

DOI: 10.1360/yc-007-0313

MyoD 基因对肉牛胴体性状影响的分析

田璐^{1,2,3}, 许尚忠¹, 岳文斌², 李俊雅¹, 高雪¹, 任红艳¹

1. 中国农科院北京畜牧研究所, 北京 100094;
2. 山西农业大学动物科技学院, 太谷 030801;
3. 北京农业职业学院, 北京 102442

摘要: 用PCR技术克隆到MyoD基因的第二内含子, 采用PCR-SSCP方法研究了3个黄牛品种(鲁西牛、晋南牛、秦川牛)及4个杂交肉牛(夏洛莱×鲁西牛、安格斯×鲁西牛、利木赞×鲁西牛、西门塔尔×鲁西牛)群体MyoD基因的多态性, 并分析了基因位点多态性与肉牛肉质性状的相关性。实验结果, 在国内首次扩增出肉牛MyoD基因的第二内含子的全部序列, 共261 bp。用SSCP方法检测到MyoD基因内含子2有A和B两个等位基因。测序结果表明该座位的多态性是由于内含子二39 bp处C-T的突变和112 bp处C→G的突变造成的。等位基因B在中国地方品种的分布频率高于引进品种的杂交牛群体。 χ^2 检验的结果表明, 在该位点的除夏洛莱和安格斯杂交牛外, 其余五个群体(晋南、鲁西、秦川、西门塔尔杂交牛和利木赞杂交牛)均处于Hardy-Weinberg不平衡状态($P>0.05$)。实验群体不同基因型与肉牛的宰前活重、胴体重、净肉重、高档肉重、眼肌面积等性状的影响差异极显著或显著($P<0.01$ 或 $P<0.05$), 并且AA型个体均高于AB型个体。

关键词: 牛; MyoD 基因; 多态性; 基因效应

Relationship between genotypes at MyoD locus and carcass traits in cattle

TIAN Lu^{1,2,3}, XU Shang-Zhong¹, YUE Wen-Bin³, LI Jun-Ya¹, GAO Xue¹, REN Hong-Yan¹

1. Institute of Animal Science, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Beijing 100094, China;
2. College of Animal Science and Veterinary Medicine, Shanxi Agricultural University, Taigu 030801, China;
3. Beijing Vocational College of Agriculture, Beijing 102442, China

Abstract: A 261 bp sequence of the bovine MyoD gene intron 2 was cloned and was found to bear no similarities to the human MyoD gene sequence. Polymorphisms of the MyoD gene in cattle including three Chinese breeds (Luxi cattle, Jinnan cattle and Qinchuan cattle) and four cross-breeding populations (Limousin × Luxi cattle, Simmental × Luxi cattle, Charolais × Luxi cattle and Angus × Luxi cattle) were detected by PCR-SSCP. Two SSCP alleles (A and B) were detected, which caused by a C→T at 39 bp and a C→G transition at 112 bp. Only two genotypes AA and AB occurred in the population. In Chinese local cattle, B allele was dominant, and this locus was at Hardy-Weinberg equilibrium except for the Charolais × Luxi cattle and Angus × Luxi cattle. The association of these polymorphisms with cattle carcass traits was analyzed using the general linear model (GLM). Statistical analysis revealed a higher value of living weight, carcass weight and loin eye area for individuals with genotype AA than AB ($P < 0.05$). Further studies on a bigger population size are needed to confirm the observed effect of MyoD genotypes on carcass quality traits.

