中 *FSHβ-ESR-PRLR* 基因合并基因型对繁殖性状的影响

<i>FSHβ-ESR-PRLR</i> (个体数)	第一胎产仔数	第一胎活仔数	第一胎窝重	第一胎断奶仔数	第一胎断奶窝重
<i>AA-AB-AB</i> (3)	4.33±0.43 <sup>**</sup>	4.33±0.42 <sup>**</sup>	3.53±0.31 <sup>*</sup>	4.33±0.43 <sup>**</sup>	21.63±2.17 <sup>**</sup>
<i>AA-BB-AA</i> (3)	5.67±0.43 <sup>**</sup>	5.33±0.42 <sup>*</sup>	4.20±0.31 <sup>ns</sup>	5.00±0.43 <sup>**</sup>	24.00±2.17 <sup>**</sup>
<i>AA-BB-AB</i> (3)	5.67±0.43 <sup>**</sup>	5.00±0.42 <sup>**</sup>	3.67±0.31 <sup>*</sup>	4.00±0.43 <sup>**</sup>	18.13±2.17 <sup>**</sup>
<i>AB-AA-AB</i> (4)	5.00±0.37 <sup>**</sup>	4.25±0.36 <sup>**</sup>	3.03±0.26 <sup>**</sup>	3.75±0.37 <sup>**</sup>	19.43±1.88 <sup>**</sup>
<i>AB-AB-AA</i> (2)	7.00±0.52 <sup>ns</sup>	6.00±0.52 <sup>ns</sup>	4.70±0.37 <sup>ns</sup>	5.50±0.52 <sup>ns</sup>	25.00±2.66 <sup>*</sup>
<i>AB-AB-AB</i> (3)	6.33±0.43 <sup>ns</sup>	5.67±0.42 <sup>ns</sup>	4.33±0.31 <sup>ns</sup>	5.00±0.43 <sup>**</sup>	22.40±2.17 <sup>**</sup>
<i>AB-AB-BB</i> (2)	4.50±0.52 <sup>**</sup>	4.00±0.52 <sup>**</sup>	2.65±0.37 <sup>**</sup>	3.50±0.52 <sup>**</sup>	17.80±2.66 <sup>**</sup>
<i>AB-BB-AA</i> (3)	7.33±0.43 <sup>ns</sup>	7.00±0.42 <sup>ns</sup>	4.70±0.31 <sup>ns</sup>	<b>6.67±0.43</b>	31.43±2.17 <sup>ns</sup>
<i>AB-BB-AB</i> (8)	6.38±0.26 <sup>ns</sup>	6.13±0.26 <sup>ns</sup>	4.41±0.19 <sup>ns</sup>	5.38±0.26 <sup>*</sup>	24.99±1.33 <sup>**</sup>
<i>AB-BB-BB</i> (6)	5.83±0.30 <sup>**</sup>	5.00±0.30 <sup>**</sup>	3.43±0.22 <sup>*</sup>	4.17±0.30 <sup>**</sup>	19.33±1.53 <sup>**</sup>
<i>BB-AB-AA</i> (4)	6.50±0.37 <sup>ns</sup>	5.50±0.36 <sup>*</sup>	4.15±0.26 <sup>ns</sup>	5.25±0.37 <sup>*</sup>	26.10±1.88 <sup>*</sup>
<i>BB-AB-AB</i> (7)	6.29±0.29 <sup>*</sup>	5.71±0.28 <sup>ns</sup>	4.23±0.20 <sup>ns</sup>	5.43±0.28 <sup>*</sup>	28.14±1.42 <sup>ns</sup>
<i>BB-BB-AA</i> (3)	<b>7.33±0.43</b>	<b>6.67±0.42</b>	<b>4.73±0.31</b>	6.33±0.43 <sup>ns</sup>	<b>32.23±2.17</b>
<i>BB-BB-AB</i> (16)	6.50±0.18 <sup>ns</sup>	6.00±0.18 <sup>ns</sup>	4.41±0.13 <sup>ns</sup>	5.88±0.19 <sup>ns</sup>	28.61±0.94 <sup>ns</sup>
<i>BB-BB-BB</i> (4)	6.25±0.37 <sup>ns</sup>	5.50±0.36 <sup>*</sup>	3.98±0.26 <sup>ns</sup>	5.00±0.37 <sup>**</sup>	26.13±1.88 <sup>*</sup>

