

猪印记基因 *MKRN3* 的 SNPs 筛选及 胴体性状关联分析

汪龙梅¹ 郭玲¹ 刘玉兰¹ 付书林¹ 陈洪波¹ 张晶¹ 邓昌彦²

1. 武汉轻工大学动物营养与饲料科学湖北省重点实验室, 武汉 430023;
2. 华中农业大学农业动物遗传育种与繁殖教育部重点实验室, 武汉 430070

摘要 以梅山猪、大白猪和长白猪为研究对象, 筛选出 *MKRN3* 基因的单核苷酸多态位点(SNPs)并进行 PCR-RFLP 验证, 利用 PCR-*Bst*UI-RFLP 对大白×梅山 F₂ 代资源家系(285 头)DNA 样品酶切分型, 将分型结果与猪胴体性状进行关联分析。结果表明: 猪 *MKRN3* 基因编码区有 7 个 SNPs, 分别为 293C>G、361G>A、497G>A、630G>A、678T>C、1376C>T、和 1407T>A; 其中 678T>C 位点等位基因频率在中外不同猪种中存在差异; 猪 *MKRN3* 基因 678T>C 位点与内脂率及臀部膘厚显著相关($P < 0.05$); 678T>C 位点对内脂率具有显性效应($P < 0.05$), 表现为该位点杂合子比纯合子具有更高的内脂率; 而该位点对臀部膘厚具有加性效应($P < 0.05$), 表现为等位基因 678C 的累加具有降低臀部膘厚的效应。因此, 猪 *MKRN3* 基因的 678T>C 位点可为猪的分子育种实践提供一定指导作用。

关键词 猪; *MKRN3*; SNPs; 内脂率; 臀部膘厚; 印记基因

中图分类号 S 828 **文献标识码** A **文章编号** 1000-2421(2017)06-0077-06

随着生活水平的提高, 人们更加注重猪肉的品质和口感, 因此, 市场对瘦肉的需求量也越来越大。为了满足市场需求和人们消费习惯, 提高猪的胴体瘦肉率是目前猪养殖企业亟需解决的重大问题。猪胴体性状 (porcine carcass trait) 主要包括屠宰率、背膘厚、眼肌面积、胴体瘦肉率等几个方面, 这些性状均属于高遗传力性状。猪养殖企业现在所需要解决的问题是如何能一方面提高猪胴体瘦肉率, 另一方面又能保持良好的肉质。猪全基因组的研究一直受到科研人员的广泛关注, 其中包括基因组印记基因 (genomic imprinting gene)^[1]。基因组印记 (genomic imprinting) 指父母本等位基因的表达与否取决于它们是在父源染色体上还是在母源染色体上, 其通过后加工修饰使一个亲本等位基因沉默, 激活修饰使另一个亲本等位基因得以表达^[2]。目前研究表明, 大多数印记基因可能是控制家畜生长发育的主效基因, 同时, 印记基因会极大地影响家畜胚胎早期发育及胚胎出生后的生长速度、产肉量、饲料效率等数量性状^[3]。有研究表明, 父系印记对猪背膘厚度的影响占表型方差的 5%~7%、对生长速度的影

响占表型方差的 1%~4%, 而母系印记对猪背膘厚度和生长速度的影响分别占表型方差的 2%~3% 和 3%~4%^[4]。本试验所研究的候选基因 *MKRN3* 为母本印记、父本表达的印记基因, 属于 M 蛋白家族, 因其广泛的物种间保守性及在发育神经系统中的高表达, 在细胞中扮演着极其重要的作用^[5]。研究表明, *MKRN3* 候选基因可能与信号转导、细胞周期调控、分化和形态发生等重要生物过程的信息调控相关^[6]; *MKRN3* 基因位于 Prader-Willi 综合症关键位置 (染色体 15q11-113), 与发育时序性密切相关, 是引起人 Prader-Willi 综合症 (表现为生长发育迟缓、小儿肥胖、智力低下等症状) 的关键基因^[7]。因此, 我们推测 *MKRN3* 基因可能同样影响猪的生长发育进而影响猪胴体性状和肉质性状。目前关于 *MKRN3* 基因在猪上的研究甚少, 本研究通过 PCR-RFLP 和关联分析揭示 *MKRN3* 基因的单核苷酸多态性 (SNP) 在中外不同猪种中的遗传多态性, 初步分析 *MKRN3* 基因编码区 SNP 与猪胴体性状的关联性, 以期对养猪生产中提高猪的瘦肉率和肉质提供一种新的思路和策略。