收稿日期: 2006-05-15; 修回日期: 2006-08-28

基金项目: 国家高技术研究发展计划(863 计划)项目(编号: 2002AA242011)和北京市自然科学基金项目(编号: 5043028)资助[Supported by National High Research and Development Program of China (No. 2002AA242011) and Natural Science Foundation of Beijing (No. 5043028)]

作者简介: 田璐(1977—), 女, 山西临汾人, 助教, 硕士, 研究方向: 动物分子育种。Tel: 010-80358899-694; E-mail: bvcajessica2005@163.com

通讯作者: 许尚忠(1950—), 男, 河北张家口人, 研究员, 博士生导师, 研究方向: 分子数量遗传学与家畜育种。Tel: 010-62890940, 010-62896065; E-mail: simmenta@vip.sina.com

Keywords: cattle; *MyoD* gene; polymorphism; genetic effect

高生长速度和高产肉率一直是肉牛育肥中一个重要的目标。肌肉发生是指在胚胎发育过程中, 体节细胞经过一系列的增值、迁移、分化, 最终形成肌肉组织的过程, 还包括成体表型的维持与组织再生。动物的产肉潜力及肌肉品质与肌纤维的数量和生长密切相关。肌肉生成过程中参与分子调节控制作用的一个重要的基因家族是生肌决定因子(myogenic determination gene, *MyoD*)家族, 并且启动和维持骨骼肌细胞分化发育和生长。脊椎动物的肌肉组织中的肌纤维在胚胎期已经形成了, 出生后其肌纤维数量不再改变, 肌肉的生长主要依赖肌卫星细胞的增殖分化而导致肌纤维长度增加的周径增大; 而不是依赖细胞的增生。生肌决定因子(*MyoD*)包括 4 个基因, *MyoD1* (*MyoD*或*myf3*)、*Myogenin* (*MyoG*或*Myf4*)、*Myf5*、*Myf-6* (*herculin*或*MRF4*)^[1-3]。

*MyoD*家族对生肌发生起重要调节作用, 可激活静止状态的肌肉特有基因与肌肉特有的增强子结合共同促进转录, 可促使某些细胞向骨骼肌细胞分化。这些细胞包括: 成纤维细胞、原代培养的成软骨细胞, 平滑肌细胞等。应用基因敲除实验表明, 缺乏*MyoD*和*Myf5* 的小鼠没有肌肉形成, 没有肌肉标志出现, 也没有myogenin促进的转录过程。如仅有*Myf5* 而没有*MyoD*基因的小鼠, 仅表达半量的*Myf5*和myogenin RNA。如敲除myogenin基因, 在胚胎鼠正常数目的肌细胞发生部位可产生几乎正常数目的成肌细胞, 但不能向肌细胞分化。意味着myogenin位于*MyoD*或*Myf5* 的下游, 在成肌细胞向肌小管分化的过程中具有独特的功能。*MRF4* 亦位于其他生肌bHLH因子的下游, 在肌纤维的形成和肌肉表型的维持中起作用^[4]。综上所述, *MyoD*与*Myf5* 更具有同源性, 在成肌过程中具有更重要作用; 而myogenin与*myf-6* 更具同源性, 控制肌肉分化^[5]。

*MyoD*家族在肌肉细胞系的分化特化过程中具有重要作用, 它们只表达在骨骼肌细胞和它们的前体细胞中, 非肌肉细胞系中*MyoD*家族成员的表达会被其它特异性的基因抑制; 同时*MyoD*基因可以激活自身的表达, 这对于保持成肌作用具有重要意义。*MyoD*通过调控肌动蛋白基因发挥作用。哺乳动物横纹肌肌动蛋白基因的启动子包含几个转录子结合位点, 其中E-box是生肌决定因子*MyoD*, *Myogenin*结合位点。*MyoD1* 和*Myogenin*有一个*myc*同源

区域, 是调节肌细胞生成的基因家族成员, 共同作用于肌细胞的分化和生长。肌细胞生成素(*Myogenin*, *MyoG*)在肌细胞的形成过程中起着中心调控作用, 其表达具有调控成肌细胞融合的起始, 促使成肌细胞增殖的作用, 使单核成肌细胞转变成为多核肌纤维的作用。*MyoD*还受蛋白激酶(PKC)和调钙蛋白调节^[6]。

1 实验材料

1.1 实验动物

实验牛群体的来源、品种及样本数量见表 1。

表 1 实验牛群体的来源、品种及样本数量
Table 1 The sources, names and sample numbers of experimental animals

