

郃县红牛 *POU1F1* 基因第 6 外显子 *Hinf* I、*Alu* I 和 *Pst* I 位点遗传变异及其与生长发育的关系

邱国宇¹, 陈 宏^{1,2}, 潘传英¹, 王居强³, 牛 晖³

(1 西北农林科技大学 动物科技学院, 陕西省农业分子生物学重点实验室, 陕西 杨凌 712100;

2 徐州师范大学 细胞与分子生物学研究所, 江苏 徐州 221116; 3 河南省肉牛工程技术研究中心, 河南 郑州 450003)

[摘 要] **【目的】**研究 *POU1F1* 基因第 6 外显子 *Hinf* I、*Alu* I 和 *Pst* I 酶切位点多态性对郃县红牛生长发育性状的遗传效应。**【方法】**以 144 头郃县红牛为研究材料, 用 PCR-RFLP 方法检测 *POU1F1* 基因第 6 外显子 *Hinf* I、*Alu* I 和 *Pst* I 基因座多态性, 并分析其基因型间遗传变异与生长发育的关系。**【结果】**451 bp 的 *POU1F1* 基因第 6 外显子片段被 *Hinf* I 酶切后表现多态; AA、AB 和 BB 基因型频率分别为 0.187 5、0.305 6 和 0.506 9, A 和 B 等位基因频率分别为 0.340 3 和 0.659 7, 处于 Hardy-Weinberg 不平衡状态; 该位点纯合度为 0.551 0, 杂合度为 0.449 0, 有效等位基因数为 1.814 8, 多态信息含量为 0.348 2, 属中度多态, 可作为该群体遗传资源评价的建议性指标。而 *POU1F1* 基因第 6 外显子 *Alu* I 和 *Pst* I 基因座均未检测到多态性, 仅发现 AA 基因型, 表明这些基因座比较保守。*Hinf* I 多态性与郃县红牛生长发育性状的相关分析表明, 不同基因型与郃县红牛体高、腰角宽、胸围、尻长、十字部高、管围、体质量等指标均无显著相关性 ($P>0.05$); BB 基因型个体体长显著高于 AB 和 AA 基因型个体 ($P<0.05$), 提示 B 等位基因可能对体长有显著影响。**【结论】**BB 基因型可作为郃县红牛体长性状标记辅助选择的 DNA 标记。

[关键词] 郃县红牛; *POU1F1* 基因; *Hinf* I; *Alu* I; *Pst* I

[中图分类号] S823.8⁺1

[文献标识码] A

[文章编号] 1671-9387(2009)05-0043-06

Genetic variations of *Hinf* I, *Alu* I and *Pst* I loci within *POU1F1* gene exon 6 and its association with growth traits in Jiaxian Red Cattle

QIU Guo-yu¹, CHEN Hong^{1,2}, PAN Chuan-ying¹, WANG Ju-qiang³, NIU Hui³

(1 Shaanxi Key Laboratory of Molecular Biology for Agriculture, College of Animal Science and Technology, Northwest A&F University, Yangling, Shaanxi 712100, China; 2 Institute of Cellular and Molecular Biology, Xuzhou Normal University, Xuzhou, Jiangsu 221116, China; 3 Research Center of Cattle Engineering Technology in Henan, Zhengzhou, Henan 450003, China)

Abstract: **【Objective】**The objective of the present study was to study the genetic effects of polymorphisms of *Hinf* I, *Alu* I and *Pst* I loci within *POU1F1* gene exon 6 on Jianxian Red cattle growth traits. **【Method】***POU1F1* gene exon 6 polymorphic fragments were detected by PCR-RFLP technique using 144 Jianxian Red cattle. Association analysis of *POU1F1* gene exon 6 polymorphism with growth traits was also conducted. **【Result】**The results showed that 451 bp PCR products digested with *Hinf* I demonstrated polymorphisms. Moreover, the frequencies of allele AA, AB and BB genotype of Jiaxian red cattle were 0.187 5, 0.305 6 and 0.506 9, accordingly, the frequencies of allele A and B were 0.340 3 and 0.659 7 re-

