

无法找到该页

您正在搜索的页面可能已经删除、更名或暂时不可用

请尝试以下操作:



猪业科学
SWINE INDUSTRY SCIENCE

养猪人的好伙伴

用户名
密码
[免费注册](#) [登陆](#)

[首页](#)

[杂志简介](#)

[杂志订阅](#)

[广告征集](#)

[在线留言](#)

[本站活动](#)

[加入收藏](#)

广告联系

联系电话:

(010) 64719434

联系地址:

北京市朝阳区望京西园222号星源国际公寓C座3A05室

邮编:

100102

E-mail:

chinapig@263.net

往期刊物查询

往期刊物:

第一期

当前位置: [首页](#) / [遗传育种](#)

国内外猪基因组与分子育种研究进展

[作者: 刘榜] [来自:] [更新: 2008/1/29] [点击: 327]

全球猪的育种方向都经历了从脂肪型到瘦肉型的转变, 育种措施也经历了从纯种培育到专门化品系和配套系培育的转变。育种目标主要考虑两个方面: 一是如何提高种群生产性能的遗传潜力; 二是如何最大可能地实现这些遗传潜力, 即如何降低养猪生产成本、提高产品数量和质量, 获得最大的经济效益。猪育种方向的改变是由消费者和市场需求决定的。目前猪育种主要目标除继续提高生长速度、繁殖性能、产肉量, 优质肉质和抗病成为了猪育种的新目标, 已经在育种目标中占有相当的比重, 分别占10%和6%左右。如何实现猪育种新目标? 分子育种手段是否能够发挥其重要作用? 有关基因标记辅助选择的应用情况如何? 本文将就有关问题对过去一年的研究进行综述。

1 猪基因组计划研究进展

随着人类基因组测序的完成也推动了农业动物基因组研究工作, 继2004年先后完成了鸡和牛的基因组测序后, 美国农业部(USDA)展开了二大研究: 一是在肉畜研究中心开展的大规模基因定位计划; 二是国家动物基因组研究计划。在美国一些大学以及联邦实验室的科学家们共同成立猪基因组技术委员会, 并积极参与了动植物基因组会议, 这些研究最终促进了猪基因组图谱和功能基因组学的快速发展。2006年美国启动了猪基因组计划, 至2007年12月20日, 已经完成8条染色体的初步测序工作, 包括1、4、7、11、13、14、17和X染色体。目前整个猪基因组的测序工作完成了4.28%, 预计到2008年底可以基本完成猪基因组测序工作。在2007年发生在猪基因组计划中的事件(见表1)。

随着猪基因组计划的顺利进行, 猪的基因功能将会逐渐被揭示, 这将会为猪生长发育规律、生殖机理、抗病机理的揭示奠定基础, 从而将为猪的分子育种提供更多的可用的基因。

2 猪重要功能基因的鉴定及分子育种

猪基因分离方法虽然有很多种, 但基本上是依据基因的基本特性(包括基因特定的核苷酸顺序、基因在染色体上的位置和基因的功能等)创建的。常用的分离方法主要有: 1) 功能克隆; 2) 位置克隆; 3) 比较基因组学方法; 4) 基因组扫描法; 5) 候选基因法; 6) 差异表达基因克隆等。在猪的新基因分离中这些方法都曾不同程度地得到了应用, 取得了一定的研究成果, 但最成功的方法应是位置克隆方法。目前已经鉴定的猪功能基因见表2。这些基因都已经在标记辅助育种中进行了应用。

PIC是最早开展标记辅助育种的猪育种公司, 该公司2001年初在猪育种中已经利用10个DNA标记进行分子育种, 其中生长性状和疾病抗性各1个、肉质和产仔数各4个。近期所用的标记增加到28个, 其中生长性状的DNA标记11个、疾病抗性DNA标记1个、肉质性状DNA标记14个、产仔数DNA标记2个; 目前正在开发的DNA标记有44个, 其中包括生长性状标记12个、疾病抗性标记5个、肉质性状标记18个、产仔数标记9个。为了在未来猪育种中保持其领先地位, PIC投入巨额资金与国际一流大学和研究机构合作, 进行猪主要经济性状的DNA标记的开发, 并对其所有的DNA检测技术注册进行保护。我国目前开展的猪标记辅助育种所用的基因主要有H-FABP、CAST、MC4R、PPAR、MYOG、IGF2、RN、HAL、MSTN、FSH β 、PRLR、NCOA1、HDAC1、PIT-1, 这些基因主要在中国农业大学、江西农业大学、华中农业大学和湖南农业大学等一些课题组有所应用。

