

MyoD 基因在不同猪种中的分布及 群体遗传结构分析

朱 砾, 李学伟*, 帅素容, 李芳琼, 陈 磊, 李明洲

(四川农业大学动物科学技术学院, 雅安 625014)

摘 要: 利用 RFLP 法检测了 *MyoD* 基因在 10 个中外猪种及部分杂交群体中的分布情况, 分析了各群体内 *MyoD* 基因的遗传分布、遗传变异、群体杂合性等群体遗传信息, 并进一步以各群体基因频率为基础, 计算出群体间遗传距离和进化距离, 根据进化距离对群体进行聚类, 重建了系统发生树。结果表明: *MyoD* 基因内含子 1 的 *Dde* I 酶切位点上不同基因型的分布在多数群体中都服从 Hardy-Weinberg 平衡, 但在杜洛克和 DLY 群体中发生偏离。总体上讲, 各试验群体的遗传多样性较丰富, 群体遗传变异性较高, 进化过程中受到自然选择压的作用, 选择潜力较大。在系统发生树上, 10 个群体被分为 4 个分枝。分别是长白猪血缘、原始地方品种、杜洛克血缘和高原藏猪分枝。这一结果与各猪种的育种过程有较高的吻合性。说明部分功能基因的 RFLP 数据可用于近缘物种间的遗传分化研究。

关键词: 猪; *MyoD* 基因; 遗传多态性; 系统发育

中图分类号: S828.2

文献标识码: A

文章编号: 0366-6964(2007)01-0001-07

The Genetic Distribution and Population Genetic Structure Analysis of *MyoD* Gene in Different Pig Breeds

ZHU Li, LI Xue-wei*, SHUAI Su-rong, LI Fang-qiong, CHEN Lei, LI Ming-zhou

(College of Animal Science and Technology,

Sichuan Agricultural University, Ya'an 625014, China)

Abstract: RFLP technique was applied in this study to analyze the distribution of *MyoD* gene in 10 different pig breeds and pig breed crosses. The population genetic information about genetic distribution, variation, and heterozygosity of *MyoD* gene in different breed population was analyzed. Based on allele frequency, genetic distance and evolution distance among each breed populations were calculated and UPGMA phylogenetic tree was got based on the evolution distances between populations. The results indicated that the distribution of *MyoD* genotype keep in Hardy-Weinberg equilibrium in most testing groups but not in Duroc and DLY population. Generally speaking, the genetic diversity of *MyoD* gene was abundant and these testing breed groups with high genetic variation. The evolution of *MyoD* gene was under natural selection pressure. The 10 pig breeds were divided into 4 clusters. The first cluster was consisted of four breeds developed from Landrace, the second cluster was two Chinese indigenous pig breeds, the third cluster was three breeds developed from Duroc and the fourth cluster was Tibetan pig breed. The phylogenetic tree was consistent with breeding facts of each breed. From this experiment, we concluded that

收稿日期: 2006-02-15

基金项目: 教育部长江学者和创新团队发展计划(IRT0555-6); 四川省“十五”重点项目“外种猪联合育种”; 四川农业大学青年科技创新基金(002301)

作者简介: 朱 砾(1975-), 男, 四川旺苍人, 博士, 副教授, 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, 博士, 教授, 主要从事动物遗传育种研究, Tel: 0835-2886000

some RFLP data from functional gene could be used in the evolution research of some closely related species.