* [收稿日期] 2008-07-08

[基金项目] 国家“863”高新技术研究与发展计划项目(2006AA10Z197); 国家自然科学基金项目(30771544); 国家科技支撑计划项目(2006BAD01A10-5); 陕西省“13115”科技创新工程重点项目(2008ZDKG-11); 河南省基础与前沿技术研究计划项目(072300430160)

[作者简介] 邱国宇(1979—), 男, 江西赣州人, 回族, 在读硕士, 主要从事动物遗传育种与繁殖研究。

E-mail: guoyu1025@yahoo.com.cn

[通信作者] 陈 宏(1955—), 男, 陕西西安人, 教授, 博士生导师, 主要从事分子生物技术与动物遗传育种研究。

E-mail: chen hong1212@263.net

spectively. The homozygosity, heterozygosity, the effective allele numbers, and PIC value of *POU1F1* gene exon 6 *Hinf* I locus were 0.551 0, 0.449 0, 1.814 8 and 0.348 2 respectively. As this locus belonged to the middle polymorphic index, it was suggested to be an effective evaluation parameter for studying genetic resource. However, no polymorphism was found at *POU1F1* gene exon 6 *Alu* I and *Pst* I loci. The correlation of *Hinf* I polymorphisms of *POU1F1* gene exon 6 and growth traits was analyzed and the result showed that there was significant relationship between *Hinf* I polymorphism and body length ($P<0.05$). The individual with genotype BB had longer body length than the individual with genotype AB and AA, suggesting the allele B had significant effect on body length of Jianxian red cattle. 【Conclusion】 The genotype BB was significantly correlated with the fine performance and the selection of the allele B was better for the improvement.

Key words: Jiaxian Red cattle; *POU1F1* gene; *Hinf* I ; *Alu* I ; *Pst* I

郟县红牛系我国八大良种黄牛之一,具有耐粗饲、抗逆性强、遗传性能稳定等特点,主产于河南平顶山市的郟县、宝丰和鲁山县,在汝州市、禹州市、襄城等县(市、区)亦有分布。与其他黄牛品种相比,其具有体躯长度发育较好、肌肉丰满、肉质鲜嫩、大理石纹状明显等优点。然而,该品种的屠宰率和净肉率均相对较低,尚需要进一步改良^[1]。

垂体释放因子 1(*POU1F1*)是 *POU* 结构域中几种同源异型蛋白之一,是被鉴定的第一个垂体释放因子。*POU1F1* 蛋白有 3 个重要结构域:N-端转录激活区、*POU* 特异区(*POU*-SD)和 *POU* 同源区(*POU*-HD)^[2]。由于 *POU1F1* 主要正向调控促甲状腺激素 β 亚基(TSH β)、生长激素(GH)和催乳素(PRL)基因的表达,故该蛋白不仅能促进甲状腺激素、生长激素的表达,对哺乳动物生长发育、新陈代谢起重要的调控作用,而且还能提高生长速度、降低脂肪沉积等。因此,*POU1F1* 基因成为生长发育等生产性状的重要候选基因^[3]。

目前,关于牛 *POU1F1* 基因遗传变异及其与经济性状的关系已成为研究的热点之一。其中该基因第 6 外显子在所有外显子中最长,且含有重要的 *POU*-SD 结构域,也已成为当前研究的焦点。1994 年,*POU1F1* 基因第 6 外显子 *Hinf* I 位点多态性被首次报道^[4];1997 年,Renaville 等^[5]发现,该基因座 B 等位基因与产乳量、乳蛋白含量呈正相关关系;随后,Zhao 等^[6]发现,安格斯牛 *POU1F1* 基因第 6 外显子也存在 *Hinf* I 位点多态性。目前,在秦川牛及其杂种牛^[7]、中国荷斯坦牛^[8]、南阳牛^[9]和固原本地黄牛^[10]上,关于 *POU1F1* 基因第 6 外显子 *Hinf* I 位点多态性及其与生产性能的关系已有报道。而关于郟县红牛 *POU1F1* 基因第 6 外显子 *Hinf* I 位点多态性的研究尚未见报道。在山羊 *POU1F1* 基因