来源 Sources	品种(群体) Breed (or population)	样本数量(头) Numbers(totle)
河北大厂县	鲁西牛 Luxi	30
华安肉类有限公司	晋南牛 Jinnan	26
Hu'an Meat Limited	秦川牛 Qinchuan	28
Company Dachang county	利木赞×鲁西牛 Limosin×Luxi	26
Hebei province	西门塔尔×鲁西牛 Simmental×Luxi	30
	夏洛莱×鲁西牛 Charolais×Luxi	30
	安格斯×鲁西牛 Angus×Luxi	18

1.2 实验牛数据的采集

实验中所使用牛的宰前活重、胴体重、净肉重、高档肉重、屠宰率、净肉率、大理石花纹、肌内脂肪、眼肌面积、背膘、嫩度、体高、体长、日增重、膘度、大腿肉厚、腰部肉厚、胴体长等胴体性状的数据来源: 由中国农业科学院畜牧研究所牛遗传育种课题组成员在实验基地河北大厂县华安肉类有限公司现场采集。

1.3 *MyoD* 基因 PCR 反应引物设计的思路:

(1) 将牛 *MyoD* 基因的 RNA 序列与人 *MyoD* 基因的 DNA 序列进行比对, 估计牛 *MyoD* 基因的每个外显子的位置及大小, 然后应用 Primer5.0 设计包括第二内含子的引物。引物由北京赛百盛生物工程有限公司合成, 反应体系见表 2。

(2) PCR 反应程序为: 引物 *MyoD*-P1 PCR 反应程序; 95 预变性 5 min, 94 变性 30 s, 66 复性 30 s,

表 2 *MyoD*-P1 PCR 反应体系
Table 2 PCR reaction system of *MyoD*-P1

成分 Component	用量(μL) Volume	终浓度 Working concentration
10×buffer(含 20 mmol/L Mg ²⁺)	1.8	0.75×
dNTPs (2 mmol/L)	3.2	0.25 mmol/L
Primer mix (5 μmol/L)	2.5	0.5 μmol/L
TaKaRa <i>Taq</i> TM (5 U/μL)	0.5	0.1 U/μL
ddH ₂ O	16.0	—
DNA Template	1.0	—
合计 Total	25.0	—

72 延伸 30 s, 34 个循环后, 72 延伸 10 min, 4 保存。

1.4 统计分析

利用 SPSS 软件检验各基因座位的基因型频率和基因频率在各品种间的差异性, 以单标记回归模型分析个基因座位和相关性状间的关联性, 数学模型如下:

$y_{ij\ kmn} = \mu + Breedi + Markerj + Agek + Feedm + e_{ij\ kmn}$
 $y_{ij\ kmn}$: 个体表型记录; μ : 总体均数; $Breedi$: 品种效应;
 $Markerj$: 标记基因型效应; $Agek$: 年龄效应; $Feedm$: 饲料效应; $e_{ij\ kmn}$: 随机误差。

TACGACCGCACTTACTACAGCGAGGCGCCCAACGGTGCATTCGCGCCTCCTTCCC
 ACATGCCCTTTTGAGTTTCCCTGGCTTCTCTTTATCTAGGACCTCCTTGCCCCATCCTG
 GAAGATGGTACCGGGAATGAAATACTAAGCATGTAGTTCCCTCCTTTTTCATCCTGAAA
 TTTCGTGGGATCCTCACGAATCTGGCTGGCCCTCAGTTCCCCGTCTGCCCAAAGCAC
 TGAACCTCGGAGGTGGGAGACTTGTGCACCCCTGCATACTAACCTACCCCTCCCCGCGC
 AGAACCCCGCCCCGGAAGAGCGCTGCGGTGTCGAGCCTCGACTGCCTGTCCAGCAT
CGTGGAGCGCATCGT

mRNA: 676 tacgaccgcacttactacagegagggcgcccaacg 709
 |||
 exon2: 1 **tacgaccgcacttactacag**cgagggcgcccaacg 34
 mRNA: 709 gaaccccgccccggaagagcgctgcggtgtcgagcctcgactgcctgtccagcatcgt
 |||
 exon3: 295 gaaccccgccccggaagagcgctgcggtgtcgagcctcgactgcctgtccag**catcgt**
 ggagcgcac 777
 |||
ggagcgcac 363

图 1 引物 *MyoD*-P1 PCR 产物测序结果与牛 *MyoD* 基因 mRNA 序列比对结果
引物序列用阴影部分标出。

Fig. 1 Sequence of the cloned fragment (A) and its identification as *MyoD* intron 2 by alignment with bovine *MyoD* mRNA (B)
Primers used to amplify the fragment are italicized.

