

# 草原红牛及其杂种牛群体遗传变异与肉用性能的微卫星标记研究

杨国忠<sup>1</sup>, 张嘉保<sup>2\*</sup>, 任文陟<sup>2</sup>, 赵玉民<sup>3</sup>, 胡成华<sup>3</sup>

(1. 河北北方学院南校区牧工系, 张家口 075131; 2. 中国人民解放军军需大学军事兽医系, 长春 130062;  
3. 吉林省农业科学院畜牧分院, 公主岭 136100)

**摘要:** 选用草原红牛、草原红牛与利木赞杂交后代作为试验牛群体, 经过基因组 DNA 的提取、微卫星引物的 PCR 扩增、扩增产物的电泳分型、各座位等位基因分析以及基因频率、多态信息含量(PIC)和杂合度(H)的计算等步骤, 从分子水平上分析了草原红牛及其杂交牛群体的遗传变异。在此基础上, 以体重、体尺作为衡量牛生长发育的指标, 以肉牛线性体型评分方法中的肌肉度线性评分性状和屠宰肉用性状作为衡量牛肉用性能的指标, 运用 SPSS 软件分析了 21 个性状与 8 个微卫星标记的关系, 发现了 6 个微卫星标记对试验牛群体某些生长发育性状和肉用性状存在正面或负面影响。

**关键词:** 草原红牛; 微卫星 DNA; 遗传变异; 肉用性能

中图分类号: S823.2

文献标识码: A

文章编号: 0366-6964(2006)02-0128-06

## Study on the Population Genetic Variation and Microsatellite Marker of Beef Performance of Grassland Red Cattle and Its Hybrid

YANG Guo-zhong<sup>1</sup>, ZHANG Jia-bao<sup>2\*</sup>, REN Wen-zhi<sup>2</sup>, ZHAO Yu-min<sup>3</sup>, HU Cheng-hua<sup>3</sup>  
(1. Department of Animal Science, Southern Region of Hebei Northern College, Zhangjiakou 075131, China; 2. Faculty of Military Veterinary, Quartermaster University of PLA, Changchun 130062, China; 3. Animal Science Part of Jilin Province Academy of Agricultural Science, Gongzhuling 136100, China)

**Abstract:** A group of individuals which included Grassland Red cattle (GLRC) and its improved hybrid by Limousine (LM) was chosen as test population. Its population genetic variation was analysed in the level of molecule by the process of genome DNA extraction, PCR amplification of microsatellite primers, fragment analysis with gel electrophoresis, allele analysis of every locus and calculation of allele frequencies, polymorphism information content (PIC) and heterozygosity. Based on this, the body measurements traits and body weight were used to evaluate their growth and development and the muscularity evaluation traits in the regulation of linear valuation and slaughtering meaty traits were used to evaluate their beef performance traits. The relationship of 21 traits and 8 microsatellite makers was analysed by means of SPSS. 6 microsatellite markers were discovered to have positive or negative correlation with some growth and meaty traits in the population.

**Key words:** Grassland Red cattle; microsatellite DNA; genetic variation; beef performance

草原红牛是一个适应北方地区特点的肉乳兼用型优良品种,具有适应性强、宜放牧、耐粗饲、抗病能力强、乳脂率高、肉质好等突出优点,深受当地农牧民的欢迎。但与国外优良肉牛品种相比还存在着个体小,生长缓慢、产肉性能偏低等不足。为了提高草原红牛肉用生产性能,国家“863”计划将其列为中国优质特色肉牛新品系选育与品种开发的对象,先后从国外引进优良肉牛品种对其进行杂交改良。生产性能测定表明<sup>[1,2]</sup>,用利木赞牛改良草原红牛,能有效地提高草原红牛的产肉性能。本研究采用微卫星标记技术,从分子水平上研究草原红牛及其与利木赞牛杂交改良群体遗传变异,并分析其肉用性能与微卫星标记之间的关系,旨在为开展遗传标记辅助选择、数量性状基因定位,从而为草原红牛进一步选育提供理论依据。