Key words: pig; *MyoD* gene; genetic diversity; phylogenesis

MyoD 基因是生肌调节因子家族(MRFs)的一员,参与肌肉发生过程中启动和维持骨骼肌细胞的分化发育和生长^[1,2]。试验证明肌原细胞的分化能力与 *MyoD* 基因的表达水平相关。*MyoD* 基因的过渡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^[3,4]。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^[2]。出生后 *MyoD* 基因仅在肌卫星细胞中表达,并影响其活性^[3,4]。肌卫星细胞的增殖和分化可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影响与肌肉相关的生产性状^[5~9]。由于 *MyoD* 基因的重要功能,该基因在遗传上较保守。

在研究群体遗传结构和起源进化过程中,常选用微卫星和核苷酸序列等多态信息含量高的遗传标记^[10~12]。由于 RFLP 标记检测的核苷酸替代数目相对较少,故通常不是进行群体遗传结构和系统发育研究的理想标记。但 RFLP 是一种检测核苷酸替代的快速廉价的方法,并且具有共显性的特征^[13,14]。Avisé^[11] 证明当序列关系很近时,RFLP 标记能够精确反应群体遗传结构,故可用于近缘物种或物种内的群体间的遗传分化和进化研究。

Cieslak 等^[7] 利用 RFLP 法研究了 7 个波兰猪种群体内 *MyoD* 基因的遗传分布,并证明不同基因型个体间在分割肉的组成上存在显著差异。我国猪种资源极其丰富,但关于 *MyoD* 基因在中国地方猪种中的变异情况及其遗传结构的报道较少^[15]。本文选择中国地方猪种、培育品种、引进猪种及杂交猪等 4 种类型共 10 个群体作为试验对象,用 PCR-RFLP 的方法对 10 个不同猪种群体进行了 *MyoD* 基因型检测,对该基因在各猪种群体中的遗传分布及群体遗传结构进行了研究,并尝试以各群体基因频率数据为基础计算出群体间进化距离后重建了系统发生树,探讨了运用功能基因 RFLP 数据进行遗传关系、起源分化研究的可行性。

1 材料与方法

1.1 材料

以雅南猪(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。采耳组织约 1.0 g,冰冻处理后带回实验室分析。

1.2 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,缺乏该酶切位点的称 C 等位基因,长 497 bp;被切为 268 bp 和 229 bp 两条带的为 A 等位基因。

1.3 数据处理

1.3.1 各群体基因分布情况的分析 计算各等位基因在各群体中的基因频率并运用 χ^2 适合性检验和似然率检验两种方法进行符合 Hardy-Weinberg 平衡的检验。

1.3.2 群体遗传结构的分析 采用 Alberta 大学生物技术中心开发的 PopGene 16 (Population Genetic Analysis, Version 1.31) 软件进行 *MyoD* 基因在各群体内的遗传变异、群体杂合性及群体遗传结构等分析。各参数的计算方法详见 Nei 等的报道^[10,11],分析内容涉及:

MyoD 基因位点在各猪种群体内的遗传变异:基因的观察等位基因数(N_a)、有效等位基因数(N_e)、Shannon's 信息指数(I);

MyoD 基因位点的群体杂合性:多态信息含量(PIC)、群体纯合度(Homozygosity, Hom)、群体杂合度(Heterozygosity, Het)、Wright's 固定指数(F_{is})等。

群体历史动态分析:根据各群体内 *MyoD* 基因的分布情况进行 Ewens-Watterson 中性检验,用于判断群体形成历史中是否存在自然选择的作用。此外还进行了群体遗传分化分析。

群体间的遗传关系分析:计算群体间 Nei's 遗传一致性和遗传距离(D_A),再基于 D_A 运用非加权配对算术平均法(UPGMA)计算群体间的进化距离并构建群体系统发生树。

2 结果与分析

2.1 *MyoD* 基因 PCR-RFLP 多态性在不同群体中的遗传分布

各群体内 *MyoD* 基因型分布与基因频率列于表 1。由表 1 可知:该位点多态性较丰富,多数群体中 C 等位基因都以较高频率并主要以杂合子形式存在。

用卡方检验和最大似然率法分别对各群体内

MyoD 基因的基因型分布进行服从 Hardy-Weinberg 平衡的检验。结果都表明在除杜洛克和 DLY 以外的其它各群体内该基因的分布都符合 Hardy-Weinberg 平衡($P>0.05$),这说明仅就 *MyoD* 基因的 *DdeI* 酶切位点而言,由于没有进行过针对性人工选择,这些群体都遵循随机交配模式。就检验效率而言,两种方法都证明该基因在 DLY 群体内的分布显著偏离了 Hardy-Weinberg 平衡($P<0.05$)。但在杜洛克群体内,最大似然率法检验证明极显著偏离 Hardy-Weinberg 平衡($P<0.01$),比卡方适合性检验结果中显著偏离($P<0.05$)的检验结果具有更高的置信度。

