

# 牛 DGAT2 基因第 6 内含子 *Msp*I-RFLPs 和 *Taq*I-RFLPs 及其与牛经济性状相关性研究

徐秀容<sup>2</sup>, 高 雪<sup>1</sup>, 许尚忠<sup>1\*</sup>, 张英汉<sup>2</sup>, 任红艳<sup>1</sup>, 李俊雅<sup>1</sup>

(1. 中国农业科学院畜牧研究所, 北京 100094; 2. 西北农林科技大学, 杨凌 712100)

**摘 要:** 利用 PCR-RFLPs 方法分析牛 DGAT2 基因第 5、6 和 7 内含子内部的 *Msp*I 和 *Taq*I 等 11 种酶切多态性, 并在第 6 内含子检测到 *Msp*I-RFLPs 和 *Taq*I-RFLPs 2 个多态位点。分析表明, 该 *Msp*I-RFLPs 普遍存在于鲁西牛、晋南牛、秦川牛、利木赞×鲁西牛、西门塔尔×延边牛、夏洛来×延边牛、安格斯×延边牛和三河牛、中国荷斯坦牛等 9 个试验群体中, *Taq*I-RFLPs 只在鲁西牛、晋南牛和秦川牛 3 个地方品种和利木赞与鲁西牛的杂交群体中检测到, 而且等位基因 B(T 碱基) 在除鲁西牛外的群体中分布频率很低。统计分析表明, *Msp*I-RFLPs 与肉牛的体脂没有相关, 但显著影响屠宰率, AA 型个体的屠宰率显著高于 AB 和 BB 型 ( $P < 0.05$ )。DGAT2 基因第 6 内含子 *Msp*I 酶切多态性与三河牛群体平均乳脂率和平均干物质含量有极显著或显著的相关性 ( $P < 0.01$  和  $P < 0.05$ ), AA 型个体的平均乳脂率和平均干物质含量均高于 BB 型个体的均值, 但在荷斯坦牛群体中却没有得到相同的结果。研究分析了鲁西牛中 *Taq*I-RFLPs 的 AA 型与 AB 型个体之间屠宰性能的差异, 结果表明这 2 种基因型与鲁西牛的屠宰性能没有显著的相关 ( $P > 0.05$ ), 有待在更大的鲁西牛群体中检验 *Taq*I-RFLPs 是否影响屠宰性状。

**关键词:** DGAT2 基因; 肉牛; 奶牛; 经济性状

中图分类号: S823.2

文献标识码: A

文章编号: 0366-6964(2005)10-0981-06

甘油三酸酯是乳脂和体脂的主要成分, 二酰甘油酰基转移酶 2 (diacylglycerol acyltransferase2, DGAT2) 和二酰甘油酰基转移酶 1 (diacylglycerol acyltransferase1, DGAT1) 都是催化甘油三酸酯合成最后一步反应的酶<sup>[1]</sup>, 也是甘油三酸酯合成过程中的唯一关键酶。但 DGAT1 不能取代 DGAT2 在哺乳动物组织中的功能, 敲除 DGAT2 基因出生后不久死亡<sup>[2]</sup>。该酶还参与肠道脂肪的吸收<sup>[3,4]</sup>。与脂肪吸收、合成和沉积相关酶的基因可以作为研究奶牛和肉牛部分性状 QTL 的候选基因, 其多态性可能和奶牛乳脂率以及肉牛体脂等性状相关<sup>[5]</sup>。Grisart<sup>[6]</sup> 和 Winter 等<sup>[7]</sup> 的研究表明, DGAT1 基因 K232A 取代正是 14 号染色体上检测到的乳脂率 QTL 的原因。本试验利用 PCR-RFLP 方法首次分析 DGAT2 基因部分内含子多态性及其与奶牛乳

