

Myf5 基因 8 个 SNPs 位点与京海黄鸡生长和繁殖性状的关联分析

唐莹^{1,2}, 王金玉^{1,2*}, 张跟喜^{1,2}, 樊庆灿^{1,2}, 陈学森^{1,2}, 张涛^{1,2}, 魏岳^{1,2}, 施会强³

(1. 扬州大学动物科学与技术学院, 扬州 225009; 2. 江苏省动物遗传繁育与分子设计重点实验室, 扬州 225009; 3. 江苏京海集团, 南通 226103)

摘要: 旨在探讨 Myf5 基因与鸡生长繁殖性状的关联性。本研究采用 PCR-SSCP 方法, 检测 Myf5 基因在京海黄鸡群体中的多态性, 并对这些多态位点进行单倍型关联分析。结果表明: 在 Myf5 基因外显子处共检测到 8 个 SNPs 位点。在 379 只京海黄鸡的群体中形成了 9 种单倍型。最小二乘分析结果显示, 在生长性状方面, 单倍型组合 H1H5 对 8 和 12 周龄体重影响显著 ($P < 0.05$), 单倍型组合 H2H6 则对 12 和 14 周龄体重影响显著 ($P < 0.05$); 在繁殖性状方面, 单倍型组合 H1H5 在开产体重上为优势单倍型组合, 显著高于单倍型组合 H1H4 和 H2H4 ($P < 0.05$), 极显著高于单倍型组合 H1H3 ($P < 0.01$)。就 300 d 蛋重均值来说, 单倍型组合 H1H3 为劣势单倍型组合; 对 300 d 的产蛋数数据分析显示, 单倍型组合 H1H3 的 300 d 产蛋数极显著高于 H1H4 ($P < 0.01$)。因此, 京海黄鸡 Myf5 基因外显子的多态性对其生长和繁殖性状都有一定影响, 为探索鸡育种过程中的标记辅助选择提供了参考资料。

关键词: 京海黄鸡; Myf5 基因; 生长和繁殖性状; SNPs; 单倍型

中图分类号: S831.2

文献标志码: A

文章编号: 0366-6964(2014)06-0863-08

Eight SNPs of the Myf5 Gene and Its Relationship with Growth and Reproductive Traits in Jinghai Yellow Chicken

TANG Ying^{1,2}, WANG Jin-yu^{1,2*}, ZHANG Gen-xi^{1,2}, FAN Qing-can^{1,2},

CHEN Xue-sen^{1,2}, ZHANG Tao^{1,2}, WEI Yue^{1,2}, SHI Hui-qiang³

(1. College of Animal Science and Technology, Yangzhou University, Yangzhou 225009, China;

2. Key Laboratory for Animal Genetics, Breeding, Reproduction and Molecular Design of Jiangsu Province,

Yangzhou 225009, China; 3. Jiangsu Jinghai Poultry Industry Group Co., Ltd., Nantong 226103, China)

Abstract: The objective of this study was to analyze the association of SNPs between Myf5 gene and chicken growth and reproductive traits. The SNPs of Myf5 gene in Jinghai Yellow chicken were detected by PCR-SSCP method and then the haplotype analysis was done. As a result, 8 SNPs were identified in exons of the Myf5 gene. Nine haplotypes were detected in the group of 379 Jinghai Yellow chicken. For growth traits, the least square analysis showed that H1H5 had significant effects on 8 and 12 week-age-weight ($P < 0.05$), H2H6 had significant effects on 12 and 14 week-age-weight ($P < 0.05$). For reproductive traits, H1H5 had higher body weight in first egg than H1H4, H2H4 and H1H3 ($P < 0.05$ or $P < 0.01$), of which, the difference between H1H5 and H1H3 was significant ($P < 0.01$). H1H3 had a poor performance in average egg weight

收稿日期: 2013-10-25

基金项目: 江苏省高校自然科学基金(12KJB230003); 国家自然科学基金(31201793); 国家肉鸡产业技术体系(nycytx-42-G1-05); 江苏高校优势学科建设工程; 江苏省动物遗传繁育与分子设计重点实验室

作者简介: 唐莹(1989-), 女, 江苏盐城人, 硕士生, 主要从事动物遗传育种与繁殖研究, E-mail: 852376132@qq.com

* 通信作者: 王金玉, E-mail: jywang@yzu.edu.cn

of 300 days. On the other hand, H1H3 had an advantage in egg number of 300 days, and higher than that of H1H4 ($P < 0.01$). The results show that SNPs of *Myf5* have certain effects on growth and reproductive traits in the Jinghai Yellow chicken, and which can be used in marker-assisted selection to accelerate the chicken breeding progress.