2 结果与分析

2.1 *MyoD* 基因的遗传多态性分析

2.1.1 *MyoD* 基因第二内含子 PCR 扩增结果

以基因组 DNA 为模板, 依照引物 *MyoD*-P1 对 *MyoD* 基因的 intron2 进行 PCR 扩增(图 1), 根据牛 *MyoD* 基因 mRNA 序列与人 *MyoD* 基因的 DNA 序列进行比对结果, 片段大小约是 370 bp 左右, 测序结果表明, 该片段为 365 bp。

通过分析可以推断牛 *MyoD* 基因的第二内含子长度为 261 bp, 人 *MyoD* 基因第二内含子为 275 bp, 牛和人的 *MyoD* 基因的第二内含子的长度相差 14 个碱基, 但比对结果表明, 牛 *MyoD* 基因的第二内含子和人 *MyoD* 基因的第二内含子的碱基序列没有相似性。

2.1.2 *MyoD* 基因第二内含子 PCR-SSCP 结果

在酶切没有多态的情况下, 本实验又利用 PCR-SSCP 方法对 *MyoD* 基因第二外显子进行多态检测。用 29:1(30%)聚丙烯酰胺配成浓度为 12%凝胶, 180 V/cm 电压过夜。电泳结果见图 2。由图中可以看出, 该位点由一对等位基因控制(A, B)但所检测的个体中只发现两种基因型 AA 和 AB。

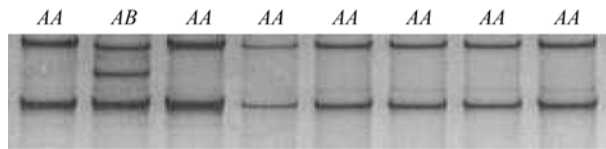


图 2 牛 *MyoD* 基因第二内含子 SSCP 检测图
Fig. 2 SSCP detection of *MyoD* gene intron 2

对 *MyoD* 基因的第二内含子的两种 SSCP 多态性基因型不同带型的两种个体进行正反向测序, 并用 DNAMAN 进行比对, 结果见图 3 发现(阴影表示)在第二内含子的 39 bp 处 C→T 的突变, 112 bp 处 C→G 的突变(对 AB 型个体正反测序, 一侧结果与 AA 型结果一致, 另一侧是有突变的, 选用有突变的一侧测序结果做比对见图 3)。

2.2 *MyoD* 基因第二内含子 PCR-SSCP 多态性基因型和等位基因频率分布

实验牛群体 *MyoD* 基因第二内含子 PCR-SSCP 多态性基因型和等位基因频率分布见表 3, 研究表明在大厂 3 个地方品种和 4 个杂交牛群体中, 该座位只有 AA 和 AB 两种基因型, 而没有纯合子 BB 型个体出现。两种基因型在各个群体中分布频率都是 AA 型高于 AB 型。并且在夏洛莱和安格斯杂交牛群

体中只有 AA 型个体, 没有 AB 型个体出现, 在利木赞杂交牛和西门塔尔杂交牛群体中虽然有 AB 型个体出现, 但频率很低(分别为 0.05 和 0.08)。等位基因 A 的频率明显高于等位基因 B 的频率。等位基因 B 的在秦川牛分布最高为 0.13, 其次为鲁西和晋南牛, 分别为 0.10 和 0.08, 在夏洛莱杂交牛和安格斯杂交牛群体中没有分布。对该座位进行 χ^2 检验的结果显示, 3 个地方品种(鲁西牛、晋南牛、秦川牛)、西门塔尔杂交牛和利木赞杂交牛在该座位均处于 Hardy-Weinberg 平衡状态($P > 0.05$)。