脂率等产奶性状、肉牛体脂等屠宰性状的相关性, 从而为中国奶牛和肉牛的辅助标记选择提供一定的理论依据。

## 1 材料与方法

### 1.1 材料

试验动物: 来自河北大厂县华安肉牛场 7 个肉牛群体 (全部为阉牛, 饲喂条件相同), 即 28 头鲁西牛 (Luxi), 23 头晋南牛 (Jinnan), 25 头秦川牛 (Qinchuan), 24 头利木赞×鲁西牛 (Limousin×Luxi), 27 头西门塔尔×延边牛 (Simmental×Yanbian), 30 头夏洛来×延边牛 (Charolais×Yanbian), 18 头安格斯×延边牛 (Angus×Yanbian)。2 个奶牛群体即 179 头三河牛奶牛 (Sanhe, 内蒙古呼伦贝尔谢尔塔拉三河牛种畜场), 118 头中国荷斯坦奶牛 (Chinese Holstein, 陕西草滩农场奶牛场)。来自山东菏泽市鄄城县鲁西牛原种场的 24 头鲁西牛 (Luxi-shandong)。

载体与主要试剂: 载体 pGEM-T easy Vector, 限制性内切酶 *Hha* II、*Eco*RI、*Hind*III、*Hae*III、*Bam*HI、*Hha*I 和 *Hpa*II 购自美国 Promega 公司; 限制性内切酶 *Msp*I、*Taq*I、*Pvu*II、*Pst*I, TaKaRa

收稿日期: 2005-05-24

基金项目: “十五”国家科技攻关项目奶业重大专项 (2002BA518A14); “863”国家高技术研究发展计划 (2002AA242011)

作者简介: 徐秀容 (1969), 女, 湖北英山人, 讲师, 博士, 主要从事分子遗传育种与动物遗传资源研究

\* 通讯作者: 许尚忠, Tel: 010-62816065; E-mail: simmenta@vip.sina.com

*Taq*TM 和 dNTPs 购自宝生物工程(大连)有限公司。

## 1.2 方法

1.2.1 采样 从牛前腔静脉采血 10 mL, ACD(柠檬酸 4.8 g、柠檬酸钠 13.2 g、葡萄糖 14.7 g 溶于 1 000 mL 纯水)抗凝, -20 °C 保存至 DNA 提取。

1.2.2 引物 利用已克隆 DGAT2 基因内含子引物 PI5、PI6 和 PI7 扩增 DGAT2 基因第 5、6 和 7 内含子序列进行 PCR-RFLPs 分析。扩增 DGAT2 第 5(PI5)、6(PI6) 和 7(PI7) 内含子的引物分别为 5'-GCAAGAAGTTCCCTGGCATAAAGG-3' 和 5'-CATTGCCACTCCATTCTTTGA-3'; 5'-AATCGCAAGGGCTTTGTGAAAC-3' 和 5'-CCCCAGGTGTCAGAGGAGAAGA-3'; 5'-AGGCCTCTTCTCCTCTGACACCT-3' 和 5'-GAGGCCGAACTTG-CTCTTATGCT-3'。

1.2.3 PCR 产物的限制性内切酶消化 选用 *Eco*RI、*Hind*III、*Hae*III、*Msp*I、*Taq*I、*Pvu*II、*Bam*HI、*Hha*I、*Pst*I、*Hsp*21 和 *Hpa*II 等 11 种限制性内切酶分别对 PCR 产物进行单酶切反应。

1.2.4 测序 如果检测到多态, 对每种纯合基因型的 PCR 产物进行纯化回收, 并利用 T4 DNA ligase (Promega, America) 连接到 pGEM -T easy vectors (Promega, America), 转化大肠杆菌 DH5 $\alpha$  后将阳性重组子送上海生物工程技术有限公司进行测序。

## 1.3 计算和统计分析

1.3.1 等位基因频率和基因型频率 基因频率根据公式  $P_i = [2(i_{ii}) + (i_{ji}) + (i_{j_2}) + \dots + (i_{jn})] / 2n$  进行计算, 其中  $P_i$  为第  $i$  个等位基因的频率,  $i$  为纯合复等位基因,  $j_1, j_2, \dots, j_n$  与  $i$  共显的第 1 到  $n$  个等位基因,  $n$ : 测定群体的个体总数。

