

网络出版时间:2012-07-18 11:23

网络出版地址: <http://www.cnki.net/kcms/detail/61.1390.S.20120718.1123.033.html>

猪肉色相关 QTL 整合定位与基因关联分析

刘璐^{1a}, 刘海余², 苏玉虹^{1b}, 王军^{1b}, 赵会仁^{1a}, 袁志发³

(1 辽宁医学院 a 基础医学院, b 畜牧兽医学院, 辽宁 锦州 121001; 2 挑战(天津)动物药业有限公司, 天津 300380;

3 西北农林科技大学 理学院, 陕西 杨凌 712100)

【摘要】【目的】通过构建整合图谱和 Meta 分析, 利用数学模型整合与优化猪肉色相关 QTL, 分析已知候选基因与“真实”QTL(MQTL)的关联性, 为肉色性状的分子标记辅助选择奠定基础。【方法】收集猪肉色相关 QTL, 包括明度系数(L 值, MCOLORL)、红度值(a 值, MCOLORa)和黄色度(b 值, MCOLORb)等指标, 利用 BioMercator2.1 软件, 将原始 QTL 映射到美国肉畜研究中心(USDA-MARC 2.0)公布的猪遗传连锁图谱中, 构建整合图谱, 分析得到 QTL 簇; 对各 QTL 簇进行 Meta 分析, 定位 MQTL; 进一步将已知候选基因映射到整合图谱, 比较候选基因与各 MQTL 在染色体上的位置关系, 分析其关联性。【结果】将 176 个猪肉色相关 QTL 进行比对、映射后, 构建成新的整合图谱。通过 Meta 分析, 将原本分散的 QTL 定量合并为 37 个 MQTL, 其中 MQTL2、MQTL3、MQTL8~MQTL11、MQTL13~MQTL16、MQTL18~MQTL20、MQTL24、MQTL25、MQTL29、MQTL31、MQTL32、MQTL35~MQTL37 共 21 个 MQTL 的缩短比例均超过 50%, MQTL9、MQTL19、MQTL11、MQTL28、MQTL35、MQTL8、MQTL2、MQTL3 等 8 个 MQTL 的置信区间在 5 cM 内。【结论】获得了 37 个猪肉色性状, 图距 1.16~22.68 cM, 较原 QTL 图距均有不同程度地缩短, 缩短比例为 25.19%~90.33%, 提高了 QTL 定位的准确度和有效性。

【关键词】 猪; 肉色性状; QTL; Meta 分析

【中图分类号】 S11⁺4; S813.3

【文献标识码】 A

【文章编号】 1671-9387(2012)08-0039-08

Meta-analysis of meat color QTL in swine

LIU Lu^{1a}, LIU Hai-yu², SU Yu-hong^{1b}, WANG Jun^{1b}, ZHAO Hui-ren^{1a}, YUAN Zhi-fa³

(1 a College of Basic Medical Sciences, b College of Animal Husbandry and Veterinary, Liaoning Medical University,

Jinzhou, Liaoning 121001, China; 2 Tiaozhan (Tianjin) Animal Medical Industry Co. Ltd, Tianjin, 300380, China;

3 College of Science, Northwest A&F University, Yangling, Shaanxi 712100, China)

Abstract: 【Objective】 This study was performed for the Quantitative Trait Loci (QTL) related to meat color to estimate the number and refine the positions of QTL with meta-analysis. 【Method】 An integrated map of meat color QTL which included MCOLORL, MCOLORa and MCOLORb was established with the swine linkage map of USDA-MARC 2.0 as a reference map. With the software BioMercator2.1, initial QTL was collected and projected to the reference map. Meta-QTL(MQTL) was obtained by meta-analysis which reduced the QTL confidence intervals compared with individual QTL estimates. Positions of candidate genes and meta-QTL obtained in this study were compared with reckon the precision of meta-QTL. 【Result】 176 meat color QTL collected from 20 published papers were converged to 37 meta-QTL, and their corresponding markers were obtained. The confidence intervals of meta-QTL, with 21 of which were shrunk more than 50% and 8 of which were reduced to less than 5 cM compared with the QTL before the meta-analysis. For instance, the confidence interval of MQTL9, MQTL19, MQTL11, MQTL28,

* [收稿日期] 2012-02-14

[基金项目] 辽宁省科技厅科学计划项目(2011408004); 辽宁医学院青年科技启动基金项目(Y2011Z024)

[作者简介] 刘璐(1976—), 女, 陕西宝鸡人, 讲师, 硕士, 主要从事生物数学研究。E-mail: lulu4101112@163.com

[通信作者] 苏玉虹(1965—), 女, 内蒙古赤峰人, 教授, 博士, 主要从事动物遗传育种研究。E-mail: yuhongsu652@163.com

MQTL35, MQTL8, MQTL2, MQTL3 was only 1.16, 2.43, 2.45, 4.18, 4.29, 4.40, 4.73, 4.88 cM, respectively. 【Conclusion】 The confidence interval of meta-QTL ranged from 1.16 cM to 22.68 cM, with the reduction rate changed from 25.19% to 90.33%. These results offered more precise QTL position estimates, and a basis for gene mining and molecular breeding in swine.

