

# 湖北白猪及其杂交后代 H-FABP 基因型与相关性状关系研究

彭先文<sup>1,2</sup>, 梅书棋<sup>1,2</sup>, 孙 华<sup>1</sup>, 李良华<sup>1</sup>, 宋忠旭<sup>1</sup>, 程 妮<sup>1</sup>, 华 升<sup>1</sup>, 郭万正<sup>1</sup>

(<sup>1</sup>湖北省农业科学院畜牧兽医研究所, 武汉 430209; <sup>2</sup>湖北省动物胚胎工程与分子育种重点实验室, 武汉 430070)

**摘要:** 【目的】对湖北白猪及其杂交后代H-FABP基因多态性以及与其生产性状的相关进行分析, 为在湖北白猪优质系培育过程中进行分子标记辅助育种提供理论基础。【方法】采用PCR-RFLP (*Hinf* I、*Hae*III、*Msp* I) 方法分析湖北白猪及其杂交后代共计 282 头猪的H-FABP基因 5'-上游区域和第二内含子遗传多态性, 利用最小二乘模型分析杂交后代H-FABP基因型对相关生产性能的影响。【结果】湖北白猪在*Hinf* I-RFLP位点表现为单态, 在*Hae*III-RFLP和*Msp* I-RFLP位点上呈现多态, 杂交一代、杂交二代在三个酶切位点均呈现出多态; 湖北白猪在*Hinf* I-RFLP、*Hae*III-RFLP位点均表现为低度多态, 在*Msp* I-RFLP位点表现为中度多态, 其杂交一代、杂交二代均表现为中度多态; 不同基因型对IMF (Intramuscular fat, 肌内脂肪) 含量的影响, HH > Hh > hh, dd > Dd > DD, aa > Aa > AA, dd 基因型IMF含量显著高于DD、Dd基因型 ( $P < 0.05$ ), aa、Aa基因型IMF含量极显著高于AA型 ( $P < 0.01$ )。HH基因型20日龄重显著高于hh基因型 ( $P < 0.05$ )。其它生产性能在不同基因型间差异不显著 ( $P > 0.05$ )。【结论】在选育群体中可以通过选择H-FABP的优势基因型 (aa- dd- HH) 提高IMF含量而不影响其它生产性状。

**关键词:** H-FABP 基因型; 湖北白猪; 杂交后代; 相关性状

## Relationship of H-FABP Genotypes with the Related Productive Traits in Hubei White Pig and Its Crossbred

PENG Xian-wen<sup>1,2</sup>, MEI Shu-qi<sup>1,2</sup>, SUN Hua<sup>1</sup>, LI Liang-hua<sup>1</sup>, SONG Zhong-xu<sup>1</sup>,  
CHENG Ni<sup>1</sup>, HUA Sheng<sup>1</sup>, GUO Wan-zheng<sup>1</sup>

(<sup>1</sup>Institute of Animal Science and Veterinary Medicinary, Hubei Academy of Agricultural Sciences, Wuhan 430209; <sup>2</sup>Key Laboratory of Animal Embryo Engineering and Molecular Breeding of Hubei Province, Wuhan 430070)

**Abstract:** 【Objective】The heart fatty acid-binding protein (H-FABP) genotype and its effect on related productive traits were studied in Hubei white pig and its crossbred. These studies were performed in order to provide a theoretical foundation for molecular marker assistant breeding in the breeding proceeding of Hubei White High Grade Line. 【Method】The genetic variation of 5'-Up stream Region and the Second Intron of H-FABP gene in 282 pigs including Hubei white pig and its crossbred were detected by PCR-RFLP with *Hinf* I, *Hae*III and *Msp* I. Meanwhile, effects of different PCR-RFLP genotypes of H-FABP gene of crossbred on related productive traits were analyzed by least square analysis. 【Result】Hubei white pig had no polymorphism at *Hinf* I-RFLP site which had only HH Genotype, but it had polymorphisms at *Hae*III-RFLP and *Msp* I-RFLP site. Crossbred F<sub>1</sub> and F<sub>2</sub> had polymorphisms at these three site; Hubei white pig had low polymorphism at *Hinf* I-RFLP and *Hae*III-RFLP site (PIC<0.25) while it had mediate polymorphism (0.25<PIC<0.5) at *Msp* I-RFLP site. Crossbred F<sub>1</sub> and F<sub>2</sub> had mediate polymorphism at these three site; The effect of different H-FABP genotype on IMF (Intramuscular fat) content tended to be HH>Hh>hh, dd>Dd>DD, aa>Aa>AA. IMF content of dd genotype was significantly higher ( $P < 0.05$ ) than that of DD and Dd genotype at the *Hae*III-RFLP site. IMF content of aa and Aa genotype was significantly higher ( $P < 0.01$ ) than that of DD and AA genotype at the *Msp* I-RFLP site. Weight of 20 days of HH genotype was significantly higher ( $P < 0.05$ ) than that of hh genotype at the *Hinf* I-RFLP site, but groups divided by any other genotypes had no significant differences among other productive performance. 【Conclusion】Porcine