基因型频率 = 每种基因型的个体数 / 测定群体的个体总数

1.3.2 统计分析 根据影响屠宰性状的因素, 采用固定模型  $y_{ijk} = \mu + \text{Breed}_i + \text{Marker}_j + \text{Age}_k + e_{ijk}$ , 其中:  $y_{ijk}$  为个体表型记录,  $\mu$  为总体均数,  $\text{Breed}_i$  为品种效应,  $\text{Marker}_j$  为标记基因型效应,  $\text{Age}_k$  为年龄效应,  $e_{ijk}$  为随机误差。

奶牛 305 d 成年产奶量是根据中国奶牛协会规

定的统一校正方法, 先由全泌乳期产奶量校正为 305 d 产奶量, 然后再根据 305 d 产奶量和胎次校正得到。平均乳脂率、体细胞计数、平均乳糖率和平均蛋白率是根据全泌乳期的第 2、5、8 月份各测一次后的平均值, 统计分析时要考虑胎次效应。

根据影响平均乳脂率、平均蛋白率和体细胞计数等性状的因素, 采用固定模型  $y_{ij} = \mu + \text{Time}_i + \text{Marker}_j + e_{ij}$ , 其中  $y_{ij}$  为个体表型记录,  $\mu$  为总体均数,  $\text{Time}_i$  为胎次效应,  $\text{Marker}_j$  为标记基因型效应,  $e_{ij}$  为随机误差。305 d 产奶成年当量, 采用固定模型  $y_j = \mu + \text{Marker}_j + e_j$ , 其中  $y_j$  为个体表型记录,  $\mu$  为总体均数,  $\text{Marker}_j$  为标记基因型效应,  $e_j$  为随机误差。

根据公式  $\text{SCS} = \log_2(\text{SCC} / 100\ 000) + 3$  进行体细胞计数与体细胞评分之间的换算; 公式中 SCC (Somatic cell count) 为体细胞计数, SCS (Somatic cell score) 为体细胞评分。

运用 SPSS 软件对数据进行分析, 并用最小二乘法拟合线性模型 (GLM), 对各标记基因型对经济性状的影响进行差异显著性检验。

## 2 结果与分析

### 2.1 牛 DGAT2 基因第 5、6 和 7 内含子限制性酶切多态性检测结果与分析

用 *Eco*RI、*Hind*III、*Hae*III、*Msp*I、*Taq*I、*Pvu*II、*Bam*HI、*Hha*I、*Hsp*21、*Hpa*II 和 *Pst*I 等 11 种限制性内切酶对第 5、6 和 7 内含子的 PCR 产物进行酶切, 结果只在第 6 内含子检测到 2 个 PCR-RFLP 位点, 即 *Taq*I 酶切多态性位点和 *Msp*I 酶切多态性位点。

在所检测的群体中存在 *Taq*I 酶切多态性(图 1), 该多态位点有 2 个等位基因, 但在试验群体中只发现一种纯合子(命名为等位基因 A)和杂合子(命名为 AB), 因此又检测了来自山东菏泽市鄄城县鲁西牛原种场的 24 头鲁西牛 DNA 样品, 在该群体中检测到另一种纯合子(命名为 BB 型)。测序结果表明, *Taq*I 酶切多态性位点位于 PI6 PCR 产物的 413bp 处, 其中等位基因 A 在 413bp 位点的碱基为 C, 等位基因 B 在 413bp 位点的碱基为 T, 因此等位基因 B 在该位点没有 *Taq*I 酶切位点。

