

## *H-FABP* 和 *HSL* 基因多态性对苏淮猪胴体性状的影响

曲亮<sup>1</sup>, 黄瑞华<sup>1\*</sup>, 李开桢<sup>1</sup>, 邱新深<sup>1</sup>, 于传军<sup>2</sup>, 黄春玲<sup>1</sup>, 王蒙<sup>1</sup>, 周波<sup>1</sup>, 王钧顺<sup>2</sup>

(1. 南京农业大学动物科技学院, 江苏 南京 210095; 2. 淮安市淮阴种猪场, 江苏 淮安 223322)

**摘要:** 应用 PCR-RFLP 方法检测了 *H-FABP*、*HSL* 基因在 83 头苏淮猪中的多态性分布。结果表明: *H-FABP* 基因的 3 个变异位点和 *HSL* 基因都存在多态性。*H-FABP* *Hinf* I 位点 HH 基因型个体的背膘厚为 19.81 mm, 极显著低于 hh 基因型个体 (20.16 mm) ( $P < 0.01$ ), Hh 基因型个体的背膘厚为 19.86 mm, 显著低于 hh 基因型个体 ( $P < 0.05$ )。HH 基因型个体的瘦肉率为 59.69%, 极显著高于 hh 型个体 (54.84%) ( $P < 0.01$ ), Hh 基因型个体的瘦肉率为 58.69%, 显著高于 hh 型个体 ( $P < 0.05$ )。HH-Dd-Aa 单倍型背膘最薄 (19.73 mm)、瘦肉率最高 (60.92%), 但没有达到显著水平。*HSL* 基因 GG 基因型个体的背膘厚为 19.79 mm, 极显著低于 AA 基因型个体 (20.23 mm) ( $P < 0.01$ ), AG 基因型个体的背膘厚为 19.88 mm, 显著低于 AA 基因型个体 ( $P < 0.05$ )。GG 基因型个体的瘦肉率为 59.89%, 极显著高于 AA 型个体 (54.04%) ( $P < 0.01$ ), AG 基因型个体的瘦肉率为 58.52%, 显著高于 AA 型个体 ( $P < 0.05$ )。提示: *H-FABP*、*HSL* 基因可以作为胴体性状的候选基因用于猪的辅助选育。

**关键词:** *H-FABP* 基因; *HSL* 基因; 单倍型; 苏淮猪; 胴体性状

中图分类号: S813.3 文献标识码: A 文章编号: 1000-2030 (2008) 03-0107-06

## Effects of polymorphisms of *H-FABP* and *HSL* gene on carcass traits in Suhuai pigs

QU Liang<sup>1</sup>, HUANG Rui-hua<sup>1\*</sup>, LI Kai-zhen<sup>1</sup>, QIU Xin-shen<sup>1</sup>, YU Chuan-jun<sup>2</sup>,  
HUANG Chun-ling<sup>1</sup>, WANG Meng<sup>1</sup>, ZHOU Bo<sup>1</sup>, WANG Jun-shun<sup>2</sup>

(1. College of Animal Science and Technology, Nanjing Agricultural University, Nanjing 210095, China;  
2. Huaiyin Breeding Swine Farm of Huaian Municipality, Huaian 223322, China)

**Abstract:** Polymorphisms of *H-FABP*, *HSL* gene of 83 heads of Suhuai pigs were assayed through PCR-RFLP. Results showed differences of pigs with the three variable sites of *H-FABP* gene and *HSL* gene. Back fat thickness (BFT) of pigs with HH genotype in *H-FABP* *Hinf* I site was 19.81 mm, significantly thinner than that of those with hh genotype (20.16 mm) ( $P < 0.01$ ). BFT of pigs with Hh genotype (19.86 mm) was significantly thinner than that of those with hh genotype ( $P < 0.05$ ). Lean meat rate of pigs with HH genotype in *H-FABP* *Hinf* I site was 59.69%, significantly higher than that of those with hh genotype (54.84%) ( $P < 0.01$ ). Lean meat rate of pigs with Hh genotype (58.69%) was significantly higher than that of those with hh genotype ( $P < 0.05$ ). BFT of pigs with HH-Dd-Aa haplotype was the thinnest (19.73 mm). Lean meat rate of pigs with HH-Dd-Aa haplotype was the highest (60.92%), but not significantly. BFT of pigs with GG genotype in *HSL* gene was (19.79 mm), significantly thinner than that of those with AA genotype (20.23 mm) ( $P < 0.01$ ). BFT of pigs with AG genotype (19.88 mm) was significantly thinner than that of those with AA genotype ( $P < 0.05$ ). Lean meat rate of pigs with GG genotype in *HSL* gene was 59.89%, significantly higher than that of those with AA genotype (54.04%) ( $P < 0.01$ ). Lean meat rate of pigs with AG genotype (58.52%) was significantly higher than that of those with AA genotype ( $P < 0.05$ ). It implied that *H-FABP* and *HSL* gene could be candidate genes for carcass traits in molecular assisted pig breeding.

