

猪重要胴体性状的遗传定位

苏玉虹^{1,2}, 马宝钰³, 熊远著¹

(1. 华中农业大学农业部猪遗传育种重点实验室, 武汉 430070; 2. 锦州医学院基础学院, 锦州 121001;
3. 锦州医学院附属第一医院, 锦州 121001)

摘要: 为了寻找影响猪重要胴体性状主基因在染色体的位置, 以大白猪和梅山猪为父母本建立了 F₂ 资源家系。随机选留 81 头 F₂ 代个体, 经屠宰获得猪胴体性状数据。结合家系个体的 48 个微卫星标记基因型, 用线性模型最小二乘法对各胴体性状进行数量性状基因座(QTL)的区间定位。定位结果表明位于猪染色体(SSC)4 号的瘦肉率和瘦肉量 QTL 达到基因组极显著水平; SSC1、2 和 4 上眼肌面积 QTL 达到染色体显著水平; 位于 SSC1 和 4 上的眼肌高度 QTL 与眼肌面积 QTL 在同一染色体区域; 而眼肌宽度 QTL 位于 SSC6; 位于 SSC7 同一标记区间的皮重、皮率、骨重和骨率 QTL 表现出很好的一致性, 均达到染色体显著水平。SSC6 和 7 的体长 QTL 达到染色体显著水平。

关键词: 猪; 胴体性状; 遗传定位; 微卫星标记

中图分类号: Q953 文献标识码: A

文章编号: 0253-9772(2004)02-0163-04

Genetic Location of Body Composition Traits in Pigs

SU Yu-Hong^{1,2}, MA Bao-Yu³, XIONG Yuan-Zhu²

(1. College of Animal Science and Veterinary Medicine, Huazhong Agricultural University, Wuhan 430070, China;
2. Department of Biology and Genetics, Jinzhou Medical College, Jinzhou 121001, China;
3. 1st attached Hospital, Jinzhou Medical College, Jinzhou 121001, China)

Abstract: To detect quantitative trait loci (QTL) for body composition traits in pigs, a resource family with three-generation was developed by using Large White grand sires and Meishan grand dams. A total of 81 F₂ progenies were phenotyped for body composition. All animals were genotyped for microsatellite markers. The main results are as follows: the strongest linkages at genome-wise level of lean meat percentage and total meat content were detected on SSC1 and 4. QTLs for loin eye area were located on SSC1, 2 and 4, QTLs for loin eye height on SSC 1 and 4, and QTLs for loin eye width on SSC 6. The best positions estimated for QTLs of skin percentage and of skin weight were in the same marker interval. Two QTLs significant at genome-wise level or highly significant at chromosome-wise level for carcass length were located on SSC6 and 7.

Key words: swine; body composition; genetic location; microsatellite markers

由于数量遗传学理论对家畜育种实践的指导, 使得家畜的遗传改良工作获得极大的成功。家畜的绝大多数性状属于数量性状, 由多基因决定, 其中不乏存在效应较大的基因^[1]。分子生物学理论和技术

的发展, 导致分子数量遗传学的形成。尤其是对人类和小鼠基因组的深入研究, 带动了家畜基因组的研究和利用。目前已有多种计算机软件可以将分子生物学方法所得结果与数理统计学结合起来, 找到

收稿日期: 2003-03-14; 修回日期: 2003-06-30

基金项目: 973 国家重大基础研究项目(G2000016105)和辽宁省自然科学基金(20021072)[The project supported by the Major State Research Development (G2000016105) and the project of Science Foundation of Liaoning Province (20021072)]

作者简介: 苏玉虹(1965-)女, 博士, 教授, 专业方向: 分子遗传学。Tel: 0416-4673183, E-mail: yuhongsu652@163.net

与数量性状基因座(quantitative trait loci, QTL)连锁的标记 DNA 或基因座本身,为以后的位置克隆奠定基础。

1 材料和方法

1.1 实验动物及表型性状

对大白×梅山资源家系 F_2 群体 81 头进行屠宰,根据熊远著主编的《种猪测定原理及方法》^[2]测定和计算的胴体组成性状为:瘦肉率、瘦肉量、眼肌面积、眼肌高度、眼肌宽度、皮重、皮率、骨重、骨率和胴体体长。

1.2 方 法

表型数据处理、染色体 1、2、3、4、6 和 7 号染色体上 48 个微卫星标记基因型、遗传连锁图谱构建、单一位置和染色体水平数量性状基因座区间作图、

数量性状基因座基因效应、数量性状基因座解释 F_2 表型变异的计算,以及确定基因组显著水平的阈值标准,见文献^[3]。

1.3 区间作图时线性回归模型

$$Y = \mu + \text{sex} + \text{family} + HAL + CWT + C_a a + C_d d + e$$

其中: Y : 性状的表型值。 μ : 性状的群体平均值。 sex , family , HAL : 影响性状的固定效应,即性别、家系和氟烷基基因型。 CWT : 影响性状的协变量: 胴体重。 a, d : 加性和显性效应。 C_a, C_d : 加性和显性效应系数。 e : 残差效应。