Key words: swine; meat color traits; QTL; Meta-analysis

肉色是肌肉生理学、生物化学和微生物学等内在变化的外部表现,通过对肉色的感官判断,可以简单快捷地判定肉品的新鲜程度和食用安全性。因此,肉色作为一种重要的肉质性状指标,逐渐成为猪育种目标的重要组成部分。由于遗传力和测定方法的局限,用传统的方法进行肉色选择,费用昂贵,且难以获得较大的遗传进展,间接选择又会带来较大的估计误差和遗传滞后,而利用标记辅助选择和数量性状位点(Quantitative trait loci, QTL)定位技术,可以分析遗传标记与数量性状间的遗传连锁关系,进而通过遗传标记实现肉色性状选择,是一种有良好前景的选择策略。

2000 年至今,有关猪肉色相关 QTL 定位的研究较多^[1-21],涉及明度系数(L 值, MCOLORL)、红度值(a 值, MCOLORa)和黄色度(b 值, MCOL-ORb)等指标。整体来看,这些 QTL 定位比较分散,分布在除猪 10 号染色体(*Sus scrofa* chromosome 10, SSC10)和 Y 染色体之外的多数染色体上,并且置信区间跨度普遍较大,定位精度较低,难以有效地应用于育种实践,因此有必要对其进行整合分析和优化定位,以提高定位的精确度和适用性。Meta 分析(Meta-analysis)是一种可将多个独立研究结果进行合并和分析检验,进而估计研究效应平均水平的统计方法,现已广泛应用于多个研究领域。Goffinet 等^[22]提出,可采用 Meta 分析方法对 QTL 数据进行整合分析,利用数学模型优化 QTL,减少单靠图谱之间位点比对带来的偏差,得到更为客观和准确的结果。2009 年,张祥宇^[23]对绵羊胴体成分性状 QTL 进行了 Meta 分析;2010 年, Silva 等^[24]首次对猪 4 号染色体上的性状进行了 Meta 分析,但至今尚未见对猪肉色相关 QTL 进行 Meta 分析与整合定位的报道。为此,本研究利用 176 个猪肉色相关 QTL 构建整合图谱,继而进行 Meta 分析,将原本分散的 QTL 定量合并为“真实 QTL”(MQTL),并将已知候选基因映射到整合图谱,建立基因与 MQTL 间的关联,旨在为肉色性状的分子标记辅助选择奠定基础。

1 材料与方法

1.1 猪肉色相关 QTL 信息的收集与处理

在 ScienceDirect、Wiley、EBSCOhost、Springer-Link 和中国知网等数据库中检索猪 QTL 定位研究文献,统计各 QTL 的相关信息,包括作图群体、群体大小及 QTL 的位置、置信区间、作图方法、侧翼标记及其坐标等。在特定环境下,利用特定群体对目标性状进行的 QTL 分析视为一次试验(取多点数据平均值所做的 QTL 分析也视为一次试验)。如果 QTL 置信区间未知,在作图群体大小和遗传贡献率已知的前提下,根据 Darvasi 等^[25]提出的公式计算其 95% 置信区间(CI),即:

$$CI = 530 / (N \times R^2)。$$

式中: N 是作图群体大小, R^2 是该 QTL 的遗传贡献率。该公式适用于回交和 F_2 作图群体。

1.2 猪肉色相关 QTL 的比对、映射和信息整合

1.2.1 猪肉色相关 QTL 的比对 以美国肉畜研究中心(USDA-MARC 2.0)公布的猪遗传连锁图谱^[26]为参考图谱,将各原始 QTL 在原始图谱与参考图谱中的标记逐一进行比对。如果末端标记为共有标记,则直接记录该标记在参考图谱中的坐标(与左标记和右标记对应的分别为左坐标和右坐标);如果一侧标记为非共有标记,则以该 QTL 在原始图谱中最邻近的共有标记为替代标记,并记录其在参考图谱上的坐标;如果所有标记都无法映射到参考图谱,则删除该 QTL。

1.2.2 猪肉色相关 QTL 的映射和信息整合 参考文献^[27],利用 BioMercator2.1 软件,将各 QTL 映射到参考图谱。通过齐序函数(Homothetic function)计算共有标记间距,将原始 QTL 的最大可能位置和两端坐标按比例标注到参考图谱,从而将来源不同的原始 QTL 整合到新的图谱中。

1.3 猪肉色相关 QTL 的 Meta 分析

使用 BioMercator2.1 对整合图谱中的 QTL 簇进行 Meta 分析,通过数学模型优化原始 QTL。在进行 Meta 分析时,根据位于相同染色体的原始 QTL 信息计算得到 5 个模型,即 1-QTL、2-QTL、3-