Key words: Jinghai Yellow chicken; *Myf5* gene; growth and reproductive traits; SNPs; haplotype

生长和繁殖性状是肉鸡生产中的重要经济性状,是反映鸡生产水平和鸡场经济效益的重要指标。在鸡的性状中,与体质相关的性状如体重、蛋重等为高遗传力性状^[1]。运用候选基因法,鉴定分离出与这些性状遗传变异相关的 QTL 是分子标记辅助育种的前提和基础^[2],有利于对家禽经济性状的有效选择。

动物胚胎以及成体骨骼肌的发育均依赖于生肌调节因子家族 (Myogenic regulatory factors, MRFs) 的精准调控,该家族基因是骨骼肌组织特异 b-HLH 转录因子、激活骨骼肌分化阶段特异性基因,并与骨骼肌纤维损伤的修复和骨骼肌肥大有关^[3]。作为骨骼肌基本单位的肌纤维,其生成仅限于胚胎期。*Myf5* (Myogenic factor 5) 基因是生肌调节因子 MRFs 家族成员之一,它是在胚胎肌发育时肌细胞中最早被诱导表达的因子,其决定着肌卫星细胞是否能启动成为具有成肌特性的肌肉干细胞^[4]。在肌肉的生长过程中,*Myf5* 基因也起着非常重要的作用,它与肌纤维的数量和大小均有关系^[5],并与 MRFs 家族其他成员相互作用,调节彼此间的表达,最终会引起产肉量的变化,表现为体重的变化。因此研究 *Myf5* 基因将会对畜禽产肉力改善有重要意义。而在改善畜禽产肉力时,也不能忽视繁殖性状的变化。

目前,国内外对 *Myf5* 基因的研究主要集中在猪、牛、羊上,除了基础的功能研究外,主要是针对与生长性状相关的研究,而在家禽上的研究报道较少,且研究内容多为表达研究,与生长和繁殖性状相关的研究较少^[6-8]。本研究以优质肉鸡京海黄鸡第 10 代核心群为研究对象,采用 PCR-SSCP 技术检测 *Myf5* 基因外显子区域的多态性,并分析这些多态位点与京海黄鸡生长和繁殖性状的相关性,以便找出与京海黄鸡生长相关的分子标记,以期在分子水平上为京海黄鸡的保种和育种工作提供一定的理论依据。

1 材料与方法

1.1 试验动物

随机采取江苏京海禽业集团有限公司同一批次的 379 只京海黄鸡母鸡血样。整理这批鸡的生长和繁殖性状指标。采用酚-氯仿抽提法提取鸡基因组 DNA,溶于 TE, NANODROP1000 核酸浓度测定仪测定浓度和纯度后 $-20\text{ }^{\circ}\text{C}$ 保存备用。

1.2 引物设计与 PCR 扩增

根据 GenBank 中已发表的 *Myf5* 基因序列 (登录号为: NW_003763474.1), 采用 Primer3.0 设计 5 对引物扩增外显子区域,引物由上海生物工程技术服务有限公司合成,各对引物相关信息见表 1。

表 1 扩增鸡 *Myf5* 基因的引物信息

Table 1 Primers sequences of PCR amplification of chicken *Myf5* gene

名称 Name	序列 (5'→3') Sequence	退火温度/°C Annealing temperature	片段大小/bp Fragment size
P1	F: AGATGGAGGTGATGGACAGC R: GGACGTGTTCTCTTCTCA	56.3	173
P2	F: GCCCTGAGGAAGAGGAACAC R: CAAGGTCTCGAATGCTTGGT	55.2	176
P3	F: GCAGCCACTATGAGGGAGAG R: TTACCATCACATCGGAGCAG	55	247
P4	F: CTCTACCGGGACGCTTCG R: CCTTACCGTGGGGCATCT	60	150
P5	F: GGACTGCCTCTCCAGCATC R: CTCATAGCGCCTGGTAGGTC	64.2	157

PCR 反应体系为 20 μL , 包括 $10 \times \text{Buffer}$ 2 μL , MgCl_2 ($25 \text{ mmol} \cdot \text{L}^{-1}$) 2.2 μL , dNTPs ($10 \text{ mmol} \cdot \text{L}^{-1}$) 0.8 μL , 上下游引物 ($10 \mu\text{mol} \cdot \text{L}^{-1}$) 各 1 μL , 模板 1 μL , *Taq* 酶 0.2 μL , 补双蒸水 11.8 μL 至 20 μL 。根据熔点 (T_m) 设计 1 个温度区间, 梯度 PCR 扩增后选目的条带特异性最好的温度为退火温度。反应条件为 94 $^\circ\text{C}$ 预变性 5 min; 31 个循环 (94 $^\circ\text{C}$ 变性 45 s, 各自最佳退火温度退火 40 s, 72 $^\circ\text{C}$ 延伸 35 s); 最后 72 $^\circ\text{C}$ 延伸性 10 min, 4 $^\circ\text{C}$ 保存产物。PCR 产物用 10% 非变性聚丙烯酰胺凝胶检测。

