

蒙古马性格候选基因 5-HT 受体部分序列的 PCR-SSCP 分析

斯钦高娃¹, 马月辉², 王全喜¹, 芒来^{1*}

(1. 内蒙古农业大学动物科学与医学学院, 内蒙古呼和浩特 010018; 2. 中国农业科学院畜牧兽医研究所, 北京 100193)

摘要 [目的] 研究马 5-HT 受体基因与性格性状之间的关系, 为优良马匹的鉴定、合理利用与品种改良提供理论基础。[方法] 首先进行问卷调查, 选取 60 匹蒙古马, 采集血样, 提取相关 DNA, 设计引物, 然后进行 PCR 和 PCR-SSCP 分析, 最后将问卷调查结果与相关基因多态性结合, 对每匹蒙古马性格进行综合评价和统计分析。[结果] *HTR1b* 基因 BB 型马在对人友好、协作性、温顺性、忍耐力、合群性方面特征明显, AB 型在好奇心、警戒性、易激动性等方面特征明显。 *HTR1b* 基因上 A1316G 与马的好奇性、警戒性、易激动性有关。 *HTR1a* 上游基因的 5 种基因型中, AB 基因型、CC 基因型的个体在“友好型”的特征较 AA 型、BB 型、BC 型高。 CC 基因型在警戒调查中极显著。说明 CC 基因型 G735C 可能与马的警戒性有关。 *HTR1a* 下游基因的 3 种基因型中, BB、AB 基因型在“友好型”的特征较 BC 型高, BC 型在好奇心方面得分最高。说明 BC 基因型 G1461A、T1472C 可能与马好奇心有关。[结论] 不同的基因型对马匹的性格如友好性、好奇心、易激动性等具有很大的影响。

关键词 蒙古马; 性格候选基因; 5-羟色胺受体; 多态性

中图分类号 S188 **文献标识码** A **文章编号** 0517-6611(2009)21-09893-06

PCR-SSCP Analysis on the Partial Sequence of Candidate Receptor Gene 5-HT of Temperament in Mongolian Horse

SIQIN Gao-wa et al (College of Animal Science and Animal Medicine, Inner Mongolia Agricultural University, Hohhot, Inner Mongolia 010018)

Abstract [Objective] The purpose was to research the correlation between the receptor gene 5-HT in horse and its temperament and characters so as to provide a theoretical basis for the identification, reasonable utilization and cultivar improvement of excellent horses. [Method] Sixty Mongolian horses were selected out through questionnaire survey at first, then their blood samples were collected and the relative DNAs were extracted from the blood samples and the primers were designed for PCR and PCR-SSCP analyses. Finally, the comprehensive evaluation and statistical analysis were performed on the temperament of each Mongolian horse through combining questionnaire results with relative gene polymorphism. [Result] The horses with BB genotype of *HTR1b* gene were obviously friendly to human and had obvious collaboration, gentleness, patience and gregariousness and that with AB genotype of *HTR1b* gene had obvious curious behavior, vigilance and inflammability. A1316G in gene *HTR1b* was related to the curious behavior, vigilance and inflammability of horse. Among the 5 genotypes of upstream gene of *HTR1a*, the horses with AB or CC genotypes were more friendly than that with AA, BB or BC genotypes and the horses with CC genotype was extremely significant in vigilance survey. It was shown that CC genotype G735C may be related to the vigilance of horse. Among the 3 genotypes of downstream gene of *HTR1a*, the horses with BB or AB genotypes were more friendly than that with BC genotype and the horses with BC genotype got highest scores in curious behavior. It was shown that BC genotypes G1461A and T1472C may be related to the curious behavior of horse. [Conclusion] The different genotypes had very great influences on the temperaments of horses, such as friendliness, curious behavior and inflammability.

Key words Mongolian horse; Candidate temperament gene; 5-hydroxytryptamine receptor; Polymorphism

血清素系统又称为 5-羟色胺能 (5-Hydroxy-tryptamine, 5-HT) 系统^[1], 5-HT 属于吲哚衍生物, 分子式 $C_{10}H_{12}N_2O$, 主要存在于胃肠道黏膜的嗜铬细胞, 约占其总量的 80%, 其余分布在血小板、松果体及脑部^[1-5]。5-HT 是人脑中的一种非常重要的神经化学物质, 用于传递神经信息^[1-2], 可直接影响人体的生理和心理功能, 如人的睡眠、食欲、性欲以及喜怒哀乐等。当体内 5-HT 浓度过高时, 人就会过度兴奋, 而当浓度过低时, 则会导致一系列精神上的病态, 如焦虑、惊恐, 甚至抑郁情绪, 从而引发恐怖症、强迫症 (OCD) 和偷窃癖等^[1-2, 4]。性格行为倾向可能与血清素酶的变异存在相关性, 血清素酶在性格行为抑制系统中起一定作用。研究证实, 血清素途径中, 基因的多态性与性格性状有关^[1], 而 5-HT 受体基因的多态与性格或神经紊乱也存在相关性。因此, 研究 5-HT 各类受体, 有助于阐明各种神经性疾病的病理生理机制以及制订相应的治疗对策。分子生物学和药理学^[6]的研究结果显示, 5-HT 受体 (5-HTR) 至少存在 7 种类型, 即 5-HT1R、5-HT2R、5-HT3R、5-HT4R、5-HT5R、5-HT6R 和 5-