QTL、4-QTL 和 N-QTL($N\geqslant 5$),每个模型都有相应的 AIC 值(Akaike information criterion),AIC 值最小的模型所预测的是最优 QTL,即 MQTL。如果某条染色体的 MQTL 超过 4 个,即 $N\geqslant 5$,则先将原始 QTL 人为分成 2 组,再重复进行 Meta 分析,直至不用分组就可进行整合分析。最终得到的每个模型都按照最大似然函数比,通过高斯定理给出其在染色体上的最大可能位置^[22]。MQTL 的方差和 95%置信区间计算公式分别为:

$$\text{var}(\text{QTL})=1/\sum(1/\sigma_i^2),$$
$$CI=3.92\times\sqrt{\text{var}(\text{QTL})}。$$

式中: σ_i^2 为特定染色体上每个 QTL 的位置方差。

1.4 猪肉色相关 QTL 与基因的关联分析

将已报道的猪肉色性状候选基因映射到整合图谱中,通过比较候选基因与各 MQTL 在染色体上的位置,分析二者的关联性。

2 结果与分析

2.1 猪肉色相关 QTL 信息的收集处理与整合图谱的构建

从 2000 年至今的 20 篇文献中收集了 176 个猪肉色相关 QTL,原始 QTL 定位结果较为分散,分布在除 SSC10 和 Y 染色体之外的所有染色体上,但相对来看,在 SSC2、SSC4~SSC8、SSC13~SSC15 等上的分布较为密集。按性状来分,MCOLORL QTL 共计 87 个,主要分布在 SSC2、SSC4、SSC5、SSC7 等染色体上;MCOLORa QTL 共计 58 个,主要分布在 SSC4、SSC6、SSC8、SSC13 等染色体上;MCOLORb QTL 共计 31 个,主要分布在 SSC2、SSC5、SSC8、SSC11、SSC14 等染色体上。在这 176 个 QTL 中,有 29 个 QTL 由于信息缺失,标记不相符等原因而被舍弃。对其余的 147 个 QTL(表 1)进行分析,构建整合图谱。

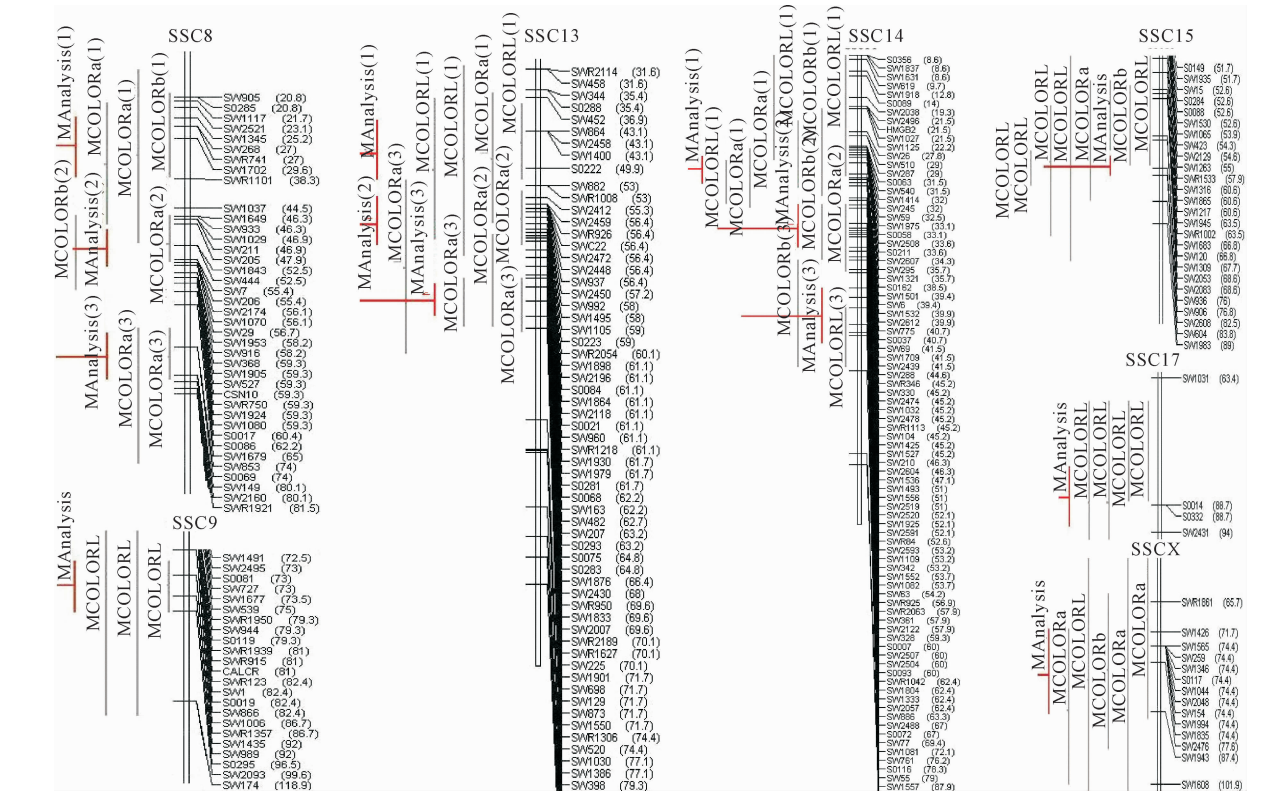
表 1 2000 年至今报道的猪肉色相关 QTL
Table 1 Meat color QTL reported since 2000