收稿日期: 2017-03-30

基金项目: 国家自然科学基金项目 (31601922); 湖北省自然科学基金项目 (2014CFB345)

汪龙梅, 硕士研究生。研究方向: 猪遗传育种与繁殖。E-mail: 819902568@qq.com

通信作者: 郭玲, 博士, 讲师。研究方向: 猪遗传育种与繁殖。E-mail: guoling1101@163.com

1 材料与amp;方法

1.1 试验动物

3 头梅山猪和 3 头大白猪用于初步筛选目标基因 SNP;35 头大白猪、39 头长白猪和 37 头梅山猪用于 SNP 位点在不同猪种中的遗传多样性分析;一个大白×梅山 F₂ 代资源家系(285 头)用于候选 SNP 位点与猪胴体性状关联分析。基因组 DNA 均利用苯酚-氯仿抽提法从猪外周血白细胞分离获得。

1.2 主要试剂

PCR 2×Taq Mix(北京全式金生物);限制性内切酶 *Bst* UI (Thermo Fisher Scientific); pMD-18 T 载体 (TaKaRa); 2000 bp DNA Ladder (TaKaRa); 大肠杆菌感受态细胞 Trans5α(北京全式金生物);DNA 凝胶回收试剂盒(北京庄盟生物)。

1.3 MKRN3 基因克隆测序

以数据库 ENSEMBL 中公布的序列(序列号:

ENSSSCT00000005338)为模板,利用 Primer premier 5.0 设计 2 对重叠引物(见表 1)扩增猪 *MKRN3* 基因。由于猪 *MKRN3* 基因为单外显子基因,2 对重叠引物分别扩增单外显子的上、下游片段,并覆盖完整编码区。以猪 DNA 为模板进行 PCR 扩增,PCR 反应体系为:PCR 2×Taq Mix 10 μL,5 mmol/L 正向、反向引物各 2 μL,ddH₂O 补足至 20 μL。引物 M-1 F/R 的扩增条件为:首先 94 °C 预变性 4 min,然后进行 34 个循环(94 °C 高温变性 30 s、60.2 °C 低温退火 30 s、72 °C 中温延伸 40 s),最后 72 °C 延伸 10 min,并于 4 °C 保存;引物 M-2 F/R 反应条件为:首先 94 °C 预变性 4 min,然后进行 34 个循环(94 °C 高温变性 30 s、61 °C 低温退火 30 s、72 °C 中温延伸 40 s),最后 72 °C 延伸 10 min,并于 4 °C 保存。PCR 扩增产物经 2% 琼脂糖凝胶电泳、DNA 凝胶回收、TA 克隆后,挑选阳性克隆子送武汉擎科生物测序。

表 1 猪 *MKRN3* 基因 PCR 引物信息

Table 1 Primers used for porcine *MKRN3* gene

引物名称 Primer name	引物序列(5'-3') Primer sequence(5'-3')	产物大小/bp Product size	温度/°C Temperature
M-1 F	CAAGGAGACACCGGGTAGTT	806	60.2
M-1 R	GCCCACACAAATCGCACATA		
M-2 F	TATGTGCGATTTGTGTGGGCT	787	61.0
M-2 R	CAGGCAAGAGCAGATGACAGAG		
MS5EC1 F	ATGCCATTGAGTTTGTTC	361	58.9
MS5EC1 R	GCTTTCTCATAGACCACCTCC		

1.4 SNPs 筛选

分别以 3 头大白猪、3 头梅山猪 DNA 为模板,利用引物 M-1 F/R、M-2 F/R 扩增猪 *MKRN3* 基因编码区,并克隆测序。获得测序结果后,利用 DNASTar 7.0 软件的 SeqMan 模块比对大白猪和梅山猪 *MKRN3* 基因序列差异,筛选该基因编码区的潜在 SNPs 位点。

