

MyoG 基因的遗传效应分析

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 技术分析了不同品种猪 MyoG 基因 3' 端 Msp I 位点的多态性, 应用单标记回归模型分析了不同基因型与相关性状的关联性及不同等位基因的遗传效应。结果表明: N 等位基因能极显著地增加胴体瘦肉率和眼肌面积, 降低皮脂含量 ($P < 0.01$), 改善胴体产肉量和提高胴体品质; 同时, 不同基因型对肉质性状的遗传影响作用较大, 表现为 N 等位基因能极显著地降低猪肉品质, 使 pH 值、肉色和肌内脂肪含量降低, 并使肌肉的吸水力变差 ($P < 0.01$)。N 等位基因对增加胴体瘦肉率的加性效应值和显性效应值分别为 3.929% 和 -0.602%; 对增加眼肌面积的加性效应值和显性效应值分别为 2.0985 cm² 和 -0.5775 cm²; 对皮脂率的加性效应值为 -3.0245%, 显性效应值为 -0.4045%。N 等位基因对 pH1 的加性效应值和显性效应值分别为 -0.167 和 0.034; 对贮藏损失的加性效应值和显性效应值分别为 0.558 和 -0.347; 对肌内脂肪含量的加性效应值和显性效应值分别为 -0.963 和 -0.217。但 MyoG 基因 3' 端 Msp I 位点的突变对 FOM 肉脂仪测定的胴体等级性状的影响不显著 ($P > 0.05$)。

关键词: 猪; MyoG 基因; 遗传效应; PCR-RFLP

中图分类号: Q78

文献标识码: A

文章编号: 0253-9772(2005)05-0710-05

The Genetic Effects of MyoG Gene

ZHU Li, LI Xue-Wei

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

Abstract: The PCR-RFLP technique was applied in this study to analyze the Msp I polymorphism in the 3-UTR of MyoG gene. The relationship between different genotypes and corresponding traits and the genetic effects of different allele were analyzed. The results indicated that the N allele has highly significant genetic effects in improving carcass lean percent and the loin eye area, and decreasing the fat content ($P < 0.01$). But no significant influence was found to the FOM carcass traits ($P > 0.05$). As meat quality traits being considered, the N allele highly significantly decreased the pH value, meat color, intramuscular fat content, increased the drip loss ($P < 0.01$) and caused the worse of meat quality. When considering genetic values of different traits, it was found that the N allele had additive effects of 3.929% to carcass lean percent, 2.0985 cm² to loin eye area, -3.0245% to the fat content, -0.167 to the pH1 value, 0.558% to the drip loss and -0.963% to intramuscular fat content. But no effect was observed to the carcass grading traits.

Key words: pig; MyoG Gene; genetic effect; PCR-RFLP

猪的瘦肉量与其肌纤维数量和组织学特性有关^[1], Handel 等^[2] (1984) 的研究证明猪的生长速度

收稿日期: 2004-08-08; 修回日期: 2004-08-23

基金项目: 国家科技攻关项目: “瘦肉型猪规模化养殖技术体系研究与产业化示范”; 四川省科技厅重点项目: “四川省外种猪联合育种研究”基金资助 [Foundation: Supported by National Project, “Research on the Technicd System of Lean Pig Raise” and key project of Sichuan Science & Technology Office, “Foreign Pig Breeding in Sichuan”]

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

通讯作者: 李学伟 (1963—), 男, 重庆市人, 博士, 教授。Tel: 0835-2883015

和肌肉产量与其肌纤维数量间存在正的相关关系。Te Pas 等^[3](1994)的研究进一步证明猪在出生时所具有的肌纤维数量将决定个体的最大瘦肉生长能力。哺乳动物肌纤维的形成过程只在胚胎发育期发生,有多种基因参与了这一过程。其中,成肌细胞增殖和分化生肌决定因子(Myogenic determination gene, MyoD)是肌肉发生过程中参与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。生肌调节因子家族包括 4 个结构相近的基因: MyoD1(Myf-3 或 MyoD)、Myogenin(Myf-4 或 MyoG)、Myf-5、Myf-6(MRF4 或 herculin)。在这 4 种基因中,Myf-5 和 MyoD1 基因主要在骨骼肌细胞的单核前体细胞(成肌细胞)的增殖过程中表达,Myf-6 基因主要在出生后表达。在整个肌形成的过程中,MyoG 基因具有极其重要的功能,MyoG 基因的表达意味着成肌细胞增殖的结束,在从分化过程开始到细胞融合全过程的所有成肌细胞中都有 MyoG 基因的表达^[4~6]。所以,MyoG 基因的表达量和表达时间的差异将导致肌纤维数量的巨大改变^[7]。Ernst 等^[8](1993)首先采用 RFLP 法分析了猪 MyoG 基因的遗传变异,发现碱基长度为 4.9 kb 和 4.2 kb 的 Msp I 酶切片段多态性。Soumillion 等^[9](1997)用 PCR-RFLP 检测 MyoG 等位基因,发现一个 Msp I 酶切位点位于基因的 3' 端,一个位于第 2 个内含子内,一个梅山猪特异性 Msp I 酶切位点位于启动子内。国内也有一些学者对 MyoG 基因的多态性分布进行了研究^[10~12]。本研究运用 PCR-RFLP 的方法揭示 MyoG 基因 3' 端 Msp I 位点不同等位基因对主要生产性状的遗传效应。