2 结 果

2.1 表型性状

F_2 群体胴体组成性状描述性统计结果如表 1。

表 1 猪 F_2 代胴体组成性状统计分析 ($N=81$)

Table 1 Overall of the raw measurements for body composition in F_2 pigs ($N=81$)

性状 Trait	平均值 Mean	标准差 Std Dev	最大值 Max	最小值 Min
胴 体 重 CW	62.77	3.61	69.60	51.80
屠 宰 率 DP	71.35	5.29	84.62	59.57
瘦 肉 量 TMC	31.76	3.32	39.96	20.58
瘦 肉 率 LMP	52.18	4.38	62.83	36.79
眼肌面积 LEA	27.80	4.20	38.82	17.19
眼肌高度 LEH	8.58	0.63	9.99	6.45
眼肌宽度 LEW	4.80	1.07	10.25	3.22
皮 重 SW	5.99	0.91	8.28	4.20
皮 率 SP	9.79	1.49	13.73	4.44
骨 重 BW	7.50	1.24	11.28	4.72
骨 率 BP	12.24	2.10	18.79	4.49
胴 体 长 LC	89.63	3.96	100	81

2.2 胴体组成数量性状基因座定位结果

2.2.1 胴体重和屠宰率

虽然单一位置定位分析显示 6 条染色体上均有胴体重 QTL 存在,但都没有达到染色体显著水平,屠宰率的定位中,4 号和 7 号染色体的 F 值均接近染色体显著性阈值,但不显著。

2.2.2 瘦肉率和瘦肉重

从表 2 中可以看到,1 号和 4 号染色体上均发现染色体极显著水平 ($P<0.01$) 的瘦肉率 QTL,均表现为大白猪增加瘦肉率,解释表型变异 20.01% 和 24.45%。可能由于瘦肉率与瘦肉量高度相关(相关系数为 0.25, $P<0.05$) 的原因,在 1 和 4 号染色体上也同样定位了瘦肉量染色体显著 ($P<0.05$) 和极显著 ($P<0.01$) QTL,在位置和效应上与瘦肉

率 QTL 均相近,解释表型变异 7.87% 和 18.81%。4 号染色体上瘦肉率 QTL 定位结果见图 1。

2.2.3 眼肌面积,眼肌高度和眼肌宽度

在 1、2 和 4 号染色体定位的眼肌面积 QTL,达到了染色体显著 ($P<0.05$) 或极显著水平 ($P<0.01$),分别解释表型变异 9.07%, 15.22% 和 13.04%,均为大白猪增加眼肌面积。1 号和 4 号染色体定位的极显著 ($P<0.01$) 眼肌高度 QTL,与眼肌面积 QTL 具有高度一致性。7 号染色体上眼肌宽度 QTL 与眼肌面积 QTL 位置虽然相近,位于同一标记区间,但 QTL 加性效应方向相反;6 号染色体的眼肌面积与眼肌宽度 QTL 位置相近, QTL 效应一致。上述结果可见表 3,眼肌面积在 1 号染色体的定位情况见图 2。

表 2 瘦肉率和瘦肉量 QTL 定位结果

Table 2 Results of QTL mapping for LMP and TMC

性状 Trait	SSC	F 值	LOD 值	位置(cM)	加性效应(<i>a</i>)	显性效应(<i>d</i>)	印记效应(<i>i</i>)
瘦肉率 LMP	1	7.74**	2.97	178	2.75±0.75	2.74±1.47	
瘦肉率 LMP	3	3.11	1.29	88	0.69±1.19	5.45±2.46	
瘦肉率 LMP	4	11.32**	4.14	175	3.04±0.74	3.99±1.34	
瘦肉率 LMP	6	3.99	1.64	170	-1.55±0.87	4.41±1.90	
瘦肉量 TMC	1	6.70*	2.65	175	1.19±0.59	3.81±1.14	
瘦肉量 TMC	2	3.19	1.97	38	-0.60±0.83	1.74±1.21	-1.81±0.60
瘦肉量 TMC	3	4.05	2.42	70	1.40±0.68	0.48±1.05	1.80±0.63
瘦肉量 TMC	4	13.00**	4.66	175	1.74±0.51	3.96±0.95	
瘦肉量 TMC	6	4.23	1.70	180	-1.60±0.66	2.30±1.49	

* 为染色体显著水平($P < 0.05$), ** 为染色体极显著水平($P < 0.01$)。

* is significant at chromosome-wide level($P < 0.05$); ** is significant at chromosome-wide level($P < 0.01$).