1.5 PCR-RFLP

针对候选 SNP 位点设计引物 MS5EC1 F/R(表 1),用于限制性片段长度多态性分析(RFLP)。分别以大白猪、梅山猪 DNA 为模板 PCR 扩增酶切片段,然后进行 RFLP 检测。PCR 反应体系为:PCR 2×Taq Mix 10 μL,5 mmol/L 正向、反向引物各 2 μL,ddH₂O 补足至 20 μL。引物 MS5EC1 F/R 扩增条件为:94 °C 预变性 4 min 后,进行 34 个循环(94 °C 高温变性 30 s、58.9 °C 低温退火 30 s、72 °C 中温延伸 30 s),最后 72 °C 延伸 10 min,并于

4 °C 保存。PCR 产物酶切反应条件为:PCR 产物 4 μL,10×缓冲液 1 μL,限制性内切酶(*Bst* UI)0.1 μL(10 U/μL),ddH₂O 补足至 10 μL,混匀后置于 37 °C 培养箱过夜酶切,接着酶切产物用 2% 的琼脂糖进行凝胶电泳分析,并用 Syngene 凝胶成像系统观察,根据酶切带型判断 SNP 的基因型。

1.6 胴体性状关联分析

利用 PCR-*Bst* UI-RFLP 对大白×梅山 F₂ 代资源家系(285 头)DNA 样品酶切分型,将分型结果与猪胴体性状进行关联分析。关联分析采用方差分析的最小二乘分析法,采用 SAS(V8.0,SAS Institute, Inc.)一般线性模型(general linear model, GLM)分析判断,具体模型如下: $T_{ijk} = \mu + S_i + Y_j + G_k + b_{ijk} X_{ijk} + e_{ijk}$,其中 T_{ijk} 表示性状观察值, μ 代表最小平方平均值, S_i 代表性别效应, Y_j 表示批次效应, G_k 代表基因型效应(其中 $k = TT, TC$ 或 CC), b_{ijk} 是胴体质量的回归系数, X_{ijk} 是胴体质量, e_{ijk} 表示随机误

差。采用 SAS 软件的 REG 程序分析加性效应和显性效应, 基因型 TT、TC、CC 的加性效应分别定义为 -1、0、1, 基因型 TT、TC、CC 的显性效应分别定义为 1、-1、1。

2 结果与分析

2.1 猪 *MKRN3* 基因编码区的克隆及测序

以引物对 M-1 F/R 和 M-2 F/R 进行 PCR 扩增 (图 1), 经扩增片段回收、TA 克隆、测序、序列拼接, 获得猪 *MKRN3* 基因的 DNA 序列 1 573 bp, 包含完整 CDS 序列 1 497 bp, 编码 498 个氨基酸 (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/gorf/gorf.html>)。将梅山猪 cDNA 扩增序列与 DNA 扩增序列进行比对, 发现猪 *MKRN3* 基因和人、鼠一样, 均为单外显子基因。对蛋白序列进行 BLAST (<http://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>) 比对发现猪 *MKRN3* 蛋白序列与人 (91%, NP_005655.1)、鼠 (93%, NP_035876.2)、牛 (86%, XP_005221747.2) 高度同源。