1.3 SSCP 分析和测序

将 3 μL PCR 产物和 7.5 μL 上样缓冲液 (98% 去离子甲酰胺、0.025% 溴酚蓝、0.025% 二甲苯 FF、10 $\text{mmol} \cdot \text{L}^{-1}$ EDTA (pH 8.0)、2% 甘油) 混合, 98 $^\circ\text{C}$ 变性 10 min 后, 迅速冰浴 10 min, 使 DNA 链处于解开状态。取变性后的 PCR 产物 7 μL 进行非变性聚丙烯酰胺凝胶 (PAGE 30%, Acr : Bis = 29 : 1) 电泳, 先用 250 V 电压预电泳 5 min, 再用 10 $\text{V} \cdot \text{cm}^{-1}$ 的电压电泳 10~12 h 后, 银染显色。各基因型各选取 3 个样本交由上海生工生物工程技术有限公司进行测序。

1.4 数据统计与分析

利用 SHEsis 软件对检测到的 SNPs 位点进行

基因连锁不平衡分析, PHASE2.1 软件计算分析单倍型种类及其频率。并运用 SPSS17.0 统计软件进行一般线性模型 (GLM) 分析, LSD 法进行多重比较, 以下列模型对生长和繁殖性状进行最小二乘分析: $Y_{ij} = \mu + H_j + e_{ij}$, 其中, μ 为群体均值, H_j 是单倍型效应, e_{ij} 是随机误差。

2 结果

2.1 PCR-SSCP 检测及测序结果

经 PCR-SSCP 检测发现, 引物 P1、P3、P4 扩增产物存在多态, 其中引物 P1 扩增产物存在 6 种基因型, 引物 P3、P4 各存在 3 种基因型 (图 1), 检测区域存在 8 个 SNPs 位点。测序结果与 *Myf5* 基因原序列 (GenBank ID: NW_003763474.1) 比对发现, 这 8 个位点分别为 C967T、C968T、C976T、T998C、C1007T、G1043A、A1313G、G1717A 突变 (图 2), 前 7 个均位于 *Myf5* 的外显子 1 上, 第 8 个位于与外显子 1 紧邻的内含子上。其中 C967T 和 C968T 一起突变造成了编码氨基酸由丝氨酸到苯丙氨酸的变化, C976T 造成了丝氨酸到亮氨酸的氨基酸突变, 其余突变未造成编码氨基酸的改变。

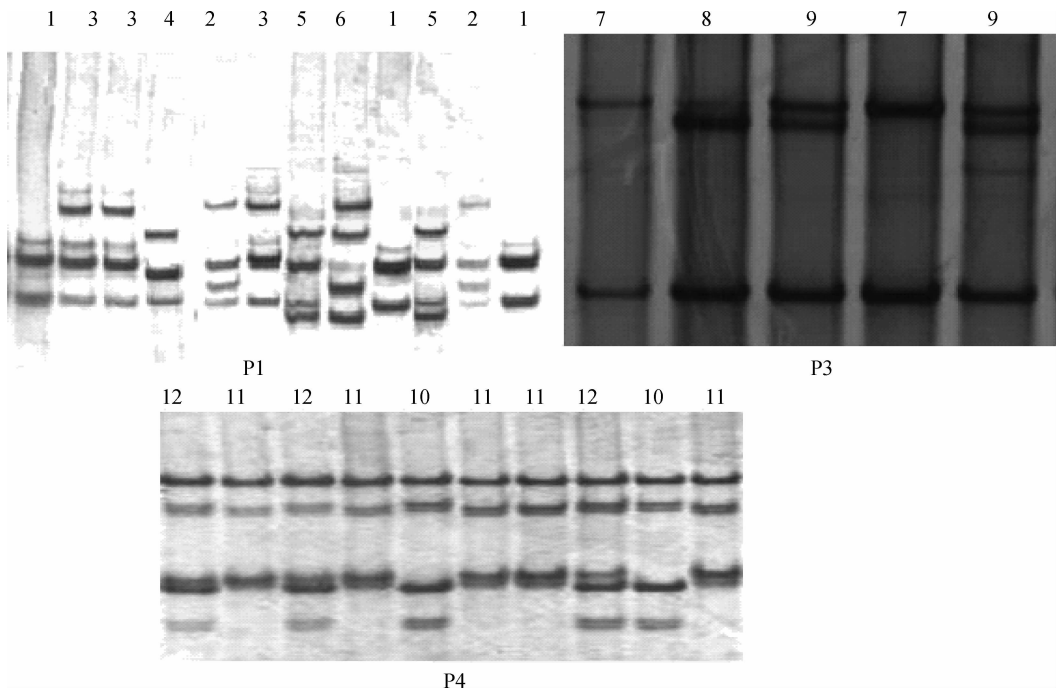


图 1 引物 P1、P3 和 P4 扩增产物的 PCR-SSCP 条带分型
Fig. 1 PCR-SSCP electrophoresis of products amplified by P1, P3 and P4