国内外非常重视对基因知识产权的保护, 经检索仅在猪的背膘厚、肉质、生长性状方面的基因专利已有24项, 其中国内专利12项, 国外专利12项。与背膘厚相关的国内外专利有7项, 涉及的基因为PSME3、MAC30、PSMC5、ADD1、SCD、SOCS-3、ACADM, 与肉质相关的国内外专利6项, 涉及的基因为CAST、PIK3C3、PLEPR、PRKAG3; 与生长有关的国内外专利有2项, 涉及的基因为CYP11a1、HSP70.2; 同时与背膘厚和肉质有关的国内外专利有3项, 涉及的基因为CA3、FABP3、MC4R; 同时与生长和肉质有关的国内外专利有3项, 涉及的基因有CKM、SCN4 alpha、LDH alpha、INH A、INH B A、CAST; 同时与生长和背膘厚有关的国内外专利有1项, 涉及的基因为H-FABP; 同时与背膘厚, 肉质和生长有关的国内外专利有2项, 涉及的基因有TNNI1和HMGA。

3 多基因聚合育种可能成为猪育种的一种重要方法

多基因聚合简言之就是将分散在不同的个体、品种或品系中的理想基因聚合到同一个基因组中(刘志文、傅廷栋等, 2005), 这一思想最早由Yadav等(1990)在研究芥菜抗病和抗逆性状改良时提出。多基因聚合育种就是通过遗传学上的杂交(不同基因型间的杂交)或育种学上的杂交、回交等技术将有利基因聚合到同一个基因组中。也就是通过不同基因型个体间的杂交, 再在分离世代中通过分子标记选择多个目标基因座上均为有利基因的纯合子的个体, 从而选出性状表现优良的个体, 实现有利基因聚合的一种育种方法(Servin et al., 2004及其他)。在基因聚合育种提出后的10多年中, 国内外已在植物育种中进行了大量的研究, 并且已在水

稻、棉花、小麦等农作物上取得了初步成功。在动物育种中尚未见多基因聚合成功报道，仅见简单的标记辅助育种。

根据美、英等畜牧发达国家政府和联合国粮农组织的预测，21世纪全球商品化生产的畜禽品种都将通过分子育种技术进行选育，而品种对整个畜牧生产的贡献率亦将超过50%。对于瘦肉生长和肉质这类复杂性状同时彼此间又具有不利遗传相关，用传统选择方法进行改良进展十分有限，而且会出现此起彼伏的现象，多基因聚合的分子育种将有望成为新的育种手段。应用分子育种技术来改良动物品种是21世纪品种改良的趋势，目前国外大型的育种公司已经在使用分子标记辅助选择技术开展猪的遗传改良，并加大研究投入和研究力度开发研制具有独立知识产权的基因并应用于育种实践，这已成为目前各国猪育种工作者研究重点。以DNA诊断技术为主要技术手段的动物分子育种的时代已经来临，多基因聚合育种将会成为未来家畜育种的重要发展方向。

4 国家政策支持将会推动我国种猪业发展

农业部、财政部在猪良种饲养中给予了大力支持，出台了有关鼓励和保护良种养殖的政策措施，如发布了《关于下达2007年生猪良种补贴项目实施方案的通知》[农办财(2007)126号]和《生猪良种补贴资金管理暂行办法》(财农[2007]186号)文件。这些政策的出台可为种猪饲养者提供保证，但还要注意良种的鉴别，要区别对待不同质量的种猪，对特别优良的种猪给予更多的奖励，同时鼓励种猪企业进行联合，只有进行联合育种才能真正提高我国种猪质量，才有可能变种猪进口国为出口国。

相关文章：

- 国内外猪基因组与分子育种研究进展
- 2007年我国畜禽养殖废弃物处理的宏观政策及技术进展
- 谈猪场易忽视的浪费问题及其控制
- 引进后备母猪的方法及饲养管理
- 简谈母猪拒哺的原因与对策

上一页： 没有文章！

下一页： 没有文章！

- 月刊杂志《猪业科学》网站 版权所有 备案序号：京ICP备：06000565
- 联系地址：北京朝阳区望京西园222号 星源国际公寓C座3A05 (100102)
- 编辑部热线：010-84715449 64719434 转 稿件查询-809 杂志订阅-805 市场部门-803
- 电子信箱：swineonline@263.net 传真：010-84715449 广告热线：010-85791056
- 全国内外发行 津工商广字：120103400121