

MyoD 基因在不同猪种中的 PCR-RFLP 遗传多态性及其遗传效应研究

朱 砾, 李学伟*

(四川农业大学动物科技学院, 雅安 625014)

摘 要: 采用 PCR-RFLP 的方法分析了 *MyoD* 基因在 10 个中外猪种及部分杂交群体中的分布情况, 并分析了 *MyoD* 基因对肌纤维、胴体品质、胴体等级性状和肉质性状的遗传效应。结果表明: *MyoD* 基因内含子 1 内的 *Dde*I 酶切位点多态性较丰富。在多数地方猪种群中, *C* 基因的分布具有绝对优势, 且主要以杂合子 *AC* 形式存在。突变型 *A* 基因对胴体性状和胴体等级性状的影响较大, 可极显著地增加胴体瘦肉率和眼肌面积, 降低皮脂含量, 提高腿臀比例, 增加胴体长度 ($P < 0.01$), 同时会降低猪肉品质。具体讲, *A* 基因对增加肌纤维面积的加性效应值和显性效应值分别为 $457.915 \mu\text{m}^2$ 和 $431.055 \mu\text{m}^2$; 对增加胴体瘦肉率的加性效应值和显性效应值分别为 3.594% 和 -0.153%; 对增加眼肌面积的加性效应值和显性效应值分别为 3.084cm^2 和 -0.46cm^2 ; 对皮脂率的加性效应值和显性效应值分别为 -3.916% 和 0.666%; 对提高腿臀比的加性效应值为 0.771%, 显性效应值为 0.068%。*A* 基因对屠宰后 45 min 和冷藏 24 h 后的肉色评分的加性效应值分别为 -0.145 和 -0.160, 显性效应值分别为 -0.052 和 -0.213。

关键词: 猪; *MyoD* 基因; 遗传多态性; 遗传效应

中图分类号: S828.2

文献标识码: A

文章编号: 0366-6964(2005)08-0761-06

高生长速度和高产肉量一直是猪育种工作的目标, 肌纤维的发育情况将直接决定以上性状^[1]。肌纤维是在胚胎发育过程中由体节细胞经一系列的增殖和分化而形成, 有大量调控因子参与这一过程^[2,3]。生肌调节因子家族 (Myogenic regulatory factors, MRFs) 是参与肌肉发生过程分子调控的一个重要基因家族, 是启动和维持骨骼肌细胞分化发育和生长的一个主要调控基因家族^[4-7], 包括 4 个结构相似的基因: *MyoD1* (*Myf-3* 或 *MyoD*)、*Myogenin* (*Myf-4* 或 *MyoG*)、*Myf-5*、*Myf-6* (*MRF4* 或 *herculin*)。

MRFs 家族各基因在肌肉发生过程中具有不同的时空表达模式, 各自发挥不同作用。在 Michael 等^[8] 基因敲除试验中发现缺乏 *MyoD* 和 *Myf-5* 基因的小鼠完全丧失了运动能力, 出生后迅速死亡, 个体内没有检测到骨骼肌特异性 mRNAs。其它针对肌原性细胞系的试验也证明细胞的分化能力与 *MyoD* 基因的表达水平相关。*MyoD* 基因的过度表

达会抑制成肌细胞的增殖过程, 并促进成肌细胞分化形成成熟的肌纤维细胞^[9,10]。此外, *MyoD* 基因还会通过影响 *MyoG* 基因的活性来间接影响肌细胞的终端分化过程^[4]。个体出生后 *MyoD*、*Myf-5* 和 *MyoG* 基因仅在肌卫星细胞中表达, 并影响肌卫星细胞的活性^[11,12]。肌卫星细胞的增殖和分化可以影响个体的肌肉生长速度和产量, 故 *MyoD* 基因的结构变异可能会影响一些与肌肉相关的生产性状^[13-15]。本研究运用 PCR-RFLPs 的方法对 *MyoD* 基因的遗传多态性及其遗传效应进行了研究。