表 1 *MyoD* 基因 *DdeI* 酶切基因型及其等位基因在不同猪种群体中的分布

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	基因型分布			基因频率		适合性检验法		似然率检验法	
			Genotype distribution			Allele frequency		Chi-square test		Likelihood ratio test	
			AA	AC	CC	A	C	χ^2 值	P	G^2 值	P
地方品种 Native breeds	YN	30	0	5	25	8.33	91.67	0.195 3	0.658 6	0.364 2	0.546 2
	RC	7	0	4	3	28.57	71.43	0.800 0	0.371 1	1.240 3	0.265 4
	WZS	15	1	8	6	33.33	66.67	0.419 2	0.517 4	0.440 4	0.506 9
	TB	6	2	3	1	58.33	41.67	0.023 8	0.877 4	0.023 7	0.877 8
	DH	10	0	1	9	5.00	95.00	0.000 0	1.000 0	0.000 0	1.000 0
培育品种 Developed breeds	DW	10	2	6	2	50.00	50.00	0.217 8	0.640 7	0.219 7	0.639 2
杂交群体 Hybrid breeds	LYa	31	3	11	17	27.42	72.58	0.492 2	0.482 9	0.473 6	0.491 3
	DLY	39	3	25	11	39.74	60.26	4.139 4*	0.041 9	4.362 9*	0.036 7
引进品种 Foreign breeds	D	10	0	9	1	45.00	55.00	5.890 9*	0.015 2	7.712 0**	0.005 5
	L	10	0	4	6	20.00	80.00	0.450 0	0.502 3	0.759 3	0.383 6
总计 Total		168	11	76	81	29.17	70.83	1.421 0	0.233 2	1.466 1	0.226 0

基因频率值 $\times 100$; χ^2 值和 G^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($P<0.05$);上标 ** 表示差异极显著($P<0.01$);品种符号含义见 1.1。下同

Allele frequencies are given by $n \times 100$. The values of χ^2 and G^2 are from the test of the distribution of different genotypes for Hardy-Weinberg equilibrium in different pig breeds. Means bearing * differ significantly at $P<0.05$; Means bearing ** differ significantly at $P<0.01$; The meaning of breed symbols are annotated in 1.1. The same as below

2.2 *MyoD* 基因在不同群体中的遗传变异分析

遗传杂合度表示被检测位点上各群体内的杂合子频率,是度量群体遗传变异的一个最适参数。杂合度越低,群体的遗传一致性越高。由表 2 可知,本研究所检测各群体的平均杂合度较大。说明各群体的遗传多样性较丰富,选择潜力较大。在表观群体遗传变异中,以杜洛克(0.900 0)的群体杂合度最大,大河猪(0.100 0)和雅南猪(0.166 7)最小,平均达 0.452 4。群体纯合度的变化趋势与群体杂合度

相反,平均为 0.547 6。再用两种不同方法进行随机交配模式下的期望群体杂合度预测。Levene's 期望群体杂合度的计算结果中以藏猪(0.530 3)、大河乌猪(0.526 3)和杜洛克(0.521 1)群体杂合度最大,大河猪(0.100 0)和雅南猪(0.155 4)的最小,平均为 0.414 4。总体趋势与表观情况差别不大。Nei's 期望杂合度的计算结果中大河乌猪(0.500 0)、杜洛克(0.495 0)与藏猪(0.486 1)群体的杂合度最大,平均为 0.413 2。再以固定指数来衡量群体