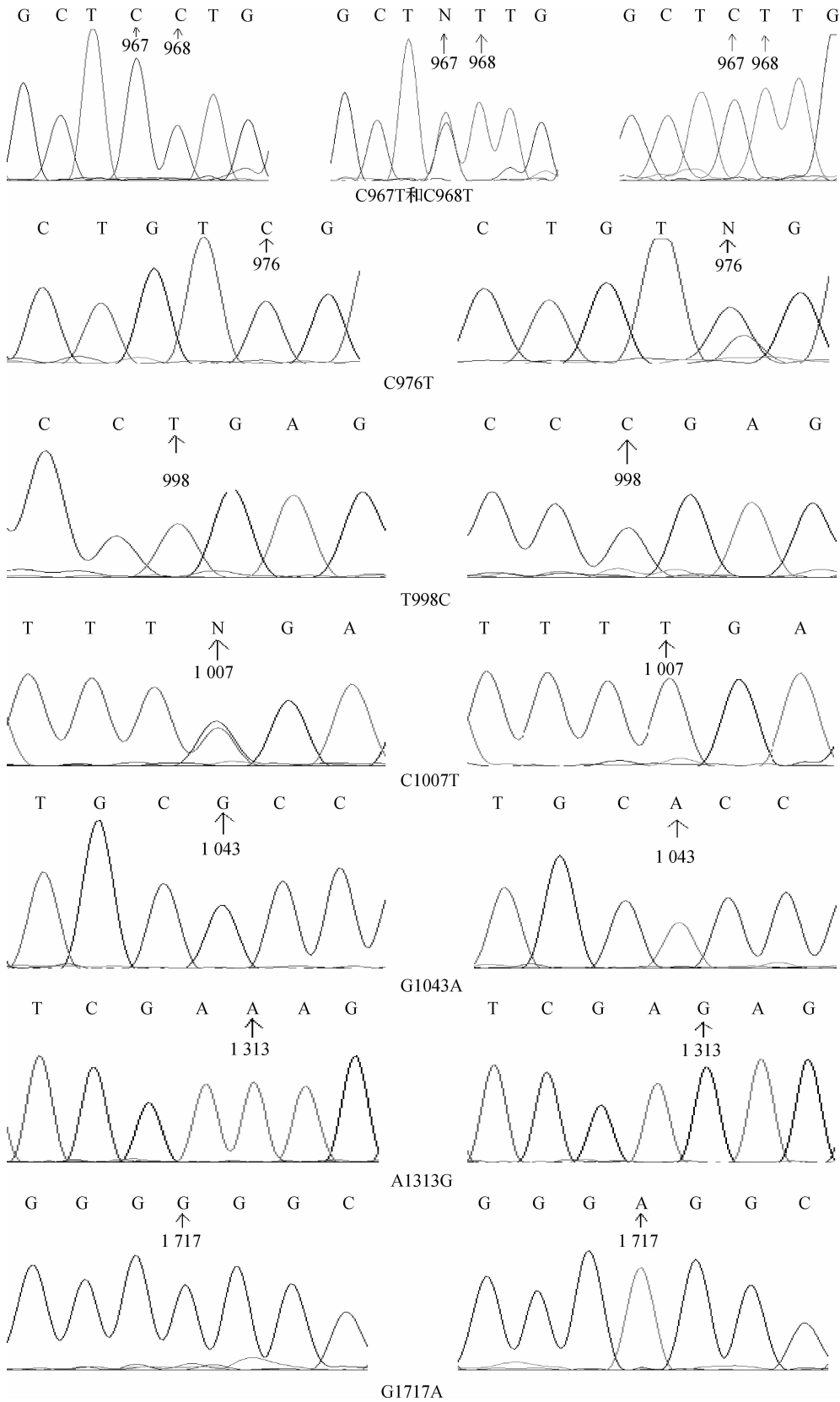


图 2 京海黄鸡 *Myf5* 基因 8 个 SNPs 位点的序列比较
 Fig. 2 Sequence alignment of 8 SNPs of *Myf5* gene in Jinghai Yellow chicken