QTL 个数 Number of QTL	亲本 Parents	群体大小 Population size	群体类型 Population type	QTL 作图方法 Mapping	参考文献 Reference
15	波克夏×约克夏 Berkshire×Yorkshire	525	F ₂	IM	[1]
7	梅山×商品荷兰猪 Meishan×Commercial Dutch	785	F ₂	IM	[2]
5	伊比利亚×长白 Iberian×Landrace	577	F ₂	IM	[3]
6	波克夏×约克夏 Berkshire×Yorkshire	512	F ₂	IM	[4]
5	日本野生×大白 Japanese wild boar×Large White	353	F ₂	IM	[5]
2	伊比利亚×长白 Iberian×Landrace	321,87,85	F ₂ ,F ₃ ,BC	NA	[6]
8	波克夏×约克夏 Berkshire×Yorkshire	512,513	F ₂	IM	[7]
1	长白家系 Landrace animals	470	F ₁	NA	[8]
3	(皮特兰/大白)×商品猪 (Pietrain/Large White)×Commercial	715	F ₂	IM	[9]
19	(长白×大白)×(皮特兰×大白) (Landrace×Large White)×(Large White×Pietrain)	1 187	F ₂	NA	[10]
9	皮特兰×大白 Pietrain×Large White	1 855	F ₂	IM	[11]
1	(梅山×欧洲本土猪)×欧洲本土猪,((梅山×欧洲本土猪)×欧洲本土猪)×欧洲本土猪 (Meishan×European)×European,((Meishan×European)×European)×European	28,91	BC	IM	[12]
4	杜洛克家系,皮特兰家系,皮特兰×(长白×大白),杜洛克×(长白×大白),杜洛克×皮特兰 Duroc, Pietrain, Pietrain × (Landrace × Large White), Duroc × (Landrace×Large White)), Duroc×Pietrain	125,259,481,626,335	F ₂	IM	[13]
6	杜洛克×皮特兰 Duroc×Pietrain	510	F ₂	IM	[14]
5	杜洛克×长白 Duroc×Landrace	370	F ₂	NA	[15]
27	白色杜洛克×中国二花脸 White Duroc×Chinese Erhualian	762	F ₂	IM	[16]
1	(杜洛克/长白)×杂交品种 (Duroc/Landrace)×Crossbred	306	BC,F ₂	NA	[17]
19	杜洛克×(丹麦长白×丹麦大白) Duroc×(Danish Landrace×Danish Large White)	3 826	F ₂	NA	[18]
1	欧洲野生×皮特兰 European Wild Boar×Pietrain	315	F ₂	NA	[19]
2	梅山×皮特兰,欧洲野生×皮特兰 Meishan×Pietrain,European Wild Boar×Pietrain	316,315	F ₂	NA	[20]
1	欧洲野生×梅山 European Wild Boar×Meishan	335	F ₂	NA	[21]

注:IM. 采用区间作图法;NA. 文献采用的不是区间作图或没有说明采用何种作图方法;BC. 回交群体。
Note:IM. Interval mapping;NA. It is not interval mapping or there is no relative information of mapping in the paper;BC. Back cross.
通过比对和映射,将原始 QTL 映射到参考图谱,构建了 1 张新的整合图谱(图 1)。由图 1 可知,

在 SSC1、SSC9、SSC11、SSC15、SSC17 和 SSCX 上分别发现 1 个 QTL 簇。





续图 1 猪肉色相关 QTL 的整合图谱

Continued Fig. 1 Integrated map of meat color QTL

2.2 猪肉色相关 QTL 的 Meta 分析

对整合图谱中发现的 QTL 簇进行 Meta 分析,本研究共定位了 37 个 MQTL(表 2),主要分布在 SSC2、SSC4~SSC8、SSC13、SSC14 等染色体上。这些 MQTL 的图距与原始 QTL 图距相比,均有不同程度地缩短,缩短比例为 25.19%~90.33%。其中,MQTL2、MQTL3、MQTL8~MQTL11、MQTL13~