1 材料与方法

1.1 材料

以雅安南猪 (Yanan pig, YN)、荣昌猪 (Rongchang pig, RC)、藏猪 (Tibetan pig, TB)、五指山猪 (Wuzhishan pig, WZS)、大河猪 (Dahe pig, DH) 等 5 个中国地方猪种, 杜洛克 (Duroc, D) 和长白猪 (Landrace, L) 2 个引进猪种, 1 个培育品种大河乌猪 (Dahewu pig, DW), 以及长雅 (L × Yanan, LYa) 和 DLY 等 2 种杂交猪共 10 个品种 (群体) 168 头个体为试验材料。各地方猪种和大河乌猪均采自原产地保种场, 外种猪采自四川省原种猪场和内江市种猪场, 杂交猪采自四川农业大学试验猪场。采

收稿日期: 2004-08-17

基金项目: 国家“十五”科技攻关项目 (2002BA514A-1-2); 四川省“十五”重点科技攻关项目

作者简介: 朱 砾 (1975-), 男, 四川旺苍人, 博士, 主要从事动物遗传育种研究。E-mail: zhuli@sicau.edu.cn

* 通讯作者: 李学伟, Tel: 0835-2883015

耳组织约 1.0g, 冰冻处理后带回实验室分析。

1.2 屠宰测定

选取部分试验猪于相同环境条件下饲喂, 达适宜体重后分批屠宰, 进行现场的肉质性状、胴体等级性状和胴体性状测定。屠宰时采最后胸椎处眼肌中部肌肉组织块制成肌纤维石蜡组织切片以测定肌纤维生长性状, 主要测定各肌束内肌纤维的长径和短径, 肌纤维面积 = $0.7 \times \text{长径} \times \text{短径}$ 。

1.3 基因型检测

根据 GenBank U12574 序列, 运用 Primer 5.0 软件设计引物, 扩增出 497 bp 的包含 *MyoD* 基因内含子 1 和部分外显子 2 序列后用 *Dde* I 内切酶酶切, 对 *MyoD* 基因在不同猪品种群体中的多态性分布进行分析。

1.4 数据处理

采用 HWSIM 程序 (<http://krunch.med.yale.edu/hwsim/>) 对各品种群体内不同基因型分布进行 Hardy-Weinberg 平衡的卡方适合性检验。

1.5 统计分析

用 SAS 软件 (SAS Institute Inc, Version 6.12) 检验各基因座位的基因型频率和基因频率在品种间的差异性。以单标记回归模型分析各基因座位与相关性状间的关联性, 数学模型如下:

$$y_{ijkl} = \mu + b_i + g_j + s_k + b_{ijk}x + e_{ijkl}$$

式中, y_{ijkl} 表示各性状表型值, μ 表示总体平均值, b_i 为第 i 品种效应 ($i=1, 2, 3, 4$ 分别对应雅南猪、

长雅猪、大河猪和大河乌猪), g_j 为第 j 种基因型效应 ($j=AA, AC, CC$), s_k 为性别效应, b_{ijk} 为屠宰体重的回归系数, x 为屠宰体重, e_{ijkl} 为随机误差效应。

由于受地方品种保种群体规模的限制, 在进行性状分析时将各品种数据合并, 并在统计模型中纳入品种效应, 以消除品种因素对性状值的影响作用。

2 结果与分析

2.1 *MyoD* 基因的 PCR-RFLP 多态性分析

扩增产物的内含子 1 内存在一处 *Dde* I 酶切位点多态性, 缺乏该位点的称为 C 基因, 长为 497 bp; 被切为 268 bp 和 229 bp 2 条带的称为 A 基因。各品种群体内 *MyoD* 基因的 *Dde* I 酶切基因型频率与基因频率以及对不同品种群体内基因型分布的检验结果列于表 1。