HT7R, 且大多已被克隆和定位^[1-3]。

近几年来, 随着赛马业的发展, 人们对赛马的要求也越来越高, 耐力强、速度快、性格气质好是选择赛马首要考虑的因素。马是具有典型性格性状的动物之一, 马匹的性格往往能够决定其生产价值和比赛的能力, 赛马只有表现稳定、性格友好、易于调教和饲养管理, 其优良性能才能更好地得到发挥^[6]。因此, 马行为学的研究, 对赛马业的发展有着非常重要的意义。Momozawa 认为马 *HTR1a* 基因上的 SNP G1464A 位点的多态性与集中力、理解力、好奇心、记忆力、忍耐力有关, *HTR1b* 基因上 SNP C482A 位点的多态性与协作力有关, *HTR2a* 基因的 SNP G1464A 位点的多态性与理解力有一定的相关性^[7]。寻找蒙古马与性格相关的早期标记辅助选择 (MAS) 位点, 建立蒙古马的性格综合评价体系, 为日后马匹的饲养管理和调教训练将有重要的意义。笔者以蒙古马为研究对象, 对其性格候选基因进行分子生物学研究, 旨在初步揭示性格候选基因与性格性状的相关性, 以及候选基因在决定性格表现时的具体作用模式。

1 材料与方法

1.1 材料

1.1.1 供试材料。采集 60 匹蒙古马血样装入液氮罐, 然后贮存于 -70°C 超低温冰箱备用。

1.1.2 试验试剂。引物由大连宝生物工程有限公司合成; 2

基金项目 国家自然科学基金 (30760162); 国家科技部畜禽种质资源共享平台建设子项目: “畜禽种质资源标准化整理整合及共享平台建设” (2005DKA21101)。

作者简介 斯钦高娃 (1980 -), 女, 内蒙古镶黄旗人, 硕士研究生, 研究方向: 分子数量遗传学与马科学。* 通讯作者。

收稿日期 2009-04-01

×TAQ PCR MASTERMIX 购自南京波尔迪公司;DNA Marker DL2000 和 Supercoil Marker 均购自大连宝生物(TAKARA)有限公司。

1.2 方法

1.2.1 问卷调查。在管理员长期观察的基础上,对马性格表现型进行问卷调查。主要调查 8 个项目包括 A 对人友好、B 好奇行为、C 协作性、D 温顺性、E 警戒性、F 忍耐性、G 合群性、H 易激动,共设 1~9 个评分等级。

1.2.2 马基因组 DNA 提取与检测。采用常规的“酚-氯仿”抽提法,分别提取 60 份血液基因组 DNA,并对其进行检测。

1.2.3 引物设计及合成。根据 GenBank 已发表的马属动物 5-HT 序列,选择带有目的片段的合适区域设计引物,再由大连宝生物工程有限公司合成。引物序列、扩增片断长度及位置见表 1。

表 1 引物 DNA 序列、扩增片断长度及位置 Table 1 Primer sequences, length and position

| 位点 Locus | 扩增位置 Amplification position | 片断大小 Fragment size//bp | 引物序列 Primer sequence |
|-------------------|-----------------------------|------------------------|--|
| <i>HTR1b</i> | 1 077 - 1 385 | 309 | 正向引物: 5' ATCTGAACTCCCTCAT-CAACCC 3' 反向引物: 5' TGGGCAAGGAGGCTC-TATCT 3' |
| <i>HTR1a</i> (上游) | 483 - 914 | 432 | 正向引物: 5'GCTCGTTGGCTTCCTC 3' 反向引物: 5'GGCAGGTGCTCTTTGG 3' |
| <i>HTR1a</i> (下游) | 1 176 - 1 499 | 323 | 正向引物: 5'TCTGCTCAACCCTGTGAT 3' 反向引物: 5'CCAAGTGCCTTCTCAC 3' |

1.2.4 PCR 扩增。PCR 反应体系总体积为 20 μl,包括 2 × TAQ PCR MASTERMIX 13.0 μl,上下游引物各 1.0 μl (10 pmol/μl),DNA 模板 1.0 μl (100 ng/μl),ddH₂O 4.0 μl。PCR 反应条件:94 °C 预变性 5 min,然后进入循环条件,30 个循环,72 °C 延伸 10 min,4 °C 保存。各反应条件的主要区别在于退火温度的不同(*HTR1b* 59.4 °C,*HTR1a*(上游)56.3 °C,*HTR1a*(下游)56.7 °C)。

1.3 PCR-SSCP 分析 将所得不同的马的 5-HT 基因序列 60 个样品进行 12% (8%) 的非变性聚丙烯酰胺凝胶电泳:取 2 μl PCR 产物,加入 8 μl 上样缓冲液 (98% 去离子甲酰胺、10 mM EDTA (pH 8.0)、0.025% 二甲苯菁 FF、0.025% 溴酚蓝)。

1.4 综合评价和统计分析 最后将问卷调查结果与相关基因多态性分析结合,对每匹蒙古马性格进行综合评价。并且将 8 个性格类型分成 2 类,B、E、H 3 个性格归为一类,称之为“不友好型”,A、C、D、F、G 性格归类到“友好型”。并用 SPSS13.0 软件进行统计分析。