**Key words:** *H-FABP* gene; *HSL* gene; haplotype; Suhuai pig; carcass traits

苏淮猪 (新淮猪瘦肉型母本新品系) 是以新淮猪为母本, 大约克猪为父本, 于 1998 年开始培育的新型猪种, 经过杂交创新、横交固定和群体继代选育工作, 现已得到四、五世代猪群。目前四世代苏淮猪的肌内脂肪含量 (intramuscular fat, IMF) 为  $2.68\% \pm 0.20\%$  (数据未发表), 肉质比较理想<sup>[1]</sup>, 但

收稿日期: 2007-04-12

基金项目: 江苏省高技术研究项目 (BG2005304)

作者简介: 曲亮, 硕士研究生。\* 通讯作者: 黄瑞华, 副教授, 主要从事动物遗传育种与动物健康生产研究,

E-mail: hrh2002@126.com。

其生长速度和瘦肉率等性状与国外猪种还有较大差距。因此,可以在不影响 IMF 的前提下,加强对四世代猪生长和胴体品质的选育。

心肌型脂肪酸结合蛋白(heart fatty acid binding protein, H-FABP)是小的细胞内蛋白质,在细胞内与脂肪酸结合,使细胞内外保持一定的浓度差<sup>[2]</sup>。许多研究人员将 *H-FABP* 基因作为影响猪 IMF 含量和背膘厚的候选基因之一。Gerbens 等<sup>[3]</sup>首先发现在其 5'上游区和第 2 内含子上存在 3 个遗传变异位点,并发现 *H-FABP* 基因的纯合单倍体 aa-dd-HH 与高 IMF 含量有关, *Msp* I 和 *Hae* III 位点对背膘厚也有极明显的作用<sup>[4]</sup>。

激素敏感脂肪酶(hormone sensitive lipase, HSL)是最初发动脂肪组织中甘油三酯分解的关键酶和限速酶,是调控动物脂肪代谢的关键酶之一<sup>[5]</sup>。猪的 *HSL* 基因与一些已经证明的猪背膘厚度、瘦肉率等性状的相关候选基因在 6 号染色体 q1.2 处邻近或连锁<sup>[6-7]</sup>。因此,许多研究者认为 *HSL* 也是脂肪沉积和代谢相关性状的重要候选基因<sup>[8-9]</sup>,该基因的多态性可能与猪的背膘厚和瘦肉率等胴体性状相关。

本试验将以上 2 个基因作为苏淮猪胴体性状的候选基因,通过 PCR-RFLP 分析 2 个基因的多态性,结合胴体性状资料,研究不同基因型对苏淮猪背膘厚和瘦肉率等性状的影响,为分子标记辅助选育奠定理论依据。

## 1 材料与方 法

### 1.1 试验猪群

试验猪来自淮南市淮阴种猪场正在培育中的第四世代后备苏淮猪,共 83 头。

### 1.2 主要仪器设备和试剂

1.2.1 主要仪器设备 PCR 扩增仪(M J Research, USA),恒压恒流电泳仪、垂直板电泳槽装置(北京东方仪器厂),Eppendorf 冷冻离心机(USA),瘦肉率测定仪(PIGLOG105 型,丹麦 SFK 技术股份公司)。

1.2.2 主要试剂 *Taq* DNA 聚合酶、dNTP、限制性内切酶均购自上海皓嘉科技发展有限公司, DNA 标准品、蛋白酶 K 购自南京天为生物科技有限公司,丙烯酰胺(acrylamide, Acr)、N-N'亚甲基双丙烯酰胺(bisacrylamide, Bis)和三羟甲基氨基甲烷(Tris)饱和酚购自南京基天生物技术有限责任公司, Tris、硼酸、乙二胺四乙酸二钠(EDTA)均为进口分装。

