

ESR、*FSH β* 和 *PRLR* 基因与清平猪 $\times$ 大白猪 杂交后代繁殖性能的关系

熊 琪¹ 陈文娟² 彭 刚² 彭 健² 柴 进² 陈明新¹ 蒋思文²

1. 湖北省农业科学院畜牧兽医研究所/动物胚胎工程及分子育种湖北省重点实验室, 武汉 430064;

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/农业部猪遗传育种重点开放实验室/
生猪健康养殖协同创新中心, 武汉 430070

摘要 为了挖掘清平猪妊娠期短和产仔数多等优良繁殖性状的遗传背景,在清平猪与大白猪杂交后的 F1 代和 F2 代黑猪群体中进行了 *ESR*、*FSH β* 和 *PRLR* 与该群体繁殖性能的关联性分析。结果显示:(1)*FSH β* 基因在 F1 和 F2 群体中的 A 等位基因与 B 等位基因的基因频率相近;*ESR* 在 F1 和 F2 群体中的优势基因均为 B 等位基因;*PRLR* 基因在 F1 群体中的优势基因为 C 等位基因,在 F2 群体中 C 等位基因与 T 等位基因的基因频率相近。(2)*FSH β* 不同基因型对 F1 群体的产活仔数和 F2 群体的总产仔数、初生体质量、断奶仔猪体质量和 3 周龄体质量等重要繁殖性状均有显著影响。(3)*ESR* 不同基因型对 F2 群体妊娠期长短的影响表现为 AB<AA<BB,*ESR* 基因的 AB 型个体具有较短的妊娠期,但 AA 型比 BB 型个体的木乃伊数多 0.46 头。(4)*PRLR* 不同基因型对 F1 群体的妊娠期有极显著影响,对总产仔数、断奶仔猪数和 70 日龄体质量有显著影响;对 F2 群体的弱仔数、初生体质量、断奶仔猪体质量和 3 周龄体质量有显著影响。结果表明,清平猪杂交后代的选育过程中可以淘汰部分 *FSH β* 基因 AA 型个体,应该提高有利基因 B 等位基因在群体中的频率;*ESR* 基因的 AB 型有利于缩短妊娠期,可淘汰 AA 型个体;*PRLR* 基因中 T 等位基因是繁殖性状的有利基因,但可能与弱仔性状正相关,须慎重选择。

关键词 清平猪; 候选基因; 繁殖性状; 关联性分析

中图分类号 S 828.2 **文献标识码** A **文章编号** 1000-2421(2018)06-0066-09

雌激素(estrogen)是生物体中具有多种重要生理功能的脂溶性类固醇激素,主要由卵巢细胞分泌^[1]。雌激素通过介导雌激素受体(estrogen receptor, ESR)来维持雌性动物第二性征及正常机能、调节动物的繁殖周期和生殖器官的发育。Rothschild 等^[2]于 1996 年发现 *ESR* 基因是猪产仔性状的主效基因,同时发现 B 等位基因与高产仔数显著正相关。还有研究结果表明 B 等位基因与繁殖性状负相关,发现 AA 型有利于部分繁殖性状^[3]。另有部分学者的研究结果表明 *ESR* 不同基因型对繁殖性状的影响差异不显著^[4]。这种分歧产生的原因可能是不同研究所用的猪品种不同,这表明 *ESR* 基因的 3 种基因型可能对不同猪种的影响效果有一定的差异。

猪卵泡刺激素(follicle-stimulating hormone,

FSH)是由垂体前叶产生的一种调控卵泡发育的糖蛋白,包括 α 和 β 亚基^[5]。在雌性动物中,FSH 结合受体可以诱导雌激素的产生,刺激卵泡的形成和发育,促进子宫内膜的生长,并与促黄体素协同激发卵泡的成熟、排卵^[6]。卵泡刺激素 β 亚基(follicle-stimulating hormone β , FSH β)基因全长 3 514 bp,包含 3 个外显子和 2 个内含子,它是猪产仔数的主效基因。赵要风等^[7]对二花脸猪 *FSH β* 基因进行了研究,发现该基因在二花脸中具有 3 种基因型,且 BB 型头胎总产仔数和产活仔数比 AA 型分别多 1.27 头和 1.06 头,从而推测 *FSH β* 基因中的 BB 型有利于提高母猪的繁殖性能。刘婵娟等^[8]对山东地方和培育猪种以及国外引进猪种共 8 个猪种进行了研究,也发现 *FSH β* 的有利基因为 B 等位基因,有利于提高母猪的繁殖性能。