注：同列内以均值最大的数据为对照(黑体表示)，<sup>\*</sup>表示与对照差异显著( $P<0.05$ )，<sup>\*\*</sup>差异极显著( $P<0.01$ )，<sup>ns</sup>差异不显著( $P>0.05$ )。

在 50%梅山猪血缘的合成系中, *BB* 型比 *AA* 型的发现 *BB* 型比 *AA* 型猪头胎总产仔数高 3.37 头, 活仔数高 3.58<sup>[10]</sup>。Van Rens 等<sup>[11]</sup>认为猪 *PRLR* 基因 *AA* 型母猪在排卵数、胎儿数、产仔数、卵巢重、子宫性状和胎盘性状等都显著高于 *AB* 和 *BB* 型母猪, *A* 等位基因有利于提高母猪繁殖性能。李婧<sup>[12]</sup>等、阮征等<sup>[13]</sup>和严隆盛等<sup>[14]</sup>也报道在某些中国地方猪(民猪和二花脸)也表现 *AA* 型母猪比 *BB* 型有较高的总产仔数和活仔数。*RBP4* 基因在猪的妊娠关键时期表达, 在胚胎发育过程中起重要作用<sup>[15, 16]</sup>。Rothschild 等<sup>[6]</sup>发现 *RBP4* 基因 *AA* 型与 *BB* 型总产仔数高 0.50 头, 活产仔数高 0.26 头; 孙延晓等<sup>[17]</sup>也报道有类似的结果。但这些候选基因的基因型与繁殖性能相关的研究, 也有不同的报道, 认为基因型间无显著差异或相反的差异<sup>[18~22]</sup>。原因可能是基因的效应受遗传背景的影响, 在某些品种群中影响显著的主效基因或分子标记, 在另外的群体中不一定会表现相同的作用, 需要经过验证后才能用于本群体的分子育种实践。本研究在藏猪群体中发现 *FSH $\beta$* 、*ESR* 和 *PRLR* 基因对猪繁殖性状影响显著, 优良基因型分别为 *BB*、*BB* 和 *AA*, 分别比对应等位基因纯合基因型个体第一胎产仔数高 1.19、1.03 和 0.80 头, 这些标记可用于藏猪品种的分子育种。而 *RBP4* 基因, 可能由于藏猪群体中只有 *AA* 和 *AB* 两中基因型, 基因型间繁殖性状差异不显著。

基因聚合这一设想最早由 Yadav 等<sup>[23]</sup>在研究芥菜抗病和抗逆性状改良时提出, 简单定义是将分散在不同的个体、品种或品系中的理想基因聚合到同一个基因组中。基因聚合是动物分子育种的目的, 也是分子育种的技术手段。考虑到基因间复杂的相互作用, 所以有必要对要聚合的基因进行合并基因型效应分析。多基因聚合效应并不是各基因型效应简单地相加, 以一胎产仔数这个性状为例, *FSH $\beta$*  基因 *BB* 型比 *AA* 型平均多 1.19 头, *ESR* 基因 *BB* 型比 *AA* 型平均多 1.03 头, *PRLR* 基因 *BB* 型比 *AA* 型平均多 0.80 头, 而优良合并基因型 *BB-BB-AA* 比 *AA-AB-AB* 多 3.00 头, 效应高于单个基因型的效应。本研究藏猪样本中具有优良合并基因型 *BB-BB-AA* 的个体仅 3 头, 占 3.95%, 其他较好的合并基因型还有 *AB-BB-AA* 型 3 头(占 3.95%)、*BB-BB-AB* 型 16 头