由表 1 可知: 该位点多态性较丰富。在藏猪群体中, A 基因频率较高, 为 0.583, C 基因频率为 0.417。大河乌猪群体中, A 基因与 C 基因频率都为 0.50。其它各品种群体中则表现为 C 基因频率较高, 且主要以杂合子形式存在。以杜洛克的杂合基因型频率最高, 达 0.90。与杜洛克有密切血缘关系的 DLY 杂交群体和培育品种大河乌猪中, 杂合基因型的频率也分别达到 0.641 和 0.60。但在大河猪、雅南猪、长白猪和长雅杂交猪群体中则 CC 纯合子的频率较高, CC 基因型频率分别为 0.900、0.833、0.600 和 0.548。

表 1 *MyoD* 基因 *Dde* I 酶切基因型及其等位基因在不同猪种中的分布

Table 1 The distribution of the genotypes and the allele of *MyoD* gene in different pig breeds

类群 Breed type	品种 Breeds	n	基因型频率 Genotype frequency			基因频率 Gene frequency		χ^2
			AA	AC	CC	A	C	
地方品种 Native breeds	YN	30	0.00	16.67 ± 6.92 ^{cd}	83.33 ± 6.92 ^a	8.33 ± 3.46 ^{de}	91.67 ± 3.46 ^{ab}	0.248
	RC	7	0.00	57.14 ± 20.20 ^{abc}	42.86 ± 20.20 ^{bed}	28.57 ± 10.10 ^{bcde}	71.43 ± 10.10 ^{abcd}	1.120
	WZS	15	6.67 ± 6.67 ^a	53.33 ± 13.33 ^{abc}	40.00 ± 13.09 ^{bed}	33.33 ± 7.97 ^{abcd}	66.67 ± 7.97 ^{bcde}	0.600
	TB	6	33.33 ± 21.08 ^a	50.00 ± 22.36 ^{abcd}	16.67 ± 16.67 ^{cd}	58.33 ± 15.37 ^a	41.67 ± 15.37 ^c	0.005
	DH	10	0.00	10.00 ± 10.00 ^d	90.00 ± 10.00 ^a	5.00 ± 5.00 ^e	95.00 ± 5.00 ^a	0.028
培育品种 Developed	DW	10	20.0 ± 13.33 ^{ab}	60.00 ± 16.33 ^{abc}	20.00 ± 13.33 ^{bed}	50.00 ± 10.54 ^{ab}	50.00 ± 10.54 ^{de}	0.400
杂交群体 Hybrid	LYa	31	9.677 ± 5.40 ^b	35.48 ± 8.74 ^{bed}	54.84 ± 9.09 ^{abc}	27.42 ± 6.06 ^{bcde}	72.58 ± 6.06 ^{abcd}	0.365
	DLY	39	7.69 ± 4.32 ^b	64.10 ± 7.78 ^{ab}	28.21 ± 7.30 ^{bcd}	39.74 ± 4.57 ^{abc}	60.26 ± 4.57 ^{cde}	4.465 [*]
引进品种 Foreign	D	10	0.00	90.00 ± 10.00 ^a	10.00 ± 10.00 ^d	45.00 ± 5.00 ^{abc}	55.00 ± 5.00 ^{cde}	6.694 [*]
	L	10	0.00	40.00 ± 16.33 ^{bed}	60.00 ± 16.33 ^{ab}	20.00 ± 8.16 ^{cde}	80.00 ± 8.16 ^{abc}	0.625
总计 Total		168	6.55 ± 1.91	45.24 ± 3.85	48.21 ± 3.87	29.17 ± 2.37	70.83 ± 2.37	

基因型及基因频率值均 $\times 100$, 表达式为最小二乘平均值 \pm 标准误差; χ^2 值为对各品种群体内不同基因型分布的 Hardy-Weinberg 平衡检验值; 上标* 表示差异显著 ($P < 0.05$)