## 1 材料与方法

### 1.1 材料

1.1.1 试验动物 草原红牛(GLRC)42头、草原红牛与利木赞杂交后代牛24头,共66头,在吉林省农业科学院畜牧分院饲养。颈静脉采血或屠宰后取肝脏样品,-20℃冰箱冷冻保存备用。

1.1.2 试剂 *Taq* DNA聚合酶,4×dNTP,蛋白酶K,RNAase,Tris饱和酚,Tris,EDTA等。

### 1.2 方法

1.2.1 基因组DNA的提取 参考文献[3],略有改进。

1.2.2 引物的筛选与合成 从国内外刊物中查阅相关研究结果,选出5条染色体上的8个微卫星座位。再从Internet网进入牛的微卫星数据库,查出相应的微卫星引物序列,引物由北京鼎国生物技术和赛百盛生物技术公司合成。

1.2.3 PCR扩增程序 94℃预变性5min;94℃变性30s,退火(50~65℃)45s,72℃延伸45s,35个循环;72℃延伸10min。

1.2.4 PCR产物的检测及电泳分型 扩增产物用1.5%琼脂糖凝胶电泳,在紫外透射分析仪上观察是否有所需的条带,若有继续转到8%变性聚丙烯酰胺凝胶电泳分型。采用银染法进行染色,得到凝胶图。拍照保存以判定基因型。

1.2.5 基因型的判定 用凝胶成像系统UVIBAND软件分析计算全部个体各微卫星座位等位基因大小。按等位基因从小到大的顺序分别依次定名为A、B、C、D、E等。分析各微卫星座位全部个体的基因型。

1.2.6 牛生产性能测定 牛群为8月龄小公牛,经过10个月舍饲育肥,育肥期结束时对其中的40头牛进行了体尺体重测定,肉牛肌肉度线性评分,并屠宰测定肉用性能。

1.2.7 统计分析 利用PPAP3.0软件分别计算本群体各座位基因频率、多态信息含量(PIC)和平均杂合度(H)。

考虑品种和遗传标记2个因素,固定模型为: $Y_{ij} = \mu + \alpha_i + \beta_j + e_{ij}$ 。其中 $Y_{ij}$ 为个体表型记录, $\alpha_i$ 为品种效应, $\beta_j$ 为标记效应, $e_{ij}$ 为随机误差。根据各微卫星标记基因型分析结果和各生产性状测定结果,运用SPSS统计软件之GLM对数据进行方差分析,分析等位基因的效应。

## 2 结果与分析

### 2.1 草原红牛及其杂交改良牛群体遗传变异

8个微卫星座位的等位基因大小及频率、等位基因数、多态信息含量(PIC)和杂合度分析(见表1和2),结果表明,在草原红牛中,ETH225、IDVGA2、IDVGA46和IDVGA44等位基因数分别为5、4、3和4,多态信息含量分别为0.5420、0.6736、0.5218和0.5750,这4个座位为高度多态座位。而另4个座位BM2113、BM1824、IDVGA55和TGGA44等位基因数分别为2、2、2和5,多态信息含量分别为0.3698、0.3604、0.3538和0.4708,属于中度多态性座位。在杂种牛群体中,8个座位的等位基因数分别为5、4、4、5、4、4、4和6,多态信息含量(PIC)分别为0.5943、0.6593、0.5794、0.7259、0.6432、0.6121、0.6120和0.6204,杂合度为0.7034,均属于高度多态性座位,其中IDVGA44是最理想的选择标记。

### 2.2 微卫星标记与生产性能的相关性

表3~8为6个微卫星座位不同基因型各性状均值差异显著性检验结果。由于一些座位中某些基因型的出现频率太低,缺少分析价值,在实际统计分析中每种基因型至少有3个观察值才被考虑<sup>[4]</sup>。表中只列出有显著效应的性状。