收稿日期: 2006-10-13; 接受日期: 2006-12-31

基金项目: “十一五”国家科技支撑计划 (2006BAD01A08-2), “十一五”湖北省重大科技攻关计划 (2006AA202A01)

作者简介: 彭先文 (1974-), 男, 土家族, 湖北来凤人, 助理研究员, 研究方向为猪遗传育种。Tel: 027-87981467; E-mail: penxianwen@yahoo.com.cn. 通讯作者梅书棋 (1971-), 男, 江西瑞昌人, 副研究员, 研究方向为猪遗传育种。Tel: 027-87981467; E-mail: msqife@163.com

Intramuscular fat content might be improved by increased dominant genotype aa-dd-HH frequency in breeding group, while that did not influence others productive traits.

**Key words:** H-FABP genotype; Hubei white pig; Crossbred; Related productive trait

## 0 引言

【研究意义】近年来, 随着人民生活水平的提高, 对猪肉的需求从量转向质, 肉质鲜嫩、风味浓厚的优质肉成为市场需求发展的方向。国际猪育种趋势也从高瘦肉率转向优质、高产。肌肉脂肪(intramuscular fat, IMF)含量是度量猪肉品质性状的一个重要指标, 与肉的口感、嫩度及多汁性密切相关。但肌肉脂肪含量在活体中测定比较困难, 因此, 寻找影响IMF含量的数量性状位点(QTL)主效基因, 开展分子标记辅助选择成为目前优质猪育种中的一个热点<sup>[1-3]</sup>。研究表明, 心脏脂肪酸结合蛋白(heart fatty acid binding protein, H-FABP)基因是IMF含量的候选基因, 其遗传变异是影响IMF含量的主要因素之一<sup>[4-6]</sup>。湖北白猪是中国20世纪80年代培育的第二个优良母本品种, 具有瘦肉率高、繁殖性能好、适应性强等优点。为进一步持续利用湖北白猪, 以湖北白猪为基础, 引进中国优良地方猪种梅山猪、通城猪和外来品种长白猪, 培育肉质优良、繁殖性能好的湖北白猪优质系。本研究对湖北白猪及其杂交后代H-FABP基因多态性以及与其生产性状的相关进行分析, 可为在湖北白猪优质系培育过程中进行分子标记辅助育种提供理论基础。【前人研究进展】Gerbens等通过与人H-FABP cDNA噬菌斑杂交分离出了含猪H-FABP基因的λ噬菌体, 确定了猪H-FABP基因的结构特征并将其定位在猪6号染色体上, 在此基础上, 通过PCR-RFLP分析确定了位于H-FABP基因5'-上游区域1个多态性位点(*Hinf* I -RFLP)和第二内含子内的2个多态性位点(*Hae* III-RFLP, *Msp* I -RFLP), 发现不同猪品种间基因频率具有差异, aaddHH型(*Msp* I -a, *Hae* III-d, *Hinf* I -H)个体的肌肉脂肪含量比AADDhh型个体高约0.4%<sup>[6-9]</sup>。张桂香等<sup>[10]</sup>、林万华等<sup>[11]</sup>、彭先文等<sup>[12]</sup>相继在中国的地方猪种和外来引进猪种中验证了H-FABP基因5'-上游区域和第二内含子内的多态性, 但是中外猪种在H-FABP基因不同多态位点的基因型分布存在差异。林万华等<sup>[13]</sup>研究发现二花脸猪H-FABP基因对肌肉粗脂肪含量的影响趋向于HH>Hh>hh, HH与Hh、hh基因型间20日龄体重差异显著( $P<0.05$ ), 但对初生重