MQTL16、MQTL18~MQTL20、MQTL24、MQTL25、MQTL29、MQTL31、MQTL32、MQTL35~MQTL37 共 21 个 MQTL 的缩短比例均超过 50%,MQTL9、MQTL19、MQTL11、MQTL28、MQTL35、MQTL8、MQTL2、MQTL3 等 8 个 MQTL 的置信区间在 5 cM 以内。

表 2 猪肉色相关 QTL 的 Meta 分析结果

Table 2 Meta-analysis of meat color QTL

MQTL	染色体 Chromosome	位置/cM Position	95%置信 区间/cM CI	图距/cM Map distance	原平均图距/cM		标记 Marker	QTL 个数 Number of QTL
					Average initial distance			
MQTL1	SSC1	63.79	60.50~67.08	6.58	9.55		S0122-SWR702	2
MQTL2	SSC2	1.24	0~4.73	4.73	22.82		SWR2516-SW2623	2
MQTL3	SSC2	72.21	69.77~74.65	4.88	13.95		SW2586-SW2134	2
MQTL4	SSC2	104.96	100.19~109.73	9.54	13.70		SWR2157-SWR345	2
MQTL5	SSC2	116.70	110.24~123.16	12.92	18.43		SW1844-SWR308	4
MQTL6	SSC3	55.47	51.44~59.51	8.07	14.35		SW2618-SW836	3
MQTL7	SSC3	73.30	69.98~76.63	6.65	9.45		SW57-S0352	2
MQTL8	SSC4	71.35	68.97~73.37	4.40	22.46		S0023-SW589	4
MQTL9	SSC4	79.70	79.12~80.28	1.16	3.05		SW286-SW512	2
MQTL10	SSC4	92.28	86.90~97.66	10.76	23.27		SW512-SW524	3
MQTL11	SSC4	117.88	116.66~119.11	2.45	18.05		SW58-S0097	2
MQTL12	SSC5	37.69	28.47~49.61	21.14	28.26		SWR453-SW2003	8
MQTL13	SSC5	72.47	69.72~75.21	5.49	26.11		SW1468-SW152	3
MQTL14	SSC5	84.86	81.75~87.98	6.23	40.29		SW1114-SW1383	6

续表 2 Continued table 2

MQTL	染色体 Chromosome	位置/cM Position	95%置信 区间/cM CI	图距/cM Map distance	原平均图距/cM Average initial distance	标记 Marker	QTL 个数 Number of QTL
MQTL15	SSC5	109.22	104.78~113.67	8.89	24.84	SW378-SW967	5
MQTL16	SSC6	26.82	15.48~38.16	22.68	85.94	SW2535-SW1841	5
MQTL17	SSC6	69.48	65.93~73.02	7.09	10.04	SWR1130-S0294	2
MQTL18	SSC6	78.28	74.74~81.82	7.08	38.44	S0294-SW4	4
MQTL19	SSC7	63.74	62.53~64.96	2.43	25.13	SW1856-S0102	10
MQTL20	SSC7	80.82	75.60~86.03	10.43	25.36	SW859-SW352	3
MQTL21	SSC7	107.44	102.29~112.59	10.30	19.00	S0115-SWR773	3
MQTL22	SSC8	31.82	25.09~38.55	13.46	26.62	SW2521-SW1037	3
MQTL23	SSC8	53.38	49.25~57.50	8.25	12.55	SW205-SW1953	2
MQTL24	SSC8	76.63	71.73~81.53	9.80	19.71	SW1679-SWR1921	2
MQTL25	SSC9	94.84	89.32~100.35	11.03	47.65	SWR1357-SW174	3
MQTL26	SSC11	75.92	72.77~79.06	6.29	12.00	SW1377-SW1465	2
MQTL27	SSC12	75.20	71.56~78.83	7.27	13.57	SW37-S0090	3
MQTL28	SSC12	94.00	91.91~96.09	4.18	5.90	S0147-SW60	2
MQTL29	SSC13	47.05	41.88~52.21	10.33	24.78	SW452-SW882	4
MQTL30	SSC13	60.17	55.85~64.50	8.65	13.57	SW2412-S0075	2
MQTL31	SSC13	74.69	71.42~77.95	6.53	16.84	SW225-SW398	3
MQTL32	SSC14	37.80	34.37~41.24	6.87	22.41	SW2607-SW69	6
MQTL33	SSC14	52.26	46.93~57.60	10.67	15.35	SW2604-SWR2063	2
MQTL34	SSC14	74.54	67.67~81.42	13.75	21.85	SW2488-SW1557	2
MQTL35	SSC15	82.65	80.50~84.79	4.29	20.84	SW906-SW1983	8
MQTL36	SSC17	87.57	81.62~93.53	11.91	28.12	SW1031-SW2431	4
MQTL37	SSCX	80.11	71.42~88.80	17.38	44.74	SWR1861-SW1608	5