由表3可见,在体高、十字部高和坐骨端高3个体尺性状上,IDVGA55基因型AC均值最大,相对于AB差异极显著( $P < 0.01$ ),相对于BB差异极显著或显著( $P < 0.01$ 或 $P < 0.05$ ),且高于AA和BD。由于AC含有其它基因型所不含的等位基因C,因此认为等位基因C(203bp)对这3个体尺性状

表 1 草原红牛及其杂交群体各座位等位基因大小及频率

Table 1 Allele size and frequencies of every loci in the GLRC and its hybrid

座位 Loci		等位基因大小及频率 Allele size and frequencies							
		A	B	C	D	E	F	G	H
ETH225	基因大小 Size/bp	123	129	137	143	147			
	草原红牛 GLRC	0.109 8	0.475 6	0.036 6	0.243 9	0.134 1			
	杂种牛 Hybrid	0.130 4	0.456 5	0.065 2	0.239 1	0.108 7			
BM2113	基因大小 Size/bp	128	136	142	164				
	草原红牛 GLRC	0.428 6	0.571 4	0	0				
	杂种牛 Hybrid	0.282 6	0.347 8	0.304 0	0.065 2				
IDVGA46	基因大小 Size/bp	201	203	211	217				
	草原红牛 GLRC	0.559 5	0.190 5	0.250 0	0				
	杂种牛 Hybrid	0.250 0	0.479 2	0.020 8	0.250 0				
IDVGA44	基因大小 Size/bp	207	215	221	227	231			
	草原红牛 GLRC	0.440 5	0.035 7	0.369 0	0.154 8				
	杂种牛 Hybrid	0.250 0	0.125 0	0.229 2	0.312 5	0.083 3			
IDVGA2	基因大小 Size/bp	130	134	140	146				
	草原红牛 GLRC	0.261 9	0.369 0	0.226 2	0.142 9				
	杂种牛 Hybrid	0.250 0	0.270 8	0.375 0	0.104 2				
BM1824	基因大小 Size/bp	171	175	179	187				
	草原红牛 GLRC	0	0.619 0	0	0.381 0				
	杂种牛 Hybrid	0.2500	0.2708	0.3750	0.1042				
IDVGA55	基因大小 Size/bp	193	199	203	217				
	草原红牛 GLRC	0.357 1	0.642 9	0	0				
	杂种牛 Hybrid	0.354 2	0.416 7	0.083 3	0.145 8				
TGLA44	基因大小 Size/bp	185	191	197	205	221	225	229	233
	草原红牛 GLRC	0.500 0	0	0.035 7	0.428 6	0	0.011 9	0	0.023 8
	杂种牛 Hybrid	0.375 0	0.020 8	0.020 8	0.145 8	0.395 8	0	0.041 7	0

表 2 8 个微卫星座位在各群体中的遗传特性

Table 2 Genetic characteristics of 8 microsatellite loci in each population

座位 loci	多态信息含量 PIC			杂合度 H
	草原红牛 GLRC	杂种牛 Hybrid	全群 Whole population	
BM2113	0.369 8	0.643 2	0.525 2	0.596 1
ETH225	0.542 0	0.594 3	0.569 9	0.692 2
IDVGA2	0.673 6	0.659 3	0.676 3	0.718 2
IDVGA46	0.521 8	0.579 4	0.620 9	0.616 6
IDVGA44	0.575 0	0.725 9	0.681 9	0.704 7
BM1824	0.360 4	0.612 1	0.481 3	0.571 4
IDVGA55	0.353 8	0.612 0	0.472 2	0.565 9
TGLA44	0.470 8	0.620 4	0.619 1	0.660 7
均值	0.483 4	0.630 8	0.580 8	0.640 7
各牛群				
杂合度 H	0.578 0	0.703 4	0.670 7	