2 结果与分析

2.1 血液基因组 DNA 的检测 由图 1 可见,用常规的“酚-氯仿”提取法得到的 60 份个体血液基因组 DNA 条带清晰,无拖尾现象,符合后续试验的要求。

2.2 PCR 扩增结果

2.2.1 *HTR1b* 的 PCR 扩增结果。60 份样品进行了扩增,PCR 产物经 1% 琼脂糖凝胶电泳检测(图 2 中 1~10 为目的片段,M 为 DL2000 Marker)显示,PCR 扩增得到 1 条 400 bp 左右的条带,与预计 PCR 产物 309 bp 基本一致。

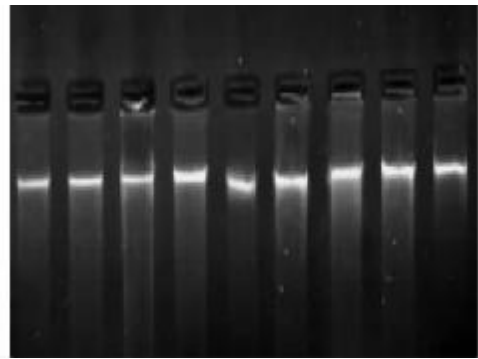


图 1 马基因组 DNA 电泳检测结果

Fig.1 Result of horse genomic DNA by electrophoresis

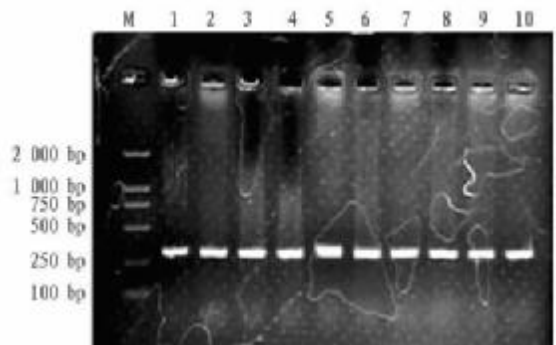


图 2 马 *HTR1b* 的 PCR 扩增产物 1% 琼脂糖凝胶电泳图谱

Fig.2 Electrophoresis pattern of PCR products of horse *HTR1b* gene

2.2.2 *HTR1a* (上游)PCR 扩增结果。由图 3 可见,*HTR1a* (上游)PCR 扩增产物的大小在 250 ~ 500 bp,这与预计 432 bp 的产物基本相符。

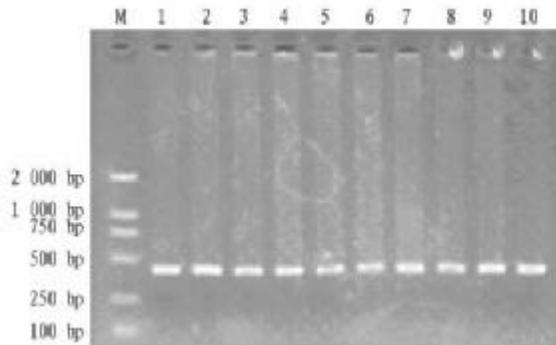


图 3 马 *HTR1a* 上游-PCR 扩增产物 1% 琼脂糖凝胶电泳图谱

Fig.3 The pattern of PCR products of horse *HTR1a* upstream gene by 1% agarose gel electrophoresis

2.2.3 *HTR1a* (下游)PCR 扩增结果。由图 4 可见,*HTR1a* (下游)PCR 扩增产物大小在 250 ~ 500 bp,与预计的 323 bp 产物大小基本一致。

2.3 PCR-SSCP 分析

2.3.1 马 *HTR1b* 基因。由图 5 可见,经 12% 非变性聚丙烯酰胺凝胶电泳进行 SSCP 分析,结果显示该位点在所检测的样品中存在 2 种不同带型。其中泳道 1~5、7~16、18~24 为 BB 型;泳道 6、17 为 AB 型。

2.3.2 马 *HTR1a* (上游)基因。SSCP 分析结果(图 6)显示,该位点在所检测的样品中存在 5 种不同带型:AA、BB、CC、AB 和 BC。其中泳道 11 为 AA 型;泳道 1、3、5、6 为 BB 型;泳

道 9、10 为 AB 型;泳道 8 为 CC 型;泳道 2、4、7 为 BC 型。

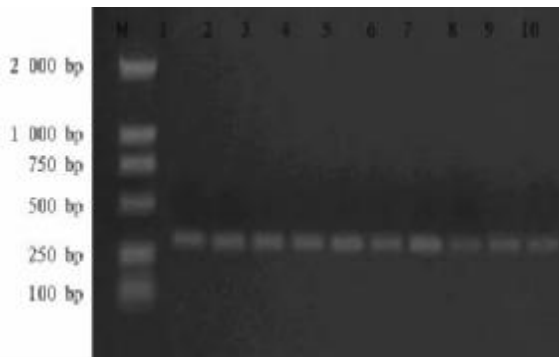


图 4 马 *HTR1a* 下游-PCR 扩增产物 1% 琼脂糖凝胶电泳图谱
 Fig.4 The pattern of PCR products of horse *HTR1a* downstream gene by 1% agarose gel electrophoresis

2.3.3 马 *HTR1a*(下游)基因。由图 7 可见,*HTR1a* 下游基因 PCR 扩增产物 PCR-SSCP, 结果显示存在 3 种不同带型, BB、AB 和 BC。其中泳道 1~3 为 BC 型;泳道 4、5、7、8、9 为 BB 型;泳道 6、10 为 AB 型。