2.3 猪肉色相关 QTL 与基因的关联分析

将候选基因映射到整合图谱,并与 MQTL 所在位置进行比较,发现丙酮酸激酶肌型(Pyruvate kinase muscle,PKM2)基因在 MQTL20 置信区间内,与其中心位置相距 2.12 cM。另外,半胱氨酸和甘氨酸富集蛋白 3(Cysteine and glycine-rich protein 3,CSRP3)基因、高迁移率族蛋白 A2(High mobility group AT-hook 2,HMGA2)基因、氟烷基因(Halothane gene)和组织蛋白酶 Z(Cathepsin Z,CTSZ)基因定位到整合图谱后,也与本研究定位的相应 MQTL 距离较近。

3 讨 论

肉色在一定范围内变化并不影响猪肉营养价值,但消费者对其最初的感官印象,会直接影响到消费者对肉品的新鲜度和食用安全性的判定,进而影响购买意愿,因此肉色性状具有重要的经济性,是猪育种目标的组成部分。

目前,肉色测定方法主要包括主观评分和客观仪器测定 2 大类。主观评分简便易行,但重复性和精确性较低,对检测人员经验要求较高,且易存在感情分值偏差。随着色差计、色度仪等仪器的推广,肉色的仪器测定应用越来越普遍。仪器测定法使用物

理学手段,通过客观的光学度量,对肉品表面反射光的波长和色彩等参数进行定量评价,使用较多的色度参数包括 L 值、a 值和 b 值等。L 值可反映肉品的亮度,在 0~100 变化,0 表示黑色,100 表示白色;a 值可度量猪肉的红色度,a 值为正值表示红色(理想色),为负值表示绿色;b 值可度量黄色到蓝色的变化,b 值为正表示黄色(理想色),为负值表示蓝色。测定肉色时,L 值和 a 值应用较多。白肌肉(PSE 肉)的 L 值高,a 值较低,黑干肉(DFD 肉)则相反,一般认为,L 值在 53 以上为 PSE 肉。本研究使用的 176 个猪肉色相关 QTL 中,L 值 QTL 最多,共 87 个,a 值 QTL 共 58 个,b 值 QTL 共 31 个。但这些 QTL 普遍存在置信区间较大、定位精度较低、不同研究结果间的差异较大等问题,如对 L 值 QTL,Malek 等^[1]将其定位于 SSC2 的 72.4 cM 和 116.2 cM 处,置信区间分别为 55~77.9 cM 和 107.9~132.1 cM;Ma 等^[16]则将其定位于 SSC2 的 20.1 cM,置信区间为 0.78~39.42 cM;Edwards 等^[14]将其定位于 SSC7 的 4.6 cM 处,置信区间 3.7~30.2 cM;而 Ovilo 等^[3]和 Wijk 等^[9]则分别将其定位于 SSC7 的 78.2 cM 和 112.9 cM 处,置信区间分别为 57~87.7 cM 和 105.8~120 cM。由此可见,不同试验得到的结论间存在较大差异,因此需要

采用一定的手段,整合分析现有的 QTL 定位信息,促进其在育种实践中的应用。

在本研究中,通过比对、映射构建整合图谱,再经 Meta 分析得到的 37 个猪肉色 MQTL 共包括 130 个不同来源的原始 QTL,平均每个 MQTL 包含 3.5 个原始 QTL。MQTL 的置信区间比原始 QTL 均有不同程度地缩小,提高了 QTL 定位的准确度。其中,比较有代表性的是定位于 SSC7、SSC4 和 SSC15 的 MQTL19、MQTL11 和 MQTL35,置信区间分别为 2.43、2.45 和 4.29 cM,比原始 QTL 的平均图距分别缩短了 90.33%、86.43%和 79.41%,且分别是由 10、8 和 8 个原始 QTL 合并而成,极大地提高了定位的精确性,具有较高的一致性和代表性,有一定继续深入研究的价值。基因关联方面,PKM2 经映射定位到 SSC7 的 78.7 cM 处,在 MQTL20 置信区间内,距其中心位置的距离为 2.12 cM。据报道,PKM2 与猪肉糖原酵解潜能(glycolytic potential, GP)、乳酸含量、pH 值和滴水损失等肉质性状相关^[28]。另外,CSRP3、HMGA2、CTS2 和氟烷基因映射到整合图谱后,位置分别为 SSC2 的 62.4 cM、SSC5 的 79.9 cM、SSC17 的 111.4 cM 和 SSC15 的 89.3 cM,与 MQTL3、MQTL13、MQTL36 和 MQTL35 位置比较接近,一定程度上证实了这些 MQTL 的准确性,可以将这些 MQTL 所在区间作为关键区域,进行基因精细定位和挖掘。

4 结 论

本研究收集到 176 个猪肉色相关 QTL 及相关信息,经过比对、映射,构建了新的整合图谱,进一步通过 Meta 分析,将原本分散的 QTL 定量合并为 37 个 MQTL。MQTL 的图距为 1.16~22.68 cM,相比原 QTL 均有不同程度地缩短,缩短比例为 25.19%~90.33%,提高了 QTL 定位的准确度和有效性。

[参考文献]

[1] Malek M, Dekkers J C M, Lee H K, et al. A molecular genome scan analysis to identify chromosomal regions influencing economic traits in the pig: II. Meat and muscle composition [J]. Mamm Genome, 2001, 12(8): 637-645.