2.2 *Myf5* 基因突变位点的连锁不平衡分析及单倍型分析

运用 SHEsis 软件对检测到的 8 个 SNPs 位点进行连锁不平衡分析。连锁不平衡分析表明, C968T 与 T998C 之间存在完全连锁不平衡, 它们可以作为一个整体遗传 ($D' = 1, r^2 = 1$)。而 C967T 与

C976T, C1007T 与 C968T、T998C 之间存在强连锁不平衡 ($D' > 0.8, r^2 > 0.33$) (表 2、表 3)。利用 PHASE2.1 软件计算分析单倍型种类及其频率, *Myf5* 检测到的 8 个突变位点理论上的单倍型数是 256 种, 实际分析得到 34 种单倍型, 其中频率大于 1% 的有 9 种, 分别命名为 H1~H9 (表 4)。

表 2 *Myf5* 基因连锁不平衡系数 D' 结果

Table 2 The linkage disequilibrium coefficient D' results for *Myf5* gene

D'	C968T	C976T	T998C	C1007T	G1043A	A1313G	G1717A
C967T	0.254	1.000	0.254	0.973	0.228	0.998	0.019
C968T	—	1.000	1.000	1.000	1.000	0.352	0.437
C976T	—	—	1.000	1.000	1.000	0.999	0.238
T998C	—	—	—	1.000	1.000	0.352	0.437
C1007T	—	—	—	—	1.000	0.305	0.860
G1043A	—	—	—	—	—	0.550	0.051
A1313G	—	—	—	—	—	—	0.472

表 3 *Myf5* 基因连锁不平衡系数 r^2 结果

Table 3 The linkage disequilibrium coefficient r^2 results for *Myf5* gene

r^2	C968T	C976T	T998C	C1007T	G1043A	A1313G	G1717A
C967T	0.007	0.676	0.007	0.036	0.001	0.121	0.000
C968T	—	0.068	1.000	0.357	0.276	0.108	0.015
C976T	—	—	0.068	0.024	0.019	0.078	0.051
T998C	—	—	—	0.357	0.276	0.108	0.015
C1007T	—	—	—	—	0.001	0.029	0.020
G1043A	—	—	—	—	—	0.001	0.000
A1313G	—	—	—	—	—	—	0.019

表 4 *Myf5* 基因单倍型分析结果

Table 4 *Myf5* gene haplotype analysis

单倍型序号 No.	单倍型 Haplotype	频率 Frequency
H1	CTCCTGGG	0.271 996
H2	CTCCTGGA	0.211 433
H3	TTTCTGGG	0.181 115
H4	TTTCTGGA	0.174 352
H5	TTTCTGAG	0.020 552
H6	TTTCTGAA	0.014 153
H7	TCCTTGAG	0.017 950
H8	TCCTCGGG	0.019 436
H9	TCCTCGAG	0.011 913

2.3 *Myf5* 基因单倍型组合与京海黄鸡生长和繁殖性状的相关分析

Myf5 基因单倍型组合与京海黄鸡生长性状的关联分析结果见表 5, 在京海黄鸡构建的单倍型组合中, 个体数小于 3 的不参与多重比较。统计分析表明, 就 8 周龄体重而言, 单倍型组合 H1H5 体重显著高于 H1H3 和 H1H4 ($P < 0.05$), 而就 12 周龄体重, 单倍型组合 H1H5 和 H2H6 体重显著高于 H2H4 ($P < 0.05$), 在 14 周龄体重的比较上, 则是 H2H6 为优势单倍型组合, 体重值显著高于单倍型组合 H1H3、H1H4 和 H2H4 ($P < 0.05$)。其余周龄的体重或以上几个周龄其他单倍型组合间则差异不显著。

Myf5 基因单倍型组合与京海黄鸡繁殖性状的关联分析(表 6)结果显示,在开产蛋重方面,单倍型组合 H1H3 开产蛋重显著低于 H1H4 和 H2H4 ($P < 0.05$),和 H2H6 之间存在极显著差异($P <$

0.01),单倍型组合 H1H4 开产蛋重显著低于 H2H6($P < 0.05$)。就开产体重而言,单倍型组合 H1H5 开产体重显著高于 H1H4 和 H2H4 ($P < 0.05$),极显著高于 H1H3($P < 0.01$)。就 300 d 蛋

表 5 *Myf5* 基因不同单倍型组合生长性状的最小二乘均值及标准差

Table 5 The least square means and standard deviation of growth traits of different haplotype combinations of the *Myf5* gene