收稿日期: 2018-09-20

基金项目: 国家重点研发计划项目(2017YFD0502000)

熊 琪, 博士, 副研究员, 研究方向: 动物分子育种. E-mail: phenixxq@163.com

通信作者: 蒋思文, 博士, 教授, 研究方向: 动物遗传育种与繁殖. E-mail: jiangsiwen@mail.hzau.edu.cn

催乳素受体(prolactin receptor,PRLR)属于催乳素受体超家族,存在于哺乳动物的组织和生殖器官中。猪催乳素受体基因能识别并结合催乳素(prolactin,PRL),促进胚胎着床、发育和分化,刺激乳汁生成以及维持妊娠和泌乳过程,从而调控性腺功能和繁殖行为^[9]。孙延晓等^[10]对地方猪种和培育猪种以及引进猪种进行了分型研究,结果表明各猪种中 AA 型的总产仔数和产活仔数均高于 BB 型,表明在这些猪种中 A 等位基因可能有利于提高产仔性状。李小平等^[11]对大白猪和长白猪中 *PRLR* 基因进行了检测,发现 AA 型的总产仔数和产活仔数均比 BB 型多。

我国地方猪种类型多样、资源丰富,其中湖北清平猪是世界上唯一被证实具有短妊娠期的优良品种^[12],但是其繁殖和生长性能仍需改良。猪的繁殖性状尤其产仔性能是一个典型的数量性状,其遗传力低($h^2=0.13$),选育具有延后性(母猪妊娠结束才能统计)^[1]。因此,将 *ESR*、*FSHβ*、*PRLR* 基因作为清平猪杂交品系选育的候选基因进行关联分析,可以对繁殖性状尤其是妊娠期和产仔数性状等主要经济性状进行早期选择,从而培育出具有高繁殖和快速生长的新品系,增加养猪业的经济效益。

1 材料与方法

1.1 试验样品

F1 和 F2 群体均来自于湖北省当阳市清平猪场,其中 F1 为清平母猪与法系大白猪公猪的杂交后代,共采集了 F1 代群体中 193 头母猪毛囊样品。选留 F1 群体横交后代中毛色为黑色的个体作为 F2

群体,共采集 F2 群体中 183 头母猪毛囊样品及 325 头公猪耳组织样本。F1 群体(♀,共 193 头)主要记录妊娠期、总产仔数、产活仔数、死胎数、木乃伊、初生体质量、断奶仔猪数、断奶仔猪体质量和 70 日龄体质量等繁殖性状。F2 群体留种黑猪(♀,共 183 头)主要记录妊娠期、总产仔数、产活仔数、死胎数、木乃伊、弱仔、初生体质量、断奶仔猪数、断奶仔猪体质量、3 周龄体质量等繁殖性状。利用常规的酚/氯仿抽提法提取基因组 DNA,DNA 样品被稀释成 50 ng/ μ L 备用。