### 1.3 猪群性状资料的收集与测定方法

应用活体瘦肉率测定仪对 180 日龄左右的后备猪进行活体膘及瘦肉率估测,校正到同一日龄进行比较分析。具体步骤如下:首先测定倒数 3~4 腰椎距背中线 3~4 cm(第 1 点)处的背膘厚,然后测定倒数 3~4 肋骨距背中线 3~4 cm(第 2 点)处的背膘厚,最后测定第 2 点处的肌肉厚度,仪器可以估算出最终的瘦肉率,左右各测 3 次,取各次测量的背膘厚和瘦肉率的平均值。

### 1.4 DNA 提取

采集耳组织样,采取常规的苯酚/氯仿/异戊醇抽提,乙醇沉淀,TE 缓冲液溶解 DNA 沉淀,紫外分光光度计测定浓度后稀释分装, -20 ℃ 保存备用。

### 1.5 基因分型

1.5.1 引物设计 根据文献[3, 10]报道设计引物,引物序列见表 1。引物由上海生工生物工程技术有限公司合成。

1.5.2 PCR 反应 在 10 μL 的 PCR 反应体系中包含 200 μmol · L<sup>-1</sup> dNTP、0.2 μmol · L<sup>-1</sup> 引物、1.5 mol · L<sup>-1</sup> Mg<sup>2+</sup>、1 μL 10 × Buffer、50~100 ng DNA、0.5 U *Taq* DNA 聚合酶, ddH<sub>2</sub>O 补足至 10 μL。反应程序:94 ℃ 预变性 3 min; 94 ℃ 变性 35 s, 退火 35 s, 72 ℃ 40 s, 共 30 个循环; 72 ℃ 延伸 7 min, 4 ℃ 保存。

1.5.3 PCR-RFLP PCR 产物经 8% 聚丙烯酰胺凝胶电泳检测后,剩余 PCR 产物进行酶切消化,酶切体系为:10 × 内切酶 Buffer 2 μL, 内切酶 0.4 μL (4 U), PCR 产物 4 μL, ddH<sub>2</sub>O 补足至 20 μL, 37 ℃ 消化过夜, 8% 聚丙烯酰胺凝胶电泳检测,判定基因型,拍照保存。

### 1.6 资料统计分析

应用 SPSS13.0 软件 One-Way ANOVA 程序对 2 个基因不同基因型之间的生产性能进行方差分析。

表 1 *H-FABP* 和 *HSL* 基因扩增引物序列  
Table 1 Primer sequences for amplification of *H-FABP*, *HSL* genes

基因 Gene	内切酶 Enzyme	产物位置 Product position	引物序列 Primer sequence	退火温度/℃ Annealing temperature
<i>H-FABP</i>	<i>Hinf</i> I	5'-UTR 1 125 - 1 818	5'-GGACCCAAGATGCCTACGCCG-3'; 5'-CTGCATCTTTGACCAAGAGG-3'	63
	<i>Hae</i> III、 <i>Msp</i> I	第 2 内含子 2nd intron 1 401 - 2 216	5'-ATTGCCTTCGGTGTGTTGAG-3'; 5'-TCAGGAATGGGAGTTATTGG-3'	57
<i>HSL</i>	<i>Bsa</i> H I	外显子 1 Exon 1 054 - 1 551	5'-CGCACAATGACACAGTCACTGCT-3'; 5'-CAGGCAGCGCCGTAGAAGCA-3'	60

## 2 结果与分析

### 2.1 苏淮猪 *H-FABP* 和 *HSL* 基因的多态性

如图 1 所示, *H-FABP* 基因 *Hinf* I 位点的 PCR 扩增产物大小为 693 bp, 此片段对应猪 X98558 的 1 125 ~ 1 817 区域, 包含 4 个 *Hinf* I 酶切位点, 其中 1 321 位点为多态位点, 定义该位点存在时产生的片段为等位基因 H, 片段包括: 339、172、98、59 和 25 bp; 该酶切位点消失时产生的片段为等位基因 h, 片段包括: 339、231、98 和 25 bp。