有正效应。

由表 4 可见,在腿围性状上,座位 BM2113 基因型 BC 和 AC 相对于 AB 差异分别达到极显著和显著水平( $P < 0.01$  和  $P < 0.05$ ),且高于 BB,表明等位基因 C (142 bp)对腿围性状具有正效应。在净肉重性状上,基因型 BC 显著高于 AB( $P < 0.05$ ),且 AC 也高于 BB 和 AB( $P > 0.05$ ),表明等位基因 C(142 bp)对净肉重性状具有正效应。对于净肉率性状,基因型 AC 和 BC 均比不含 C 的基因型高,其中 AC 和 AB 之间的差异达到了极显著水平( $P < 0.01$ ),BC 和 AB 之间的差异达到了显著水平( $P < 0.05$ ),表明等位基因 C(142 bp)对净肉率性状也具有正效应。

由表 5 可见,在腰角宽体尺性状上,座位 ETH225 基因型 AD 最大,与基因型 BD 间的差异达到了显著水准( $P < 0.05$ ),且高于基因型 BB 和 BE,表明等位基因 A(123 bp)对腰角宽具有正效应。

表 3 微卫星座位 IDVGA55 不同基因型各性状均值差异显著性检验

Table 3 Significant test of every trait mean for various genotypes of IDVGA55

基因型 Genotype	AA 193/193	BB 199/199	AB 193/199	AC 193/203	BD 199/217
样本数 N	3	10	16	4	5
体高 Body height /cm	123.5±1.5 <sup>b</sup>	122.9±3.6 <sup>B</sup>	122.2±1.8 <sup>B</sup>	128.3±2.1 <sup>A</sup>	125.4±3.6 <sup>b</sup>
十字部高 Height at hip cross/cm	130.8±4.5 <sup>ab</sup>	129.4±4.2 <sup>b</sup>	128.4±2.5 <sup>bb</sup>	133.8±3.6 <sup>A</sup>	131.4±2.6 <sup>ab</sup>
坐骨端高 Height at capitulum /cm	121.0±3.6 <sup>a</sup>	119.3±2.6 <sup>bb</sup>	117.5±2.3 <sup>bb</sup>	123.5±2.5 <sup>A</sup>	122.0±3.4 <sup>a</sup>

在同一行中标有 a、b、c 等不同小写字母的均值间差异显著( $P<0.05$ ); 标有 A、B、C 等不同大写字母的均值间差异极显著( $P<0.01$ )。下表同

表 4 微卫星座位 BM2113 不同基因型各性状均值差异显著性检验

Table 4 Significant test of every trait mean for various genotypes of BM2113

基因型 Genotype	BB 136/136	AB 128/136	AC 128/142	BC 136/142
样本数 N	7	15	8	6
腿围 Gam girth/cm	105.1±3.1 <sup>ab</sup>	103.5±4.2 <sup>bb</sup>	107.1±2.6 <sup>a</sup>	108.5±3.1 <sup>aA</sup>
净肉重 Net meat weight/kg	230.05±20.83 <sup>ab</sup>	225.04±17.75 <sup>b</sup>	235.63±9.21 <sup>ab</sup>	244.17±11.26 <sup>a</sup>
净肉率 Net meat rate /%	49.21±1.75 <sup>ab</sup>	47.97±1.53 <sup>bb</sup>	49.88±1.18 <sup>aA</sup>	49.48±1.36 <sup>a</sup>

表 5 微卫星座位 ETH225 不同基因型各性状均值差异显著性检验

Table 5 Significant test of every trait mean for various genotypes of ETH225

基因型 Genotype	BB 129/129	AD 123/143	BD 129/143	BE 129/147
样本数 N	9	7	13	5
腰角宽 Waist corner width /cm	44.9±1.1 <sup>ab</sup>	46.3±2.2 <sup>a</sup>	43.5±1.8 <sup>b</sup>	44.6±2.2 <sup>ab</sup>

由表 6 可见,在耆甲、肩部、大腿肌、臀部外形 4 个肌肉度评分性状上,座位 IDVGA46 基因型 AC 极显著( $P<0.01$ )或显著( $P<0.05$ )小于基因型 AB、BD 以及 BB,同时也小于基因型 AA;对腰厚性状,基因型 AC 显著( $P<0.05$ )小于基因型 BD,同时也小于基因型 AA、AB 以及 BB。以上结果表明