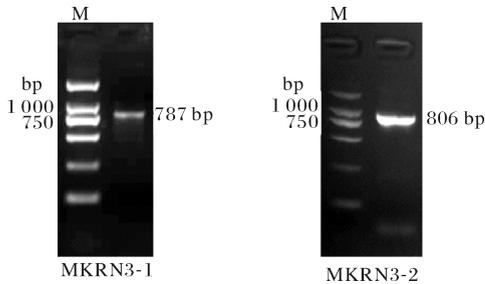


图 1 *MKRN3* 基因片段扩增结果

Fig.1 Results of fragments amplification for *MKRN3* gene

2.2 猪 *MKRN3* 基因编码区 SNPs 筛选及酶切验证

通过比对 3 头大白猪、3 头梅山猪 *MKRN3* 基因编码区序列, 共找到 7 个单核苷酸多态位点 (SNPs), SNPs 测序比对图谱见图 2。其中 5 个 SNPs (293C>G、361G>A、497G>A、678T>C、1376C>T) 为错义突变, 2 个 SNPs (630G>A、1407T>A) 为同义突变, 且突变位点 678T>C 可以被限制性内切酶 *Bst*UI 识别, 利用 PCR-*Bst*UI-RFLP 对该位点不同基因型进行酶切验证 (图 3)。结果显示, 位点 678T>C 基因型 TT 酶切后电泳呈 1 条带 (361 bp), 基因型 CC 酶切后电泳呈 2 条带 (230 bp 和 131 bp), 基因型 TC 酶切后电泳呈 3 条带 (361 bp、230 bp 和 131 bp)。此结果表明, 利用 PCR-*Bst*UI-RFLP 可以对 678T>C 位点进行后续的基因频率分析及胴体性状关联分析。

2.3 猪 *MKRN3* 基因 678T>C 位点等位基因频率分布

为了比较猪 *MKRN3* 基因 678T>C 位点在中外不同猪种中是否存在差异, 利用 PCR-*Bst*UI-RFLP 对 35 头大白猪、39 头长白猪、37 头梅山猪进行了基因型检测, 分型结果见表 2。结果显示, 中国猪种梅山猪中主要是 TT 型, 以 T 等位基因为主 (基因频率为 0.92); 而在外国猪种中主要是 CC 型或 TC 型, 以 C 等位基因为主, 其中 C 等位基因在大白猪中的基因频率为 0.70, 在长白猪中的等位基因频率为 1.00, 说明位点 678T>C 在中外猪种中确实存在差异。

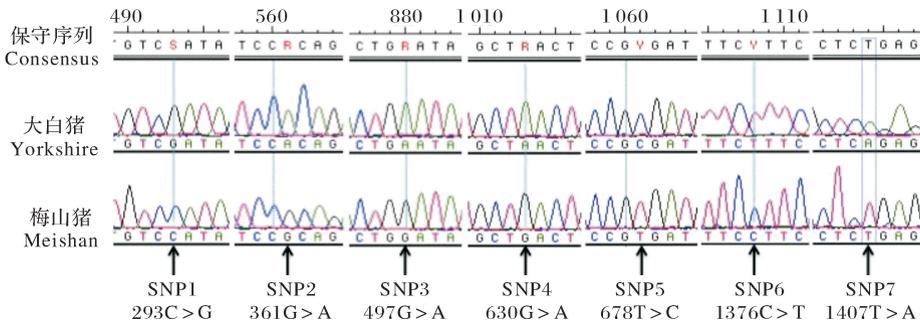


图 2 SNPs 测序比对图谱

Fig.2 Alignment of SNPs sequences

2.4 猪 *MKRN3* 基因 678T>C 位点与猪胴体性状关联分析

285 头大白 × 梅山 F₂ 代资源家系用于猪

MKRN3 基因 678T>C 位点与猪胴体性状关联分析 (表 3)。经过 PCR-*Bst*UI-RFLP 对 285 个 DNA 样品基因分型及 SAS 软件关联分析, 结果显示猪

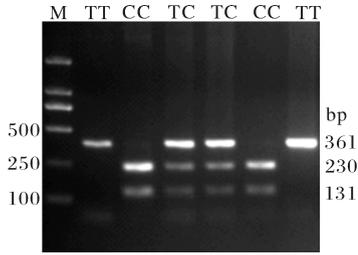


图3 PCR-BstUI-RFLP 酶切验证

Fig.3 Digestion verification by PCR-BstUI-RFLP

表2 猪 *MKRN3* 基因编码区 678T>C 位点遗传多样性分析结果Table 2 Allele frequencies of the polymorphic site 678T>C in the coding region of *MKRN3*

品种 Breed	数量 Number (n=111)	基因型 Genotype			等位基因频率 Allele frequency	
		TT	TC	CC	T	C
大白 Yorkshire	35	0	21	14	0.30	0.70
长白 Landrace	39	0	0	39	0.00	1.00
梅山 Meishan	37	32	4	1	0.92	0.08