观察杂合度与 Nei's 期望杂合度间偏差情况。通常当杂合子观察频率小于随机交配情况下的预期频率时,固定指数为负值。若存在近交效应时,杂合子频率的观察值减小,则固定指数为正。本试验中长雅杂交群体存在近交效应。

在本试验所检测座位上观察到的等位基因数在

各群体中均为 2,经有效等位基因数的计算表明,大河乌猪、杜洛克和藏猪以及 DLY 群体的有效等位基因数最高,均超过 1.9,而大河猪与雅南猪的最低,均在 1.2 以下。这一结果与 Nei's 群体期望杂合度的情况完全一致。

表 2 MyoD 基因 DdeI 酶切等位基因位点的群体杂合性分析

Table 2 The heterozygosity analysis of MyoD gene loci in different pig breeds

类群 Breed type	品种 Breeds	基因总数 Sample size	观察值 Observed values		Levene's 期望值 Expected values		Nei's 期望杂合度 H	有效等位基因数 Ne Effective number of alleles	固定指数 Wright's fixation index (F_{IS})
			群体纯合度 Hom	群体杂合度 Het	群体纯合度 Hom	群体杂合度 Het			
地方品种 Native breeds	YN	60	0.833 3	0.166 7	0.844 6	0.155 4	0.152 8	1.180 3	-0.090 9
	RC	14	0.428 6	0.571 4	0.560 4	0.439 6	0.408 2	1.689 7	-0.400 0
	WZS	30	0.466 7	0.533 3	0.540 2	0.459 8	0.444 4	1.800 0	-0.200 0
	TB	12	0.500 0	0.500 0	0.469 7	0.530 3	0.486 1	1.945 9	-0.028 6
	DH	20	0.900 0	0.100 0	0.900 0	0.100 0	0.095 0	1.105 0	-0.052 6
培育品种 Developed breeds	DW	20	0.400 0	0.600 0	0.473 7	0.526 3	0.500 0	2.000 0	-0.200 0
杂交群体 Hybrid breeds	LYa	62	0.645 2	0.354 8	0.595 5	0.404 5	0.398 0	1.661 2	0.108 5
	DLY	78	0.359 0	0.641 0	0.514 8	0.485 2	0.479 0	1.919 2	-0.338 4
引进品种 Foreign breeds	D	20	0.100 0	0.900 0	0.478 9	0.521 1	0.495 0	1.980 2	-0.818 2
	L	20	0.600 0	0.400 0	0.663 2	0.336 8	0.320 0	1.470 6	-0.250 0
总计 Total		336	0.547 6	0.452 4	0.585 6	0.414 4	0.413 2	1.704 1	-0.094 8

2.3 MyoD 基因在各群体内的中性选择分析

分子进化的中性理论认为自然群体中分子水平上的遗传变异在很大程度上是中性的,各种变异的存在与否完全决定于遗传漂变和净化选择作用。对试验中遗传变异情况的进化形式进行中性选择分析。先计算各群体在该基因座位上杂合度的观察值,再根据中性理论进行样本含量为 1 000 的模拟群体的遗传变异预测。由表 3 可知,观察值与预测值间存在显著水平的变异($P < 0.05$),表明该基因在进化过程中并不遵循中性选择模式。即在进化历史中各群体受到自然选择的作用。

Shannon 信息指数是衡量群体间分化水平的测度,可度量一个随机交配群体在品种选育过程中所受选择、变异和遗传漂变的合并影响。在所检测的各群体中,大河乌猪(0.693 1)、杜洛克(0.688 1)和藏猪(0.679 2)以及 DLY 群体(0.672 0)的信息指数最高,大河猪(0.198 5)和雅南猪(0.286 8)的最低。整个试验群体的总体平均信息指数较高,达 0.603 6。信息指数高表明各试验群体的遗传变异