1 材料和方法

1.1 实验材料

以 30 头雅南猪、10 头大河猪、10 头大河乌猪、33 头长雅二元杂交猪和 40 头 DLY 三元杂交商品肉猪共 123 头个体为实验材料。大河猪和大河乌猪采自云南省富源县大河猪保种场,雅南猪和杂交猪都采自四川农业大学实验猪场。采耳组织约 1.0 g,冰冻处理后带回实验室分析。

1.2 屠宰测定

实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和胴体性状测定。

此外,还对 40 头 DLY 三元杂交商品肉猪进行胴体等级性状测定。

1.3 实验方法

运用 PCR-RFLP 的方法,按照 Soumillion 等^[9](1997)的实验设计引物,扩增出 353 bp 的 MyoG 基因 3' 端序列后用 Msp I 内切酶酶切,缺乏该酶切位点的称为 M 基因,长为 353 bp;被切为 219 bp 和 134 bp 两条带的称为 N 基因。

1.4 统计分析

用 SAS 软件(Version 6.12)以单标记回归模型分析各基因位点与相关性状的关联性,选用如下两种数学模型。

$$\text{模型 I: } Y_{ijkl} = \mu + G_j + S_k + b_{jk}X + E_{ijkl}$$

$$\text{模型 II: } Y_{ijkl} = \mu + B_i + G_j + S_k + b_{ijk}X + E_{ijkl}$$

式中, Y_{ijkl} (Y_{jkl})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($i=1,2,3,4,5$ 分别代表雅南猪,大河猪,大河乌猪,长雅二元杂交猪和 DLY 三元杂交猪), G_j 为第*j*种基因型效应($j=1,2,3$ 分别代表 MM, MN 和 NN 基因型), S_k 为性别效应($k=1,2$ 分别代表公猪和母猪), b_{ijk} (b_{jk})为屠宰体重的回归系数, X 为屠宰体重, E_{ijkl} (E_{jkl})为随机误差效应。

模型 I 适用于对胴体等级性状的分析,因为只使用了 DLY 三元杂交商品肉猪的数据,故分析时不考虑品种效应;模型 II 适用于对胴体性状和肉质性状的分析,主要由于受地方品种保种群规模的限制,各实验品种样本含量有限。为保证样本含量,分析时将各品种数据进行合并。同时,在所用数学模型中增加品种效应,以消除品种因素对性状值的影响作用。

2 结果与分析

2.1 MyoG 基因的 PCR-RFLP 多态性与胴体性状的关联性分析

由表 1 可知,NN 纯合个体的胴体瘦肉率高达 52.581%,极显著地高于 MN 杂合个体的 48.05%,MN 杂合个体的胴体瘦肉率又极显著地高于 MM 纯合个体的 44.723%($P<0.01$)。N 等位基因对增加胴体瘦肉率的加性效应值为 3.929%,显性效应值为 -0.602%。同时,NN 纯合个体的眼肌面积为 26.427 cm²,极显著地大于 MM 纯合个体的 22.230 cm²($P<0.01$),MN 杂合个体的表型值(23.751 cm²)介于前两

者之间,且和前两者间的差异都没有达到显著水平 ($P>0.05$),表现为完全中性遗传模式。 N 等位基因对增加眼肌面积的加性效应值为 2.0985 cm^2 ,显性效应值为 -0.5775 cm^2 ;就皮脂率而言, NN 纯合个体的皮脂率为 39.539% ,极显著地低于 MM 纯合个体

45.588% 的皮脂率 ($P<0.01$), MN 杂合个体的表型值 (42.159%) 介于前两者之间,且和前两者的差异都没有达到显著水平,表现为完全的中性遗传模式。 N 等位基因对皮脂率的加性效应值为 -3.0245% ,显性效应值为 -0.4045% 。