2.4 序列分析与比较

2.4.1 *HTR1b* 基因序列分析与比较。将 AB 型和 BB 型的个体序列经 DNA Star 进行比对分析, 序列比对结果如图 8 所示, BB 型在 *HTR1b* 基因序列的 1 316 处发生 A→G 的转换。

2.4.2 *HTR1a*(上游)基因序列分析与比较。从 PCR-SSCP 分析中得知, 在 *HTR1a*(上游)基因片段中, 共出现了 5 种基因型, 这表明在 *HTR1a*(上游)基因片段的多态性比较丰富。由图 9 可见, 20 个碱基替换、缺失和插入位点, 其中转换位点 15 个, 插入位点 4 个, 缺失位点 1 个。其中 5 个位点碱基的

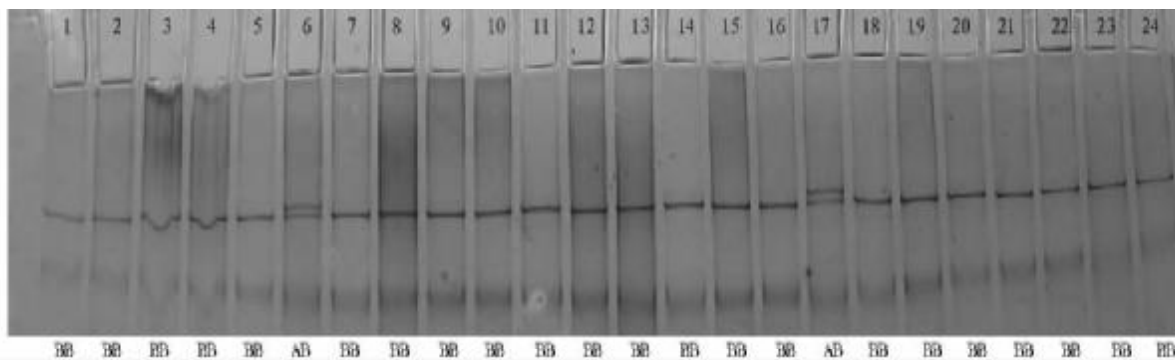


图 5 马 *HTR1b* 基因 PCR 扩增产物 PCR-SSCP 检测结果
 Fig.5 The monitoring results of the amplification products of *HTR1b* gene in horse types by PCR-SSCP

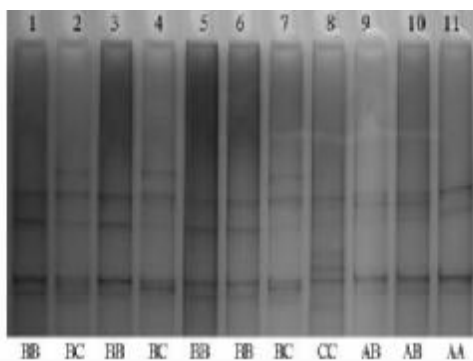


图 6 马 *HTR1a* 上游基因 PCR 扩增产物 PCR-SSCP 检测结果
 Fig.6 The monitoring results of the amplification products of *HTR1a* upstream gene in horse types by PCR-SSCP

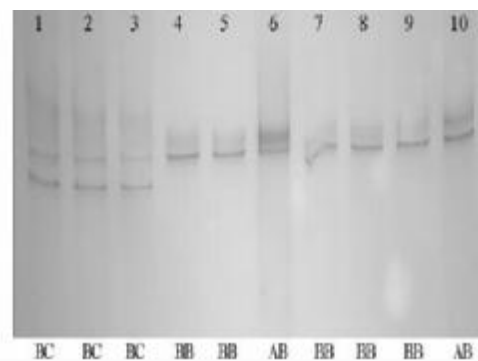


图 7 *HTR1a* 下游基因 PCR 扩增产物 PCR-SSCP 检测结果
 Fig.7 The monitoring results of the amplification products of *HTR1a* downstream gene in different horse types by PCR-SSCP

突变导致了编码氨基酸的改变。其中 5 种基因型都在 767、771 位点上插入 G 导致了 Gly 和 Glu 的变化及 806 位点上插入 A 导致了 Asn 的变化, 795 位点上 A→G 导致了 Gln 的变化, 798 位点上 G→C 导致了 Gly 的变化。5 种基因型在 827 位点上 T 的缺失。5 种基因型在 C799G、T808A、T825G、T830G、A832C、A844G、C866G、T869C、G870T、A872G、A892G 的单一位点的变化, 并出现了 842 位点上 G 的插入。CC 基因型在 735 位点上发生 G→C 的转换, AB 基因型在 897 位点上发生 G→A 的转换。

2.4.3 *HTR1a*(下游)基因序列分析与比较。由图 10 可见, AB 基因型在 1325 和 1461 处发生 G→A 转换, BC 基因型在 1472 处发生 T→C 转换。

2.5 统计学分析与综合评价

2.5.1 马 5-HT 基因基因型和基因频率分布的计算。由表 2 可知, *HTR1b*、*HTR1a*(下游)2 个基因在蒙古马群体中的等位基因 B 频率较等位基因 A 的频率高, 从基因型分析, BB 型为优势基因型; *HTR1a*(上游)基因在蒙古马群体中的等位基因 A 频率较等位基因 B 的频率高, 从基因型分析 AA 型为优势基因型。其中 *HTR1a*(上游)、*HTR1a*(下游)2 个基因由 A、B、C 3 个复等位基因控制, *HTR1b* 基因由 A、B 2 个复等位基因控制。同时 Hardy-Weinberg 平衡检验显示, *HTR1b*、*HTR1a*(下游)基因型马处于平衡状态, *HTR1a*(上游)基因型马处于非平衡状态。

