猪生长激素基因Apa I 酶切位点多态性分析

邢晋》, 帅素容, 李学伟, 乔绍权

(四川农业大学 动物科技学院,四川 雅安 625014)

[摘 要] 利用 PCR -R FL P 技术, 分析了大约克猪和长白猪 GH 基因的 A pa I 酶切位点多态性。结果表明, 在 pGH 基因序列中共检测到 5 种基因型和 4 种等位基因; 基因型频率和等位基因频率在 2 个猪种间分布差异不显

[关键词] 猪; 生长激素基因; PCR-RFLPs

[中图分类号] S828 802⁺.9

[文献标识码] A

[文章编号]1000-2782(2002)05-0044-03

猪生长激素(porcine grow th homone, pGH)是 猪垂体前叶分泌的一种单链多态类激素, 具有调节 新陈代谢,促进生长速度的作用。pGH 基因已被定 位在 12 p¹²~ p¹⁵区域上^[1]。它由 5 个外显子和 4 个 内含子组成, 全长 2 231 bp, 其全序列由 V ize 等[2] 首先克隆确定。近年来,国内外学者对pGH 基因的 多态性研究,多为分析 pGH 基因 PCR 产物的 RFLP。但是,用PCR 方法扩增pGH 基因,至今多数 只能获得该基因从第1内含子到第3外显子之间的 部分序列,用 PCR 方法扩增 pGH 基因全部内含子 和外显子并分析其RFLP还未见报道。国外, Krikpatrick [3] 首次用RFLP标记对4个猪种进行了 研究,发现pGH 基因Dra I 酶切位点存在多态性。 后来,N ielsen 等[4]对D ra I 酶切位点的多态性也进 行了研究,与 Soren 的结论一致。Kimpatrick 等[5,6] 用 PCR -R FL Ps 技术对 pGH 基因的 H ae II 和 M sp I 多态位点进行了研究, 分别在+ 308 和+ 577 位发 现了酶切位点。Larsen 等[7]分析了丹麦 4 个猪种 pGH 基因- 119~ + 486 位的片段, 发现 Apa I 在+ 299 处, Cfo I 在+ 330 和+ 379 处存在切点。 Balatskzi^[8]发现大白猪和M irgo rod 猪 pGH 基因+ 298 位存在 B suR I 切点。国内, 姜志华等[9]对 p GH 基因的 PCR 产物进行了序列分析, 扩增了第 2 外显 子区 230 bp 的片段, 发现了7处碱基替换, 其中4 处能引起氨基酸变化,其他为同义突变。方美英 等[10]、刘红林等[11]用与姜志华同样的引物扩增. 检 测了不同中国猪品种的pGH 基因第 2 外显子和第 2内含子区的RFLP,分析了猪生长激素基因 H ha I 酶切片段多态性的特征。结果表明,在生长激素基 因第 2 外显子和第 2 内含子区, H ha I 酶切等位片 段的频率在猪品种间存在显著差异。 仲飞等[12]以 PCR 方法扩增了pGH 基因的第 1 内含子, 共 243 bp, 发现 pGH 基因第 1 内含子存在序列多态性。宋 成义等[13]、陶勇等[14]分别采用 PCR-RFLPs 方法、 检测了姜曲海猪 GH 基因+ 206~ + 711 区段 506 bp 片段中M sp I 和A pa I 酶切位点多态性, 以及姜 曲海、长白、小梅山、皮特兰、杜洛克等 5 个猪品种在 - 119~ + 486 区段的遗传变异, 发现各品种该区段 均存在B sp I, H ha I 酶切位点多态性。

本试验采用 PCR-RFLPs 技术, 检测pGH 基因 的 A p a I 酶切位点多态性在大约克和长白两个猪品 种中的分布,以期为全面分析pGH 基因的RFLP 及其品种特异性 pGH 基因的 RFL P 与猪经济性状 间的关系奠定基础。

材料和方法

1.1 材料

四川绵阳种畜场大约克猪 44 头, 四川德阳种猪 场长白猪 47 头。采集带毛囊的猪毛数根放入盛有 1.0 mL 质量浓度为 8 5 g/L 生理盐水的离心管中, - 70 保存备用。

1.2 方法

1.2 1 基因组DNA 提取 将猪毛囊洗净,放入盛 400 µL TE 溶液的 1.5 mL 离心管中, 加入质量浓

[[]收稿日期] 2002-01-14

[[]基金项目] 四川省"九五"重点攻关项目(分子生物技术在猪育种中的应用研究) [作者简介] 邢晋灏(1968-), 男, 山东曹县人, 在读硕士, 主要从事动物遗传育种研究。现在青岛市畜牧研究所工作(266100)。