等位基因 C(211 bp)对 5 个肌肉度评分性状耆甲、肩部、腰厚、大腿肌、臀部外形具有负效应。在胴体重、屠宰率、净肉重和净肉率等屠宰肉用性状方面,基因型 AC 显著( $P<0.05$ )或极显著( $P<0.01$ )低于 BB、AB 及 BD,表明等位基因 C(211 bp)对牛肉用性能具有负效应。

表 6 微卫星座位 IDVGA46 不同基因型各性状均值差异显著性检验

Table 6 Significant test of every trait mean for various genotypes of IDVGA46

基因型 Genotype	AA 201/201	BB 203/203	AB 201/203	AC 201/211	BD 203/217
样本数 N	4	3	15	6	9
耆甲 Withers	5.88±1.93 <sup>ab</sup>	6.67±0.58 <sup>a</sup>	6.43±0.98 <sup>aA</sup>	5.25±0.69 <sup>bb</sup>	6.70±0.61 <sup>aA</sup>
肩部 Shoulders	6.50±1.47 <sup>ab</sup>	7.00±0.50 <sup>a</sup>	6.67±0.94 <sup>a</sup>	5.67±0.75 <sup>b</sup>	6.73±0.55 <sup>a</sup>
腰厚 Loin thickness	5.75±1.94 <sup>ab</sup>	6.83±0.76 <sup>ab</sup>	6.57±1.27 <sup>ab</sup>	5.50±1.10 <sup>b</sup>	6.87±0.89 <sup>a</sup>
大腿肌 Thigh muscularity	5.88±1.93 <sup>ab</sup>	6.83±0.76 <sup>aA</sup>	6.77±1.10 <sup>a</sup>	5.50±0.89 <sup>bb</sup>	6.90±0.68 <sup>aA</sup>
臀部外形 Buttocks shape	6.63±1.80 <sup>ab</sup>	7.00±0.50 <sup>a</sup>	6.63±1.29 <sup>a</sup>	5.75±0.82 <sup>bb</sup>	7.06±0.76 <sup>aA</sup>
胴体重 Carcass weight/kg	267.6±21.8 <sup>ab</sup>	285.5±10.4 <sup>a</sup>	277.8±17.5 <sup>a</sup>	255.4±22.8 <sup>b</sup>	281.7±13.5 <sup>a</sup>
屠宰率 Dressing rate/%	57.7±1.65 <sup>ab</sup>	58.5±0.76 <sup>a</sup>	58.3±1.46 <sup>aA</sup>	56.2±1.48 <sup>bb</sup>	58.9±1.93 <sup>aA</sup>
净肉重 Net meat weight/kg	226.5±20.0 <sup>ab</sup>	240.2±10.9 <sup>a</sup>	234.1±15.8 <sup>a</sup>	214.6±20.9 <sup>bb</sup>	241.3±17.9 <sup>aA</sup>
净肉率 Net meat rate/%	48.8±1.72 <sup>ab</sup>	49.2±1.33 <sup>ab</sup>	49.1±1.58 <sup>ab</sup>	47.3±1.67 <sup>b</sup>	50.5±3.62 <sup>a</sup>

由表7可见,在十字部高性状中,座位 BM1824 基因型 AD 显著高于基因型 BB 和 DD ( $P < 0.05$ ),且高于 BD 和 CD ( $P > 0.05$ ),表明等位基因 A (171 bp) 对十字部高有正效应;对胸深性状,基因型 CD 显著高于基因型 BB 和 BD ( $P < 0.05$ ),且高于 DD

和 AD ( $P > 0.05$ ),表明等位基因 C (179 bp) 对胸深性状有正效应。对于腰厚评分性状,基因型 AD 显著高于基因型 BB 和 DD ( $P < 0.05$ ),且高于 BD 和 CD ( $P > 0.05$ ),表明等位基因 A (171 bp) 对腰厚性状具有正效应。