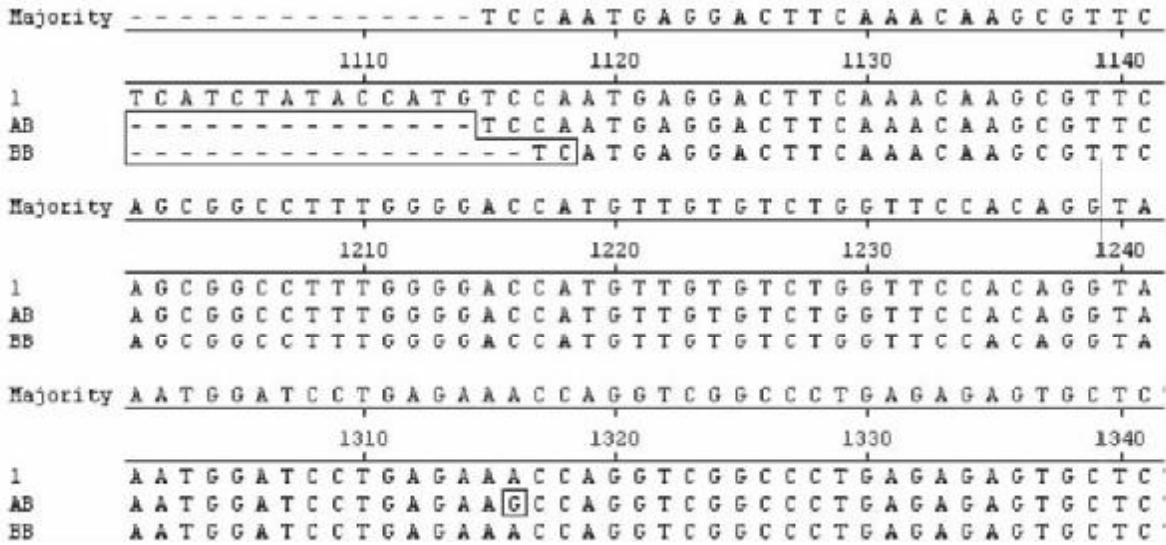


图8 马 HTR1b 基因序列比较
 Fig.8 The sequence alignment of HTR1b gene in horse

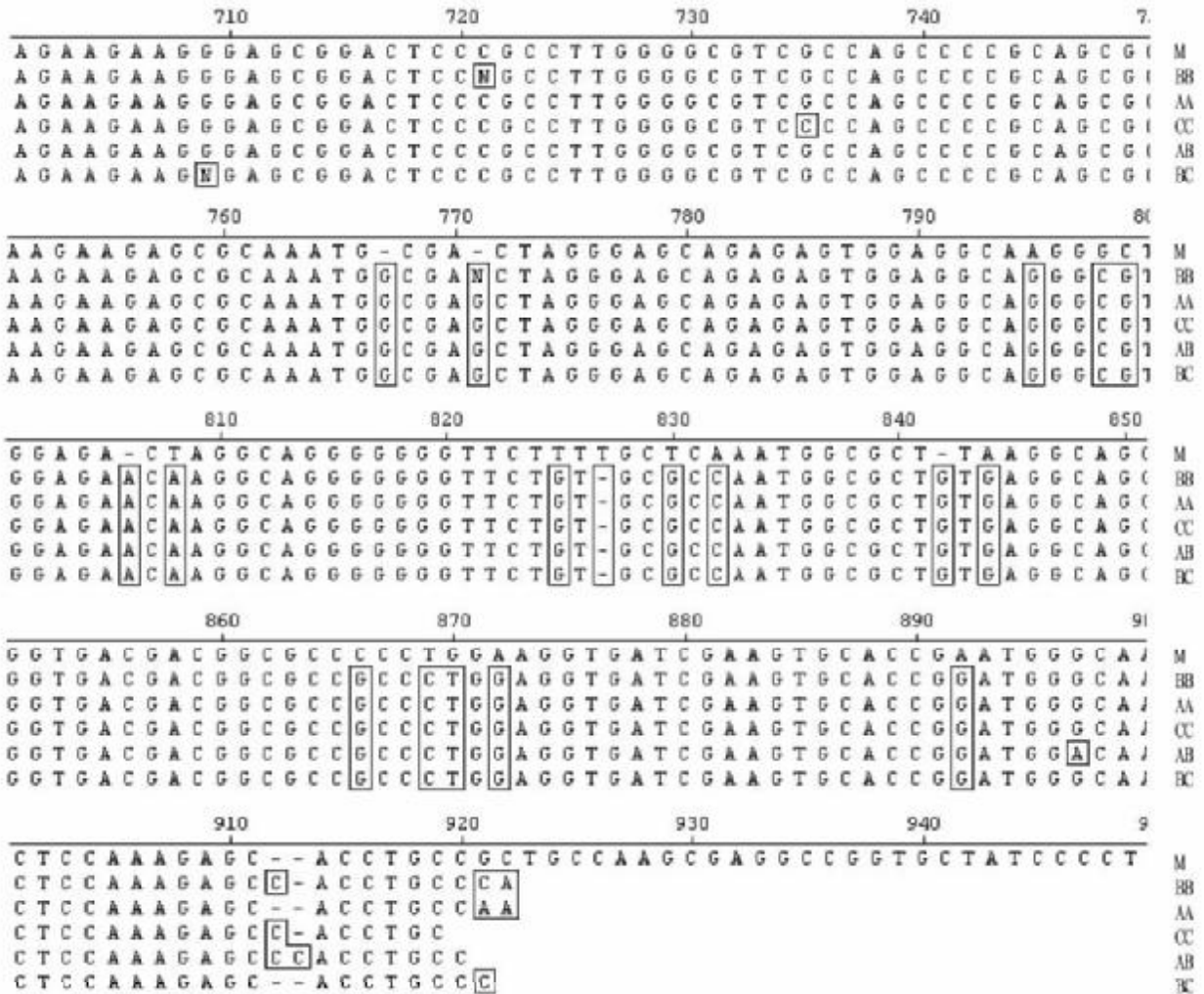


图9 马 HTR1a(上游)基因序列比较
 Fig.9 The sequence alignment of HTR1a (upstream) gene in horse

2.5.2 马 5-HT 基因与性格类型相关性分析。
 2.5.2.1 马 HTR1b 基因与性格类型相关性 ($\bar{x} \pm s$)。由表 3 可知, AB 型在 B、E、H 类型较 BB 型有显著性差异 ($P < 0.05$), BB 型在 A、C、D、F、G 类型调查中较 AB 基因型有显著性差异 ($P < 0.05$), 结果显示, BB 型马在待人友好、协作

性、温顺性、忍耐性、合群性方面特征明显, AB 型在好奇心 (B)、警戒性 (E)、易激动性 (H) 等方面特征明显 (见图 11)。
 2.5.2.2 马 HTR1a 上游基因与性格类型相关性 ($\bar{x} \pm s$)。由表 4 知, AA、BB、BC 基因型在 B、E、H 性格调查中差异显著 ($P < 0.05$), AB、CC 基因型在 A、C、D、F、G 性格调查中差

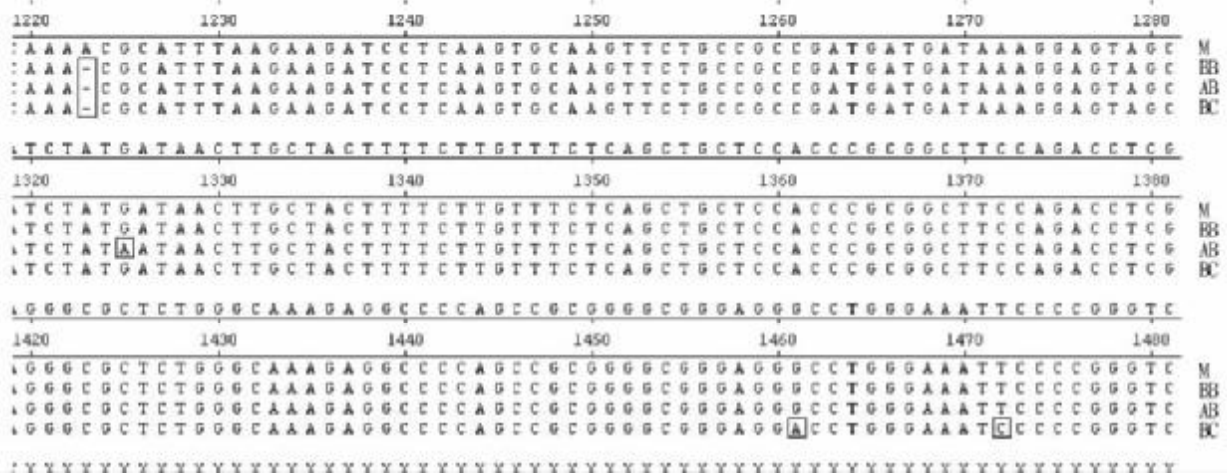


图 10 马 HTR1a(下游)基因序列比较

Fig. 10 The sequence alignment of HTR1a (downstream) gene in horse

表 2 马 5-HT 基因基因型和基因频率分布