Genotypes and allele frequencies are given by $n \times 100$, score values are LSM \pm standard error (SE). The values of χ^2 are from the test of the distribution of different genotypes for Hardy-Weinberg equilibrium in different pig breeds. Means bearing different superscripts differ significantly at $P < 0.05$

对各群体内 *MyoD* 基因的 *Dde* I 酶切 RFLP 多态性的不同基因型分布服从 Hardy-Weinberg 平衡的卡方适合性检验。结果表明除杜洛克及其杂交后代 DLY 群体显著偏离外 ($P < 0.05$), 其它各群体内的分布都符合 Hardy-Weinberg 平衡 ($P > 0.05$), 说明就 *MyoD* 基因的 *Dde* I 酶切位点而言, 这些品种群体都遵循随机交配模式。

2.2 *MyoD* 基因的 PCR-RFLP 多态性与肌纤维生长性状的关联性分析

由表 2 可知, *MyoD* 基因对肌纤维生长性状的影响作用表现为: A 基因具有使肌纤维生长更充分, 直径变粗, 面积变大的作用。具体来看, 其 AA 纯合

子肌纤维的直径 (72.899、72.324 μm) 和 AC 杂合子的肌纤维直径 (73.081、72.465 μm) 显著地大于 CC 纯合子的肌纤维直径 (64.148、63.425 μm) ($P < 0.05$), AA 纯合子与 AC 杂合子间差异不显著 ($P > 0.05$)。A 基因对增加肌纤维直径的加性效应值分别为 4.376 和 4.450 μm , 而显性效应则分别为 4.558 和 4.591 μm 。就肌纤维面积而言, AA 纯合子 (3790.45 μm^2) 和 AC 杂合子 (3763.59 μm^2) 都显著大于 CC 纯合子 (2874.62 μm^2) ($P < 0.05$), AA 和 AC 间差异不显著 ($P > 0.05$)。A 基因对增加肌纤维面积的加性效应值和显性效应值分别为 457.915 和 431.055 μm^2 。

表 2 *MyoD* 基因的不同基因型对肌纤维生长性状的影响

Table 2 Effect of different genotype in *MyoD* gene on muscle fiber traits

基因型 Genotype	n	肌纤维面积/ μm^2 Muscle fiber size		直径 1/ μm Diameter 1		直径 2/ μm Diameter 2	
		LSM	SE	LSM	SE	LSM	SE
		AA	21	3790.450 ^a	1376.800	72.899 ^a	14.103
AC	26	3763.590 ^a	1156.810	73.081 ^a	11.580	72.465 ^a	11.417
CC	4	2874.620 ^b	990.726	64.148 ^b	10.528	63.425 ^b	10.574

直径 1 表示肌纤维长短径的算术平均数; 直径 2 表示肌纤维长短径的几何平均数; 上标不同小写字母表示差异显著 ($P < 0.05$)

Diameter 1 means the arithmetical means of muscle fiber, Diameter 2 means the geometrical means of muscle fiber; means bearing different superscripts differ significantly at $P < 0.05$

2.3 *MyoD* 基因的 PCR-RFLP 多态性与胴体性状的关联性分析

由表 3 可知, *MyoD* 基因对胴体性状的影响作用较大。表现为: A 基因具有增加胴体瘦肉率和眼

肌面积, 降低皮脂含量, 提高腿臀比例, 增加胴体长度等提高胴体产肉量和品质的作用。具体讲, AA 纯合子的胴体瘦肉率为 52.028%, 极显著地高于 AC 杂合子的 48.281%, AC 极显著地高于 CC 纯合