及断奶重无显著影响。李加琪等<sup>[14]</sup>在长白猪×南塘猪的资源群体F<sub>2</sub>发现H-FABP基因第二内含子*Hae* III-RFLP多态位点显著影响生长、胴体和肉质性状。庞卫军等<sup>[15]</sup>研究发现猪高肌内脂肪含量的H-FABP基因型组合为“aa-dd-HH”纯合单倍型。刘剑锋等<sup>[16]</sup>在中畜I系中发现*Hinf* I -RFLP位点HH和hh基因型间个体170日龄体重差异显著( $P<0.05$ ), 其它位点不同基因型个体间生产性能差异不显著。【本研究切入点】在利用优良中国地方猪种和外来猪种培育肉质优良的瘦肉猪新品系过程中, 开展与肉质性状相关的H-FABP基因分子标记筛选和分子标记辅助育种研究。【拟解决的关键问题】利用PCR-RFLP方法对湖北白猪及其杂交后代的H-FABP基因多态性进行研究, 并利用最小二乘模型对杂交猪只H-FABP基因型与相关生产性状的关联进行初步分析, 以期为湖北白猪优质系培育过程中开展肉质性状的分子标记辅助育种提供技术支撑。

## 1 材料与方 法

### 1.1 试验材料

本试验采用3个类群共282头猪血样作为试验材料, 其中培育品种湖北白猪(HB)26头、梅山猪和通城猪与湖北白猪杂交的杂交一代(F<sub>1</sub>: 梅山猪♂×湖北白猪♀, 通城猪♂×湖北白猪♀)140头、杂交一代与长白猪杂交的杂交二代(F<sub>2</sub>: 长白猪♂×杂交一代♀)116头, 均采自湖北省农科院畜牧兽医研究所原种猪场。从猪前腔静脉采血15 ml, EDTA抗凝, 置于冰瓶中带回实验室。记录杂交后代猪只初生重、20日龄重、肥育期(25~90 kg)日增重。屠宰36头杂交后代猪只, 测定胴体与肉质性状性能, 测定方法参照文献[17]。

本试验所用的引物参照Gerbens等<sup>[6]</sup>设计合成, 引物序列、PCR产物的大小及扩增区域见表1。

### 1.2 试验方法

1.2.1 猪的基因组DNA提取 按常规酚、氯仿抽提法提取猪血样基因组DNA<sup>[18]</sup>。

1.2.2 PCR扩增 扩增反应体系为25 μl, 其中含有基因组DNA约50 ng, 20 μmol·L<sup>-1</sup>的引物, 150 μmol·L<sup>-1</sup>

表 1 PCR-RFLP 分析的引物序列、产物大小及扩增区域

Table 1 Primer sequences, corresponding PCR product size and position for each H-FABP-RFLP

PCR-RFLP	引物序列 Primer sequence	产物大小 Product size(bp)	扩增区域 Amplified position
PCR1 <i>Hinf</i> I	5'-GGACCCAAGATGCCTACGCCG-3'	693	5'-上游区域
	5'-CTGCATCTTTGACCAAGAGG-3'		5'-Up stream region
PCR2 <i>Msp</i> I <i>Hae</i> III	5'-ATTGCTTCGGTGTGTTTGG-3'	816	第二内含子
	5'-TCAGGAATGGGAGTTATTGG-3'		Second intron

PCR1 扩增区域与 GenBank 上注册的 X98558 序列相对应; PCR2 扩增区域与 GenBank 上注册的 Y16180 序列相对应

PCR 1 amplified region corresponding to nucleotide sequence of GenBank Access No. X98558; PCR 2 amplified region corresponding to nucleotide sequence of GenBank Access No. Y16180

的dNTPs, 2.0 mmol·L<sup>-1</sup> MgCl<sub>2</sub>, 1.5 U的Taq酶。扩增条件为预变性 94℃ 5 min; 进入以下循环: 94℃ 45 s, 60℃ 1 min, 72℃ 1 min, 35 个循环; 最后一个循环结束 72℃ 延伸 8 min。

1.2.3 扩增产物的酶切 选用 *Hinf* I, *Hae*III, *Msp* I (大连宝生生物工程有限公司) 3 种限制性内切酶。酶切反应体系 20 μl, 扩增产物 19.2 μl, 限制性内切酶 8U, 37℃ 反应 6 h。酶切产物用 2%或 3%的琼脂糖凝胶电泳分析。