Table 2 Genotype and allele frequency distribution of 5-HT gene

| 5-HTR | 基因型频率 Genotype frequency | | | | | | 等位基因频率 Allele frequency | | | X ² 值 X ² value |
|--------------------------|--------------------------|---------|-------|---------|----|-------|-------------------------|-------|-------|--|
| | AA | BB | CC | AB | AC | BC | A | B | C | |
| HTR1a 上游 HTR1aupstream | 0.724 3 | 0.127 0 | 0.053 | 0.032 0 | 0 | 0.085 | 0.765 | 0.175 | 0.060 | 55.060 |
| HTR1a 下游 HTR1adownstream | 0 | 0.633 8 | 0 | 0.321 9 | 0 | 0.053 | 0.160 | 0.815 | 0.025 | 2.983 |
| HTR1b | 0 | 0.955 7 | 0 | 0.053 | 0 | 0 | 0.025 | 0.975 | 0 | 0.039 |

注: d: df = 2, x_{0.05}² = 5.99, x_{0.01}² = 9.21; d: df = 5, x_{0.05}² = 11.071, x_{0.01}² = 9.236.

Note: d: df = 2, x_{0.05}² = 5.99, x_{0.01}² = 9.21; d: df = 5, x_{0.05}² = 11.071, x_{0.01}² = 9.236.