第 6 外显子遗传变异研究中,Lan 等^[11-12]发现了 *Alu* I 位点多态性,并揭示该多态位点对生长发育等经济性状有显著影响;此外,蓝贤勇^[13]发现了 *Pst* I 位点多态性。由于牛和山羊都属反刍动物且亲缘关系比较近,因此牛 *POU1F1* 基因第 6 外显子区域是否也存在 *Alu* I 和 *Pst* I 位点多态性,如果存在,这些多态性与生长发育等经济性状是否显著相关,还未见相关报道。本研究利用 PCR-RFLP 方法,检测郟县红牛 *POU1F1* 基因第 6 外显子 *Hinf* I、*Alu* I 和 *Pst* I 的位点遗传变异,并分析该位点与生长发育性状的关系,探讨 *POU1F1* 基因多态性与生产性能之间的关系,以期对郟县红牛后躯发育性状改良、屠宰率和净肉率的提高提供科学依据。

1 材料与方法

1.1 材料

1.1.1 试验动物 144 头成年(2 周岁以上)郟县红牛,来自河南省平顶山市郟县红牛保种区,颈静脉采血 10 mL,加抗凝剂抗凝,低温运回实验室,−80 ℃保存。

1.1.2 主要试剂 蛋白酶 K、*Taq* DNA 聚合酶和限制性内切酶 *Hinf* I、*Alu* I 和 *Pst* I 等购自 MBI 公司。

1.2 郟县红牛体尺的测量

郟县红牛生长发育数据(体长、体高、腰角宽、胸围、尻长、十字部高、管围和体质量),来源于郟县红牛保种区资料记录和现场测量结果。

1.3 郟县红牛基因组 DNA 的提取

血样基因组 DNA 的提取采取酚氯仿法^[14]。

1.4 郟县红牛 *POU1F1* 基因第 6 外显子的 PCR 扩增

根据 *POU1F1* 基因第 6 外显子序列设计 1 对

引物^[5]: 上游引物: 5'-AAACCATCATCTCCCT-TCTT-3'; 下游引物: 5'-AATGTACAATGTGC-CTTCTGAG-3'。引物由上海生物工程公司合成。PCR 反应体系为 25 μ L: 10 $\times$ Buffer 2.5 μ L, 25 mmol/L MgCl₂ 2.0 μ L, 2.5 mmol/L dNTPs 2.0 μ L, 2 U/ μ L *Taq* DNA 聚合酶 0.5 μ L, 10 pmol/ μ L 上、下游引物各 0.4 μ L, 50 ng/ μ L 模板 DNA 1.5 μ L, 加三蒸水至 25 μ L。PCR 反应程序: 95 $^{\circ}$ C 预变性 5 min; 94 $^{\circ}$ C 变性 30 s, 53.5 $^{\circ}$ C 复性 1 min, 72 $^{\circ}$ C 延伸 30 s, 34 个循环; 最后 72 $^{\circ}$ C 延伸 10 min。

1.5 郟县红牛 *POU1F1* 基因第 6 外显子的 PCR-RFLP 分析

*Hinf*I PCR-RFLP 体系: 10 $\times$ 缓冲液 R (含 BSA) 2 μ L, *Hinf*I (10 U/ μ L) 0.7 μ L, PCR 产物 10 μ L, 补三蒸水至 20 μ L, 37 $^{\circ}$ C 反应过夜, 于 20 g/L 琼脂糖凝胶电泳分析; *Alu*I PCR-RFLP 体系: 10 $\times$ 缓冲液 R (含 BSA) 2 μ L, *Alu*I (10 U/ μ L) 0.7 μ L, PCR 产物 10 μ L, 补三蒸水至 20 μ L, 37 $^{\circ}$ C 反应过夜, 于 20 g/L 琼脂糖凝胶电泳分析; *Pst*I PCR-RFLP 体系: 10 $\times$ 缓冲液 R (含 BSA) 2 μ L, *Pst*I (10 U/ μ L) 0.7 μ L, PCR 产物 10 μ L, 补三蒸水至 20 μ L, 37 $^{\circ}$ C 反应过夜, 于 20 g/L 琼脂糖凝胶电泳分析。