### 1.3 数据统计与分析

1.3.1 基因频率和基因型频率 基因频率:

$$P_i = [2(ii) + (ij_1) + (ij_2) + \dots + (ij_{n-1}) + (ij_n)] / 2n$$

$P_i$ , 第*i*个等位基因的频率; *i*, 纯合的复等位基因;  $j_1, j_2, \dots, j_n$ ; 与*i*共显的第 1 个至第*n*个等位基因。

基因型频率:

$$\text{基因型频率} = \text{基因型个体} / \text{测定群体总数}$$

1.3.2 基因多态信息含量 (PIC)

$$PIC = 1 - \sum_{i=1}^n (P_i)^2 - \sum_{j=1}^{n-1} \sum_{j'+1}^n 2P_i P_{j'}$$

其中:  $P_j$ , 第*j*个等位基因的频率。PIC, 用于对标记基因多态性的估计,  $PIC > 0.5$  高度多态,  $PIC < 0.25$  低度多态,  $0.25 < PIC < 0.5$  中度多态。

1.3.3 H-FABP 基因型对杂交后代生产性能影响分析采用固定模型

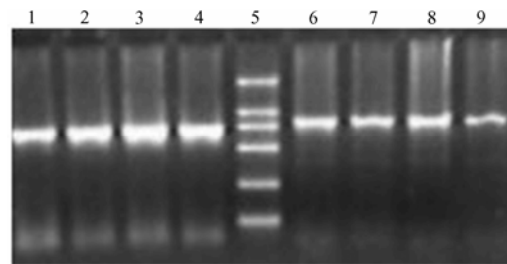
$$Y_{ijk} = \mu + A_i + B_j + R_m + e_{imk}$$

其中:  $Y_{ijk}$ , 个体性状记录值;  $\mu$ , 性状群体均值;  $A_i$ , 类群 (代次) 效应;  $B_j$ , 性别效应;  $R_m$ , 基因型效应;  $e_{imk}$ , 随机残差效应。所有资料根据该模型, 利用 SAS8.2 GLM程序进行统计分析。

## 2 结果与分析

2.1 PCR 扩增及 *Hinf* I、*Hae*III、*Msp* I 酶切结果

PCR 扩增结果见图 1。



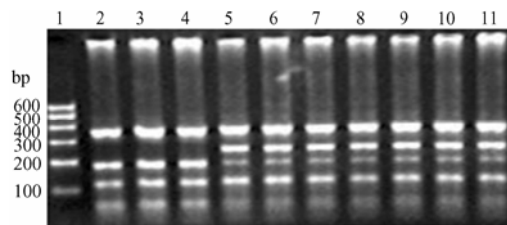
1~4: H-FABP PCR1 产物; 5: 2000 bp DNA ladder; 6~9: H-FABP PCR2 产物

1-4: H-FABP PCR1 product; 5: 2000bp DNA ladder; 6-9: H-FABP PCR2 product

图 1 H-FABP PCR 产物电泳图谱

Fig. 1 Agrose gel image of H-FABP PCR product

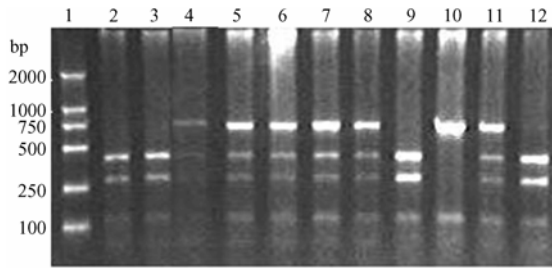
*Hinf* I 酶切 PCR1 扩增 H-FABP 693 bp 片段的的结果如图 2, 多态片段的大小为 231 bp 和 172+59 bp, 分别定为等位基因 h 和 H。*Hae*III 酶切 PCR2 扩增 H-FABP 816 bp 片段产生的多态片段的大小为 683 bp 和 405+278 bp, 分别定为等位基因 D 和 d (图 3), 符合 Y16180 序列的分析结果。*Msp* I 酶切 PCR2 扩增 H-FABP 816 bp 片段产生的多态片段的大小为 750+66 bp 和 816 bp, 分别定为等位基因 A 和 a (图 4)。*Hinf* I、*Hae*III、*Msp* I 酶切位点的等位基因大小见表 2。