表 3 马 HTR1b 基因基因型的性格类型相关性分析

Table 3 The correlation analysis on the character types of equine HTR1b gene and genotypes

| 性格类型 | AB 基因型 (x ± s) | BB 基因型 (x ± s) |
|----------------|-----------------|-----------------|
| Character type | AB genotype | BB genotype |
| A | 1.070 ± 0.090 | 1.938 ± 0.172 * |
| B | 2.703 ± 0.300 * | 2.280 ± 0.412 |
| C | 1.303 ± 0.139 | 2.037 ± 0.520 * |
| D | 1.036 ± 0.085 | 2.037 ± 0.520 * |
| E | 3.070 ± 0.250 * | 2.205 ± 0.427 |
| F | 1.266 ± 0.140 | 1.678 ± 0.178 * |
| G | 1.236 ± 0.143 | 1.980 ± 0.178 * |
| H | 2.603 ± 0.261 * | 2.165 ± 0.473 |

注: * P < 0.05.

Note: * P < 0.05.

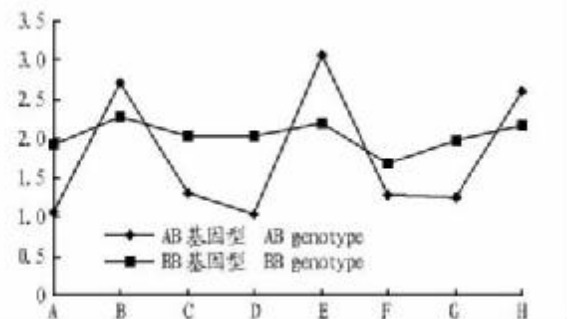


图 11 马 HTR1b 基因的不同基因型对性格类型的影响

Fig. 11 Effects of different genotypes on the character types in horse HTR1b gene

表 4 马 HTR1a 上游基因基因型的性格类型相关性分析

Table 4 The correlation analysis on the character types of equine HTR1a upstream gene and genotypes

| 性格类型 | AA 基因型 (x ± s) | BB 基因型 (x ± s) | AB 基因型 (x ± s) | CC 基因型 (x ± s) | BC 基因型 (x ± s) |
|----------------|-----------------|-----------------|------------------|------------------|-----------------|
| Character type | AA genotype | BB genotype | AB genotype | CC genotype | BC genotype |
| A | 1.780 ± 0.162 | 2.019 ± 0.503 | 3.566 ± 0.000 * | 3.566 ± 0.000 * | 1.706 ± 0.502 |
| B | 2.383 ± 0.137 * | 2.290 ± 0.419 * | 0.616 ± 0.050 | 0.667 ± 0.000 | 2.566 ± 0.576 * |
| C | 1.882 ± 0.142 | 2.119 ± 0.549 | 3.416 ± 0.450 * | 3.800 ± 0.050 * | 1.940 ± 0.547 |
| D | 1.916 ± 0.171 | 1.919 ± 0.525 | 3.483 ± 0.317 * | 3.866 ± 0.039 * | 1.720 ± 0.511 |
| E | 2.270 ± 0.131 * | 2.295 ± 0.430 * | 0.816 ± 0.150 | 3.933 ± 0.029 ** | 2.126 ± 0.123 * |
| F | 1.550 ± 0.145 | 1.576 ± 0.492 | 3.416 ± 0.317 ** | 3.733 ± 0.081 ** | 1.626 ± 0.560 |
| G | 1.785 ± 0.150 | 2.028 ± 0.453 | 3.866 ± 0.000 ** | 3.800 ± 0.050 ** | 2.066 ± 0.416 |
| H | 2.330 ± 0.141 * | 1.952 ± 0.448 * | 0.616 ± 0.050 | 0.666 ± 0.000 | 2.126 ± 0.448 * |

注: * P < 0.05, ** P < 0.01.

Note: * P < 0.05, ** P < 0.01.

异显著或极显著 (P < 0.05, P < 0.01); CC 型基因在 E 性格调查中极显著 (P < 0.01) (见图 12)。

2.5.2.3 马 HTR1a 下游基因与性格类型相关性 (x ± s)。由表 5 可知, BC 基因型在 B、E、H 性格调查中差异显著 (P <

0.05), BB、AB 基因型在 A、C、D、F、G 性格调查中差异显著

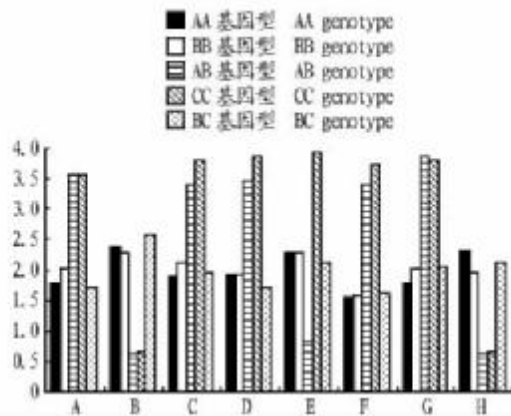


图 12 马 HTR1a(上游)基因的不同基因型对性格类型的影响
Fig. 12 Effect of different genotypes on the character types in horse HTR1a upstream gene