表 3 *MyoD* 基因的不同基因型对胴体性状的影响

Table 3 Effect of different genotype in *MyoD* gene on carcass quality traits

基因型 Genotype	n		屠宰率 Dressing percent / %	胴体长 Carcass length / cm	6~7 肋膘厚 Backfat thickness / cm	三点平均	眼肌面积 Loin eye area / cm^2	腿臀比 Hog percent / %	骨率 Bone percent / %	皮脂率 Carcass fat percent / %	瘦肉率 Lean percent / %
						Mean backfat thickness / cm					
AA	5	LSM	67.704 ^b	78.000 ^{Aa}	3.996	3.436	28.005 ^{Aa}	27.967 ^A	10.292	37.679 ^{Bc}	52.028 ^A
		SE	5.058	0.707	0.299	0.337	4.091	1.334	0.864	3.481	3.969
AC	23	LSM	73.544 ^A	75.891 ^{ABb}	3.804	3.516	24.461 ^{Bb}	27.128 ^{AB}	9.658	42.260 ^{Ab}	48.281 ^B
		SE	4.624	4.210	0.809	0.436	4.008	1.686	1.355	5.701	5.700
CC	53	LSM	72.782 ^A	73.340 ^{Bc}	3.819	3.684	21.837 ^{Bc}	26.425 ^B	9.584	45.510 ^{Aa}	44.840 ^C
		SE	2.986	3.539	0.703	0.603	5.244	1.620	1.268	5.537	4.991

三点平均背膘厚表示肩部最厚处、胸腰椎结合处和腰荐椎结合处三点背膘厚的平均值; 上标不同小写字母表示差异显著 ($P < 0.05$), 上标不同大写字母表示差异极显著 ($P < 0.01$)

The mean backfat thickness is the mean value of 3 points of backfat thickness tested over the shoulder, at the last rib and sacrum respectively. Within rows and individual gene genotypes means bearing different superscripts differ significantly at $P < 0.05$, bearing different capital scripts differ significantly at $P < 0.01$

子的 44.84% ($P < 0.01$)。A 基因对增加胴体瘦肉率的加性效应值为 3.594%，显性效应值为 -0.153%；AA 纯合子的眼肌面积为 28.005 cm²，极显著地大于 AC 杂合子的 24.461 cm² 和 CC 纯合子的 21.837 cm² ($P < 0.01$)，AC 与 CC 间差异显著 ($P < 0.05$)。A 基因对增加眼肌面积的加性效应值为 3.084 cm²，显性效应值为 -0.46 cm²；AA 纯合子的皮脂率 (37.679%) 极显著地低于 CC 纯合子 (45.510%) 和 AC 杂合子 (42.26%) ($P < 0.01$)，CC 与 AC 间差异显著 ($P < 0.05$)。A 基因对降低皮脂率的加性效应值为 -3.916%，显性效应值为 0.666%；此外，AA 纯合子具有最高的腿臀比 (27.967%)，和最长的胴体 (78.00 cm)，极显著地高于 CC 纯合子的腿臀比 (26.425%) 和胴体长 (73.34 cm)，AC 杂合子的腿臀比介于前两者之间，为 27.128%，且与前两者间的差异都不显著 ($P < 0.05$)。AC 杂合子的胴体长为 75.891 cm，显著地

长于 CC 纯合子 ($P < 0.05$)。A 基因对提高腿臀比的加性效应值为 0.771%，显性效应值为 0.068%。

2.4 MyoD 基因的 PCR-RFLP 多态性与胴体等级性状的关联性分析

用 FOM 肉脂仪在屠宰现场对试验猪进行了胴体等级性状的测定，结果见表 4。由表可知，CC 纯合子倒数第 3~4 肋骨间离背中线 4~5 cm 处眼肌厚度的 FOM 测定值为 48.000 mm，显著地大于 AA 纯合子的 42.000 mm ($P < 0.05$)。AC 杂合子为 45.560 mm，介于前两者之间，且差异都不显著 ($P > 0.05$)。C 基因增加眼肌厚度的加性效应值和显性效应值分别为 3.000 mm 和 0.560 mm。

2.5 MyoD 基因的 PCR-RFLP 多态性与肉质性状的关联性分析

由表 5 可知，突变型 AA 纯合子屠宰后 45 min 的肉色评分为 2.938，极显著地低于 CC 纯合子的 3.227 ($P < 0.01$)，AC 杂合子 (3.031) 介于前两者之