1: 100-600 bp DNA ladder; 2~4: HH; 5~11: Hh

图 2 *Hinf* I 酶切 693 bp PCR 产物电泳图谱

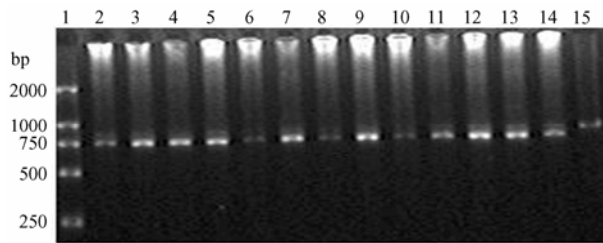
Fig. 2 Agrose gel image of digested 693 bp PCR product with *Hinf* I



1: 2000 bp DNA ladder; 2, 3, 9, 12: dd; 4~8, 11: Dd; 10: DD  
1: 2000 bp DNA ladder; 2, 3, 9, 12: dd; 4-8, 11: Dd; 10: DD

图 3 *Hae*III 酶切 816 bp PCR 产物电泳图谱

Fig. 3 Agrose gel image of digested 816 bp PCR product with *Hae*III



1: 2000 bp DNA ladder; 2, 3, 5, 7, 11~14: Aa; 4, 6, 8~10: AA; 15: aa  
1: 2000 bp DNA ladder; 2, 3, 5, 7, 11-14: Aa; 4, 6, 8-10: AA; 15: aa

图 4 *Msp* I 酶切 816 bp PCR 产物电泳图谱

Fig. 4 Agrose gel image of digested 816 bp PCR product with *Msp* I

表 3 H-FABP 基因多态位点基因频率和基因型频率

Table 3 Genotype and allele frequencies of the H-FABP gene polymorphism size

类群 Group	PCR- <i>Hinf</i> I				PCR- <i>Msp</i> I				PCR- <i>Hae</i> III			
	基因型频率		基因频率		基因型频率		基因频率		基因型频率		基因频率	
	Genotype frequency		Allele frequency		Genotype frequency		Allele frequency		Genotype frequency		Allele frequency	
	HH	Hh	hh	H	AA	Aa	aa	a	DD	Dd	dd	D
HB	1.0000	0	0	1.0000a	0.3846	0	0.6154	0.6154a	0.0526	0	0.9474	0.0526a
F <sub>1</sub>	0.1102	0.3071	0.5827	0.2638b	0.1343	0.4180	0.4477	0.6567b	0.2987	0.6494	0.0519	0.6234b
F <sub>2</sub>	0.5603	0.3190	0.1207	0.7198c	0.6019	0.3981	0	0.1991c	0.009	0.6126	0.3784	0.3153c

基因频率列数据后标不同字母者表示差异显著 ( $P < 0.05$ )

Data with different letters in the allele frequencies row differ significantly at  $P < 0.05$

表 4 H-FABP 基因 PCR-RFLP 多态信息含量

Table 4 PIC of H-FABP gene PCR-RFLP

类群 Group	PIC		
	PCR- <i>Hinf</i> I	PCR- <i>Msp</i> I	PCR- <i>Hae</i> III
HB	0	0.3613	0.0947
F <sub>1</sub>	0.3130	0.3492	0.3593
F <sub>2</sub>	0.3220	0.2681	0.3334

表 2 H-FABP 基因多态位点等位基因及大小

Table 2 Allels and its size of H-FABP gene

PCR-RFLP	PCR 产物大小 PCR product size(bp)	等位基因
		Allels (bp)
PCR- <i>Hinf</i> I	693	H: 339+172+98+59+25
		h: 339+231+98+25
PCR- <i>Msp</i> I	816	a: 816
		A: 750+66
PCR- <i>Hae</i> III	816	D: 683+117+16
		d: 405+178+117+16

## 2.2 H-FABP-RFLP 的基因型、基因频率及其多态性

*Hinf* I、*Hae*III、*Msp* I 酶切产物均表现出多态性。不同猪群 H-FABP 的等位基因型、基因频率统计结果见表 3。湖北白猪在 *Hinf* I -RFLP 位点仅出现 HH 基因型。独立性  $\chi^2$  检验表明不同猪群在 H-FABP-RFLP 的不同酶切位点的等位基因频率分布上均存在差异 ( $P < 0.05$ )。

H-FABP 基因 PCR-RFLP 的多态信息含量见表 4。湖北白猪在 *Hinf* I -RFLP、*Hae*III-RFLP 位点均表现为低度多态 ( $PIC < 0.25$ )，在 *Msp* I -RFLP 位点表现为中度多态 ( $0.25 < PIC < 0.5$ )。F<sub>1</sub>、F<sub>2</sub> 在 3 个酶切位点均表现为中度多态。