性状 Trait	单倍型组合 Haplotype combination				
	H1H3(75)	H1H4(125)	H1H5(6)	H2H4(66)	H2H6(8)
初生重/g BW	33.43±4.22	33.49±3.34	33.60±2.07	33.26±3.17	33.88±4.22
2 周龄体重/g 2WW	85.52±11.20	87.64±14.00	78.00±17.72	83.84±13.13	84.60±8.47
4 周龄体重/g 4WW	201.17±37.18	204.51±28.72	208.40±47.32	201.57±26.15	214.00±28.40
6 周龄体重/g 6WW	328.08±47.84	327.64±50.73	357.50±75.15	320.76±47.09	356.67±63.06
8 周龄体重/g 8WW	508.36±71.47 ^b	507.10±73.58 ^b	574.17±84.11 ^a	516.10±71.40 ^{ab}	539.38±83.77 ^{ab}
10 周龄体重/g 10WW	695.13±91.77	698.06±98.18	766.00±127.10	701.73±122.42	705.71±121.43
12 周龄体重/g 12WW	862.91±92.78 ^{ab}	871.67±110.27 ^{ab}	954.00±94.30 ^a	853.89±98.01 ^b	940.00±147.54 ^a
14 周龄体重/g 14WW	1 026.27±120.07 ^b	1 033.27±117.60 ^b	1 096.67±80.48 ^{ab}	1 036.14±98.94 ^b	1 139.29±127.36 ^a
16 周龄体重/g 16WW	1 117.71±136.71	1 110.51±115.52	1 200.67±81.59	1 104.27±117.54	1 140.88±168.44
300 d 体重/g 300-day-weight	1 994.60±286.33	2 038.84±315.99	2 045.83±264.70	1 981.36±256.77	2 130.63±325.48

同行数据不同大写字母表示差异极显著($P < 0.01$),不同小写字母表示差异显著($P < 0.05$),相同字母为差异不显著($P > 0.05$)。下同

Means in the same row with different capital letters indicate very significant difference($P < 0.01$),with different lowercases indicate significant difference ($P < 0.05$),with the same letter indicate no significant difference($P > 0.05$). The same as below

表 6 *Myf5* 基因不同单倍型组合繁殖性状的最小二乘均值及标准差

Table 6 The least square means and standard deviation of reproductive traits of different haplotype combinations

性状 Trait	单倍型组合 Haplotype combination				
	H1H3(75)	H1H4(125)	H1H5(6)	H2H4(66)	H2H6(8)
开产日龄/d Age at first egg	142.67±9.55	144.51±8.90	143.33±12.29	145.26±9.41	146.38±6.57
开产蛋重/g Initial egg weight	31.12±5.09 ^{Bc}	32.72±5.23 ^{ABb}	34.33±4.46 ^{ABabc}	33.29±5.01 ^{ABab}	37.00±8.21 ^{Aa}
开产体重/g Weight at first egg	1 620.28±225.27 ^{Bb}	1 666.43±209.41 ^{ABb}	1 863.33±261.12 ^{Aa}	1 648.47±195.59 ^{ABb}	1 737.75±185.60 ^{ABb}
300 d 蛋重均值/g Mean egg weight in 300 days	49.37±3.69 ^{Bc}	50.69±3.69 ^{ABab}	50.76±2.73 ^{ABabc}	49.80±3.53 ^{ABb}	52.94±3.70 ^{Aa}
300 d 产蛋数/个 Total egg number in 300 days	130.92±24.64 ^A	125.24±9.13 ^B	123.00±6.10 ^{AB}	126.85±8.68 ^{AB}	120.38±7.98 ^{AB}

重均值来说,单倍型组合 H1H3 的 300 d 蛋重均值显著低于 H1H4 ($P < 0.05$),极显著低于 H2H6 ($P < 0.01$),单倍型组合 H2H4 的 300 d 蛋重均值显著低于 H2H6 ($P < 0.05$)。对 300 d 的产蛋数数据分析显示,单倍型组合 H1H3 的 300 d 产蛋数极显著高于 H1H4 ($P < 0.01$)。各单倍型在开产日龄上差异不显著。

3 讨论

单个的 SNP 一般只是具有二态性,能够提供的信息相对较少,而 1 个候选基因通常存在多个 SNPs 位点,如果采用不同的 SNP 位点进行候选基因与性状间的关联分析,可以弥补单个 SNP 提供信息量不足的缺点^[9]。不同座位上某 2 个等位基因出现在同 1 条染色体上的频率高于预期随机频率的现象,称连锁不平衡 (Linkage disequilibrium),常常用 D' 和 r^2 来度量。其中 D' 值反映了 LD 区域内重组事件发生的频率,而 r^2 与关联分析的效力直接相关。有学者研究认为, $|D'| > 0.8$ 表示构建单倍型的 2 个位点处于强连锁不平衡状态, $r^2 > 0.33$ 则可以认为这 2 个 SNPs 是紧密连锁作为一个整体遗传的^[10-12]。单倍型分析考虑了非等位基因之间的互作以及 SNP 位点之间的连锁不平衡,因而具有更高的统计效力^[13]。目前,利用单倍型或单倍型块来研究 QTL 与动物各种生产性能的相关性是候选基因研究的趋势之一。