2.3 两个群体 *MyoD* 基因第二内含子 PCR-SSCP 多态性基因型和等位基因频率分布

为了扩大所研究的单位群体的数量, 以本地黄牛和国外品种与鲁西黄牛杂交牛分组, Group 1 为国外品种与鲁西牛杂交牛的群体; Group 2 为 3 个本地黄牛组群体(表 4)。

Group 1 和 Group 2 两个群体中均存在 AA、AB 两种基因型, 并且 AA 基因型占主要, 等位基因 A 的频率分别为 0.98 和 0.90, 对该座位进行 χ^2 检验结果显示 Group 1 和 Group 2 在该座位均处于 Hardy-Weinberg 平衡状态($P > 0.05$)。

```

MyoD-AA  tgcccttttgagcttccctggcttctctttatctaggacctccttgccccatcctgga 86
MyoD-AB  tgcccttttgagcttccctggcttctctttatctaggacctccttgccccatcctgga 86

MyoD-AA  gatggtaccgggaatgaaataactaacatgtagttccctcctttttcatcctgaaatttc 146
MyoD-AB  gatggtaccgggaatgaaataactaagcatgtagttccctcctttttcatcctgaaatttc 146
    
```

图 3 *MyoD* 基因两种基因型 AA、AB 测序结果的比对
Fig. 3 Alignment of sequences of genotypes AA and AB of *MyoD* gene

表 3 牛 *MyoD* 基因第二内含子 SSCP 等位基因频率和基因型分布
Table 3 Genotype and allele distribution of SSCP alleles of *MyoD* gene intron 2 in cattle

指标 Indices		鲁西 LX	晋南 JN	秦川 QC	西门塔尔×鲁西 Simmental×LX	利木赞×鲁西 Limousin×LX	夏洛莱×鲁西 Charolais×LX	安格斯×鲁西 Angus×LX
等位基因	A	0.90	0.92	0.87	0.96	0.97	1.00	1.00
Allele	B	0.10	0.08	0.13	0.04	0.03		
基因型频率	AA	0.81	0.85	0.74	0.92	0.95	1.00	1.00
Genotypic frequency	AB	0.19	0.15	0.26	0.08	0.05		
χ^2 检验 χ^2 -test		0.23	0.086	0.42	0.02	0.00		
多态性 PIC		0.16	0.14	0.20	0	0	0	0
杂合度 H_e		0.18	0.15	0.23	0	0	0	0

表4 *MyoD*基因第二内含子PCR-SSCP多态性基因型和等位基因频率分布Table 4 Genotype and allele distribution of SSCP alleles of *MyoD* gene intron 2 in cattle

组别 Group	基因频率 Allele		基因型频率 Genotypic frequency		χ^2 检验 χ^2 -test
	A	B	AA	AB	
Group 1	0.98	0.02	0.97	0.03	0.017
Group 2	0.90	0.10	0.8	0.2	0.81

2.4 *MyoD* 基因第二内含子 SSCP 多态性与肉牛部分经济性状相关性分析

MyoD 基因第二内含子不同基因型与实验肉牛部分屠宰性状的影响见表 5。由于该座位在所检测的群体中无 *BB* 型个体, 本实验只分析了 *AA* 型和 *AB* 型与肉牛屠宰性状的相关性。根据固定模型, 进行 *GLM* 进行方差分析的结果表明, *MyoD* 基因第二内含子 SSCP 多态位点对肉牛的宰前活重、胴体重、净肉重、高档肉重、眼肌面积、体高、大腿肉厚、腰部肉厚和胴体长的影响差异极显著或显著 ($P < 0.01$ 或 $P < 0.05$)。经 Duncan's 检验表明在该基因座位上 *AA* 型个体的宰前体重、胴体重、净肉重、高档肉重、屠宰率、眼肌面积、体高、体长、膘度、大腿肉厚、腰部肉厚和胴体长均显著高于 *AB* 型个体。基因型和其他屠宰性状没有显著的相关性。