1.6 数据统计分析

基因型与基因频率、符合性 χ^2 检验均采用

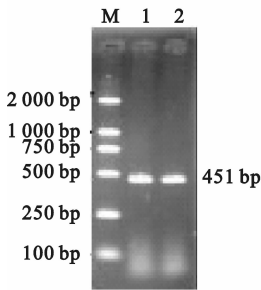


图 1 郟县红牛 *POU1F1* 基因第 6 外显子的 PCR 产物电泳结果

M. DNA Marker DL2000; 1, 2. *POU1F1* 基因第 6 外显子扩增产物

Fig. 1 Electrophoresis of the PCR products of *POU1F1* gene exon 6 in Jianxian red cattle

M. DNA Marker DL2000; 1, 2. *POU1F1* gene exon 6 PCR products

2.3 *Hinf*I、*Alu*I 和 *Pst*I PCR-RFLP 位点的遗传多态性分析

由表 1 可知, 郟县红牛 *POU1F1* 基因第 6 外显子在 *Hinf*I 位点处于 Hardy-Weinberg 不平衡状态 ($P < 0.05$), AA、AB 和 BB 基因型频率分别为

POPGENE 软件完成。利用最小二乘方法校正数据, 调用 SPSS(13.0) 软件 GLM 程序分析 *POU1F1* 基因型效应。综合考虑场效应、性别效应、年龄效应、出生季节 (春或秋)、基因型效应和环境因素后, 采用校正的 GLM 模型分析 PCR-RFLP 与郟县红牛体长、体高、腰角宽、胸围、尻长、十字部高、管围和体质量指标的关系, GLM 模型如下: $Y_{ijk} = \mu + M_j + E_{ijk}$ 。式中: Y_{ijk} 为个体表型记录值, μ 为群体均值, M_j 为标记基因型效应, E_{ijk} 为随机误差。

2 结果与分析

2.1 *POU1F1* 基因第 6 外显子的 PCR 扩增

郟县红牛 *POU1F1* 基因第 6 外显子的 PCR 扩增片段长度为 451 bp, 20 g/L 琼脂糖电泳检测结果表明, 扩增条带特异性好, 可直接用于 RFLP 检测 (图 1)。

2.2 *POU1F1* 基因第 6 外显子的 PCR-RFLP 分析

用 *Hinf*I 限制性内切酶消化后, 表现出 3 种基因型 (图 2), 其中 AA 型 1 条带, 大小为 451 bp; BB 型 2 条带, 大小分别为 244 和 207 bp; AB 型 3 条带, 大小分别为 451, 244 和 207 bp。用 *Alu*I 限制性内切酶消化后, 仅表现出 1 种基因型——AA 型, AA 型 2 条带, 大小分别为 341 和 110 bp (图 3)。用 *Pst*I 限制性内切酶消化后, 仅表现出 1 种基因型——AA 型, AA 型 1 条带, 大小为 451 bp (图 4)。

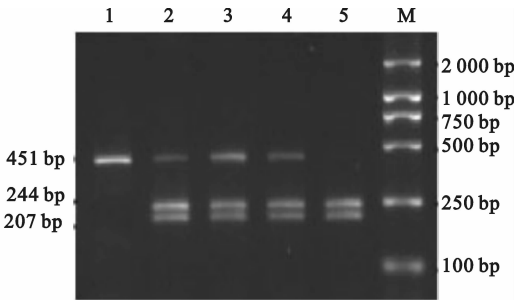


图 2 郟县红牛 *POU1F1*-*Hinf*I 基因座的酶切电泳结果

M. DNA Marker DL2000; 1. AA 型; 2~4. AB 型; 5. BB 型

Fig. 2 Electrophoresis patterns of the *POU1F1*-*Hinf*I loci in Jianxian red cattle