成肌细胞分化融合为多核的肌纤维对最终形成具有生理生化功能的肌肉组织具有重要的作用^[14-15],而 *Myf5* 基因可以单独启动肌肉生成,是肌肉生成的决定因子。在哺乳动物中,*Myf5* 的调控机制是非常复杂的,它的上游区域也是高度保守的^[16]。D. Robakowska-Hyzorek 等^[17] 研究发现,霍斯坦-弗里斯牛 *Myf5* 基因的 g. -723G→T 影响霍斯坦-弗里斯牛腰肉重和脂肪重。韦宏伟等^[18] 研究发现,天府肉羊 *Myf5* 基因外显子 1 的突变对天府肉羊各个年龄段的体重和管围均有显著或极显著的影响;而王玺年等^[19] 对河西绒山羊、辽宁绒山羊和内蒙古绒山羊这 3 个绒用山羊品种的研究显示,这些山羊的 *Myf5* 基因第 1 外显子上均不存在突变。丁国杰等^[20] 对猪 *Myf5* 基因外显子 1 多态研究结果显示,随民猪、三江白猪、大白猪、长白猪、军牧 1 号、杜洛克和双肌臀大白猪瘦肉率的升高,野生纯合型等位基因 M 的基因频率也大致按此顺序呈上升

趋势。李景芬等^[21] 对 7 个猪种 *Myf5* 多态性的研究,结果发现了 5 个点突变位点,2 个碱基缺失突变,并将猪种间基因频率的差异和猪种间性状差异进行相关联,得出 *Myf5* 基因与猪的脂肪沉积和瘦肉率可能存在相关。在禽类上,此类研究相对较少。吴俊波等^[22] 对松辽白鹅的研究显示,*Myf5* 基因外显子 1 上发生的单碱基突变形成的 3 种基因型的宰前活重、屠体重、半净膛重、全净膛重、腿肌重、翅膀重以及屠宰率性状间有显著差异。孙文浩^[23] 以四川省畜牧科学研究所和大恒家禽育种有限公司培育的优质鸡为研究对象,在其 *Myf5* 基因外显子 1 内发现了 2 个 SNPs 位点,研究发现,*Myf5* 基因单倍型组合对活体重、屠体重、胸肌重和腿肌重都具有显著的影响 ($P < 0.05$),*Myf5* 基因单倍型组合对肌纤维密度和直径具有有显著的影响 ($P < 0.05$)。在本研究中发现的 8 个 SNPs 位点理论上存在 2^8 (256) 种单倍型,而实际检测出的有效单倍型 ($P > 0.01$) 为 9 种,这可能是 SNP 位点间存在完全连锁或强连锁不平衡所致,也可能和试验群体数量有限,许多单倍型未检测到有关。在京海黄鸡试验群体中,这 8 个 SNPs 位点的突变引起了部分氨基酸的改变,但单倍型组合关联分析结果显示,这些突变位点引起了生长和繁殖性状的差异,这和前人的研究结果同样说明了 *Myf5* 基因对鸡的生长发育有影响。在生产性状方面,在生长早期 (12 周龄之前),单倍型组合 H1H5 优势明显,但在 14 周龄时, H2H6 优势更大。综合起来考虑, H2H6 和 H1H5 型个体在生长性状上为最佳单倍型组合。在与繁殖性状的关联分析中, H1H5 为开产体重优势单倍型组合, H2H6 为 300 d 蛋重均值优势单倍型组合,而 300 d 产蛋数则以 H1H3 为优势组合。结合生长性状分析会发现,体重较大的鸡 300 d 平均蛋重较大, 300 d 产蛋数居中,而 300 d 产蛋数最多的鸡群体即单倍型组合为 H1H3 的群体,存在蛋重值偏小,开产体重轻的现象。因此,作为优质肉鸡的京海黄鸡品种,可以选留单倍型组合为 H1H5 和 H2H6 的个体。

4 结论

本研究对京海黄鸡 *Myf5* 基因外显子多态性进行了研究,找到了 8 个 SNPs 位点,组建了 9 个有效单倍型。最小二乘分析结果显示,这 9 种单倍型间在生长和繁殖性状上存在差异,部分单倍型间存

在极显著差异,其中 H1H5 和 H2H6 为优势单倍型组合。对 *Myf5* 基因的研究结果能够为京海黄鸡生长性状的标记辅助选择提供依据,也能为其他品种鸡的研究提供一定的参考。