3 讨论

3.1 候选基因多态性的讨论

Knoll^[7]报道, 猪的 *MyoD* 的内含子1有 1 个 *DdeI* PCR-RFLP位点, 并未见关于第二内含子的报道, 所以本实验就选 *MyoD* 第二内含子作为研究目标。本实验首先用 PCR-RFLP 方法, 对该基因座位进行 *BamH* 和 *EcoR* 酶切, 但均未发现酶切多态性。又选用 SSCP 方法, 检测到在本实验研究的七个群体内该基因座位有多态性。说明利用 SSCP 方法检测碱基突变的效率比利用 PCR-RFLP 方法更高。本实验在该基因座位只发现 *AA* 和 *AB* 两种基因型, 等位基因 *B* 在中国 3 个地方品种中的频率较高, 也只是在 8%~13% 之间, 在西门塔尔和利木赞杂交牛群体中分别为 4% 和 3%, 在夏洛莱和安格斯杂交牛群体

表5 *MyoD* 基因第二内含子 SSCP 多态性和肉牛屠宰性状的相关性分析Table 5 Effect of SSCP in *MyoD* intron 2 on carcass traits in cattle

性状 Trait	基因型 Genotype		平均值 Mean±SD	P值 P value
	AA	AB		
宰前活重 Slaught live weight (kg)	572.08±85.08 ^A	493.24±39.95 ^B	563.44±84.54	0.001
胴体重 Carcass weight (kg)	325.94±54.67 ^A	271.78±26.18 ^B	319.99±54.70	0.000
净肉重 Meat weight (kg)	253.34±39.72 ^A	219.78±36.56 ^B	249.71±40.42	0.005
高档肉重 Top grademeat weight (kg)	31.75±4.53 ^A	27.67±3.24 ^B	31.3±4.55	0.002
屠宰率 Yield of carcass (%)	56.9±3.64 ^a	55.07±1.92 ^b	56.72±3.52	0.114
净肉率 Meat percentage (%)	44.28±2.31 ^a	44.47±5.70 ^a	44.31±2.81	0.903
大理石花纹 Marbling (grade)	2.12±1.15 ^a	1.71±1.05 ^a	2.07±1.13	0.289
肌内脂肪 Intramuscular fat	5.11±3.22 ^a	6.14±3.18 ^a	5.24±3.20	0.387
眼肌面积 Eye muscle area	77.91±14.14 ^a	67.94±10.26 ^b	76.85±14.00	0.020
背膘 Back fat (cm)	0.51±0.50 ^a	1.15±0.36 ^a	1.13±0.48	0.712
嫩度 Tenderness	4.88±1.50 ^a	4.63±0.34 ^a	4.83±1.47	0.515
体高 Withers height (cm)	134.49±5.0 ^a	130.76±4.28 ^b	134.06±5.16	0.014
体长 Body length (cm)	155.47±7.96 ^a	151.06±6.04 ^a	154.99±7.89	0.089
日增重 Daily increaser weight (kg)	0.57±0.32 ^a	0.45±0.19 ^a	0.56±0.31	0.288
膘度 Body condition	4.90±0.48 ^a	4.52±1.15 ^a	4.87±0.60	0.118
大腿肉厚 Thickness of thigh (cm)	14.42±1.66 ^A	12.59±1.46 ^B	14.20±1.74	0.000
腰部肉厚 Tenderloin thickness (cm)	7.92±1.06 ^A	7.11±0.86 ^B	7.83±1.07	0.007
胴体长 Carcass length (cm)	138.61±6.56 ^a	133.94±3.77 ^b	138.10±6.47	0.017

注: 同行中不同的大写字母表示极显著 ($P < 0.01$), 不同的小写字母表示显著 ($P < 0.05$)。

Notes: Data marked with a different superscript within the same line differ significantly, (capital letters, $P < 0.01$, small letters $P < 0.05$).