*H-FABP* 基因第 2 内含子的扩增大小为 816 bp, 片段对应猪 Y16180 的 1 401 ~ 2 216 区域, 包含 3 个 *Hae* III 酶切位点, 其中 1 811 bp 处为多态位点, 经 *Hae* III 酶切后产生 2 个等位基因, 等位基因 D 包括 683、117 和 16 bp, 而产生 405、278、117 和 16 bp 片段的为 d 等位基因; 经 *Msp* I 酶切后产生 A、a 等位基因, A 为 750 和 66 bp, a 为 816 bp。

*HSL* 的 PCR 扩增片段对应猪 AJ000483 外显子 1 的 1 054 ~ 1 551 区域, 包含 2 个 *Bsa*H I 酶切位点, 等位基因 A 为 308 和 190 bp; 等位基因 G 为 241、190 和 67 bp。

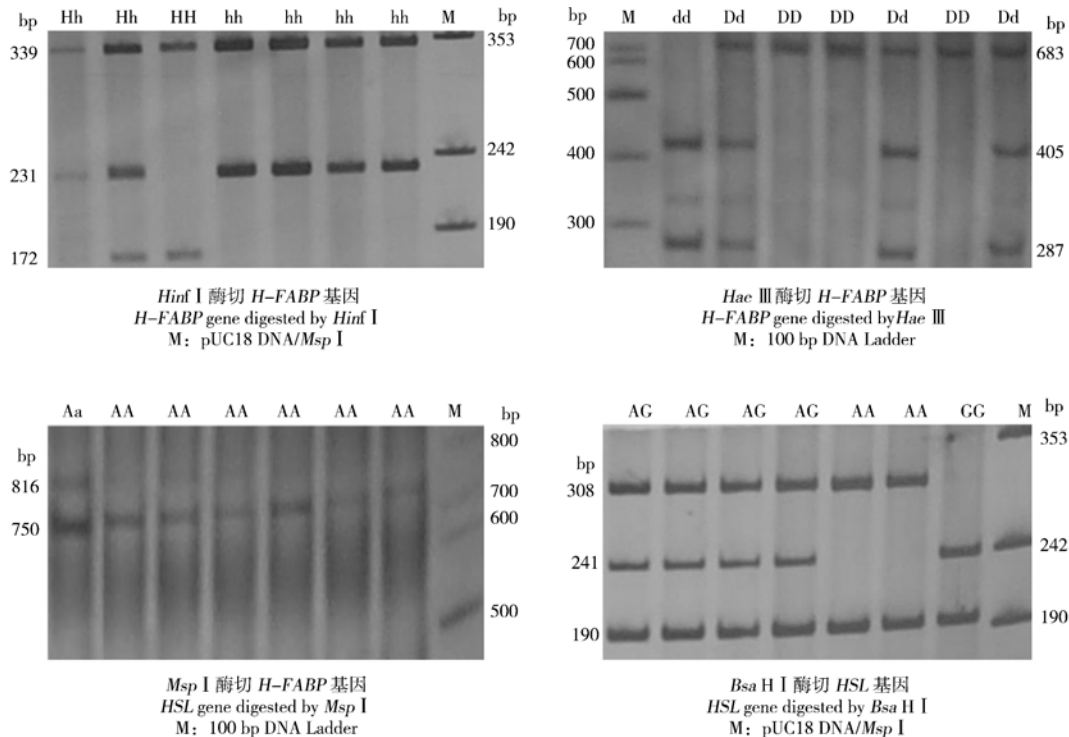


图 1 *H-FABP* 和 *HSL* 基因的酶切电泳图

Fig. 1 Macrorestriction map of *H-FABP* and *HSL* gene in Suhuai pig

### 2.2 *H-FABP* 和 *HSL* 基因等位基因和基因型频率

从表 2 可以看到, 每个位点均存在多态性, 除 *H-FABP* 基因 *Msp* I 位点只有 2 种基因型外, 其余均存在 3 种基因型。*H-FABP* *Hinf* I 位点 H 等位基因频率为 0.650, *Hae* III 位点 D 等位基因频率为 0.729, *Msp* I 位点 A 等位基因频率为 0.940, *HSL* 的 G 等位基因频率为 0.623, 均为优势等位基因。