表3 猪 *MKRN3* 基因编码区 678T>C 位点与猪胴体性状关联分析结果Table 3 Association analysis between porcine *MKRN3* 678T>C genotypes and carcass traits

性状 Trait	基因型 ($\mu \pm SE$) (n=285) Genotype			基因效应 ($\mu \pm SE$) Effect	
	TT (n=64)	TC (n=151)	CC (n=70)	加性效应 Additive	显性效应 Dominant
皮率 SP	0.094 \pm 0.002	0.093 \pm 0.001	0.093 \pm 0.002	-0.001 \pm 0.002	0.000 \pm 0.001
骨率 BP	0.122 \pm 0.003	0.124 \pm 0.002	0.129 \pm 0.003	0.003 \pm 0.002	0.001 \pm 0.001
肥肉率 FMP	0.244 \pm 0.006	0.238 \pm 0.004	0.235 \pm 0.006	-0.005 \pm 0.004	-0.001 \pm 0.003
瘦肉率 LMP	0.539 \pm 0.004	0.545 \pm 0.003	0.544 \pm 0.004	0.003 \pm 0.004	0.000 \pm 0.003
瘦肥肉比率 RLF	2.395 \pm 0.085	2.430 \pm 0.057	2.425 \pm 0.083	0.019 \pm 0.065	0.020 \pm 0.045
屠宰率 DP	0.739 \pm 0.005a	0.725 \pm 0.004b	0.736 \pm 0.005	-0.001 \pm 0.004	0.005 \pm 0.003
内脂率 IFR	0.031 \pm 0.001	0.032 \pm 0.001a	0.029 \pm 0.001b	-0.001 \pm 0.001	-0.001 \pm 0.000*
至第一颈椎 CL1	91.399 \pm 0.514	91.533 \pm 0.343	91.996 \pm 0.500	0.287 \pm 0.429	-0.129 \pm 0.297
至第一肋胸 CL2	78.075 \pm 0.467	78.153 \pm 0.311	78.474 \pm 0.453	0.187 \pm 0.389	-0.154 \pm 0.269
肩部最厚处 SFT	3.592 \pm 0.090	3.684 \pm 0.060	3.587 \pm 0.087	-0.008 \pm 0.069	-0.078 \pm 0.048
6~7 腰椎间 RFT	2.848 \pm 0.072	2.856 \pm 0.048	2.765 \pm 0.070	-0.048 \pm 0.056	-0.056 \pm 0.039
胸腰椎间 TFT	2.173 \pm 0.068	2.051 \pm 0.046	2.007 \pm 0.066	-0.088 \pm 0.051	-0.006 \pm 0.036
臀部膘厚 BFT	2.178 \pm 0.085a	1.990 \pm 0.057	1.894 \pm 0.083b	-0.145 \pm 0.062*	-0.003 \pm 0.043
平均背膘厚 ABT	2.698 \pm 0.066	2.641 \pm 0.044	2.564 \pm 0.064	-0.072 \pm 0.052	-0.034 \pm 0.036
眼肌高 LEH	7.085 \pm 0.166	7.082 \pm 0.110	7.260 \pm 0.161	0.113 \pm 0.215	0.117 \pm 0.149
眼肌宽 LEW	6.547 \pm 0.162	6.692 \pm 0.108	6.578 \pm 0.157	0.000 \pm 0.177	-0.160 \pm 0.123
眼肌面积 LEA	29.266 \pm 0.568	30.019 \pm 0.378	30.235 \pm 0.552	0.523 \pm 0.475	-0.288 \pm 0.328

注 Note: *, 表示 2 个效应间差异显著 ($P < 0.05$)。* represent significant difference between the two effects ($P < 0.05$), $\mu \pm SE$: 平均值 \pm 标准误差; a/b: 表中同行标注有不同字母表示差异显著 ($P < 0.05$)。 $\mu \pm SE$: Mean value \pm standard error; a/b: Different letters represent significant difference in the same row ($P < 0.05$). SP: Skin percentage, BP: Bone percentage, FMP: Fat meat percentage, LMP: Lean meat percentage, RLF: Ratio of lean to fat, DP: Dressing percentage, IFR: Internal fat ratio, CL1: Carcass length (to the first neck vertebra), CL2: Carcass length (to the first breast nib), SFT: Shoulder fat thickness, RFT: 6~7 rib fat thickness, TFT: Thorax-waist fat thickness, BFT: Buttock fat thickness, ABT: Average back-fat thickness, LEH: Loin eye height, LEW: Loin eye width, LEA: Loin eye area.