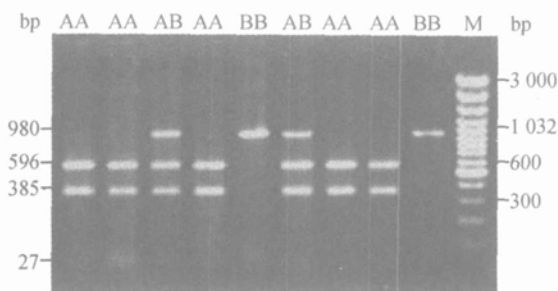
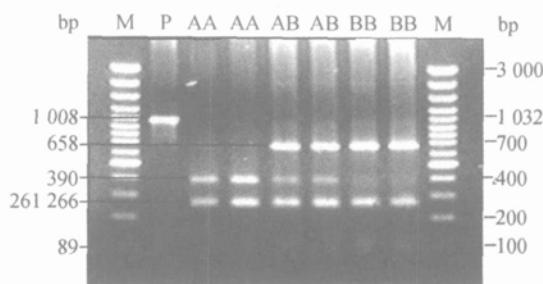


图 1 牛 DGAT2 基因第 6 内含子 PCR 产物 *TaqI* 酶切多态性凝胶电泳检测

Fig. 1 2% Agarose electrophoresis detection of *TaqI* digested product of DGAT2 gene intron 6



P is the PCR product of primer PI6

图 2 牛 DGAT2 基因第 6 内含子 PCR 产物 *MspI* 酶切多态性凝胶电泳检测

Fig. 2 2% Agarose electrophoresis detection of *MspI* digested product of DGAT2 gene intron 6

图 2 是牛 DGAT2 基因第 6 内含子 PCR 产物 *MspI* 酶切琼脂糖凝胶电泳检测图, 所检测的群体中也存在 2 个等位基因, 分别命名为等位基因 A 和等位基因 B。测序证明等位基因 A 有 3 个 *MspI* 酶切位点, 酶切片段大小为 261、390、266 和 89bp, 其中 261bp 和 266bp 的片段在琼脂糖凝胶电泳检测图上无法分开; 等位基因 B 有 2 个 *MspI* 酶切位点, 酶切片段大小为 261、658 和 89bp。 *MspI* 酶切多态性位点位于 PI6 PCR 产物 655bp, 由于碱基 G 突变为 T, 使 BB 型在该位点无 *MspI* 酶切位点。

## 2.2 牛 DGAT2 基因第 6 内含子 *TaqI* 酶切多态性与 *MspI* 酶切多态性等位基因分布

2.2.1 牛 DGAT2 基因第 6 内含子 *TaqI* 酶切多态性等位基因分布 在杂交群体夏洛来、安格斯和荷斯坦牛 3 个群体中, 没有检测到等位基因 B(表 1); 大厂晋南牛、秦川牛和利木赞以及三河牛等位基因分布频率很低。大厂鲁西牛群体中, 等位基因 B 分布的频率最高, 为 0.11。在来自山东鄄城的 24 个鲁西牛中检测到 3 个 BB 型个体, 等位基因 B 的分布频率达到 0.29。

表 1 牛 DGAT2 基因第 6 内含子 *TaqI* 酶切多态性基因型和等位基因频率分布

Table 1 Genotype and allele frequencies of *TaqI* PCR-RFLPs detected in DGAT2 gene intron 6

指标 Indexes	鲁西牛 Luxi	晋南牛 Jinnan	秦川年 Qinchuan	利木赞 ×鲁西牛 Limousin ×LuXi	夏洛来 ×延边牛 Charolais ×Yanbian	西门塔尔 ×延边牛 Simmental ×Yanbian	安格斯 ×延边牛 Angus ×Yanbian	鲁西-山东 Luxi shandong	三河牛 Sanhe	荷斯坦牛 Holstien
Allele frequency	A 0.89	0.96	0.96	0.96	1.00	1.00	1.00	0.71	0.99	1.00
	B 0.11	0.04	0.04	0.04	0	0	0	0.29	0.01	0
Genotype frequency	AA 0.79	0.91	0.98	0.92	1.00	1.00	1.00	0.54	0.98	0.00
	22/28	21/23	23/25	22/24	29/29	27/27	18/18	13/24	98/10	106/106
	AB 0.21	0.09	0.02	0.08	0	0	0	0.33	0.02	
	6/28	2/23	2/25	2/24				8/24	2/100	
	BB							0.13		
								3/24		