表 1 $MyoG$ 基因的不同基因型对胴体性状的影响

Table 1 Effect of different genotype in $MyoG$ 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)	三点平均膘厚 Mean backfat thickness (cm)	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 (%)
MM	49	LSM	72.283	73.439 ^b	3.920	3.672	22.230 ^b	26.541	9.668	45.588 ^A	44.723 ^C
		SE	3.720	3.599	0.603	0.567	5.336	1.629	1.088	5.593	5.187
MN	28	LSM	73.464	75.786 ^a	3.622	3.561	23.751 ^{AB}	26.984	9.808	42.159 ^{AB}	48.050 ^B
		SE	4.188	3.831	0.799	0.534	4.797	1.819	1.526	5.886	5.253
NN	5	LSM	72.160	75.500 ^{ab}	3.912	3.418	26.427 ^A	27.075	9.364	39.539 ^B	52.581 ^A
		SE	1.989	4.970	1.082	0.455	2.443	0.932	1.695	1.836	3.366

注: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 ($P<0.01$)。

Notes: Mean backfat thickness is from three points: over the shoulder, the last rib and sacrum point. In rows, individual gene genotypes bearing different superscripts differ significantly at $P<0.05$, those bearing different capital superscripts differ significantly at $P<0.01$.

2.2 $MyoG$ 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 (丹麦, SFK) 在屠宰现场对 DLY 三元杂交商品肉猪进行了胴体等级性状的测定,结果

见表 2。关联性分析表明 $MyoG$ 基因 3' 端 $MspI$ 位点的突变对胴体等级性状的影响作用不显著,各种基因型个体的胴体等级性状间差异都不显著 ($P>0.05$)。

表 2 $MyoG$ 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 2 Effect of different genotype in $MyoG$ 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)
MM	2	LSM	14.000	15.500	44.500	53.350	28.500	60.700
		SE	7.071	7.778	0.707	6.576	3.536	10.607
MN	17	LSM	14.176	17.765	46.176	52.412	23.941	59.318
		SE	3.592	9.789	4.558	4.158	6.329	5.583
NN	20	LSM	14.450	15.800	45.950	53.295	26.050	59.750
		SE	5.000	5.672	5.104	4.390	3.000	6.147

注:测定部位为相应部位离背中线 4~5 cm 处。

Note: The test site is 4 to 5 cm from the midline of according site.

2.3 $MyoG$ 基因的 PCR-RFLP 多态性与肉质性状的关联性分析

由表 3 可知, $MyoG$ 基因对肉质性状的影响作用较大, N 等位基因会显著降低 pH 值、肉色和肌内脂肪

含量,使肌肉的保水力变差。具体来看, NN 纯合个体的 pH1 为 6.040,极显著地低于 MN 杂合个体 (6.241),与 MM 纯合个体 (6.374) ($P<0.01$), MM 纯合个体与 MN 杂合个体间的差异也达到了显著水平

表 3 MyoG 基因的不同基因型对肉质性状的影响

Table 3 Effect of different genotype in MyoG gene on meat quality traits

基因型 Geno- type	N	贮存损失		失水率				
		Drip loss (%)	pH1	Water loss (%)	CS1	L1	pH2	
MM	51	LSM	1.494 ^B	6.374 ^{BA}	19.208	3.235 ^A	41.033 ^{BB}	5.862
		SE	0.559	0.273	8.183	0.351	2.140	0.328
MN	45	LSM	2.399 ^A	6.241 ^{BA}	19.886	3.144 ^A	41.354 ^{BB}	5.946
		SE	1.298	0.295	8.531	0.472	3.198	0.378
NN	24	LSM	2.610 ^A	6.040 ^{CB}	17.878	2.875 ^B	43.694 ^{AA}	5.861
		SE	1.100	0.280	13.227	0.506	2.893	0.243

基因型 Geno- type	N	肌间脂		CS2	L2		
		大理石 纹评分 Marbling score	熟肉率 Cooking loss (%)			脂肪含量 Intramu- scular fat content (%)	
MM	51	LSM	3.137 ^a	71.625	4.793 ^{AA}	3.323 ^{AA}	43.334
		SE	0.700	4.833	1.939	0.456	2.622
MN	45	LSM	2.811 ^b	73.062	3.613 ^{BB}	3.044 ^{BA}	43.972
		SE	0.624	5.117	1.853	0.611	6.183
NN	24	LSM	2.854 ^b	73.446	2.867 ^{CB}	2.667 ^{CB}	46.671
		SE	0.823	6.195	1.675	0.476	4.903

注: pH1 表示屠宰后 45 min 测定的 pH 值, pH2 表示屠宰后冷冻 24 h 后测定的 pH 值; 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 后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 后用 Minota CR300 测定的光反射值; 上标不同的小写字母表示差异达到显著水平 ($P < 0.05$), 上标不同的大写字母表示差异达到极显著水平 ($P < 0.01$)。

Notes: pH1 and pH2 are the pH values tested at 45 min and 24 h after slaughter respectively; CS1 and CS2 are muscle scores tested by test panel; L1 and L2 are muscle scores tested by Minota CR300; In rows, individual gene genotypes bearing different superscripts differ significantly at $P < 0.05$, those bearing different capital superscripts differ significantly at $P < 0.01$.