表 2 基因频率与基因型频率分布  
Table 2 Gene frequency and genotype

基因 Gene	个体数 Sample number	基因型频率 Genotype frequency			基因频率 Allele frequency	
<i>H-FABP</i> ( <i>Hinf</i> I)	83	0.482 (HH)	0.337 (Hh)	0.181 (hh)	0.650 (H)	0.350 (h)
<i>H-FABP</i> ( <i>Hae</i> III)	83	0.518 (DD)	0.422 (Dd)	0.060 (dd)	0.729 (D)	0.271 (d)
<i>H-FABP</i> ( <i>Msp</i> I)	83	0.880 (AA)	0.120 (Aa)	0.000 (aa)	0.940 (A)	0.060 (a)
<i>HSL</i> ( <i>Bsa</i> H I)	83	0.124 (AA)	0.506 (AG)	0.370 (GG)	0.377 (A)	0.623 (G)

2.3 苏淮猪活体背膘厚和瘦肉率间的相关分析

经过瘦肉率测定仪测定, 苏淮猪的活体平均背膘厚为 (19.89 ± 0.36) mm, 瘦肉率为 58.48% ± 5.01%, 两者间相关系数为 -0.952, 达极显著水平 ( $P < 0.01$ )。

2.4 *H-FABP* 基因多态性对苏淮猪胴体性状的影响

*H-FABP* 基因 3 个位点中只有 *Hinf* I 位点对苏淮猪胴体性状影响显著, hh 基因型个体的背膘最厚, 平均值为 20.16 mm, 与 HH 型个体差异极显著 ( $P < 0.01$ ), 与 Hh 型个体差异显著 ( $P < 0.05$ ); HH 和 Hh 型个体间差异不显著。在瘦肉率方面, 由于 hh 基因型个体的背膘较厚, 因此瘦肉率最低, 仅为 54.84%, 极显著低于 HH 型个体 ( $P < 0.01$ ), 显著低于 Hh 型个体 ( $P < 0.05$ ); HH 个体的瘦肉率最高, 达到 59.69%, 高于 Hh 个体 1 个百分点, 但两者之间没有显著差异; *Hae* III 位点 Dd 基因型瘦肉率较高, 但差异不显著; *Msp* I 位点 2 种基因型间相差无几 (表 3)。

表 3 *H-FABP* 和 *HSL* 基因不同位点多态性对胴体性状的影响

Table 3 Effects of polymorphisms of *H-FABP* and *HSL* gene loci on carcass traits of Suhuai pigs

基因位点 Gene locus	基因型 Genotype	样本数 Sample number	背膘厚/mm Back fat thickness	瘦肉率/% Lean meat rate	基因位点 Gene locus	基因型 Genotype	样本数 Sample number	背膘厚/mm Back fat thickness	瘦肉率/% Lean meat rate
<i>H-FABP</i>	HH	40	19.81 ± 0.27 <sup>bb</sup>	59.69 ± 3.72 <sup>bb</sup>	<i>H-FABP</i> ( <i>Msp</i> I)	AA	73	19.89 ± 0.34	58.48 ± 4.84
<i>Hinf</i> I	Hh	28	19.86 ± 0.20 <sup>bAB</sup>	58.69 ± 3.66 <sup>bAB</sup>		Aa	10	19.91 ± 0.47	58.47 ± 6.41
	hh	15	20.16 ± 0.60 <sup>aA</sup>	54.84 ± 8.02 <sup>aA</sup>	<i>HSL</i>	AA	10	20.23 ± 0.68 <sup>aA</sup>	54.04 ± 8.80 <sup>aA</sup>
<i>H-FABP</i>	DD	43	19.93 ± 0.42	57.91 ± 5.81	<i>(BasH I)</i>	AG	43	19.88 ± 0.32 <sup>bAB</sup>	58.52 ± 4.86 <sup>bAB</sup>
<i>Hae</i> III	Dd	35	19.84 ± 0.30	59.20 ± 4.23		GG	30	19.79 ± 0.11 <sup>bb</sup>	59.89 ± 1.99 <sup>bb</sup>
	dd	5	19.87 ± 0.04	58.29 ± 0.71					

注: 同一位点不同基因型间不同上标大写字母表示差异极显著 ( $P < 0.01$ ), 不同上标小写字母表示差异显著 ( $P < 0.05$ )。

Note: Different superscript capital letters indicate extreme difference between genotypes at the same locus ( $P < 0.01$ ), different superscript small letters indicate significant difference ( $P < 0.05$ ). The same as follows.