2.2.2 牛 DGAT2 基因第 6 内含子 *MspI* 酶切多态性等位基因分布 DGAT2 基因第 6 内含子 *MspI* 酶切多态性基因型和等位基因频率及其频率分布见表 2, 在大厂 3 个地方品种和 4 个杂交群体以及三

河牛和荷斯坦牛 2 个奶牛群体中, 该座位均有 AA、AB 和 BB 型 3 种基因型。只有鲁西牛群体中等位基因 A 的分布频率高于等位基因 B, 等位基因 A 在荷斯坦牛群体中的分布频率最低, 为 0.25。

表 2 DGAT2 基因第 6 内含子 *MspI* PCR-RFLPs 等位基因频率和基因型分布  
Table 2 Genotype and allele frequencies of *MspI* PCR-RFLPs detected in DGAT2 gene intron 6

指标 Indexes	鲁西牛 Luxi	晋南牛 Jinnan	秦川牛 Qinchuan	利木赞 × 鲁西牛 Limousin × LuXi	夏洛来 × 延边牛 Charolais × Yanbian	西门塔尔 × 延边牛 Simmental × Yanbian	安格斯 × 延边牛 Angus × Yanbian	三河牛 Sanhe	荷斯坦牛 Holstien
等位基因频率 Allele frequency	A 0.63	0.40	0.34	0.285	0.38	0.35	0.41	0.37	0.25
	B 0.37	0.60	0.66	0.715	0.62	0.65	0.59	0.63	0.75
	AA 0.31	0.25	0.08	0.05	0.13	0.04	0.17	1.130	0.06
	8/26	5/20	2/25	1/21	4/30	11/27	3/18	23/179	6/103
基因型频率 Genotype frequency	AB 0.65	0.30	0.52	0.48	0.50	0.63	0.50	0.485	0.39
	17/26	6/20	13/25	10/21	15/30	17/27	9/18	87/179	40/103
	BB 0.04	0.45	0.40	0.48	0.37	0.33	0.33	0.385	0.55
	1/26	9/20	10/25	10/21	11/30	9/27	6/18	69/179	57/103

2.3 牛 DGAT2 基因第 6 内含子 *TaqI* 酶切多态性与 *MspI* 酶切多态性肉牛屠宰性状相关性分析

2.3.1 牛 DGAT2 基因第 6 内含子 *TaqI* 酶切多态性与鲁西牛肉牛屠宰性状相关性分析 因为该座位在所检测的群体中无 BB 型个体,除鲁西牛外的其

它群体 AB 型个体很少,本研究只分析了 AA 型和 AB 型与大厂鲁西牛屠宰性状的相关性(表 3),结果显示,AA 型个体和 AB 型个体之间,背膘厚度、大理石花纹和嫩度等屠宰性状均没有显著差异( $P > 0.05$ )。

表 3 DGAT2 基因第 6 内含子 *TaqI* 多态性与鲁西牛肉牛屠宰性状相关性  
Table 3 The relativity between genotypes at *TaqI* PCR-RFLPs loci in DGAT2 gene intron 2 and carcass traits in Luxi cattle

	背膘厚度 Backfat depth/cm	大理石花纹 Marbling score/garde	肌内脂肪 Intramuscular fat/%	宰前活重 Aliving weight / kg	胴体重 Hotcarcass/ kg	屠宰率 Dressing percentage/ %	嫩度 Tenderness/ grade
AA	1.26 ± 0.09	1.22 ± 0.22	7.92 ± 1.55	503.08 ± 12.30	222.73 ± 5.81	56.47 ± 0.54	4.45 ± 0.22
AB	1.52 ± 0.17	1.00 ± 0.34	7.48 ± 1.00	483.40 ± 19.02	270.36 ± 10.12	55.99 ± 0.84	4.47 ± 0.33