表 4 MyoD 基因的不同基因型对 FOM 肉脂仪测定胴体等级性状的影响

Table 4 Effect of different genotype in MyoD gene on carcass grading traits

基因型 Genotype	n		最后肋骨膘厚 Backfat thickness at last rib / mm, P2	倒数 3~4 肋骨膘厚 Backfat thickness at last 3~4 rib / mm, RF	倒数 3~4 肋骨 处眼肌厚度 Loin thickness at last 3~4 rib / mm, RM	FOM 测定瘦肉率 FOM lean percent / %	光反射值 Reflex value / REFL	胴体重 Carcass weight / kg
AA	3	LSM	14.667	14.667	42.000 ^b	52.73 ^{AB}	24.667	58.700
		SE	3.786	4.041	2.646	3.873	1.528	3.905
AC	25	LSM	14.440	17.840	45.560 ^{ab}	52.460 ^B	25.520	60.160
		SE	4.814	9.086	4.620	4.777	5.825	6.120
CC	11	LSM	13.909	14.455	48.000 ^a	54.509 ^A	24.818	58.609
		SE	3.807	3.588	4.583	2.807	2.523	6.188

测定部位为相应部位离背中线 4~5 cm 处 The test site is 4 to 5 cm from the midline of according site

表 5 MyoD 基因的不同基因型对肉质性状的影响

Table 5 Effect of different genotype in MyoD gene on meat quality traits

基因型 Genotype	n		贮存损失/ % Drip loss	pH1	失水率/ % Water loss	CS1	L1	pH2
AA	8	LSM	1.810	6.353	18.636	2.938 ^b	42.874	5.855
		SE	0.680	0.229	15.288	0.563	2.321	0.425
AC	48	LSM	2.197	6.194	17.821	3.031 ^{ab}	42.470	5.876
		SE	1.025	0.284	9.373	0.520	3.002	0.278
CC	64	LSM	1.980	6.293	19.744	3.227 ^a	41.670	5.910
		SE	1.215	0.326	7.103	0.356	3.435	0.362
基因型 Genotype	n		大理石纹评分 Marbling score	熟肉率/ % Cooking loss	肌内脂肪含量/ % Intramuscular fat content	CS2	L2	
AA	8	LSM	3.125	72.249	4.798 ^a	2.938 ^b	44.855	
		SE	1.217	2.934	3.477	0.496	6.321	

续表 5

基因型 Genotype	n	大理石纹评分 Marbling score	熟肉率/% Cooking loss	肌内脂肪含量/% Intramuscular fat content	CS2	L2	
AC	48	LSM	2.896	72.211	3.279 ^b	2.885 ^b	45.802
		SE	0.758	5.908	1.547	0.612	4.898
CC	64	LSM	2.984	72.208	4.376 ^a	3.258 ^a	43.612
		SE	0.604	4.842	1.941	0.504	5.647

pH1 表示屠宰后 45 min 测定的 pH, pH2 表示屠宰后冷冻 24 h 测定的 pH; CS1 表示屠宰后 45 min 用比色板评定法测定的肉色评分, CS2 表示屠宰后冷冻 24 h 用比色板评定法测定的肉色评分; L1 表示屠宰后 45 min 用 Minota CR300 测定的光反射值, L2 表示屠宰后冷冻 24 h 用 Minota CR300 测定的光反射值; 上标不同的小写字母表示差异显著 ($P < 0.05$)

pH1 and pH2 are the pH tested at 45 minutes and 24 hours after slaughtered; CS1 and CS2 are the meat colour scores tested by colour plate at 45 minutes and 24 hours after slaughtered; L1 and L2 are the reflected scores of light tested by Minota CR300 at 45 minutes and 24 hours after slaughtered; Within rows and individual gene genotypes means bearing different superscripts differ significantly at $P < 0.05$.