表 5 马 HTR1a 下游基因基因型的性格类型相关性分析

Table 5 The correlation analysis on the character types of equine HTR1a downstream gene and genotypes

| 性格类型 | BB 基因型 ($x \pm s$) | BC 基因型 ($x \pm s$) | AB 基因型 ($x \pm s$) |
|-----------------|----------------------|----------------------|----------------------|
| Character types | BB genotypes | BC genotypes | AB genotypes |
| A | 1.952 ± 0.153 * | 0.970 ± 0.285 | 1.925 ± 0.182 * |
| B | 2.262 ± 0.436 | 3.110 ± 0.251 ** | 2.255 ± 0.158 |
| C | 1.920 ± 0.467 * | 1.603 ± 0.269 | 2.224 ± 0.167 ** |
| D | 1.916 ± 0.467 * | 1.603 ± 0.305 | 2.190 ± 0.187 * |
| E | 2.248 ± 0.290 | 2.636 ± 0.244 * | 2.186 ± 0.151 |
| F | 1.627 ± 0.176 * | 0.933 ± 0.283 | 1.833 ± 0.167 * |
| G | 1.918 ± 0.458 * | 1.170 ± 0.285 | 2.115 ± 0.162 * |
| H | 2.183 ± 0.455 | 2.470 ± 0.257 * | 2.152 ± 0.161 |

注: * $P < 0.05$, ** $P < 0.01$.

Note: * $P < 0.05$, ** $P < 0.01$.

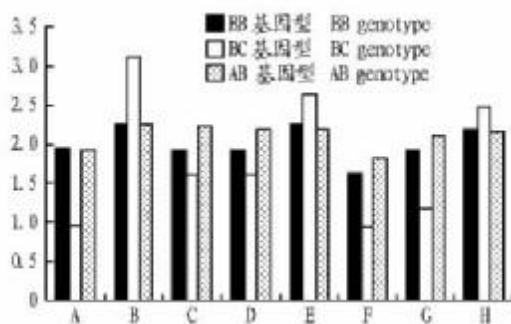


图 13 马 HTR1a(下游)基因的不同基因型对性格类型的影响
Fig. 13 Effect of different genotypes on the character types in horse HTR1a downstream gene

或极显著($P < 0.05$, $P < 0.01$) (见图 13)。

3 结论与讨论

蒙古马是独立起源的世界上最古老的马品种之一,其性格多样,类型丰富具有马匹动物的典型特点,因此笔者选择蒙古马作为模式动物,进行性格性状候选基因的遗传学研究非常具有代表性。PCR-SSCP 共检测到 5 个基因型、3 个基因型、2 个基因型。其中 2 个基因(*HTR1a* 上游基因、*HTR1a* 下游基因)由 A、B、C 3 个复等位基因控制,*HTR1b* 基因由 A、B 2 个复等位基因控制;*HTR1b*、*HTR1a* (下游) 2 个基因在蒙古马群体中的等位基因 B 频率较等位基因 A 的频率高,从基因型分析 BB 型为优势基因型,*HTR1a* (上游) 基因在蒙古马群体中的等位基因 A 频率较等位基因 B 的频率高,从基因型分析 AA 型为优势基因型。通过问卷调查及综合评价发现,*HTR1b* 基因上 A1316G 在性格类型组中差异显著,2 种基因型中, BB 基因型的个体在“友好型”的特征较 AB 型高;*HTR1a* 上游基因的 5 种基因型中, AB 基因型、CC 基因型的个体在“友好型”的特征较 AA 型、BB 型 BC 型高, CC 基因型在警戒调查中极显著,说明 CC 基因型 G735C 可能与马警戒性有关;*HTR1a* 下游基因的 3 种基因型中, BB、AB 基因型在“友好型”的特征较 BC 型高, BC 型在好奇性的特征得分最高, G1461A、T1472C 的可能与马好奇性有关。

马的性格在生产中有至关重要的影响,尤其是近年来赛马业的发展,除对马的体型有要求外,性格因素起着非常重要的作用。在家畜遗传育种中筛选优良性状是科研工作者和生产管理者极为关注的问题。通过将传统选马方法与现代标记辅助选择相结合,较早地了解马匹性格倾向,这在马匹训练过程中将会节省大量的人力、物力和财力。该研究对马匹的生产性能和育种方面的发展具有较大的理论和实际意义。

参考文献

- [1] LEONARD D E. Serotonin receptors and their function in sleep, anxiety disorders and depression[J]. Psychother Psychosom, 1996, 65 (2): 66 - 75.
- [2] 陶明, 施慎逊, 顾牛范. 5-羟色胺受体的研究现状[J]. 中华精神科杂志, 1998, 31 (3): 184 - 186
- [3] 王强, 唐爱国. 5-羟色胺的检测及临床意义[J]. 国外医学: 临床生物化学与检验学分册, 2004, 25 (2): 149 - 151.
- [4] 茹立强, 王才源, 殷光甫. 神经科学基础[M]. 北京: 清华大学出版社, 2004: 100 - 103.
- [5] 李大立, 张晓明, 张庆. 5-羟色胺与食欲抑制剂[J]. 中华实用医药杂志, 2004, 4 (11): 1020 - 1021.
- [6] 吴克亮, 吴常信. 马科学研究动态与马业发展[J]. 畜牧兽医学报, 2005, 36 (4): 412 - 416.
- [7] MOMOZAWA Y, TAKEUCHI Y, KUSNOSE R, et al. Association between equine temperament and polymorphisms in dopamine D4 receptor gene[J]. Mamm Genome, 2005, 16: 538 - 544.