M. DNA Marker DL2000; 1. AA type; 2~4. AB type; 5. BB type

0.187 5, 0.305 6 和 0.506 9, A 和 B 等位基因的频率分别为 0.340 3 和 0.659 7; 位点纯合度为 0.551 0, 杂合度为 0.449 0, 有效等位基因数为 1.814 8, 多态信息含量为 0.348 2。郟县红牛 *POU1F1* 基因第 6 外显子经 *Alu*I 和 *Pst*I 酶切后

均表现单态,仅发现 AA 基因型。

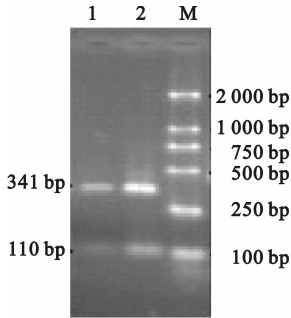


图 3 郟县红牛 *POU1F1*-*Alu* I 基因座的酶切电泳结果

M, DNA Marker DL2000;1,2, AA 型

Fig. 3 Electrophoresis patterns of the *POU1F1*-*Alu* I loci in Jianxian red cattle

M, DNA Marker DL2000;1,2, AA type

表 1 郟县红牛 *POU1F1* 基因第 6 外显子在 *Hinf* I、*Alu* I 和 *Pst* I 位点的遗传多态性指标分析

Table 1 Genetic diversity of *POU1F1* gene exon 6 *Hinf* I, *Alu* I and *Pst* I loci in Jiangxian Red cattle

位点 Locus	基因型频率 Genotype frequency			等位基因频率 Geno frequency	
	AA	AB	BB	A	B
<i>Hinf</i> I	0.187 5	0.305 6	0.506 9	0.340 3	0.659 7
<i>Alu</i> I	1.000 0	0.000 0	0.000 0	1.000 0	0.000 0
<i>Pst</i> I	1.000 0	0.000 0	0.000 0	1.000 0	0.000 0

位点 Locus	位点纯合度 Homozygosity	位点杂合度 Heterozygosity	多态信息含量 PIC	有效等位基因数 Ne	位点平衡 χ^2 测验 χ^2 value
<i>Hinf</i> I	0.551 0	0.449 0	0.348 2	1.814 8	不平衡 Disequilibrium
<i>Alu</i> I	1.000 0	0.000 0	0.000 0	1.000 0	平衡 Equilibrium
<i>Pst</i> I	1.000 0	0.000 0	0.000 0	1.000 0	平衡 Equilibrium

2.4 *POU1F1* 基因第 6 外显子遗传变异与生长发育性状的相关分析

相关分析表明,不同基因型与郟县红牛体高、腰

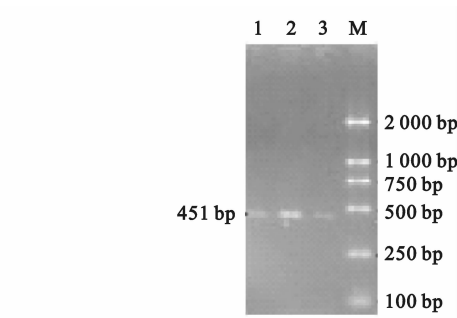


图 4 郟县红牛 *POU1F1*-*Pst* I 基因座的酶切电泳结果

M, DNA Marker DL2000;1~3, AA 型

Fig. 4 Electrophoresis patterns of the *POU1F1*-*Pst* I loci in Jianxian red cattle