间, 且差异都不显著 ($P > 0.05$)。冷藏 24 h 后 AA 纯合子的肉色评分为 2.938, 显著低于 CC 纯合子的 3.258 ($P < 0.05$), 与 AC 杂合子 (2.885) 的差异不显著 ($P > 0.05$)。A 基因对屠宰 45 min 和冷藏 24 h 后的肉色评分的加性效应值分别为 -0.145 和 -0.160, 显性效应值分别为 -0.052 和 -0.213。就肌内脂肪含量而言, AA (4.798%) 和 CC (4.376%) 两种纯合子均显著地高于 AC 杂合子 (3.279%) ($P < 0.05$), AA 与 CC 间差异不显著 ($P > 0.05$)。总体上说 A 基因会降低肉质性状表现。

3 讨 论

3.1 *MyoD* 基因的 *Dde* I 酶切位点的多态性较为丰富。在藏猪群体中, A 基因占优势, 大河乌猪群体中, A 基因与 C 基因频率相同, 且 AA 型和 CC 型 2 种纯合基因型频率也相同。而其它品种中, C 基因的分布占绝对优势, 且主要以杂合子存在。基因的分布大都符合 Hardy-Weinberg 平衡。上述结果与 Knoll^[13-15] 等的报道相一致。

3.2 *MyoD* 的 A 突变基因具有使肌纤维生长更充分, 肌纤维变粗, 面积增大的作用。A 基因还具有增加胴体瘦肉率和眼肌面积, 降低皮脂含量, 提高腿臀比例, 增加胴体长度等提高胴体品质的效应, 但 A 基因也会导致肉质的劣变。这些效应可能与 *MyoD* 基因在肌肉生成的早期表达, 参与早期肌肉分化的作用有关^[2,3]。上述结果与 Cieslak^[15] 等的结果相一致。但 Jolanta^[14] 等的研究表明, *MyoD* 基因对胴体性状的遗传效应依赖于所研究的品系。对此, 还需要进一步的研究。

3.3 Cieslak^[15] 等对波兰 2 个种猪场内 7 个品种共 229 头猪进行了 *MyoD* 基因型与胴体等级性状间的

相关性分析, 结果表明 *MyoD* 基因型会对胴体的分割肉产生显著影响, 但是在两次重复试验间的试验结果却完全相反。据此, 他们推断可能还存在一个未知的连锁位点在影响相关性状的表型。本次试验结果表明 *MyoD* 的 C 基因具有使眼肌厚度增加的遗传效应。

综合考虑 *MyoD* 基因在地方猪种与引进猪种中分布的频率差异和中外猪种间在胴体品质和肉质性状表现上的巨大差异, 有必要将 *MyoD* 基因作为提高胴体品质的候选基因进行深入研究。

参考文献:

- [1] Wicke M, Maak S, Lengerken Von G. Structural and functional traits of the skeletal muscle for the improvement of pork quality [J]. Polish Journal of Food and Nutrition Science, 1998, 7(4), 21~31.
- [2] Te Pas M F, Visscher A H. Genetic regulation of meat production by embryonic muscle formation—a review [J]. Journal of Animal Breeding and Genetics, 1994, 111: 404~412.
- [3] Olson E, Brennan T J, Charkraborty T C, et al. Molecular control of myogenesis: antagonism between growth and differentiation [J]. Molecular and Cellular Biochemistry, 1991, 104: 7~13.
- [4] Weintraub H. The *MyoD* family and myogenesis: redundancy, networks and thresholds [J]. Cell, 1993, 75: 1241~1244.
- [5] Olson E. *MyoD* family: a paradigm for development? [J]. Genes Dev, 1990, 4: 1454~1461.
- [6] 姜运良, 李 宁, 吴常信. 肌肉生成的分子生物学研究进展 [J]. 农业生物技术学报, 1999, 7(2): 201~204.
- [7] 刘丑生, 赵兴波, 李 宁, 等. 动物肌肉生长发育调控的功能基因研究进展 [J]. 中国畜牧杂志, 2003, 5