性高,总体的检测结果与根据基因频率计算的基因平均杂合度基本一致。

2.4 MyoD 基因在亚群体间的遗传分化分析

固定指数是为了测定群体遗传分化程度而发展来权衡亚群体间基因分化程度相对值的一组参数。基于各亚群体来源于共同祖先的假定,Wright 定义的 F_{IS} 和 F_{IT} 分别表示亚群体和总群体内两个结合配子间的相关系数,而 F_{ST} 表示任意从两个亚群体中抽出的两个配子间的相关系数,用来度量亚群体间的遗传差异程度。固定指数主要反映群体交配结构与和等位基因多态性有关的选择模式。由表 4 可知,假设各品种群体构成整个实验群体的亚群体,则在进化历史中,各亚群体间发生过较大的基因分化导致各亚群体间出现较高的群体遗传多样性。同时,各亚群体间也存在相互渗透作用,亚群体间的迁移参数为 1.741 4。但由于自然群体形成的复杂性,不可能知道遗传分化发生的世代数、各世代自然群体的平均有效含量以及突变与基因替换速率,故不能对亚群体的分歧时间等作出进一步的推断。

表 3 各群体内 *MyoD* 基因的中性选择分析Table 3 The Ewens-Watterson test for neutrality of *MyoD* gene in different pig breeds

类群 Breed type	品种 Breeds	基因总数 Sample size	信息指数 Shannon's information index I	观察值 F Observed F	期望值* Expected value	
					F	SE
地方品种 Native breeds	YN	60	0.286 8	0.847 2	0.789 7	0.027 0
	RC	14	0.598 3	0.591 8	0.714 9	0.018 6
	WZS	30	0.636 5	0.555 6	0.760 8	0.023 6
	TB	12	0.679 2	0.513 9	0.685 4	0.017 4
	DH	20	0.198 5	0.905 0	0.723 7	0.022 7
培育品种 Developed breeds	DW	20	0.693 1	0.500 0	0.737 9	0.021 8
杂交群体 Hybrid breeds	LYa	62	0.587 4	0.602 0	0.790 6	0.026 7
	DLY	78	0.672 0	0.521 0	0.809 5	0.026 2
引进品种 Foreign breeds	D	20	0.688 1	0.505 0	0.729 9	0.023 2
	L	20	0.500 4	0.680 0	0.730 4	0.021 6
总计 Total		336	0.603 6	0.603 6	0.853 5	0.025 9

* These statistics were calculated using 1 000 simulated samples

表 4 群体 *MyoD* 基因 *Dde I* 酶切基因位点的基因流分析Table 4 The *F*-Statistics and gene flow analysis of *MyoD* gene loci

Sample Size	固定指数 Fixation index			迁移参数 NmGene flow
	F_{IS}	F_{IT}	F_{ST}	
336	-0.261 7	-0.103 3	0.125 5	1.741 4

2.5 各品种群体间的遗传一致性和遗传距离分析及群体系统发生树的重建

测定群体间遗传距离有很多种方法,但目前还

没有一种公认的理想计算遗传距离的公式。本试验采用 Nei 提出的基于基因频率数据的方法估计出各群体间的遗传一致性和遗传距离(D_A),结果见表 5。

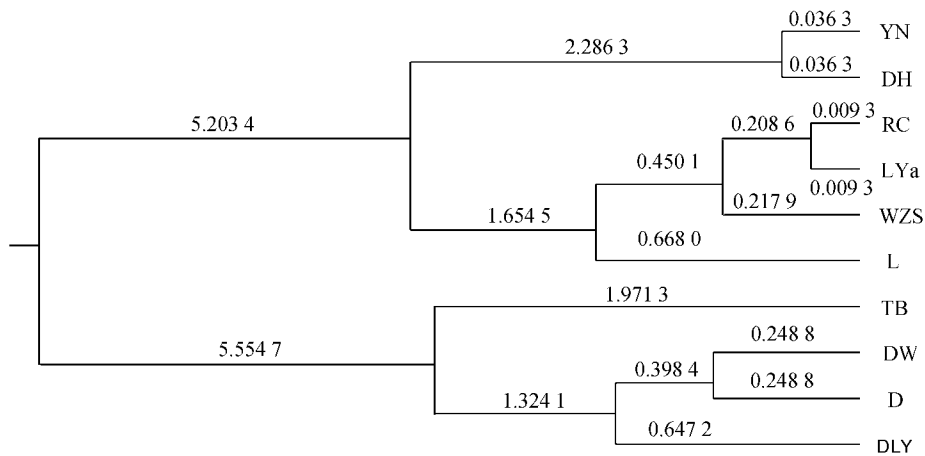
再以各群体间的遗传距离(D_A)为基础,运用 UPGMA 法计算群体间的进化距离,并重建了群体系统发生无根树,结果见图 1,图中分枝上所标数值为相应两分枝间基于 Nei's 遗传距离的进化距离。