MKRN3 基因 678T>C 位点与内脂率及臀部膘厚显著相关 ($P < 0.05$)。其中, 678T>C 位点对内脂率具有显性效应 ($P < 0.05$), 表现为该位点杂合子比纯合子具有更高的内脂率; 而该位点对臀部膘厚具有加性效应 ($P < 0.05$), 表现为等位基因 678C 的累加具有降低臀部膘厚的效应。

3 讨论

目前研究条件下, 关于印记基因的鉴别和探索首先是在人和小鼠中广泛开展的。例如, 与神经发育相关的 PWS-AS 印记域首先在人和小鼠中被鉴定, 并且该区域中含有母本印记、父本表达的印记基

因 *MKRN3*^[8]。王猛^[9]以骨骼肌为样本将猪 *MKRN3* 基因作为候选基因进行了印记验证。本研究在此基础上,通过比对3头大白猪、3头梅山猪 *MKRN3* 基因编码区序列,共找到7个单核苷酸多态位点(SNPs)。其中5个SNPs(293C>G,361G>A,497G>A,678T>C,1376C>T)为错义突变,2个SNPs(630G>A,1407T>A)为同义突变。

与国外引进的瘦肉型猪种相比,国内的地方猪种在生长速度和猪肉品质方面存在着相当大的区别,所引进的外国猪种在生长速度和胴体瘦肉率上具有特别大的优势,而中国猪种在这些方面处于劣势^[10]。因此,我们可以充分运用国内外不同猪种各自独特的基因优势,利用分子生物学技术及实验手段发掘功能基因中重要的 SNP 位点,并组合运用其优势基因型,以此来提高猪的生长速度及猪肉品质。本试验比较了猪 *MKRN3* 基因 678T>C 位点在中外不同猪种中存在差异,中国猪种梅山猪中主要是 TT 型,以 T 等位基因为主(基因频率为 0.92),而在外国猪种中主要是 CC 型或 TC 型,以 C 等位基因为主,其中 C 等位基因在大白猪中的基因频率为 0.70,在长白猪中的等位基因频率为 1,说明猪 *MKRN3* 基因 678T>C 位点在中外猪种中确实存在差异。

许多印记基因被证实与家畜生长发育相关,具体相关性表现在能够调节胚胎的早期发育、控制胎儿出生后的生长速度,并影响产肉量。*MKRN3* 为母本印记父本表达的印记基因,位于 Prader-Willi 综合征关键位置(染色体 15q11-113),Prader-Willi 综合征又称为低肌张力-低智力-性腺发育低下-肥胖综合征,因此推测 *MKRN3* 基因可能与内脂率有关。研究发现,*MKRN3* 是与人中枢性早熟(CPP)相关的基因, CPP 是由于下丘脑-垂体-性腺轴过早活化,而在早于青春期的年龄出现性发育的表现和激素变化^[11]。*MKRN3* 存在于哺乳动物中,但具体功能尚不十分明确^[12]。本试验发现猪 *MKRN3* 基因 678T>C 位点与内脂率及臀部膘厚显著相关。其中,678T>C 位点对内脂率具有显性效应,表现为该位点杂合子比纯合子具有更高的内脂率,而该位点对臀部膘厚具有加性效应,表现为等位基因 678C 的累加具有降低臀部膘厚的效应。

综上所述,*MKRN3* 基因 678T>C 位点的等位基因频率在中外不同猪种中存在差异,中国猪种梅山猪中主要是 TT 型,以 T 等位基因为主,而在外国猪种中主要是 CC 型或 TC 型,以 C 等位基因为主;*MKRN3* 基因 678T>C 位点对内脂率和臀部膘厚具有一定的影响。因此,本试验从分子育种角度为调控猪内脂率和臀部膘厚提供了一定理论依据。