($P < 0.05$)。N 等位基因对 pH1 的加性效应值和显性效应值分别为 -0.167 和 0.034 ; NN 纯合个体的贮存损失为 2.610% , MN 杂合子个体为 2.399% , 两者都极显著地高于 MM 纯合个体的 1.494% ($P < 0.01$), 但前两者间的差异不显著 ($P > 0.05$)。N 等位基因对贮藏损失的加性效应值和显性效应值分别为 0.558 和 -0.347 ; 就肌肉脂肪含量而言, NN 纯合个体为 2.867% , 极显著地低于 MM 纯合个体

的 4.793% ($P < 0.01$), MN 杂合个体的表型值 (3.613%) 介于前两者之间, 且和前两者间的差异都达到显著水平 ($P < 0.05$)。N 等位基因对肌肉脂肪含量的加性效应值和显性效应值分别为 -0.963 和 -0.217 ; NN 纯合个体和 MN 杂合个体的大理石纹评分 (分别为 2.854 和 2.811) 都显著地低于 MM 纯合个体 (3.137) ($P < 0.05$), 但前两者间的差异不显著 ($P > 0.05$)。此外, 对于肉色表现来说, 屠宰后 45 min NN 纯合个体的肉色评分 (CS1) 为 2.875 , 极显著地低于 MM 纯合个体 (3.235) 和 MN 杂合个体 (3.144) ($P < 0.01$), MM 纯合个体与 MN 杂合个体间的差异没有达到显著水平 ($P > 0.05$)。屠宰后 45 min 使用 Minota CR300 测定的光反射值 (L1) 为 NN 纯合个体 (43.694) 极显著地高于 MM 纯合个体 (41.033), 显著地高于 MN 杂合个体 (41.354), MM 纯合个体与 MN 杂合个体间的差异没有达到显著水平 ($P > 0.05$)。而 NN 纯合个体屠宰后冷藏 24 h 后的肉色评分 (CS2) 为 2.667 , 极显著地低于 MM 纯合个体 (3.323) 和 MN 杂合个体 (3.044) ($P < 0.01$), MM 纯合个体与 MN 杂合个体间的差异也达到了显著水平 ($P < 0.05$)。

3 讨论

MyoG 基因 3' 端 Msp I 位点的 N 等位基因具有极显著地增加胴体瘦肉率和眼肌面积, 降低皮脂含量, 改善胴体产肉量和提高胴体品质的遗传效应。这与 Te Pas 等^[13] (1999) 关于 MyoG 基因型能够决定胴体重总表型方差的 4.0% , 瘦肉重总表型方差的 5.8% 的结论相符合。

MyoG 基因 3' 端 Msp I 位点不同基因型对肉质性状的遗传影响作用较大, 表现为 N 等位基因会极显著地降低肉质性状 (pH 值、肉色和肌肉脂肪含量), 并使肌肉的保水力变差。

关于 MRFs 基因家族内各基因对胴体等级性状的遗传效应的相关报道较少。仅有 Cieslak D 等^[14] 对波兰两个种猪场内 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, 但是在两次重复实验间的实验结果却完全相反。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。本次实验结果表明 MyoG 基因 3' 端 Msp I 位点不同基因型对 FOM 肉

脂仪测定的胴体等级性状的影响作用不显著。

本实验说明 *MyoG* 基因 3' 端 *Msp* I 位点不同等位基因对胴体品质和肉质性状的遗传效应主要体现在与肌肉相关的各种生产性状上, 不同基因型对不同生产性能的影响存在巨大的差异。大量的研究已经证明, *N* 基因是外种猪群体中的优势等位基因, 而大多数中国地方猪种中的优势基因则是 *M* 基因^[10~13]。这种各等位基因在不同品种群体中遗传分布上的差异性与外种猪和中国地方猪种在胴体性状和肉质性状表型间的差异性相一致, 这说明有必要将 *MyoG* 基因作为改善胴体产肉量和提高胴体品质的候选基因进行更进一步的深入研究。

参考文献 (References):