## 2.3 H-FABP 基因型对生产性能的影响

杂交后代猪只 H-FABP 基因型对生产性能的影响

统计分析结果见表 5。*Hae*III-RFLP 位点 dd 基因型 IMF 含量显著高于 DD、Dd 基因型 ( $P < 0.05$ )，*Msp* I -RFLP 位点 aa、Aa 基因型 IMF 含量极显著高于 AA 型 ( $P < 0.01$ )。*Hinf* I -RFLP 位点 HH 基因型 20 日龄重显著高于 hh 基因型 ( $P < 0.05$ )。其它酶切位点的不同基因型间个体生产性能差异不显著 ( $P > 0.05$ )。

表 5 杂交后代猪只 H-FABP 基因型的生产性状的最小二乘均数和标准误

Table 5 Least square means and standard error of production traits of crossbreed among different H-FABP genotypes

基因型	初生重	20 日龄重	日增重	瘦肉率	肌内脂肪含量
Genotype	Birth weight (kg)	Weight of 20 days (kg)	ADG (g·d <sup>-1</sup> )	Carcass lean rate (%)	IMF content (%)
HH	1.35±0.03 (n=65)	5.46±0.12c(n=55)	521.65±14.3(n=46)	58.75±1.16(n=9)	3.61±0.18(n=9)
Hh	1.30±0.02(n=71)	5.01±0.11a(n=61)	521.89±12.96(n=47)	60.75±1.67(n=8)	3.57±0.18(n=8)
hh	1.28±0.02 (n=82)	4.75±0.11a(n=77)	547.10±12.47(n=69)	60.29±1.02(n=19)	3.46±0.15(n=19)
DD	1.32±0.04(n=22)	5.28±0.20(n=21)	512.37±19.7(n=20)	59.50±1.30(n=10)	3.18±0.19a(n=10)
Dd	1.28±0.02 (n=111)	5.04±0.09 (n=96)	527.82±9.2(n=78)	59.22±0.15(n=16)	3.32±0.15a(n=16)
dd	1.32±0.03 (n=47)	4.93±0.14(n=39)	555.04±14.6(n=34)	59.62±0.93(n=10)	3.77±0.14b(n=10)
AA	1.28±0.03 (n=64)	4.88±0.15(n=50)	540.88±16.4(n=43)	59.46±0.99(n=10)	3.00±0.11a(n=10)
Aa	1.28±0.03 (n=64)	5.12±0.12(n=55)	522.03±13.3(n=43)	59.77±1.14(n=11)	3.82±0.12c(n=11)
aa	1.35±0.04 (n=53)	5.02±0.16(n=53)	538.82±17.2(n=45)	60.10±1.01(n=15)	3.87±0.11c(n=15)

括号中的数字为有效统计数据量。同列数据中相邻字母表示差异显著 ( $P<0.05$ )，相隔字母表示差异极显著 ( $P<0.01$ )

The numeral in the bracket is effective statistical data. Data with adjacent letter in the same row differ significantly at  $P<0.05$ . Data with separated letter in the same row differ significantly at  $P<0.01$

### 3 讨论

本研究在培育品种湖北白猪及其杂交后代中验证了 H-FABP 基因在 5'-上游区域多态性位点 (*Hinf* I -RFLP) 和第二内含子内多态性位点 (*Hae*III- RFLP, *Msp* I -RFLP) 的存在, 但基因型分布、基因频率与 Gerbens 等<sup>[6]</sup>、张桂香等<sup>[10]</sup>、林万华等<sup>[11]</sup>的研究结果存在差异, 原因可能是猪品种遗传背景来源不同所致。

群体的遗传变异程度决定于群体的遗传基础, 群体的遗传基础越广泛, 其遗传变异越丰富, DNA 多态性越丰富。湖北白猪在 H-FABP 基因 3 个酶切位点中的 *Hinf* I -RFLP、*Hae*III-RFLP 两个位点表现为低度多态, 说明湖北白猪在 H-FABP 基因位点上的遗传变异比较贫乏, 这可能与本研究中采样的湖北白猪群体已连续闭锁繁育 7 个世代, 群体近交系数高相关。这也可能是杂交一代、杂交二代作为杂交群体, 在 H-FABP 基因位点上均只表现为中度多态的原因。提示在湖北白猪优质系的培育过程中, 可以考虑在开放育种阶段继续导入外血以丰富选育群体的遗传变异。