表 3 眼肌面积、眼肌高度及眼肌宽度 QTL 定位结果

Table 3 Results of QTL mapping for LEA, LEH and LEW

性状 Trait	SSC	F 值	LOD 值	位置(cM)	加性效应(<i>a</i>)	显性效应(<i>d</i>)
眼肌面积 LEA	1	7.75**	180	1.66±0.66	4.01±1.23	
眼肌面积 LEA	2	5.82*	120	2.15±0.75	-2.04±1.04	
眼肌面积 LEA	4	8.38**	175	1.99±0.69	0.04±0.01	
眼肌面积 LEA	6	5.20	125	1.24±0.73	2.99±1.08	
眼肌面积 LEA	7	4.00	90	-0.85±0.91	-4.30±1.52	
眼肌宽度 LEW	3	3.39	36	-0.50±0.20	-0.18±0.31	
眼肌宽度 LEW	6	6.09*	105	0.15±0.20	0.13±0.41	0.69±0.27
眼肌宽度 LEW	7	3.09	85	0.09±0.21	-0.50±0.33	-0.55±0.20
眼肌高度 LEH	1	12.96**	177	0.22±0.10	0.92±0.19	
眼肌高度 LEH	2	3.1	75	-0.24±0.11	0.31±0.18	
眼肌高度 LEH	4	10.77**	175	0.23±0.11	0.89±0.20	

* 为染色体显著水平($P < 0.05$), ** 为染色体极显著水平($P < 0.01$)。

* is significant at chromosome-wide level($P = 0.05$); ** is significant at chromosome-wide level($P = 0.01$).

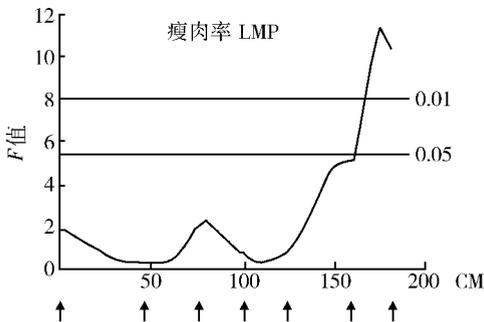


图 1 瘦肉率在 4 号染色体上 QTL 的位置

0.05 和 0.01 标出的横线代表染色体

显著水平 $P=0.05$ 和 $P=0.01$

Fig. 1 Localization of QTL for LMP on SSC4

Lines are provided for chromosome-wide($P=0.05$)

(indicated as 0.05) and($P=0.01$)(indicated as 0.01).

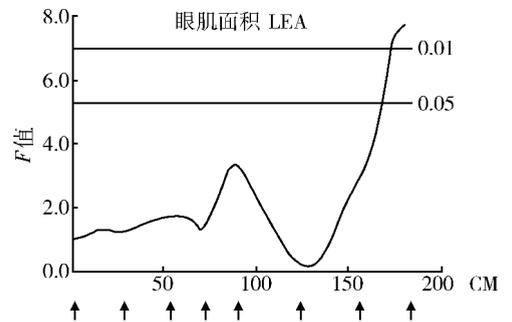


图 2 眼肌面积 QTL 在 1 号染色体上的定位

0.05 和 0.01 标出的横线代表染色体

显著水平 $P=0.05$ 和 $P=0.01$

Fig. 2 Localization of QTL for LEA on SSC1

Lines are provided for chromosome-wide($P=0.05$)

(indicated as 0.05) and($P=0.01$)(indicated as 0.01)

2.2.4 胴体长及骨、皮的定位

7 号染色体上,皮率和皮重 QTL 呈现很好的一致性,QTL 位置处于同一标记间隔,QTL 效应方向一致,达到染色体极显著水平($P < 0.01$)。皮率同时受印记效应的影响。骨率和骨重在 1、4 和 7 号染

色体上均保持一致。大白猪 QTL 降低骨、皮重,而梅山猪 QTL 具有增加的作用。定位于 7 号染色体的体长 QTL 达到染色体极显著水平($P < 0.01$),解释表型变异 5.31%。有关骨、皮及胴体长的 QTL 定位情况见表 4。