中未发现等位基因 *B* 的分布。为了扩大研究的单位群体的数量,使研究更加准确,所以按照国外杂交牛品种和中国地方黄牛品种分为两组,分别为 group1 和 group2,研究发现等位基因 *B* 在 group1 和 group2 的分布频率分别为 2%和 10%。两个群体在该位点处于 Hardy-Weinberg 平衡状态($P>0.05$)。导致等位基因 *B* 的这种分布频率的原因可能有两种,一种原因是该突变是一个新的突变,而且仅在中国的一些地方品种中有分布;另一种原因则完全相反,该突变发生在很久以前,但由于是一个不利的突变,并且 *BB* 型个体可能无法存活,因此在长期的自然选择和人工选择中逐渐被淘汰。但真正的原应还有待对国内外更多的品种进行检测分析。

3.2 候选基因多态性与肉牛生产性状影响的相关性讨论

本实验选择 *MyoD* 作为候选基因研究,并发现多态位点,在所分析的结果中,*MyoD* 基因第二内含子与肉牛的宰前活重、胴体重、净肉重、高档肉重、眼肌面积、体高、大腿肉厚、腰部肉厚和胴体长的影响差异极显著或显著,这些性状均与肌肉生长发育有关。并且研究表明在这些性状中 *AA* 型个体平均值显著高于 *AB* 型个体平均值。而大理石花纹、肌内脂肪含量、嫩度和背膘厚度这些性状均是 *AA* 型个体低于 *AB* 型个体,但未达到显著差异($P<0.01$ 或 $P<0.05$)。说明 *AA* 型个体肌肉的生长较 *AB* 型个体强,脂肪含量相对小。由于本实验群体中 *AB* 型个体数较少,这种分析结果还有待于用更大的群体来验证。目前,在肉牛的研究中未见到相关的报道,可以考虑作为肉质性状的候选基因,具体准确的结果还有待进一步扩大群体研究。

参考文献(References):

- [1] Weintraub H. The *MyoD* family and myogenesis: redundancy, networks and thresholds. *Cell*, 1993, 75: 1241—1244. [\[DOI\]](#)
- [2] JIANG Yun-Liang, LI Ning, WU Chang-Xin. Studies on the molecular biology of myogenesis(review). *Journal of Agriculture Biotechnology*, 1999, 7(2): 201—204.
姜运良, 李宁, 吴常信. 肌肉生成的分子生物学研究进展. *农业生物技术学报*, 1999, 7(2): 201—204.
- [3] LIN Wan-Hua, HUANG Lu-Sheng, AI Hua-Shui, ZHOU Li-Hua, GUO Yuan-Mei. Influences of *MyoG* genotypes on early growth traits and muscular histological characteristics of Chinese Erhualian pig. *Journal of Agricultural Biotechnology*, 2002, 10(4): 367—372.
林万华, 黄路生, 艾华水, 周利华, 郭源梅. *MyoG* 基因型对二花脸猪早期生长性状及肌肉组织学特性的影响. *农业生物技术学报*, 2002, 10(4): 367—372.
- [4] Miner JH, Wold B. Herculin, a fourth member of the *MyoD*, family of myogenic regulatory genes. *Proc Natl Acad Sci USA*, 1990, 87(3): 1089—1093. [\[DOI\]](#)
- [5] TIAN Lu, LI Jun-Ya, XU Shang-Zhong, YUE Wen-Bin. Research progress of animal myostatin gene. *Journal of Cattle Science*, 2005, 31(1): 43—46. [\[DOI\]](#)
田璐, 李俊雅, 许尚忠, 岳文斌. 动物生肌决定因子的研究进展. *黄牛杂志*, 2005, 31(1): 43—46.
- [6] Cases S, Smith SJ, Zheng YW. Identification of a gene encoding an acyl CoA: diacylglycerol acyltransferase, a key enzyme in triacylglycerol synthesis. *Proc Natl Acad Sci USA*, 1998, 95(22): 13018—13023. [\[DOI\]](#)
- [7] Knoll A, Nebola M, Dvorak J. Detection of a *Dde* PCR RFLP within intron 1 of the porcine *MyoD1* (*MYF3*) locus. *Animal Genetics*, 1997, 28(4): 321.