表7 微卫星座位 BM1824 不同基因型各性状均值差异显著性检验

Table 7 Significant test of every trait mean for various genotypes of BM1824

基因型 Genotype	BB 175/175	DD 187/187	AD 171/187	BD 175/187	CD 179/187
样本数 N	6	4	3	19	6
腰厚 Loin thickness	5.42±1.16 <sup>b</sup>	5.88±0.75 <sup>b</sup>	6.83±0.76 <sup>a</sup>	6.27±1.41 <sup>ab</sup>	6.75±1.33 <sup>ab</sup>
十字部高 Height at hip cross/cm	127.50±3.15 <sup>b</sup>	128.25±3.40 <sup>b</sup>	133.33±2.31 <sup>a</sup>	130.03±3.47 <sup>ab</sup>	131.00±4.00 <sup>ab</sup>
胸深 Chest depth/cm	67.08±1.43 <sup>b</sup>	68.88±1.32 <sup>ab</sup>	68.67±1.16 <sup>ab</sup>	67.79±1.78 <sup>b</sup>	70.67±3.55 <sup>a</sup>

由表8可见,在耆甲、腰厚2个肌肉度评分性状上,座位 TGLA44 基因型 EE 均值最大,显著高于基因型 AA 和 AD ( $P < 0.05$ ),AE 也较 AA 和 AD 高;对于臀部外形、体重、胴体重以及净肉重等性状,基因型 EE 显著高于基因型 AD ( $P < 0.05$ ),且 AE

也高于 AA 和 AD ( $P < 0.05$ )。表明等位基因 E (221 bp) 对耆甲、腰厚、臀部外形等肌肉度评分性状和体重、胴体重以及净肉重等屠宰肉用性状有正效应。

表8 微卫星座位 TGLA44 不同基因型各性状均值差异显著性检验

Table 8 Significant test of every trait mean for various genotypes of TGLA44

基因型 Genotype	AA 185/185	EE 221/221	AD 185/205	AE 185/221
样本数 N	7	5	10	6
耆甲 Withers	5.93±1.40 <sup>b</sup>	7.06±0.90 <sup>a</sup>	6.10±0.66 <sup>b</sup>	6.67±0.52 <sup>ab</sup>
腰厚 Loin thickness	5.81±1.50 <sup>b</sup>	7.26±0.99 <sup>a</sup>	6.15±1.06 <sup>b</sup>	6.75±0.69 <sup>ab</sup>
臀部外形 Buttocks shape	6.73±1.31 <sup>ab</sup>	7.36±0.99 <sup>a</sup>	6.20±1.27 <sup>b</sup>	6.88±0.67 <sup>ab</sup>
体重 Body weight/kg	491.1±32.6 <sup>ab</sup>	513.8±20.3 <sup>a</sup>	477.8±30.5 <sup>b</sup>	496.2±16.1 <sup>ab</sup>
胴体重 Carcass weight/kg	273.6±17.9 <sup>ab</sup>	291.2±11.0 <sup>a</sup>	265.3±23.9 <sup>b</sup>	278.9±13.6 <sup>ab</sup>
净肉重 Net meat weight/kg	229.8±15.6 <sup>ab</sup>	246.4±11 <sup>a</sup>	224.2±22.1 <sup>b</sup>	233.4±11.8 <sup>ab</sup>

## 3 讨论

### 3.1 关于草原红牛群体遗传变异

多态信息含量 (PIC) 和杂合度 (Heterozygosity, H) 都是表示群体内遗传变异大小的测度。PIC 高、杂合度大说明群体内基因型一致性差,遗传变异大,选择潜力大;反之,PIC 低、杂合度小说明群体内遗传变异小,选择潜力也小<sup>[5]</sup>。本研究结果表明,由8个微卫星座位得到的平均多态信息含量和杂合度均为杂交牛高于草原红牛,说明杂交牛群体内变异大于草原红牛,具有较大的选择潜力。