(21.05%)和 *AB-AB-AA* 型 2 头(占 2.63%), 比例均不高, 说明对于这几个主效基因藏猪繁殖性状还有较大的选择空间。

#### 参考文献(References):

- [1] 熊统安, 朱猛进, 郭宏, 樊斌, 刘榜, 余梅, 赵书红, 强巴央宗, 王志刚, 李奎. 中国藏猪 *ESR* 基因 *Pvu* 位点多态性分析. 华中农业大学学报, 2005, 24(5): 485-488.
- [2] 张浩, 吴常信, 强巴央宗, 赵春江, 李学文. 藏猪 3 个繁殖性状主效基因多态性研究. 遗传, 2007, 29(8): 939-944.
- [3] Zhao YF, Li N. *FSH $\beta$*  subunit gene is associated with major gene controlling litter size in commercial pig breeds. *Sci China Life Sci*, 1998, 41(6): 664-668.
- [4] Shot TH, Rothschild MF, Southwood OI, McLaren DG, de Vries A, van der Steen H, Eckardt GR, Tuggle CK, Helm J, Vaske DA, Mileham AJ, Plastow GS. Effect of the estrogen receptor locus on reproduction and production traits in four commercial lines. *J Anim Sci*, 1997, 75(12): 3138-3142.
- [5] Drogemuller C, Hamann H, Distl O. Candidate gene markers for litter size in different German pig lines. *J Anim Sci*, 2001, 79(10): 2565-2570.
- [6] Rothschild MF, Messer L, Day A, Wales R, Short T, Southwood O, Plastow G. Investigation of the retinol-binding protein 4 (*RBP4*) gene as a candidate gene for increased litter size in pigs. *Mamm Genome*, 2000, 11(1): 75-77.
- [7] 徐珊珊, 于丽丽, 乐凯. 猪 *ADAMTS21* 基因对繁殖性状的遗传效应分析. 安徽农业科学, 2008, 36(24): 10374-10376.
- [8] 赵要风, 李宁, 肖璐, 曹更生, 陈怡真, 张顺, 陈永福, 吴常信, 张建生, 孙士铨, 徐学清. 猪 *FSH $\beta$*  亚基基因结构区逆转座子插入突变及其与猪产仔关系的研究. 中国科学(C 辑), 1999, 29(1): 81-86.
- [9] Rothschild MF, Jacobson C, Vaske DA, Tuggle C, Wang L, Short T, Eckardt G, Sasaki S, Vincent A, McLaren D, Southwood O, van der Steen H, Mileham A, Plastow G. The estrogen receptor locus is associated with a major gene influencing litter size in pigs. *Proc Natl Acad Sci USA*, 1996, 93(1): 201-205.
- [10] 陈克飞, 黄路生, 李宁, 张勤, 罗明, 吴常信. 猪雌激素受体(*ESR*)基因对产仔数性状的影响. 遗传学报, 2000, 27(10): 853-857.
- [11] Van Rens BT, Evans GJ, van der Lende T. Components of litter size in gilts with different prolactin receptor genotypes. *Theriogenology*, 2003, 59(3-4): 915-926.
- [12] 李婧, 杨润清, 孟和, 潘玉春. 民猪产仔数性状四个候