2.5 *H-FABP* 单倍型对胴体性状的影响

*H-FABP* 3 个位点共有 11 种单倍型组合, 其中 HH-DD-Aa、HH-dd-Aa、hh-Dd-AA、hh-DD-Aa 4 种单倍型都只有 1 个个体, 因此, 没有办法做多重比较, 其他 7 种组合的比较结果 (表 4) 表明, hh-DD-AA 型个体的背膘最厚, 为 20.11 mm, 与 HH-DD-AA、HH-Dd-AA、HH-Dd-Aa 和 Hh-DD-AA 差异均显著 ( $P < 0.05$ ); 瘦肉率也最低, 为 55.45%, 与上述 4 组差异也均显著 ( $P < 0.05$ ); HH-Dd-Aa 型背膘最薄、瘦肉率最高, 但除与 hh-DD-AA 型差异显著外, 与其他各型没有显著差异。

表 4 *H-FABP* 单倍型对苏淮猪胴体性状的影响

Table 4 Effects of *H-FABP* haplotype on carcass traits of Suhuai pigs

<i>H-FABP</i> 单倍型 <i>H-FABP</i> haplotype	样本数 Sample number	背膘厚/mm Back fat thickness	瘦肉率/% Lean meat rate
HH-DD-AA	11	19.77 ± 0.10 <sup>b</sup>	60.04 ± 1.67 <sup>a</sup>
HH-Dd-AA	16	19.84 ± 0.41 <sup>b</sup>	59.40 ± 5.41 <sup>a</sup>
HH-dd-AA	4	19.87 ± 0.04 <sup>ab</sup>	58.44 ± 0.72 <sup>ab</sup>
HH-Dd-Aa	7	19.73 ± 0.17 <sup>b</sup>	60.92 ± 2.79 <sup>a</sup>
Hh-DD-AA	17	19.83 ± 0.22 <sup>b</sup>	59.31 ± 4.10 <sup>a</sup>
Hh-Dd-AA	11	19.91 ± 0.16 <sup>ab</sup>	57.73 ± 2.77 <sup>ab</sup>
hh-DD-AA	13	20.11 ± 0.57 <sup>a</sup>	55.45 ± 7.61 <sup>b</sup>
$\bar{x}$	11	19.88 ± 0.33	58.67 ± 4.77

2.6 *HSL* 基因多态性对苏淮猪胴体性状的影响

多重比较显示 (表 3), GG 型个体背膘最薄, AA 型最厚, GG 与 AA 型差异极显著 ( $P < 0.01$ ), AG 型稍厚, 与 AA 型差异显著 ( $P < 0.05$ )。GG 型个体瘦肉率最高, 极显著地高于 AA 型个体 ( $P < 0.01$ ), AG 型个体的瘦肉率也显著高于 AA 型个体 ( $P < 0.05$ )。

### 3 讨论

本试验应用活体瘦肉率测定仪对后备猪进行胴体性状估测,减少了昂贵的屠宰试验,有利于将一些优良个体保留下来,加速了新品种的育成速度,四世代6月龄苏淮猪平均背膘厚为19.89 mm,瘦肉率达到58.48%,基本达到瘦肉型猪种的标准,并且背膘厚和瘦肉率之间极显著负相关,与瘦肉型猪种屠宰测定的结果相符合<sup>[11]</sup>。但通过该仪器测定出的背膘厚和瘦肉率值与实际值是否一致,其作为后备猪的选留指标准确性如何,还需要在实践中结合屠宰试验进行验证与校正。

*H-FABP* 基因在不同猪种中的多态性研究表明,在5'-UTR位点中外猪种存在丰富的多态性,而第2内含子上的2个变异,国内地方猪种大多为单态,国外猪种表现为多态,变异在中外猪种中分布极不平衡。林万华等<sup>[12]</sup>发现 *Hinf* I 位点 H 等位基因在外种猪占优势,而国内地方猪种则分布不规律,在其余2个位点上,所有地方猪种包括培育品种南昌白猪均为 AADD 型。庞卫军等<sup>[13]</sup>发现培育品种汉中白猪在这3个位点都存在多态性,优势等位基因分别为 H、D 和 A,苏淮猪这3个位点的等位基因频率分别是0.650、0.729和0.940,也是优势等位基因。苏淮猪 *Hinf* I 位点 H 等位基因频率偏向于国外猪种,而其他2个位点的遗传模式则偏向于地方猪种,可能与其有75%的大约克血统和25%的淮猪血统有关。