表 5 群体间的遗传一致性和遗传距离分析

Table 5 Nei's genetic identity and genetic distance

品种	YN	RC	WZS	TB	DH	DW	LYa	DLY	D	L
YN		0.958 3	0.931 2	0.652 5	0.999 3	0.768 2	0.963 6	0.881 2	0.828 1	0.988 1
RC	0.042 6		0.996 5	0.841 9	0.946 7	0.919 1	0.999 8	0.979 6	0.953 8	0.990 8
WZS	0.071 2	0.003 5		0.883 8	0.916 7	0.948 7	0.994 8	0.992 9	0.975 4	0.976 2
TB	0.426 9	0.172 1	0.123 5		0.623 2	0.986 4	0.831 3	0.933 2	0.965 1	0.761 2
DH	0.000 7	0.054 8	0.087 0	0.472 9		0.743 3	0.952 8	0.862 6	0.806 2	0.981 5
DW	0.263 7	0.084 3	0.052 7	0.013 7	0.296 7		0.911 4	0.979 6	0.995 0	0.857 5
LYa	0.037 1	0.000 2	0.005 3	0.184 8	0.048 4	0.092 8		0.975 5	0.947 8	0.993 3
DLY	0.126 5	0.020 7	0.007 1	0.069 1	0.147 9	0.020 6	0.024 8		0.994 7	0.943 4
D	0.188 6	0.047 3	0.024 9	0.035 5	0.215 5	0.005 0	0.053 6	0.005 3		0.904 4
L	0.012 0	0.009 2	0.024 1	0.272 8	0.018 6	0.153 7	0.006 8	0.058 3	0.100 4	

Nei's genetic identity (above diagonal) and genetic distance (below diagonal)



分枝上所标数值为相应两分枝间基于 Nei's 遗传距离的进化距离

Numbers marked on the branches are the evolution distance based on Nei's genetic distance

图 1 基于 Nei's 遗传距离的群体系统树(UPGMA)

Fig. 1 Dendrogram based Nei's (1972) genetic distance: (Method = UPGMA)

3 讨论

3.1 *MyoD* 基因的 *DdeI* 酶切位点的多态性较丰富。C 等位基因在各群体中的分布占绝对优势,且主要以杂合子存在。基因分布大都符合 Hardy-Weinberg 平衡。上述结果与 Knoll^[6,7] 等的报导相一致。

3.2 *MyoD* 基因功能上的重要性决定了该基因比较保守。在群体形成历史中,该位点的进化受到自然选择的作用,使得该基因在各试验群体内普遍具有较高的杂合度。这与其他研究中关于中国地方猪种基因分化程度较高^[13,14] 的结论相符。大河猪和雅南猪的群体杂合度较小,主要因为这两个保种群规模有限,在一定程度上存在近交的影响。藏猪群体分化水平较高,主要与其生存的高原环境有关。