杂交后代猪只 H-FABP 不同基因型对 IMF 含量的影响分析表明, HH>Hh>hh, dd>Dd>DD, aa>Aa>AA, 并且 *Hae*III-RFLP 位点 dd 基因型 IMF 含量显著高于 DD、Dd 基因型, *Msp* I -RFLP 位点 aa、Aa 基因型 IMF 含量极显著高于 AA 型, 除 *Hinf* I -RFLP 位点 HH 基因型 20 日龄重显著高于 hh 基因型外, 其它 H-FABP 不同基因型对初生重、20 日龄重、肥育期日增重、瘦肉率等性状的影响差异不显著, 与 Gerbens 等<sup>[8,9]</sup>、林万

华等<sup>[13]</sup>、庞卫军等<sup>[15]</sup>的研究结果一致。表明在选育群体中可以通过选择 H-FABP 的优势基因型 (aa-dd-HH) 提高 IMF 含量而不影响其它生产性状。

本研究结果为在湖北白猪优质系的培育过程中将 H-FABP 基因 *Hinf* I -RFLP、*Hae*III- RFLP 和 *Msp* I -RFLP 分子标记应用于 IMF 含量的标记辅助选择, 同时选育提高生长性能和肉质提供了初步依据, 但尚需进一步扩大试验规模进行验证。

### 4 结论

4.1 湖北白猪及其杂交后代 H-FAB 基因在 5'-上游区域和第二内含子存在多态性, 不同猪群在 H-FABP-RFLP 的不同酶切位点的等位基因频率分布上均存在差异。

4.2 湖北白猪杂交后代肌内脂肪含量的优势基因型是 aa-dd-HH, 初生重、20 日龄重、肥育期日增重、瘦肉率等性状性能表现在 H-FABP 不同基因型间差异不显著。研究结果为在湖北白猪优质系培育过程中开展肉质性状分子标记辅助育种奠定了基础。

### References

- [1] 曾勇庆, 孙玉民, 张万福. 莱芜猪肌肉组织学特性与肉质关系的研究. 畜牧兽医学报, 1998, 29: 486-492.
- Zeng Y Q, Sun Y M, Zhang W F. Studies on relationship of muscle histological characteristics to meat quality of LaiWu swine. *Acta Veterinaria et Zootechnica Sinica*, 1998, 29: 486-492. (in Chinese)
- [2] De Vol D, McKeith F K, Bechtel P L. Variation in composition and