M, DNA Marker DL2000;1~3, AA type

角宽、胸围、尻长、十字部高、管围、体质量等指标均无显著相关($P>0.05$);BB 基因型个体体长显著高于 AB 和 AA 基因型个体($P<0.05$)(表 2)。

表 2 *POU1F1* 基因第 6 外显子基因型与生长发育性状的相关分析

Table 2 Correlation analysis between *POU1F1* gene exon 6 patterns and different growth traits

基因型 Genotype	体长/cm Body length	体高/cm Withers height	腰角宽/cm Hip width	胸围/cm Heart girth
AA 型($n=27$) AA genotype	148.96±13.63 a	125.11±6.13	45.61±4.41	178.09±9.08
AB 型($n=44$) AB genotype	148.17±10.66 a	125.90±5.79	44.62±3.09	179.07±7.54
BB 型($n=73$) BB genotype	153.25±8.98 b	124.73±4.67	44.88±3.74	177.92±8.93

基因型 Genotype	尻长/cm Rump length	十字部高/cm Height at hip cross	管围/cm Cannon circumference	体质量/kg Body weight
AA 型($n=27$) AA genotype	47.50±7.25	26.00±5.35	16.71±1.31	440.44±74.19
AB 型($n=44$) AB genotype	48.45±3.34	24.77±3.64	16.95±1.17	441.53±56.72
BB 型($n=73$) BB genotype	48.40±3.75	24.77±4.96	17.26±1.03	451.43±62.37

注:同列数据后标不同小写字母者表示差异显著($P<0.05$)。

Note: Means with different small letters show significant differences ($P<0.05$).

3 讨 论

3.1 *POU1F1* 基因第 6 外显子 *Hinf* I、*Alu* I 和 *Pst* I 位点的遗传变异研究

近年来,随着肉牛市场的扩大,我国肉牛产业呈

现迅猛发展的势头,其中河南郟县红牛的主要分布产区肉牛发展也相当迅速。为了克服郟县红牛后躯发育不够丰满及屠宰率和净肉率相对较低的现状,在其常规育种中均强化了人工选择的作用。本研究首次分析了郟县红牛 *POU1F1* 基因第 6 外显子

*Hinf*I、*Alu*I 和 *Pst*I 位点的遗传变异情况,发现 *POU1F1* 基因第6外显子 *Hinf*I 位点存在 AA、AB 和 BB 3 种基因型,其中以 BB 基因型为优势基因型,B 等位基因为优势基因,这种优势基因型和优势等位基因的分布规律与我国秦川牛^[7]、中国荷斯坦牛^[8]、南阳牛^[9]和固原本地黄牛^[10]等一致,提示中国主要黄牛品种该基因座以 B 等位基因为主。郟县红牛 *POU1F1* 基因第6外显子 *Hinf*I 位点处于 Hardy-Weinberg 不平衡状态,这可能与人工选择有关。郟县红牛 *POU1F1* 基因第6外显子 *Hinf*I 位点的多态信息含量为 0.348 2,属于中度多态位点,因此可以作为该群体遗传资源评价的建议性指标。

本研究在郟县红牛 *POU1F1* 基因第6外显子 *Alu*I 和 *Pst*I 位点,都仅发现 1 个 A 等位基因,表明这两个位点均为单态,提示这 2 个基因座在牛种上比较保守;然而山羊在这 2 个基因座均存在多态性,而且多态性还比较丰富^[13]。此外,牛 *POU1F1* 基因第6外显子 *Hinf*I 位点存在多态性,而山羊在该位点仅为单态^[13]。可见,*POU1F1* 基因第6外显子在牛、羊物种间存在差异。2006 年,Bastos 等^[15]发现,绵羊 *POU1F1* 基因第2,3 外显子和第4内含子均存在多态性,而第1,4 和 6 外显子均无多态性。然而,蓝贤勇^[13]在羊群体中并未检测到第2外显子的突变位点,而在第4和6外显子均检测到突变位点。由此可知,牛、山羊、绵羊等反刍动物 *POU1F1* 基因之间存在物种间多样性。