度为 100 g/L 的 SD S 20 μL、蛋白酶 K (20 m g/mL) 10 μL 混匀, 60 水浴 30 m in 后, 37 水浴 12~ 24 h。

取出样品管, 待冷至室温, 加入等体积 1 1 的 酚 氯仿抽提 2 次, 等体积氯仿抽提 1 次, 冰冻无水 乙醇沉淀 DNA, 置-20 保存备用。

1. 2 2 引物及 PCR 反应 Forward primer 5:21 GTC GAC GGG AAC AGG ATG AGT GGG AGG AGG TT; Reverse primer 3:2020 AAG CTT GCC GGG TCA ACC ATC ATT CAG TGT CT。 PCR 反应体系为:10×PCR Buffer(含M gCl₂ 25 mmol) 2 5 μL, 4×dNTPs (2 5 mmol/L) 2 5 μL, Primers (10 pmol/μL each) 1.25 μL, Temp late DNA (1.19 μg/μL) 4 μL, Taq DNA polymerase (5 μmol/(μL·min)) 0 24 μL, 加水至 25 μL。

PCR 反应条件为 95 变性 50 s, 60 退火 50 s, 72 延伸 2 m in 30 s, 35 个循环。循环结束后,72 延伸 5~ 10 m in。

1. 2 3 PCR-RFLPs 分析 取 10 μ L PCR 产物加入 0. 5 μ L (15 μ mol/(μ L·min⁻¹))A p a I 酶 10 × Buffer 2 μ L 及灭菌去离子水 2 5 μ L, 37 , 3 h。 酶切产物用体积分数 8% 的聚丙烯酰胺凝胶电泳,同时加入DNA Marker DL 2000 共泳以作分子质量对照。缓冲液为 1 × TBE, 250 V 电泳 2 5 h,银染,并在英国UV IP ro 凝胶成相分析系统上照相。

2 结果与分析

本试验所扩增的 pGH 基因序列为 2 107 bp, 包含全部 pGH 基因的 5 个外显子和 4 个内含子。经用 A pa I 酶切,产生了 R FL P (图 1),共有 4 种等位基 因,依次为等位基因 A (731,619,317,163,145,133 bp)、等位基因 B (731,619,225,224,163,145 bp)、等位基因 C (731,619,449,163,145 bp)和等位基因 D (1068,876,163 bp)。共检测到 5 种基因型即AA,CC,AC,BC 和 CD,未检测到 BB 和 DD 纯合子。基 因型频率和等位基因频率分布见表 1。

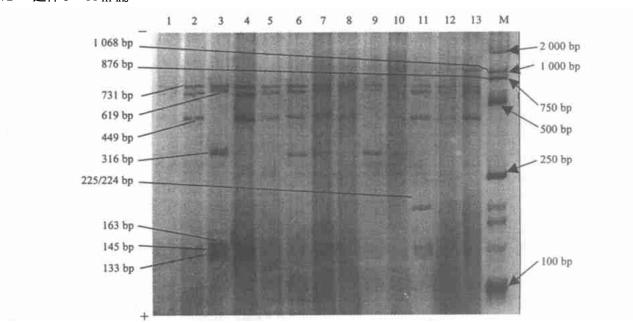


图 1 猪生长激素基因序列Apa I 酶切 PCR-RFLPs 电泳图谱

1, 2, 4, 5, 8, 10, 12 基因型CC; 3, 9. 基因型AA; 6, 7. 基因型AC; 11. 基因型BC; 13. 基因型CD; M. Marker DL 2000

Fig. 1 The PCR -R FL Ps pattern in the sequence of PGH gene with Apa I digestion 1, 2, 4, 5, 8, 10, 12 Genotype CC; 3, 9 Genotype AA; 6, 7 Genotype AC; 11 Genotype BC; 13 Genotype CD; M. Marker DL 2000

表 1 基因型频率和等位基因频率分布及 2 检验结果

Table 1 Genotype frequencies and allele frequencies of the pGH gene between Yorkshire and Landrace

品种(系) _ B reed	基因型频率 Genotype frequencies					等位基因频率 A llele frequencies				
	AA	CC	AC	CD	BC	A	В	С	D	$(\chi^2 \text{ test})$
大约克猪 York shire	13. 63 (6)	43 18 (19)	34 09 (15)	4 55 (2)	4. 55 (2)	30 68	2 27	64. 78	2 27	X ² = 3.19
长白猪 Landrace	19. 15 (9)	44 68 (21)	34 04 (16)	2 13 (1)	0 (0)	36 17	0	62 77	1. 06	P> 0.05