参 考 文 献

- [1] ZHAO H Y, LAN X Y, LEI C Z, et al. Epigenetics: new challenge of breeding and genetics in livestock[J]. Journal of domestic animal ecology, 2014, 35(8): 1-5.
- [2] PLASSCHAERT R N, BARTOLOMEI M S. Genomic imprinting in the development, growth, behavior and stem cell[J]. Development, 2014, 141(9): 1805-1813.
- [3] DENOMME M M, MANN M R. Genomic imprints as a model for the analysis of epigenetic stability during assisted reproductive technologies[J]. Reproduction, 2012, 4(4): 393-409.
- [4] 苏从成, 曹学亮. 家畜基因印记研究进展[J]. 畜牧兽医学杂志, 2007, 26(6): 8-14.
- [5] GRAY T A, HERNANDEZ L, CAREY A H, et al. The ancient source of a distinct gene family encoding proteins featuring RUNG and C(3)H zinc-finger motifs with abundant expression in developing brain and nervous system[J]. Genomics, 2000, 66(1): 76-86.
- [6] ABREU A P, DAUBER A, MACEDO D B, et al. Central precocious puberty caused by mutations in the imprinted gene *MKRN3*[J]. The New England journal of medicine, 2013, 368(26): 2467-2475.
- [7] ELKS C E, PERRY J R, SULEM P, et al. Thirty new loci for age at menarche identified by a meta-analysis of genome-wide association studies[J]. Nature genetics, 2010, 42(12): 1077-1085.
- [8] ROYO H, CAVAILLE J. Non-coding RNAs in imprinted gene clusters[J]. Biology of the cell, 2008, 100(3): 149-166.
- [9] 王猛. 猪骨骼肌中的印记基因的分析[D]. 泰安: 山东农业大学, 2012.
- [10] 张伟力, 朱建和. 论中国地方猪种优良肉质的形成因素[J]. 养猪, 2006(6): 46-48.
- [11] 中华医学会儿科学分会内分泌遗传代谢学组. 中枢性早熟诊断与治疗共识[J]. 中华儿科杂志, 2015, 53(6): 412-418.
- [12] 唐家彦, 黄娟, 黄连红, 等. 血清 makorin 环指蛋白 3 基因在中枢性早熟女童诊断中的意义[J]. 广东医学, 2016(11): 1648-1650.

SNPs identification of porcine imprinting gene *MKRN3* and association analysis with carcass traits

WANG Longmei¹ GUO Ling¹ LIU Yulan¹ FU Shulin¹
CHEN Hongbo¹ ZHANG Jing¹ DENG Changyan²

1. *Hubei Key Laboratory of Animal Nutrition and Feed Science,*
Wuhan Polytechnic University, Wuhan 430023, China;

2. *Key Laboratory of Agricultural Animal Genetics, Breeding and Reproduction*
of Ministry of Education, Huazhong Agricultural University, Wuhan 430070, China

Abstract Single nucleotide polymorphisms (SNPs) of the porcine imprinting gene *MKRN3* were identified in Meishan, Large white and Landrace pigs by PCR-RFLP and were genotyped in the F₂ population of 285 Large white × Meishan pigs by PCR-*Bst*UI-RFLP. Subsequently, correlation between the porcine gene *MKRN3* polymorphism and porcine carcass traits were analyzed. The results showed that, the porcine *MKRN3* gene had seven SNPs in the coding region, including 293C>G, 361G>A, 497G>A, 630G>A, 678T>C, 1376C>T, and 1407T>A. Of which, the 678T>C site had different allele frequencies among domestic and foreigner pig species. In addition, the 678T>C site of the porcine *MKRN3* was associated with internal fat rate and buttock fat thickness significantly ($P < 0.05$). The 678T>C site had a dominant effect on internal fat rate ($P < 0.05$), showing an increased internal fat rate with heterozygote form and had an additive effect on buttock fat thickness ($P < 0.05$), showing a decreased buttock fat thickness with the additive of the 678C allele. Therefore, the 678T>C site of the porcine *MKRN3* might provide a guiding value for the molecular breeding practice.

Keywords pig; *MKRN3*; SNPs; internal fat rate; buttock fat thickness; imprinting gene

(责任编辑:边书京)