3.2 *POU1F1* 基因多态性与生产性状的关系

由于 *POU1F1* 在垂体发育和激素表达中起着极其重要的作用,所以理论上认为,该基因是影响生长发育等经济性状的、极具潜力的候选基因。检测数量性状基因座(QTL)的区间定位图谱分析结果显示,染色体 1q21-22 区段对生产性能有显著影响^[15]。而牛 *POU1F1* 基因定位于染色体的 1q21-22 区段,因此牛 *POU1F1* 基因遗传变异可能对生长发育性状有重要影响。本研究采用校正的 GLM 模型,分析 *Hinf*I 位点多样性与郟县红牛体长、体高、腰角宽、胸围、尻长、十字部高、管围、体质量的相关性,发现 BB 基因型个体体长显著高于 AB 和 AA 基因型个体($P < 0.05$),提示 B 等位基因可能对体长性状有显著影响,该结果与 Renaville 等^[5]、刘波等^[7]、Xue 等^[9]和滑留帅等^[10]的结果基本一致。Renaville 等^[5]发现,意大利荷斯坦公牛 *POU1F1* 基因的 B 等位基因与乳产量、乳蛋白产量和体尺指标呈正相关关系;刘波等^[7]初步认为,B 为优势等位基

因,对胸围、十字部高等体尺性状的选择具有正向效应;Xu 等^[9]发现,南阳牛 *POU1F1*-E6H 多态性的 B 等位基因,与初生质量,断奶前平均日增质量,6 月龄体质量、体斜长、胸围以及 12 月龄的体质量、体高、体斜长和胸围指标均呈正相关;滑留帅等^[10]认为,固原本地黄牛 BB 型个体在育肥初期饲料报酬、6~12 月龄体长增长量、7 月龄体型指标上均优于 AB 型个体。本研究结果显示,*POU1F1* 基因第6外显子在 *Hinf*I 位点的 BB 基因型与体长显著相关,对 B 等位基因的选择有利于体长性状改良,因此 BB 基因型可作为郟县红牛体长性状的 DNA 标记。

[参考文献]

- [1] 邱 怀. 中国黄牛 [M]. 北京: 农业出版社, 1992: 65.
Qiu H. Chinese yellow cattle [M]. Beijing: Agriculture Press, 1992: 65. (in Chinese)
- [2] Li S, Crenshaw III, Rawson E B, et al. Dwarf locus mutants lacking three pituitary cell types result from mutations in the POU-domain gene Pit-1 [J]. Nature, 1990, 347: 528-533.
- [3] Woollard J, Tuggle C K, Poncedel L F A. Rapid communication: localization of *POU1F1* to bovine, ovine, and caprine 1q21-22 [J]. Journal of Animal Science, 2000, 78: 242-243.
- [4] Woollard J, Schmitz C B, Freeman A E, et al. *Hinf*I polymorphism at the Bovine PIT1 locus [J]. Journal of Animal Science, 1994, 72: 32-67.
- [5] Renaville R, Gengler N, Vrech E, et al. PIT1 gene polymorphism, milk yield and conformation traits for Italian Holstein-Friesian bulls [J]. Journal Dairy Science, 1997, 80: 3431-3438.
- [6] Zhao Q, Davis M E, Hines H C. Associations of polymorphisms in the Pit-1 gene with growth and carcass traits in Angus beef cattle [J]. J Anim Sci, 2004, 82(8): 2229-2233.
- [7] 刘 波, 陈 宏, 蓝贤勇, 等. 秦川牛及其杂种牛 *POU1F1* 基因多态与生长性能相关性 [J]. 中国农业科学, 2005, 38(12): 2520-2525.
Liu B, Chen H, Lan X Y, et al. Correlation of polymorphisms of *POU1F1* gene and growth traits in Qinchuan cattle and its hybrid cattle [J]. Scientia Agricultura Sinica, 2005, 38(12): 2520-2525. (in Chinese)
- [8] 严林俊, 刘 波, 房兴堂, 等. 秦川牛和中国荷斯坦牛 *POU1F1* 基因多态性研究 [J]. 遗传, 2006, 28(11): 1371-1375.
Yan L J, Liu B, Fang X T, et al. Analysis of *POU1F1* gene polymorphisms in Qinchuan cattle and Chinese Holstein cattle [J]. Hereditas, 2006, 28(11): 1371-1375. (in Chinese)
- [9] Xue K, Chen H, Wang S, et al. Effect of genetic variations of the *POU1F1* gene on growth traits of Nanyang cattle [J]. Acta Genetica Sinica, 2006, 33(10): 901-907.
- [10] 滑留帅, 陈 宏, 杨晓冰, 等. 固原本地黄牛及其利杂群体 Pit-