Gerbens 等<sup>[4]</sup>指出 *Hinf* I 位点对 IMF 含量的显性效应达0.21%,但对110 kg的B超背膘厚没有效应。Urban 等<sup>[14]</sup>发现大白和长白猪的 HH 型个体的 IMF 最高,但对屠宰胴体背膘厚没有影响。苏淮猪 HH 基因型个体的瘦肉率最高、背膘最薄,与上面的结果不同,说明 H 为有利于苏淮猪胴体性状的等位基因,也解释了 H 在国外瘦肉型猪种中占优势的原因。在 *Hae* III 位点上, Gerbens 等<sup>[4]</sup>指出 DD 基因型个体背膘为0.6 mm ( $P < 0.01$ ), Li 等<sup>[15]</sup>也发现“长白×蓝塘猪”F<sub>2</sub>代 DD 型个体100 kg活体背膘、6~7肋间背膘和平均背膘最薄。李长龙等<sup>[16]</sup>发现 DD 基因型个体对最后肋骨处胴体背膘厚影响不显著。本试验结果与李长龙等观点相似, *Hae* III 位点不同基因型对苏淮猪背膘厚和瘦肉率影响不显著,而与 Gerbens 等和 Li 等的结果相反,说明该位点对胴体性状的遗传效应还处于不稳定状态。

本试验分析了 *H-FABP* 3个变异位点的单倍型对胴体性状的影响,结果显示 HH-DD-AA 型和 HH-Dd-Aa 型的瘦肉率都超过了60%,而3个位点单独分析中最高瘦肉率仅为 HH 型的59.69%。因此,应用3个位点的单倍型分析可以进一步提高苏淮猪的瘦肉率;同时, hh-DD-AA 型的背膘最厚、瘦肉率最低,与 HH-DD-AA 相比,仅 *Hinf* I 位点不同,预示 H 等位基因能明显提高瘦肉率等性状,为有利于胴体性状的等位基因,在选育中应重点选留 HH 型个体。

*HSL* 的不同等位基因在中外猪种中的分布差异极显著。吴珍芳等<sup>[17]</sup>发现外显子 VIII 上存在2个 A→G 的 SNP (单核苷酸多态性),并使相应的氨基酸发生变化 (Asn→Asp、Glu→Gly),大白、长白猪的 N 等位基因超过80%,而梅山猪和通城猪的 M 等位基因频率在70%左右;杨阳等<sup>[18]</sup>发现外显子 VIII 第2301处发生 G→T 突变,使编码的氨基酸由 Glu 变为 Asp,大白、长白猪的 A 等位基因频率超过90%,梅山猪、民猪只有40%~50%;雷明刚等<sup>[19]</sup>发现外显子 I 上442 bp 处存在 G→A 变异,导致编码的氨基酸由 Val→Ile 的替换,大白、长白猪全为 GG 型,而脂肪型的清平猪、通城猪具有高达90%的 A 等位基因。以上说明 *HSL* 突变后产生的等位基因与不同类型的猪种相关联。值得注意的是,以上所有突变均使所编码的氨基酸发生了改变,这可能影响到 *HSL* 的活性,改变 *HSL* 基因对猪脂肪沉积的作用,进一步影响猪的背膘厚、瘦肉率和肌内脂肪等性状。本试验也证实了这一点,苏淮猪 GG 型个体具有最薄的背膘和最高的瘦肉率,说明 G 为有利于胴体性状的优良等位基因,可以重点加强对 GG 型个体的选留。

试验证明, *H-FABP*、*HSL* 基因多态性与苏淮猪胴体性状高度相关,可以将它们作为苏淮猪胴体性状的候选基因,在第五世代猪中可以继续应用它们加强对胴体性状的辅助选育,同时结合屠宰测定,保证 IMF 在理想范围内,相信经过重点选留可以将其培育成一个肉质优良的瘦肉型品种。

#### 参考文献:

- [1] 陈润生. 优质猪肉的指标及其度量方法 [J]. 养猪业, 2002(3): 1-5
- [2] Schaap F G, van der Vusse G J, Glatz J F C. Fatty acid-binding proteins in the heart [J]. Mol Cell Biochem, 1998, 180(1/2): 43-51