参考文献:

- [1] 王金玉,陈国宏.数量遗传与动物育种[M].南京:东南大学出版社,2004.
- [2] BAI J Y, ZHANG Q, JIA X P, et al. Comparison of different foreground and background selection methods in marker-assisted introgression [J]. *Acta Genetica Sinica*, 2006, 33(12):1073-1080.
- [3] PERRY R L, RUDNICKI M A. Molecular mechanisms regulating myogenic determination and differentiation[J]. *Front Biosci*, 2000, 1(5):D750-767.
- [4] 钟茂春,郑光明,赵建,等.鲮 *Myf5* 基因克隆及其 SNPs 分析[J].中国水产科学,2010,17(4):681-688.
- [5] USTANINA S, CARVAJAL J, RIGBY P, et al. The myogenic factor *Myf5* supports efficient skeletal muscle regeneration by enabling transient myoblast amplification[J]. *Stem Cells*, 2007, 25:2006-2016.
- [6] 杨明娟,陈宏.牛 MRFs 基因家族研究进展[J].中国牛业科学,2010,36(6):51-55.
- [7] 魏园丁.鸭 MyoD1 和 Myf5 基因 CDS 区克隆及其在肌肉组织中发育差异性表达研究[D].雅安:四川农业大学,2009.
- [8] 陶志云,邹剑敏,宋迟,等.鸭胚骨骼肌生肌调节因子 MyoD1 和 Myf5 发育性变化研究[J].中国家禽,2012,34(17):16-19.
- [9] 曹顶国,周艳,雷秋霞,等.鸡 *VLDLR* 基因多态性与蛋黄性状的关联分析[J].畜牧兽医学报,2012,43(6):849-856.
- [10] ARDLIE K G, KRUGLYAK L, SEIELSTAD M. Patterns of linkage disequilibrium in the human genome [J]. *Nat Rev Genet*, 2002, 3:299-309.
- [11] GURYEV V, SMITS B M G, VAN DE BELT J, et al. Haplotype block structure is conserved across mammals[J]. *PLoS Genet*, 2006, 2(7):1111-1118.
- [12] SLATKIN M. Linkage disequilibrium-understanding the evolutionary past and mapping the medical future [J]. *Nat Rev Genet*, 2008, 9:477-485.
- [13] HORNE B D, CAMP N J. Principal component analysis for selection of optimal SNP-sets that capture intragenic genetic variation[J]. *Genet Epidemiol*, 2004, 26:11-21.
- [14] BIRESSI S, BJORNSON C R, CARLIG P M, et al. *Myf5* expression during fetal myogenesis defines the developmental progenitors of adult satellite cells[J]. *Dev Biol*, 2013, 379:195-207.
- [15] SINGH K, DILWORTH F J. Differential modulation of cell cycle progression distinguishes members of the myogenic regulatory factor family of transcription factors[J]. *FEBS J*, 2013, 280:3991-4003.
- [16] 孙文浩,朱庆.生肌决定因子 *Myf5* 基因的研究进展[J].黑龙江畜牧兽医,2008,(7):28-30.
- [17] ROBAKOWSKA-HYZOREK D, OPRZADEK J, ZELAZOWSKA B, et al. Effect of the g. -723G → T polymorphism in the bovine myogenic factor 5 (*Myf5*) gene promoter region on gene transcript level in the longissimus dorsi muscle and on meat traits of Polish Holstein-Friesian cattle [J]. *Biochem Genet*, 2010, 48(5-6):450-464.
- [18] 韦宏伟,徐刚毅,汪代华,等. *Myf5* 基因多态性与山羊生长性状相关分析[J].中国畜牧杂志,2011,47(7):15-17.
- [19] 王玺年,王继卿,刘秀,等.山羊 *Myf-5*、*Pit-1* 基因多态性与生产性状的关联性分析[J].华北农学报,2013,28(3):43-47.
- [20] 丁国杰,刘娣,李景芬.猪 *Myf5* 基因外显子 1 的多态性分析[J].江苏农业科学,2006,(3):125-127.
- [21] 李景芬,刘娣,于浩.7 个猪种 *MyoD* 基因家族中 3 个基因外显子的 SNPs 检测分析[J].中国畜牧杂志,2005,41(5):21-24.
- [22] 吴俊波,朴海仙,金一,等.松辽白鹅 *Myf5* 基因多态性与生产性能相关研究[J].江西农业大学学报,2011,33(6):1171-1175.
- [23] 孙文浩.鸡 *Myf5* 和 *Myf6* 基因的 SNP 多态性及其与屠宰性状和肉质性状的相关性分析[D].雅安:四川农业大学,2008.

(编辑 郭云雁)