表 4 有关骨、皮及胴体长 QTL 定位结果

Table 4 Results of QTL mapping for bone, skin and length in pigs

性状 Trsit	SSC	F 值	LOD 值	位置(cM)	加性效应(a)	显性效应(d)	印记效应(i)
皮 率 SP	7	6.55**	3.81	75	-0.49±0.24	0.91±0.36	0.73±0.24
皮 重 SW	2	5.71*	2.26	150	-0.27±0.15	-0.65±0.23	
皮 重 SW	4	4.88	2.00	175	-0.17±0.16	0.65±0.23	
皮 重 SW	6	3.74	1.53	134	-0.21±0.17	-0.76±0.30	
皮 重 SW	7	9.20**	3.58	85	-0.30±0.17	0.89±0.26	
骨 率 BP	1	3.38	1.41	182	-0.69±0.34	0.75±0.51	
骨 率 BP	4	3.87	1.60	174	-0.59±0.38	1.20±0.57	
骨 率 BP	7	8.32**	3.20	80	-0.97±0.36	1.22±0.52	
骨 重 BW	1	4.35	1.79	182	-0.43±0.20	0.56±0.30	
骨 重 BW	2	3.22	1.34	152	-0.34±0.21	-0.67±0.33	
骨 重 BW	4	4.43	1.82	180	-0.29±0.21	0.69±0.28	
骨 重 BW	6	4.43	1.82	65	-0.59±0.20	0.35±0.30	
骨 重 BW	7	6.23*	2.42	80	-0.48±0.22	0.70±0.32	
胴体长 LC	7	9.95**	3.58	170	1.28±0.79	-5.09±1.39	

* 为染色体显著水平($P<0.05$), ** 为染色体极显著水平($P<0.01$)。

* is significant at chromosome-wide level($P=0.05$); ** is significant at chromosome-wide level($P=0.01$).

3 讨论

胴体性状中,胴体重和屠宰率 QTL 没有达到染色体显著水平,但本研究在 SSC1、2 和 4 上得到染色体水平显著($P<0.05$)或极显著($P<0.01$)的眼肌面积和眼肌高度 QTL。眼肌面积和眼肌高度 QTL 呈极高程度的一致,可能是由于两种性状本身的相关性,本研究中它们的表型相关系数为 0.39($P<0.001$)。Rohrer 和 Keele^[4]将眼肌面积 QTL 定位在 SSC1 q 上,我们在 SSC1 q 同一区域也定位了眼肌面积 QTL。同时,瘦肉率、瘦肉量和眼肌高度 QTL 也定位在此区域。与 SSC1 q 相似,在 SSC4 q 末端,瘦肉率、瘦肉量、眼肌面积和眼肌高度 QTL 也均定位于同一标记区间。所以上述 4 种性状在 SSC1 q 和 SSC4 q 末端的 QTL 可能是同一 QTL,但具有一因多效性。但 Malek 等^[5]对眼肌面积的定位区域与本实验的定位区域不同。

在 SSC6 和 7 定位了胴体长 QTL,达到染色体显著($P<0.05$)或极显著($P<0.01$)水平,其中 SSC7 的一个 QTL 达到基因组显著水平($P<0.05$)。据文献报道,胴体长 QTL 位于 SSC1、4、7、8、11 和 X 上^[4~7]。

参考文献(References):

[1] SU Yu-Hong, XIONG Yuan-Zhu. Gene map in the pig and quantitative trait loci mapping (review). *Chinese Journal of*

Zoology. 2001, 36(1): 55~59.

苏玉虹,熊远著. 猪的基因图谱及数量性状基因座定位. *动物学杂志*, 2001, 36(1): 55~59.

[2] XIONG Yuan-Zhu, DENG Chang-Yan. Principle and Methods for Breeding Swine Testing. Beijing: Chinese Agriculture Press, 1999, 57~118.

熊远著,邓昌彦. 种猪测定原理及方法. 北京: 中国农业出版社, 1999, 57~118.

[3] SU Yu-Hong, XIONG Yuan-Zhu, ZHANG Qin, JIANG Si-Wen, YU Li, LEI Ming-Gang, ZHENG Rong, DENG Chang-Yan. Detection of quantitative trait loci for growth in Large White × Meishan intercross. *Acta Genetica Sinica*, 2002, 29(7): 607~611.

苏玉虹,熊远著,张勤,蒋思文,余雳,雷明刚,郑嵘,邓昌彦. 大白×梅山猪资源家系生长性状 QTL 的检测. *遗传学报*, 2002, 29(7): 607~611.

[4] Rohrer G A, Keele J W. Identification of quantitative trait loci affecting carcass composition in swine: I. fat deposition traits. *J Anim Sci*, 1998, 76: 2247~2254.

[5] Malek M, Dekkers J C M, Lee H K, Baas T J, Rothschild M F. A molecular genome scan analysis to identify chromosomal regions influencing economic traits in the Pig. I. growth and body composition. *Mamm Genome*, 2001, 12: 630~636.

[6] Marklund L, Nystrom P-E, Stern S, Andersson-Eklund L, Andersson L. Confirmed quantitative trait loci for fatness and growth on pig chromosome 4. *Heredity*, 1999, 82: 134~141.

[7] Andersson-Eklund L, Marklund L, Lundstrom K, Haley C S, Andersson K, Hansson I, Moller M, Andersson L. Mapping quantitative trait loci for carcass and meat quality traits in a wild boar × large white intercross. *J Anim Sci*, 1998, 76: 694~700.