- [1] Brocks L, Hulsegge B, Merkus G. Histochemical characteristics in relation to meat quality properties in the *Longissimus lumborum* of fast and lean growing lines of large white pigs. *Meat Sci*, 1998, 50(4): 441~420.
- [2] Handel S E, Stickland N C. Muscle cellularity and its relationship with birth weight and growth. *J Anat*, 1984, 139: 726.
- [3] Te Pas, Visscher A H. Genetic regulation of meat production by embryonic muscle formation - a review. *J Animal Breed Genet*, 1994, 111: 404~412.
- [4] Olson E N. *MyoD* family: A paradigm for development? *Genes Develop*, 1990, 4: 1454~1461.
- [5] Weintraub H, Davis R, Tapscott S, Thayer M, Krause M, Ben Ezra R, Blackwell T K, Turner D, Rupp R, Hollenberg S, Zhuang Y, Lassar A. The *MyoD* gene family: Nodal point during specification of the muscle cell lineage. *Science (Wash DC)*, 1991, 251: 761~766.
- [6] Yun K, Wold B. *Skeletal muscle* determination and differentiation: story of a core regulatory network and its context. *Curr Opin In Cell Biol*, 1996, 8: 877~889.
- [7] HE Yuan-Qing, CHU Ming-Xing, WANG Jin-Yu. Research progress on *myogenin* gene. *Hereditas (Beijing)*, 2004, 26(2): 235~238.
- [8] Ernst C W, Vaske D A, Larson R G, Rothschild M F. Rapid communication: *Msp* I restriction fragment length polymorphism at the swine *myogenin* locus. *J Anim Sci*, 1993, 71: 3479.
- [9] Soumilion A, Erkens J H, Lenstra J A, Rettenberger G, Te Pas. Genetic variation in the porcine *myogenin* gene locus. *Mammalian Genome*, 1997, 8: 564~568.
- [10] ZHU Li, LI Xue-Wei. Polymorphic analysis of 3'-UTR of *MyoG* gene in different pig breeds. *Animal Biotechnology Bulletin*, 2004, 9(1): 214~217.
- [11] LIN Wan-Hua, GAO Jun, CHEN Ke-Fei, DING Neng-Shui, AI Hua-Shui, GUO Yuan-Mei, LI Lin, HUANG Lu-Sheng. Polymorphism analysis of porcine *myogenin* gene by PCR-RFLP. *Hereditas (Beijing)*, 2003, 25(1): 22~26.
- [12] LIU Mei, GAO Qin-Xue, WANG Lin-Yun, ZHANG Shi-Qing. Polymorphisms in shengnong I porcine *myogenin* gene by PCR-RFLP. *Acta Agriculturae Shanghai*, 2003, 19(1): 80~83.
- [13] LIU Mei, GAO Qin-Xue, WANG Lin-Yun, ZHANG Shi-Qing. Polymorphisms in shengnong I porcine *myogenin* gene by PCR-RFLP. *Acta Agriculturae Shanghai*, 2003, 19(1): 80~83.
- [14] Cieslak D, Kapelanski W, Blicharski T, Pierzchala M. Restriction fragment length polymorphisms in *myogenin* and *myf-3* genes and their influence on lean meat content in pigs. *J Anim Breed Genet*, 2000, 17: 43~55.

欢迎订阅《生物信息学》

《生物信息学》(Bioinformatics)是由哈尔滨工业大学主办的学术刊物,主管单位国防科工委,由国家新闻出版署正式批准的国内外公开发行的学术期刊,2003年创刊,季刊,国内统一刊号 CN23-1513/Q。国际统一刊号 ISSN1672-5565。

《生物信息学》主要刊载生物信息及相关领域的研究进展、综述、研究论文、研究简报、技术与方法、专题评论等学术文章。包括基因组学、蛋白质组学、糖原组学、高通量药物筛选、组合化学、统计遗传学、生物数据挖掘、生物数据库、生物软件等。

本刊已入《万方数据—数字化期刊群》(中国核心期刊遴选数据库)、《中国期刊全文数据库》、《中文科技期刊数据库》、《中文电子期刊数据库》。

本刊为大 16 开本,全年出刊 4 期。每期 6.0 元,全年 24 元(含邮寄费),可在全国各地邮局订阅,邮发代号:14-14,也可直接汇款到编辑部。

编辑部地址:哈尔滨市南岗区学府路 333 号《生物信息学》编辑部 邮编:150086

联系人:秦文信 宾力 吴永英

Tel:0451-87501395; Fax:0451-86662881

E-mail: yongyingcn@yahoo.com.cn; itgene@sohu.com