2.3.2 牛 DGAT2 基因第 6 内含子 *MspI* 酶切多态性与肉牛屠宰性状相关性分析 DGAT2 基因第 6 内含子 *MspI* 酶切多态性对背膘厚度、大理石花纹等级、肌内脂肪和腔油 5 个与体脂有关的性状均没

有明显的影 响(表 4),但与屠宰率存在极显著的相关( $P = 0.000$ ),AA 型个体屠宰率均值明显高于 AB 和 BB 型个体屠宰率均值,分别高 2.5% 和 4.1%。

表 4 牛 DGAT2 基因第 6 内含子 *MspI* 酶切多态性与肉牛部分屠宰性状相关性  
Table 4 The relativity between genotypes at *MspI* PCR-RFLPs loci in DGAT2 gene intron 6 and carcass traits

	背膘厚度 Backfat depth/cm	大理石花纹 Marbling score/garde	肌内脂肪 Intramuscular fat/%	宰前活重 Aliving weight / kg	胴体重 Hotcarcass / kg	屠宰率 Dressing percentage/ %	腔油 Intestine fat / kg
AA	1.24 ± 0.10	1.79 ± 0.24	5.69 ± 0.48	553.93 ± 13.11	324.45 ± 8.11	58.33 ± 0.38 <sup>A</sup>	28.43 ± 1.38
AB	1.13 ± 0.05	2.20 ± 0.13	5.66 ± 0.25	563.84 ± 7.55	320.91 ± 4.68	56.89 ± 0.22 <sup>B</sup>	27.48 ± 0.79
BB	1.03 ± 0.06	2.20 ± 0.15	4.85 ± 0.32	562.27 ± 8.83	315.61 ± 5.47	56.02 ± 0.25 <sup>B</sup>	28.51 ± 0.93

同一列肩注不同表示差异极显著( $P < 0.01$ )

Data with different letter in the same column show most significant difference( $P < 0.01$ )

## 2.4 牛 DGAT2 基因第 6 内含子 *MspI* 酶切多态性与奶牛产奶性状相关性分析

在三河牛群体中(表 5), DGAT2 基因第 6 内含子 *MspI* 酶切多态性与平均乳脂率和平均干物质含量有

极显著或显著的相关性( $P=0.005$  和  $P=0.047$ ), AA 型个体的平均乳脂率和平均干物质含量比 BB 型个体的均值分别高 0.61% 和 0.88%, 但在荷斯坦牛群体中却没有得到相同的结果(表 6)。

表 5 DGAT2 基因第 6 内含子 *MspI* 酶切多态性与三河牛产奶性状的相关性

Table 5 The relativity between genotypes at *MspI* PCR-RFLPs loci in DGAT2 gene intron 6 and milk traits in Sanhe cow

305 d 产奶成年当量 305-days matured equivalency / kg	平均乳脂率 Average milk fat percentage / %	平均乳蛋白率 Average milk pro- tein percentage / %	平均乳糖率 Average milk sugar percentage / %	平均干物质率 Average dry material / %	体细胞评分 Somatic cell score /(1 000 cells / mL)
AA 3 143.80 ± 454.88	3.99 ± 0.16 <sup>a</sup>	3.61 ± 0.10	4.42 ± 0.08	12.56 ± 0.32 <sup>a</sup>	4.31 ± 0.43
AB 3 156.30 ± 190.93	3.61 ± 0.08 <sup>ab</sup>	3.43 ± 0.05	4.38 ± 0.04	12.10 ± 0.16 <sup>ab</sup>	3.78 ± 0.23
BB 3 303.69 ± 158.94	3.38 ± 0.10 <sup>b</sup>	3.35 ± 0.06	4.50 ± 0.05	11.68 ± 0.19 <sup>b</sup>	3.95 ± 0.27

同一列肩注不同表示差异显著( $P < 0.05$ )