[2] Koning D J, Harlizius B, Rattink A P, et al. Detection and characterization of quantitative trait loci for meat quality traits in pigs [J]. J Anim Sci, 2001, 79(11): 2812-2819.

[3] Ovilo C, Clop A, Noguera J L, et al. Quantitative trait locus mapping for meat quality traits in an Iberian×Landrace F₂ pig

population [J]. J Anim Sci, 2002, 80(11): 2801-2808.

[4] Thomsen H, Lee H K, Rothschild M F, et al. Characterization of quantitative trait loci for growth and meat quality in a cross between commercial breeds of swine [J]. J Anim Sci, 2004, 82(8): 2213-2228.

[5] Nii M, Hayashi T, Mikaw S, et al. Quantitative trait loci mapping for meat quality and muscle fiber traits in a Japanese wild boar×Large White intercross [J]. J Anim Sci, 2005, 83(2): 308-315.

[6] Mercade A, Estelle J, Noguera J L, et al. On growth, fatness, and form: A further look at porcine chromosome 4 in an Iberian×Landrace cross [J]. Mamm Genome, 2005, 16(5): 374-382.

[7] Kim J J, Zhao H H, Thomsen H, et al. Combined line-cross and half-sib QTL analysis of crosses between outbred lines [J]. Genet Res, 2005, 85(3): 235-248.

[8] Vidal O, Noguera J L, Amills M, et al. Identification of carcass and meat quality quantitative trait loci in a Landrace pig population selected for growth and leanness [J]. J Anim Sci, 2005, 83(2): 293-300.

[9] Wijk H J, Dibbitts B, Baron E E, et al. Identification of quantitative trait loci for carcass composition and pork quality traits in a commercial finishing cross [J]. J Anim Sci, 2006, 84(4): 789-799.

[10] Harmegnies N, Davin F, De Smet S, et al. Results of a whole-genome quantitative trait locus scan for growth, carcass composition and meat quality in a porcine four-way cross [J]. Anim Genet, 2006, 37(6): 543-553.

[11] Wijk H J, Buschbell H, Dibbitts B, et al. Variance component analysis of quantitative trait loci for pork carcass composition and meat quality on SSC4 and SSC11 [J]. J Anim Sci, 2007, 85(1): 22-30.

[12] Demeure O, Sanchez M P, Riquet J, et al. Exclusion of the swine leukocyte antigens as candidate region and reduction of the position interval for the Sus scrofa chromosome 7 QTL affecting growth and fatness [J]. J Anim Sci, 2005, 83(9): 1979-1987.

[13] Wimmers K, Murani E, Te Pas M F W, et al. Associations of functional candidate genes derived from gene-expression profiles of prenatal porcine muscle tissue with meat quality and muscle deposition [J]. Anim Genet, 2007, 38(5): 474-484.

[14] Edwards D B, Ernst C W, Raney N E, et al. Quantitative trait locus mapping in an F₂ Duroc×Pietrain resource population: II. Carcass and meat quality traits [J]. J Anim Sci, 2008, 86: 254-266.

[15] Rohrer G A, Thallman R M, Shackelford S, et al. A genome scan for loci affecting pork quality in a Furoc-Landrace F₂ population [J]. Anim Genet, 2005, 37(1): 17-27.

[16] Ma J, Ren J, Guo Y, et al. Genome-wide identification of quantitative trait loci for carcass composition and meat quality in a large-scale White Duroc×Chinese Erhualian resource population [J]. Anim Genet, 2009, 40(5): 637-647.

[17] Slawinska A, Siwek M, Knol E F, et al. Validation of the QTL on SSC4 for meat and carcass quality traits in a commercial crossbred pig population [J]. J Anim Breed Genet, 2009, 126 (1): 43-51.

[18] Li H D, Lund M S, Christensen O F, et al. Quantitative trait loci analysis of swine meat quality traits [J]. J Anim Sci, 2010, 88(9): 2904-2912.

[19] Geldermann H E, Muller G, Moser G, et al. Genome-wide linkage and QTL mapping in porcine F₂ families [J]. J Anim Breed Genet, 2003, 120(6): 363-393.

[20] Yue G, Stratil A, Kopečný M, et al. Linkage and QTL map-ping for Sus scrofa chromosome 6 [J]. J Anim Breed Genet, 2003, 120(S1): 45-55.

[21] Beeckmann P, Moser G, Bartenschlager H, et al. Linkage and QTL mapping for Sus scrofa chromosome 8 [J]. J Anim Breed Genet, 2003, 120(1): 66-73.