- (39): 48~ 49.
- [8] Michael A, Rudnicki, Patrick N, et al. *MyoD* or *Myf-5* is Required for the formation of skeletal muscle [J]. *Cell*, 1993, 75: 1 351~ 1 359.
- [9] Te Pas M F, Verbung F J, Gerritsen C L, et al. Messenger ribonucleic acid expression of the *MyoD* gene family in muscle tissue at slaughter in relation to selection for porcine growth rate [J]. *Journal of Animal Science*, 2000, 78: 69~ 77.
- [10] Kablar B, Krastel K, Ying C H, et al. *MyoD* and *Myf-5* differentially regulate the development of limb versus trunk skeletal muscle [J]. *Development*, 1997, 124 (23): 4 729~ 4 738.
- [11] Megeny L A, Kablar B, Garrett K, et al. *MyoD* is required for myogenic stem cell function in adult skeletal muscle [J]. *Genes Dev*, 1996, 10: 1 173~ 1 183.
- [12] Smith C K, Janney M J, Allen R E. Temporal expression of myogenic regulatory genes during activation, proliferation, and differentiation of rat skeletal muscle satellite cells [J]. *J Cell Physiol*, 1994, 159: 379~ 385.
- [13] Knoll A, Nebola M, Dvorak J, et al. Detection of a *Dde I* PCR-RFLP within intron 1 of the porcine *MYOD1* (*MYF-3*) locus [J]. *Animal Genetics*, 1997, 28(4): 308~ 322.
- [14] Jolanta K, Wojciech K, Danuta C, et al. Are polymorphisms in noncoding regions of porcine *MyoD* genes suitable for predicting meat and fat deposition in the carcass? [J]. *Animal Science Papers and Reports*, 2002, 20(4): 245~ 254.
- [15] Cieslak D, Kapelanski W, Blicharski T, et al. Restriction fragment length polymorphisms in *myogenin* and *myf-3* genes and their influence on lean meat content in pigs [J]. *J Anim Breed Genet*, 2000, 17: 43~ 55.

PCR-RFLP Polymorphisms and Genetic Effects of *MyoD* Gene in Different Pig Breeds

ZHU Li, LI Xuewei*

(College of Animal Science and Technology, Sichuan Agricultural University, Ya'an 625014, China)

Abstract: PCR-RFLP technique was applied in this study to analyze the distribution of *MyoD* genotypes in 10 different pig breeds and pig breed crosses. The genetic effects of *MyoD* gene on muscle fiber, carcass quality, carcass grading traits and meat quality traits were analyzed. The results indicated that the *MyoD/Dde I* polymorphisms detected in the intron 1 of the gene were abundant in these testing pig breed groups. The C allele was more frequent in most Chinese native pig breeds and mainly existed in the form of AC heterozygotes. The mutation allele A had significant positive effects on most of carcass quality traits and carcass grading traits, but had negative effects on most of meat quality traits. The A allele can highly significantly increase the carcass lean percent, loin eye area, ham percent and carcass length, and decrease fat content ($P < 0.01$). The A allele had additive effects of increasing 457.915 μm^2 of the size of muscle fiber, 3.594% of the carcass lean percent, 3.084 cm^2 of the loin eye area, - 3.915 5% of the carcass fat content, 0.771% of the ham percent, - 0.145 and - 0.160 of the meat color score tested by color plate at 45 minutes and 24 hours after slaughtered. The A allele had dominant effects of increasing 431.055 μm^2 of the size of muscle fiber, - 0.153% of the carcass lean percent, - 0.46 cm^2 of loin eye area, 0.666% of the carcass fat content, 0.068% of the ham percent, - 0.052 and - 0.213 of the meat color score tested by color plate at 45 minutes and 24 hours after slaughter respectively.

Key words: pig; *MyoD* gene; genetic polymorphism; genetic effect

* Corresponding author