Data with different letter in the same column show significant difference( $P < 0.05$ )

表 6 DGAT2 基因第 6 内含子 *MspI* 酶切多态性与荷斯坦牛产奶性状的相关性

Table 6 The relativity between genotypes at *MspI* PCR-RFLPs loci in DGAT2 gene intron 6 and milk traits in Chinese Holstein

305 d 产奶成年当量 305-days matured equivalency/ kg	平均乳脂率 Average milk fat percentage / %	平均乳蛋白率 Average milk protein percentage / %	体细胞评分 Somatic cell score /(1 000 cells / mL)
AA 10 010.66 ± 947.87	3.34 ± 0.25	3.05 ± 0.15	5.83 ± 0.48
AB 7 439.31 ± 505.57	3.21 ± 0.14	2.85 ± 0.13	5.51 ± 0.37
BB 8 316.93 ± 476.47	3.38 ± 0.11	2.99 ± 0.06	5.33 ± 0.23

## 3 讨论

### 3.1 DGAT2 基因第 6 内含子 *MspI*-RFLPs 和 *TaqI*-RFLPs 2 个多态位点等位基因分布

本研究在 DGAT2 基因第 6 内含子检测到 *MspI*-RFLPs 和 *TaqI*-RFLPs 2 个多态位点。其中 *MspI* 酶切多态座位的 2 个等位基因在中国地方品种和国外引进品种都有分布, 因此, 这 2 个等位基因在国内外品种中普遍存在, 该位点的碱基取代应该发生在品种分化以前。*TaqI* 酶切多态性座位的等位基因 B 仅在鲁西牛、秦川牛和晋南牛 3 个地方品种以及大厂杂交群体利木赞 × 鲁西牛中分布, 且分布频率很低, 在 2 个鲁西牛群体中的分布频率最高, 也只有 11% 和 29%。导致等位基因 B 的这种分布频率的原因有两种, 一种原因是该突变是一个新的突变, 而且仅在中国的一些地方品种中有分布; 另一种原因则完全相反, 该突变发生在很久以前, 但由于是一个不利的突变, 使其在长期的自然选择或人工选择中被逐渐淘汰。但真正的原因还有待对国内外

更多品种进行检测和分析。

分析笔者对其他位点(待发表)以及本研究检测到的多态位点等位基因分布情况发现, 与秦川牛、南阳牛和晋南牛相比, 鲁西牛品种不仅具有更丰富的多态性, 而且同一等位基因分布频率也有很大的不同。因此, 对鲁西牛开展深入的遗传多样性研究对我国黄牛品种遗产资源的保护与利用具有一定的意义。

### 3.2 DGAT2 基因第 6 内含子 *MspI*-RFLPs 和 *TaqI*-RFLPs 2 个多态位点与奶牛、肉牛生产性状关系研究

与脂肪吸收、合成和沉积相关酶的基因的多态性可能和奶牛乳脂率以及肉牛体脂等性状相关。本研究中检测到 DGAT2 基因第 6 内含子 *MspI* 酶切多态性与三河牛群体的乳脂率呈显著的相关, AA 型个体的平均乳脂率比 BB 型高 0.61%; 但该效应没有在中国荷斯坦牛中得到印证。尽管该多态性位于内含子序列, 但内含子序列可能在基因的转录及 mRNA 剪接中起着重要作用。李武峰等<sup>[8]</sup>报道, H-FABP 基因第 2 内含子多态性与牛肉品质相关。

*Msp*I 酶切多态位点与肉牛背膘厚度、大理石花纹以及肌肉脂肪含量等体脂相关的性状没有相关, 却与屠宰率、三河牛乳脂中平均干物质率有显著的相关。该位点对肉牛与奶牛性状的影响还有待在更大的群体中进行验证。由于受基因型分布频率的影响, 无法分析 *Taq*I 酶切多态性与中国几个地方肉牛品种的关系, 但该多态性位点对分析不同品种牛之间的亲缘关系有一定的参考价值, 而且有待在大的鲁西牛群体中分析其与屠宰性状和生长性状的相关性。