### 3.2 关于生产性能的微卫星标记

本研究结果既与有关报导相一致,也与有关研究结果存在差异<sup>[6,7]</sup>。存在差异的原因:一是所研究的牛群体品种不同。因为不同的品种具有不同的遗传结构,它们的等位基因就会有差别,这一点已得到本研究及其他大量研究结果的证实。二是试验所选用的微卫星座位不同,本研究结果表明,同一性状对于不同标记基因的正负效应有所不同,因此在类似研究中选用合适的微卫星标记引物是十分重要的。三是研究牛群体的大小不同。从理论上讲研究群体越大越好,因为只有群体足够大,才能检测到每个座位所有基因型。本研究除了测定体尺、体重和

肌肉度评分性状外,还测定了屠宰项目,研究群体较小,对于有些研究结果来说,可能会产生一定的误差。因此本研究只是初步探讨,今后还应扩大研究群体进行更加深入的研究,以确保研究结果的准确性。

### 3.3 关于肉用性能性状

本研究同时采用了肉牛肌肉度评分性状<sup>[8]</sup>和屠宰肉用性状作为衡量其肉用性能的指标,从结果看,2种方法所得出的结论基本吻合,但并不完全相同。因此认为,肉牛线性体型评分性状的肌肉度评分性状可以粗略评定乳肉兼用型品种草原红牛的肉用性能。

## 4 小 结

应用微卫星标记技术从分子水平上对乳肉兼用型品种草原红牛及其杂交改良牛进行了群体遗传变异分析。

发现有6个微卫星标记对草原红牛及其杂交改良牛群体某些性状存在正或负效应。其中IDVGA55等位基因C(203 bp)对体高、十字部高和坐骨端高3个体尺性状具有正效应;BM2113等位基因C(142 bp)对腿围、净肉重和净肉率等性状具有正效应;ETH225等位基因A(123 bp)对腰角宽具有正效应;BM1824等位基因A(171 bp)对十字部高和腰厚性状具有正效应,等位基因C(179 bp)对胸深性状具有正效应;IDVGA46等位基因C(211 bp)对5个肌肉度评分性状耆甲、肩部、腰厚、大腿肌、臀部

外形以及胴体重、屠宰率、净肉重和净肉率等屠宰肉用性状具有负效应;TGLA44等位基因E(221 bp)对耆甲、腰厚、臀部外形等肌肉度评分性状和体重、胴体重以及净肉重等屠宰肉用性状具有正效应。

### 参考文献:

- [1] 胡成华,于洪春. 草原红牛与利木赞杂交后增重效果的观察[J]. 黄牛杂志,1999,25(1):32~33.
- [2] 于洪春. 草原红牛导血后产肉性能分析[J]. 黄牛杂志,1998,24(3):25~26.
- [3] 萨姆布鲁克 J,拉塞尔 D W,著. 分子克隆实验指南[M]. 黄培堂,王嘉玺,朱厚础,等译. 第3版. 北京:科学出版社,2002. 463~471.
- [4] 金海国,曹阳,臧延青,等. 微卫星DNA与延边黄牛肉用生长性状关系的初步探讨[J]. 中国兽医学报,2004,24(3):285~288.
- [5] 吴伟,王栋,曹红鹤. 微卫星DNA标记对5个中外黄牛品种/群体遗传结构的研究[J]. 吉林农业大学学报,2000,4:5~10.
- [6] Napolitano F, Leone P, Puppo S, *et al.* Exploitation of microsatellites as genetic markers of beef performance traits in Piemontese Chianina crossbred cattle [J]. J Anim Breed Genet,1996,113:157~162.
- [7] 曹红鹤,王雅春,陈幼春. 探讨微卫星DNA作为皮埃蒙特和南阳杂交牛生长性状的遗传标记[J]. 遗传学报,1999,6:621~626.
- [8] 曹红鹤. 意大利皮埃蒙特肉用牛线性体型评分方法[J]. 黄牛杂志,1999,25(4):17~19.