注: 括号内数字为不同基因型的个体数。

Note: The figure in the bracket means the number of different genotype porcine

由表 1 及 % 值可知,基因型 CC 为优势基因型, AC 次之,BC 最低。不同基因型在大约克和长白猪之间分布差异不显著。在这 2 个猪品种中,都是等位基因 C 最高(分别为 64 78% 和 62 77%),A 次之;等位基因 B 和 D 在大约克猪中分布最低(为 2 27%),而 B 在长白猪中没有检测到(为 0)。

3 讨论

该试验采用自己设计的引物, 对 p GH 基因序列进行了扩增, 包括了 p GH 基因全部 5 个外显子和 4 个内含子。用Apa I 内切酶对其序列酶切后产生了多态性。依据Apa I 内切酶的识别序列(GGGCC C), 对照 V ize $\mathfrak{S}^{[2]}$ 的序列可知, Apa I 内切酶分别

在pGH 基因全序列的- 18, + 299, + 432, + 1 051, + 1 196 位点有切点,可产生 6 个片段(160, 317, 133, 619, 145, 857 bp)。而本试验酶切后所产生的片段中,检测到了这 5 个切点,从而产生等位基因A。等位基因B 可能是等位基因C 的片段 449 bp 中的 1 条链,分别在+ 204 位点的A G 和+ 209 位点的A C 造成的,从而增加了 1 个Apa I 酶识别序列。等位基因C 可能是因+ 299 处的切点缺失产生的。而+ 299, + 432 和+ 1 196 位点的缺失形成了等位基因D。究竟是否是这样产生的,必须把这些酶切片段收集,纯化后测序才能清楚。另外,未检测到纯合子BB,DD,可能是样本含量较少所致。

参考文献

- [1] Yerle M, Lahbib M ansais Y, Thom sen PD, et al Location of the porcine growth homone gene to chromosome 12p¹²~ p¹⁵[J]. Animal Genetics, 1993, 24: 2, 129-131.
- [2] Vize PD, Wells JR E. Isolation and characterization of the porcine homone gene [J]. Gene, 1987, 55: 339-344
- [3] Krikpatrick B W. Double-strand DNA conformation polymorphisms as a source of highly genetic markers [J]. Animal Genet, 1993, 24(3); 155-161.
- [4] Nielson V H, Larsen N J. Restriction fragments length polymorphisms at the growth hormone gene in pigs[J]. Animal Genetics, 1991, 22 (3): 291-294
- [5] Kirkpatrick B W, Huff B M. Detection of insention polymorphisms in 5 flank and second intron of the porcine growth hormone gene[J]. Animal Genetics, 1991, 22(2): 192-193.
- [6] Kirkpatrick B W. H ae II and M sp I polymorphisms are detected in the second intron of the porcine growth hormone gene [J]. A nimal Genetics, 1992, 23(2): 180-181.
- [7] Larsen N J, Nielsen V H. Apa I and Cfo I polymorphisms in the porcine growth homone [J]. Animal Genetics, 1993, 24(1): 71.
- [8] Balatskzi N. Polymorphism of the B suR I restriction site in the porcine growth hormone gene[J]. Tsitologiya I Genetika, 1995, 29(1): 45-48
- [9] 姜志华, Rottann O. J. 猪生长激素基因第二外显子区域遗传变异的序列基础[1] 南京农业大学学报, 1997, 20(2): 67-71.
- [10] 方美英, 姜志华, 刘红林 六个品种猪生长基因座位遗传多态性检测[J] 动物学研究, 1998, 19(4): 334-336
- [11] 刘红林,姜志华,方美英,等. 中国地方猪种生长激素基因 H ha I 酶切片段多态特征研究[J]. 江苏农业学报, 1998, 14(2): 85-89.
- [12] 仲 飞, 刘维全, 孙丽翠, 等 含第 1 内含子的猪生长激素DNA 基因的构建[J] 中国兽医学报, 2000, 20(4): 347-351.
- [13] 宋成义, 经荣斌, 陶 勇, 等 猪 GH 基因部分突变位点对生产性能的影响[J] 遗传, 2001, 23(5): 427—430
- [14] 陶 勇, 经荣斌, 宋成义, 等 猪生长激素基因座位B sp I, H ha I 酶切片段多态特征的研究[J] 华中农业大学学报, 2001, 20(5): 460-462

Analysis of Apa I polymorphisms in porcine growth homone gene

XING Jin-yi, SHUA I Su-rong, L I Xue-wei, QIAO Shao-quan

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

Abstract: A p a I polymorphism of pGH gene's sequence was analyzed by PCR-RFLP in Yorkshire and Landrace The results showed that there were 5 genotypes and 4 alleles The difference of Genotype frequencies and allele frequencies was not significant in the two porcine breeds

Key words: porcine; grow th homone gene; PCR-RFLPs