3.3 系统发生树的构建及其结果

最初用 UPGMA 法构建的树在数值分类学中被用于反映类群间的表征相似度,故被称为表征图(phenogram)。但随着方法的改进,UPGMA 法也常被用于构建分子系统发生树。Nei 已经证明,当使用基因频率数据来重建系统发育树时,UPGMA 法构建的分子系统树比其他距离法更好。当基因替代率不稳定且所用基因或核苷酸数目较少时,可能会出现拓扑学误差,但 UPGMA 是重建物种树的一种既能构建拓扑结构又能计算分枝长度的好方法^[10]。

在重建的系统发生树中,各群体被分成 4 类。

首先是荣昌猪、长雅猪、五指山猪和长白猪被聚在一起形成了系统发生树的第 1 类;雅南猪和大河猪聚在一起形成第 2 类;大河乌猪、杜洛克、DLY 形成第 3 类;藏猪单独形成第 4 类。

从各品种群体的育种历史来看,第 1 类中的荣昌猪在选育形成新荣昌猪的过程中曾经导入过长白猪的血缘,长雅猪是长白猪和雅南猪的二杂群体,都含有长白猪的血缘。故将其定义为长白猪血缘分枝,五指山猪在该基因特性上更接近长白猪。第 2 类中的雅南猪和大河猪都属于选育程度不高的原始型西南地方猪种,故将其定义为原始地方品种分枝。第 3 类中的大河乌猪是以杜洛克为父本,大河猪为母本经连续杂交后选育成功的一个新培育品种,含有超过 50% 的杜洛克血缘,DLY 为含有 50% 杜洛克血缘的杂交群体,都含有杜洛克的血缘,故将其定义为杜洛克血缘分枝。藏猪是典型的高原型猪种,整体更接近野猪,其各方面特性都不同于其它猪种类型,故第 4 类可定义为高原藏猪分枝。

3.4 利用 RFLP 数据进行物种间遗传分化研究的可行性

与其它分子标记检测方法相比,RFLP 法检测到的核苷酸替代数目较少。但 Avise^[11] 证明当种群间关系很近时,RFLP 法是一种估计群体遗传结构的快速廉价方法,可以用来研究物种内的群体或近缘物种的遗传分化。本研究中系统发生树的拓扑结构构成与各猪种群体的育种历史间具有较高的吻合程度,说明本次试验中根据 *MyoD* 基因在各猪种群

体中的遗传分布特点所建立的系统发生树具有一定的可信性,能够较好地反映各猪种群体间的系统发生关系。故 RFLP 数据可用于进行近缘物种间(或物种内的群体间)的遗传分化研究。当然,增加检测的基因座位数目会提高获得真实树的概率。

参考文献:

- [1] 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.
- [2] Weintraub H. The *MyoD* family and myogenesis: redundancy, networks and thresholds [J]. *Cell*, 1993, 75: 1 241~1 244.
- [3] 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.
- [4] 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.
- [5] 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.
- [6] Knoll A, Nebola M, Dvorak J, *et al.* Detection of a DdeI PCR-RFLP within intron 1 of the porcine *MyoD1* (*Myf-3*) locus [J]. *Animal Genetics*, 1997, 28(4): 308~322.
- [7] 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.
- [8] 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.
- [9] 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.
- [10] Nei M, Kumar S. *Molecular Evolution and Phylogenetics*[M]. Oxford University Press, 2000.
- [11] Avise J C. *Molecular markers, natural history and evolution*[M]. New York: Chapman & Hall, 2000.
- [12] 王成树,李增智. 分子数据的遗传多样性分析方法[J]. *安徽农业大学学报*, 2002,29(1):90~94.
- [13] 刘剑峰,王立贤,张贵香,等. *H-FABP* 基因型对中畜黑猪 I 系生长性能的影响[J]. *畜牧兽医学报*, 2005,36(6):555~558.
- [14] 滕 勇,宋成义,经荣斌. 猪 *POU1F1* 基因第 3 内含子 *Msp I* 酶切片段多态特征及其与生长性能相关性的研究[J]. *畜牧兽医学报*, 2005,36(2):205~208.
- [15] 朱 砾,李学伟. *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[J]. *畜牧兽医学报*, 2005,36(8):761~766.