#### 参考文献:

- [1] Kathryn D. Mai J T, Wagner N W, et al. DGAT2 Is a New Diacylglycerol Acyltransferase Gene Family[J]. *J Biol Chem*, 2001, 276(42): 38 862~ 38 869.
- [2] Stone S J, Myers H M, Watkins S M, et al. Lipopenia and skin barrier abnormalities in DGAT2-deficient mice [J]. *J Biol Chem*, 2004, 279(12): 11 767~ 11 776.
- [3] Buhman K K, Smith S J, Stone S J, et al. DGAT1 is not essential for intestinal triacylglycerol absorption or chylomicron synthesis [J]. *J Biol Chem*, 2002, 277(28): 25 474~ 2 547.
- [4] Wakimoto K, Chiba H, Michibata H, et al. A novel diacylglycerol acyltransferase (DGAT2) is decreased in human psoriatic skin and increased in diabetic mice[J]. *Biochem Biophys Res Commun*, 2003, 310(2): 296~ 302.
- [5] Winter A, van Eckevelde M, Binida-Emonds O R, et al. Genomic organization of the DGAT2/MOGAT gene family in cattle (*Bos taurus*) and other mammals[J]. *Cytogenet Genome Res*, 2003, 102(1-4): 42~ 47
- [6] Grisart B, Coppieters W, Farnir F, et al. Genetic and functional confirmation of the causality of the DGAT1 K232A quantitative trait nucleotide in affecting milk yield and composition[J]. *Proc Natl Acad Sci U S A*, 2004, 101(8): 2 398~ 2 403.
- [7] Winter A, Kramer W, Werner F, et al. Association of a lysine-232/alanine polymorphism in a bovine gene encoding acyl-CoA: diacylglycerol acyltransferase (DGAT1) with variation at a quantitative trait locus for milk fat content[J]. *Proc Natl Acad Sci U S A*, 2002, 99(14): 9 300~ 9 335.
- [8] 李武峰, 许尚忠, 曹红鹤, 等. 3个杂交牛种 H-FABP 基因第2内含子的遗传变异与肉品质性状的相关分析 [J]. *畜牧兽医学报*, 2004, 35(3): 252~ 255.

### *Msp*I-RFLPs and *Taq*I-RFLPs in DGAT2 Intron 6 and Their Effects on Bovine Economic Traits

XU Xiurong<sup>1,2</sup>, GAO Xue<sup>1</sup>, XU Shang-zhong<sup>1\*</sup>, ZHANG Ying-han<sup>2</sup>, REN Hong-yan<sup>1</sup>, LI Jun-ya<sup>1</sup>  
(1. *Institute of Animal Science, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Beijing 100094, China;*  
2. *Northwest Agriculture and Forestry University, Yangling 712100, China*)

**Abstract:** PCR-RFLPs assay was used to investigate polymorphisms within the cloned introns 5 to 7. A *Msp*I-RFLPs and a *Taq*I-RFLPs were detected in intron 6. The *Msp*I-RFLPs is common in all the detected breeds, but the *Taq*I-RFLPs only was founded in Chinese breeds, and allele B (bearing T base) is rare in Chinese breeds. Associations between the founded *Msp*I-RFLPs in intron 6 and carcass traits in the seven beef cattle breeds and two Chinese dairy cattle were tested, no relation between *Msp*I-RFLPs and body fat in beef cattle were founded in present study, but the individuals bearing AA genotype had higher ( $P < 0.05$ ) dressing percentage. Individuals with genotype AA had higher milk fat percentage ( $P < 0.01$ ) and dry material percentage ( $P < 0.05$ ) in Sanhe. For the *Taq*I-RFLPs in intron 6, the present study only tested the carcass traits difference between genotype AA and AB in Luxi cattle, but no associations were founded.

**Key words:** DGAT2 gene; beef cattle; dairy cattle; economic traits

\* Corresponding author