1 基因多态性与育肥性状的关系 [J]. 西北农林科技大学学报:自然科学版,2007,35(12):1-5.

Hua L S,Chen H,Yang X B,et al. Association of polymorphism of Pit-1 gene with fattening traits in Guyuan local cattle and crossbreed of Limousin × Local cattle [J]. Journal of Northwest A&F University:Natural Science Edition,2007,35(12):1-5. (in Chinese)

[11] Lan X Y,Pan C Y,Chen H,et al. An AluI PCR-RFLP detecting a silent allele at the goat *POU1F1* locus and its association with production traits [J]. Small Rumin Res,2007,73:8-12.

[12] Lan X Y,Li M J,Chen H,et al. Analysis of caprine pituitary specific transcription factor-1 gene polymorphism in indigenous Chinese goats [EB/OL]. [2008-03-21]. <http://www.springerlink.com/home/main.mpx>

[13] 蓝贤勇. 山羊重要功能基因遗传分析及其与经济性状的关系 [D]. 陕西杨凌:西北农林科技大学,2007.

Lan X Y. Genetic analysis of key function genes and their associations with economic traits in goats [D]. Yangling, Shaanxi:Northwest A&F University,2007. (in Chinese)

[14] Chen H, Leibenguth F. Studies on multilocus fingerprints RAPD markers and mitochondrial DNA of a gynogenetic fish (*Carassius auratus gibelio*) [J]. Biochem Genet, 1995, 33: 297-306.

[15] Bastos E,Santos I,Parentier I H,et al. Ovis aries Pit-1 gene: cloning, characterization and polymorphism analysis [J]. Genetica,2006,126:303-314.

.....

(上接第 42 页)

[8] 薛惠良,徐来祥. 猪 *IGF2* 基因的遗传多态性及其遗传效应分析 [J]. 遗传,2008,30(2):179-184.

Xue H L,Xu L X. Pig *IGF2* gene genetic polymorphism and genetic effects of [J]. Genetic,2008,30(2):179-184. (in Chinese)

[9] Lamberson W R,Sterle J A,Matteri R L. Relationships of serum insulin-like growth factor-2 concentrations to growth, compositional,and reproductive traits of swine [J]. Animal Science,1996,74:1753-1756.

[10] Knoll A,Putnova L,Dvorak J,et al. A Nci I PCR-RFLP within intron2 of the porcine insulin-like growth factor-2 (*IGF2*) gene [J]. Anim Genet,2000,31(2):150-151.

[11] Liu G L,Jiang S W,Xiong Y Z,et al. Association of PCR-RFLP polymorphisms of *IGF2* gene with fat deposit related traits in pig resource family [J]. Acta Genet Sin, 2003, 30(12):1107-1112.

[12] Sambrook J,Fritsch E F,Maniatis T J. 分子克隆实验指南 [M]. 2 版. 金冬雁,黎孟枫,译. 北京:科学出版社,1986.

Sambrook J, Fritsch E F, Maniatis T J. Molecular cloning [M]. 2nd Edition. Translated by Jin D Y, Li M F. Beijing:Science Press,1986. (in Chinese)