- [3] Gerbens F, Rettenberger G, Lenstra J A, et al. Characterization, chromosomal localization, and genetic variation of the porcine heart fatty acid-binding protein gene [J]. *Mammalian Genome*, 1997, 8(5): 328-332
- [4] Gerbens F, van Erp A J M, Harders F L, et al. Effect of genetic variants of the heart fatty acid-binding protein gene on intramuscular fat and performance traits in pigs [J]. *J Anim Sci*, 1999, 77: 846-852
- [5] Frayn K N, Coppack S W, Fielding B A, et al. Coordinated regulation of hormone-sensitive lipase and lipoprotein lipase in human adipose tissue *in vivo*: implications for the control of fat storage and fat mobilization [J]. *Advan Enzyme Regul*, 1995, 35: 163-178
- [6] Mellink C H, Lahbib-Mansais Y, Yerle M, et al. Localization of four new markers to pig chromosomes 1, 6 and 14 by radioactive *in situ* hybridization [J]. *Cytogenet Cell Genet*, 1993, 64: 256-260
- [7] Harbitz I, Chowdhary B, Thomsen P D, et al. Assignment of the porcine calcium release channel gene, a candidate for the malignant hyperthermia locus, to the 6p11-q21 segment of chromosome 6 [J]. *Genomics*, 1990, 8(2): 243-248
- [8] Egan J J, Greenberg A S, Chang M K, et al. Mechanism of hormones-stimulated lipolysis in adipocytes: translocation of hormone-sensitive lipase to lipid storage droplet [J]. *Proc Natl Acad Sci USA*, 1992, 89: 8537-8541
- [9] Holst L S, Langin D, Mulder H, et al. Molecular cloning, genomic organization, and expression of a testicular isoform of hormone-sensitive lipase [J]. *Genomics*, 1996, 35(3): 441-447
- [10] Knoll A, Stratil A, Nebola M, et al. Characterization of a polymorphism in exon I of the porcine hormone sensitive lipase (*LIPE*) gene [J]. *Animal Genetics*, 1998, 29: 460-477
- [11] 金访中, 黄瑞华, 王松均, 等. 长白猪胴体组成与瘦肉率的关系 [J]. *南京农业大学学报*, 2000, 23(1): 55-57
- [12] 林万华, 黄路生, 任军, 等. 中外十个猪种 H-FABP 基因遗传变异的研究 [J]. *遗传学报*, 2002, 29(1): 12-15
- [13] 庞卫军, 孙世铎, 李影, 等. 西部地区主要猪种和野猪 *H-FABP* 基因分子标记与 IMF 含量关系 [J]. *遗传*, 2005, 27(3): 351-356
- [14] Urban T, Mikolasova R, Kuciel J, et al. A study of associations of the *H-FABP* genotypes with fat and meat production of pigs [J]. *J Appl Genet*, 2002, 43(4): 505-509
- [15] Li Jia-qi, Zhang Hao, Wang Chong, et al. Genetic effects of *H-FABP* gene on some pig economic important traits in a  $F_2$  resource population [J]. *Agricultural Sciences in China*, 2003, 2(3): 321-324
- [16] 李长龙, 潘玉春, 孟和, 等. *H-FABP*、*MC4R*、*ADD1* 基因多态性在 3 个猪群中分布及其与肌肉脂肪和背膘的相关研究 [J]. *遗传*, 2006, 28(2): 159-164
- [17] 吴珍芳, 熊远著, Harbitz I, 等. 猪 *HSL* 基因多态性研究及其部分 DNA 片段的测序 [J]. *遗传学报*, 2000, 27(8): 686-690
- [18] 杨阳, 姜运良, 胡晓湘, 等. 猪激素敏感脂肪酶基因 (*HSL*) 外显子 VIII 的 SSCP 分析 [J]. *农业生物技术学报*, 2001, 9(2): 142-144
- [19] 雷明刚, 吴珍芳, 邓昌彦, 等. 不同品种猪 *HSL* 基因 5'-UTR 和外显子 I 片段的克隆测序及多态性分析 [J]. *遗传学报*, 2005, 32(4): 354-359

责任编辑: 周广礼