- 选基因效应分析. 上海交通大学学报(农业科学版), 2004, 22(1): 74-77.
- [13] 阮征, 王春芳, 韩艳云, 凌家瑞, 钟思华, 叶成凤. 以催乳素受体基因作为母猪产仔数候选基因的分析. 中国畜牧杂志, 2003, 39(1): 33-34.
- [14] 严隆盛, 孙敬礼, 王永庆, 王遵宝, 黄涛, 李大全, 刘贤侠. FSH 和 PRLR 基因多态性对长白猪繁殖性能的影响. 安徽农业科学, 2009, 37(30): 15082-15083.
- [15] Harney JP, Ott TL, Geisert RD. Retinol-binding protein gene expression in cyclic and pregnant endometrium of pigs, sheep, and cattle. *Biol Reprod*, 1993, 49(5): 1066-1073.
- [16] Blowe CD, Boytte KE, Ashwell MS, Eisen EJ, Robison OW, Cassady JP. Characterization of a line of pigs previously selected for increased litter size for RBP4 and folistatin. *J Anim Breed Genet*, 2006, 123(6): 389-395.
- [17] 孙延晓, 曾勇庆, 唐辉, 樊新忠, 陈其美, 李华, 钱源, 宋一萍. 猪 PRLR 和 RBP4 基因多态性与产仔性能的关系. 遗传, 2009, 31(1): 63-68.
- [18] Drogemuller C, Hamann H, Distl O. Candidate gene markers for litter size in different German pig lines. *J Anim Sci*, 2001, 79(10): 2565-2570.
- [19] 刘卫东, 吴常信, 陶立. 中国地方品种淮猪 *FSH $\beta$*  亚基、*ESR* 和 *HAL* 基因的多态性及其产仔效应分析. 中国畜牧杂志, 2006, 42(15): 4-17.
- [20] 胡雪松, 王希彪. 民猪、长白猪及其杂种母猪催乳素受体(PRLR)基因的 *Nae* 多态性与繁殖性状的相关分析. 畜牧兽医学报, 2006, 37(11): 1135-1140.
- [21] 罗仍卓么, 王立贤, 孙世铎. 北京黑猪 RBP4 基因与繁殖性状的关联分析. 畜牧兽医学报, 2008, 39(5): 536-539.
- [22] 孙丽亚, 王宵燕, 宋成义, 赵芹, 谢飞, 吴晗, 李碧春. 苏姜猪 *ESR* 基因和 *FSH* 基因的多态性与繁殖性能的相关性研究. 安徽农业科学, 2008, 36(13): 5457-5458.
- [23] Yadav RDS, Singh SB, Rai M, Singh SN, Singh BN, Maurya ML. Gene pyramiding and horizontal resistance to diara stress in mustards. *Nat Acad Sci Lett*, 1990, 13(9): 325-327.

## • 综合信息 •

### 北方遗传资源的保护与利用研讨会将在呼和浩特召开

我国幅员辽阔, 由于地理及气候的差异而形成了南北方各具特点遗传资源。遗传资源的保护与合理利用是人类社会可持续发展的必要措施之一。为此, 中国遗传学会拟于 2010 年 8 月在内蒙古呼和浩特市召开主题为“北方遗传资源的保护与利用”研讨会。会议将邀请我国遗传学及其相关研究领域的专家和学者, 就近年来国内外遗传学最新研究进展和我国北方遗传资源保护与利用进行研讨和交流。希望通过本次研讨会, 促进我国遗传资源的保护与利用, 欢迎从事遗传学及其相关学科的学者与研究生踊跃参加。

#### 1. 主办单位

中国遗传学会、黑龙江省遗传学会、吉林省遗传学会、辽宁省遗传学会、内蒙古遗传学会、北京市遗传学会、天津市遗传学会、河南省遗传学会、河北省遗传学会、山西省遗传学会

#### 2. 承办单位

内蒙古自治区科学技术协会、内蒙古大学生命科学学院

#### 3. 征文内容

遗传资源的保护与利用、医学遗传学、动物遗传学、植物遗传学、微生物遗传学、分子遗传学及基因组学等领域的研究进展。论文摘要(500—1000 字)或全文, 格式参考《国际遗传学杂志》稿约([genetics.hrbmu.edu.cn](http://genetics.hrbmu.edu.cn))。

征文截止日期: 2010 年 6 月 31 日。

#### 4. 会议时间、地点

会议时间: 2010 年 8 月中旬(具体日期见第二轮通知)

会议地点: 内蒙古呼和浩特市

#### 5. 报名及论文摘要发送邮箱: [nmgycxh@sohu.com](mailto:nmgycxh@sohu.com)

其它具体适宜详情见第二轮通知。