- palatability traits and relationships between muscle characteristics and palatability in a random sample of pork carcasses. *Journal of Animal Science*, 1988, 66: 385-395.
- [3] Hovenier R, Kanis E, Verhoeven J A. Repeatability of tastepanel tenderness scores and their relationships to objective pig meat quality traits. *Journal of Animal Science*, 1993, 71: 2018-2025.
- [4] 曹红鹤, 李宏滨, 王立贤. FABPs 作为肌肉脂肪沉积候选基因的研究进展, 国外畜牧科技, 1999, 26(6): 31-33.
- Cao H H, Li H B, Wang L X. Review on FABPs gene as candidate gene for intramuscular fat content in pig. *Animal Science Abroad*, 1999, 26(6): 31-33. (in Chinese)
- [5] Schaap F G. Fatty acid-binding proteins in the heart. *Molecular Cell Biochemistry*, 1998, 180: 43-51.
- [6] Gerbens F, Rettenberger G, Lenstra J A, Veerkamp J H, te Pa M F. The porcine heart fatty acid-binding protein encoding gene as a candidate gene. *Animal Genetic*, 1996, 27(Suppl.2): 112.
- [7] Gerbens F, Rettenberger G, Lenstra J A, Veerkamp J H, te Pa M F. Characterization, chromosomal localization, and genetic variation of the porcine heart fatty acid-binding protein gene. *Mammalian Genome*, 1997, 8: 328-332.
- [8] Gerbens F, van Erp A J, Harders F L, Verburg F J, Meuwissen T H, Veerkamp J H, te Pa M F. Effect of Genetic variants of the heart fatty acid-binding protein gene on intramuscular fat and performance traits in pigs. *Journal of Animal Science*, 1999, 77: 846-852.
- [9] Gerbens F, de Koning D J, Harders F L, Meuwissen T H, Janss L L, Groenen M A, Veerkamp J H, Van Arendonk J A, te Pa M F. The effect of adipocyte and heart fatty acid-binding protein genes on intramuscular fat and backfat content in Meishan crossbred pigs. *Journal of Animal Science*, 2000, 78: 552-229.
- [10] 张桂香, 曹红鹤, 王立贤, 李宏滨, 郑友民. 9 个猪种 H-FABP 基因 5'-上游区和第二内含子的遗传变异. 畜牧兽医学报, 2002, 33: 340-343.
- Zhang G X, Cao H H, Wang L X, Li H B, Zheng Y M. Genetic variation at 5'-upstream region and the second intron of H-FABP gene in nine Chinese pig breeds. *Acta Veterinaria et Zootechnica Sinica*, 2002, 33: 340-343. (in Chinese)
- [11] 林万华, 黄路生, 任 军, 邓素华, 王文君, 刘宝生, 周利华, 陈从英. 中外十个猪种 H-FABP 基因的遗传变异研究. 遗传学报, 2002, 29(1): 12-15.
- Lin W H, Huang L S, Ren J, Deng S H, Wang W J, Liu B S, Zhou L H, Chen C Y. Research on genetic variation of heart fatty acid-binding protein gene in ten pig breeds. *Acta Genetica Sinica*, 2002, 29(1): 12-15. (in Chinese)
- [12] 彭先文, 梅书棋, 程 妮, 郭万正. 4 个猪种 H-FABP 基因 5'-上游区和第二内含子遗传变异的初步研究. 湖北农业科学, 2005, (1): 84-87.
- Peng X W, Mei S Q, Cheng N, Guo W Z. Research on genetic variation in 5'-upstream region and the second intron of H-FABP gene in four pig breeds. *Hubei Agricultural Science*, 2005, (1): 84-87. (in Chinese)
- [13] 林万华, 任 军, 丁能水, 周利华, 郭源梅, 李 琳, 黄路生, 罗明. H-FABP 基因型对二花脸猪相关性状影响的初步分析. 畜牧兽医学报, 2003, 34: 318-324.
- Lin W H, Ren J, Ding N S, Zhou L H, Guo Y M, Li L, Huang L S, Lou M. Influences of H-FABP genotype on the related traits in erhualian pig. *Acta Veterinaria et Zootechnica Sinica*, 2003, 34: 318-324. (in Chinese)
- [14] Li J Q, Zhang H, Wang C, Liu D W, Tian X G, Bao J, Chen Y S. Genetic effects of H-FABP gene on some pig economic important traits in a F<sub>2</sub> resource population. *Agricultural Sciences in China*, 2003, 3: 321-324
- [15] 庞卫军, 杨公社. 8 个猪种和野猪 H-FABP 基因分子标记与 IMF 含量的关系. 农业生物技术学报, 2005, 13: 733-738.
- Pang W J, Yang G S. Relationship between molecular marker of eight pig and a wild pig H-FABP and IMF content. *Journal of Agricultural Biotechnology*, 2005, 13: 733-738. (in Chinese)
- [16] 刘剑锋, 王立贤, 张贵香, 赵克斌, 张 沅. H-FABP 基因型对中畜黑猪 I 系生长性能的影响. 畜牧兽医学报, 2005, 36: 555-558.
- Liu J F, Wang L X, Zhang G X, Zhao K B, Zhang Y. Influence of PCR-RFLP genotype of porcine H-FABP performance in Zhongxu Line I Pop. *Acta Veterinaria et Zootechnica Sinica*, 2005, 36: 555-558. (in Chinese)
- [17] 中华人民共和国农业行业标准. 猪肌肉品质测定技术规范 (NY/T821-2004). 北京: 中国农业出版社, 2005.
- Agricultural Trade Standard of the People's Republic of China. *Technical Specification for Detection of Quality of Pig Meat*. Beijing: China Agricultural Press, 2005. (in Chinese)
- [18] 萨姆布鲁克 J, 弗里奇 E F, 曼尼阿蒂斯 T. (金冬雁、黎孟枫等译). 分子克隆实验指南(第二版). 北京: 科学出版社, 1996: 464-467.
- Sambrook J, Fritsch E F, Maniatis T. Translated by Jin D Y, Li M F. *Molecular Cloning, A Laboratory Manual* (2<sup>nd</sup> ed). Beijing: Science Press, 1996: 464-467. (in Chinese)