[22] Goffinet B, Gerber S. Quantitative trait loci: A meta-analysis [J]. Genetics, 2000, 155(1): 463-473.

[23] 张祥宇. 绵羊胴体成分性状 QTL 的元分析及相关基因克隆、失控表达谱分析 [D]. 四川雅安: 四川农业大学, 2009: 6.

Zhang X Y. Genetic architecture of carcass composition in sheep as inferred from quantitative trait loci Meta-analysis and cloning, spatiotemporal expression profiles analysis of genes related to the trait [D]. Ya'an, Sichuan: Sichuan Agricultural University, 2009: 6. (in Chinese)

[24] Silva K M, Bastiaansen J W M, Knol E F, et al. Meta-analysis of results from quantitative trait loci mapping studies on pig chromosome 4 [J]. Anim Genet, 2010, 42(3): 280-292.

[25] Darvasi A, Soller M. A simple method to calculate resolving power and confidence interval of QTL map location [J]. Behav Genet, 1997, 27(2): 125-132.

[26] Rohrer G A, Alexander L J, Hu Z, et al. A comprehensive map of the porcine genome [J]. Genome Res, 1996, 6: 371-391.

[27] Arcade A, Labourdette A, Falque M, et al. BioMercator: In-tegrating genetic maps and QTL towards discovery of candi-date genes [J]. Bioinformatics, 2004, 20(14): 2324-2326.

[28] Sieczkowska H, Kocwin-Podsiadła M, Zybert A, et al. The as-sociation between polymorphism of PKM2 gene and glycolytic potential and pork meat quality [J]. Meat Sci, 2010, 84(1): 180-185.

(上接第 38 页)

[7] National Research Council. Nutrient requirements of rabbits [M]. Washington: National Academy of Sciences, 1977.

[8] Parker D. The measurement of production rates of volatile fatty acids in the caecum of the conscious rabbit [J]. British Journal of Nutrition, 1976, 36(1): 61-70.

[9] Marty J, Vernay M. Absorption and metabolism of the volatile fatty acids in the hind-gut of the rabbit [J]. British Journal of Nutrition, 1984, 51(2): 265-277.

[10] 周世霞, 梅春生, 何瑞国. 日粮不同粗纤维水平对朗德鹅血清生化指标和体脂沉积相关性的影响 [J]. 饲料工业, 2006, 27 (7): 25-27.

Zhou S X, Mei C S, He R G. Effect of different crude fiber lev-el diet on the correlation of serum abiochemical parameters and carcass fatness for landes geese [J]. Feed Industry, 2006, 27(7): 25-27. (in Chinese)

[11] Jin L, Reynolds L P, Redmer D A, et al. Effects of dietary fi-ber on intestinal growth, cell proliferation, and morphology in growing pigs [J]. Animal Science, 1994, 72(9): 2270-2278.

[12] 晁洪雨, 李福昌. 日粮 ADF 水平对肉兔氮代谢、小肠组织学结 构和二糖酶活性的影响 [J]. 中国兽医学, 2008, 28(5): 604-607.

Chao H Y, Li F C. Effects of dietary ADF levels on nitrogen metabolism, small intestinal histology structure and disaccri-dase activity of meat rabbits [J]. Chinese Journal of Veterina-ry Science, 2008, 28(5): 604-607. (in Chinese)

[13] Schulze H, Van Leeuwen P, Verstegen M, et al. Effect of level of dietary neutral detergent fiber on ileal apparent digestibility and ileal nitrogen losses in pigs [J]. Journal of Animal Sci-ence, 1994, 72(9): 2362-2368.

[14] 晁洪雨. 日粮 ADF 水平对 2~3 月龄肉兔生产性能、消化酶活 性和盲肠发酵的影响 [J]. 山东农业大学学报: 自然科学版, 2008, 3(3): 355-360.

Chao H Y. Effects of different ADF levels on small intestine digestive enzyme activity, caecal fermentation and growth per-formance of 2—3 month meat rabbits abstract [J]. Journal of Shandong Agricultural University: Natural Science, 2008, 3 (3): 355-360. (in Chinese)

[15] 谷子林, 李江, 张玉华. 日粮粗纤维水平对断乳力克斯兔腹 泻率、消化道 pH 和盲肠菌群的影响 [J]. 中国农学通报, 2008, 24(2): 21-25.

Gu Z L, Li J, Zhang Y H. Effect of crude fiber level on diar-rhea, intestinal pH and caecal microbe of rex rabbit [J]. Chi-nese Agricultural Science Bulletin, 2008, 24(2): 21-25. (in Chinese)

[16] Garcia J, Gidenne T, Falcao-e-Cunha L, et al. Identification of the main factors that influence caecal fermentation traits in growing rabbits [J]. Animal Research, 2002, 51(2): 165-173.