1.2 *ESR* 基因 A54G 突变位点与 *PRLR* 基因 C87T 突变位点的测序分型

根据候选基因的多态位点和引物信息(表 1),由测序公司合成测序引物。以样品的全基因组 DNA 为模板,配制候选基因的 PCR 反应体系,进行 PCR 扩增。吸取 10 μ L 样本送往武汉基诺赛克公司进行多态性测序,测序步骤包括:(1)首先使用捕获引物捕获各目标位点的 DNA 序列,然后回收产物并质检合格后依据 Illumina 文库构建流程完成 Paired-end(PE)测序文库的构建。(2)取各个样本等量 DNA 构建一个 PE 文库并在 IlluminaHiseq 测序仪上进行 PE150 测序。(3)对于下机的原始数据,首先进行数据质控,得到高质量的 cleandata,然后使用 BWA 软件将 cleandata 分解到各目标位点,得到 SAM 格式的比对结果,然后使用软件 samtools 将 SAM 格式的文件转换成 BAM 格式,接着使用 Picard 工具中的 SortSam 对 BAM 文件中的 reads 进行排序,得到最终的 BAM 文件。最后,使用 GATK 确定各目标位点的基因型以及测序深度。

表 1 各基因引物序列和片段大小

Table 1 Primer sequences and size of PCR production

基因 Gene	引物序列 (5'→3') Primer sequence (5'→3')	扩增片段长度/bp Size	突变位置 Mutation sites	参考文献 Reference
<i>ESR</i>	CCTGTTTTTACAGTGACTTTTACAGAG CACTTCGAGGGTCAGTCCAATTAG	121	A54G	[2]
<i>FSHβ</i>	CCTTTAAGACAGTCAATGGC ACTGGTCTATTTCATCCTCTC	500/220	134_135ins	[7]
<i>PRLR</i>	CGTGGCTCCGGTTGAAGAACC CTGAAAGGAGTGCATAAAGCC	163	C87T	[10]

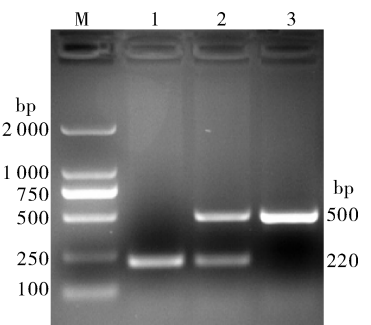
1.3 *FSHβ* 基因的直接电泳分型

FSHβ 由于是插入突变,可以采用直接电泳的方法进行基因分型,即将 *FSHβ* 的 PCR 反应产物直接用 1% 的琼脂糖凝胶电泳 30 min,进行基因分型。PCR 扩增引物见表 1,不同基因型电泳条带为

AA: 500 bp; AB: 220 bp + 500 bp; BB: 220 bp (图 1)。

1.4 统计分析

利用 Excel 对候选基因进行基因型频率和基因频率的计算。不同基因型对繁殖性状值的最小二乘



1:BB 基因型; 2:AB 基因型; 3:AA 基因型; M:DL2000。1:BB genotype; 2:AB genotype; 3:AA genotype; M:DL2000.

图 1 *FSHβ* 基因的 PCR 扩增电泳图

Fig.1 The amplification of *FSHβ* gene

分析使用 SAS (8.0 版) 的 GLM (general linear model) 软件包进行, 关联分析的模型为: $Y = \text{总体均值} + \text{基因型效应} + \text{残差}$, 其中 Y 为性状表型值。加性效应 $= (\bar{X}_{BB} - \bar{X}_{AA})/2$, 显性效应 $= \bar{X}_{AB} - (\bar{X}_{AA} + \bar{X}_{BB})/2$, 其中 $\bar{X}_{AA}$ 、 $\bar{X}_{AB}$ 和 $\bar{X}_{BB}$ 分别表示 AA 型、AB 型和 BB 型个体对应的表型数据的平均值。用 t 检验进行显著性分析, 确定有利基因和有利基因型。

表 2 3 个候选基因的等位基因和基因型频率

Table 2 Allele and genotype frequencies of three candidate genes

群体 Population	基因 Gene	基因型 Genotype	检出数 Detection number	基因型频率 Frequency	等位基因 Allele	基因频率 Frequency
F1	<i>FSHβ</i>	AA	33	0.205 0	A	0.475 2
		AB	87	0.540 4	B	0.524 8
		BB	41	0.254 6		
	<i>ESR</i>	AA	7	0.044 8	A	0.375 8
		AB	103	0.660 3	B	0.624 2
		BB	46	0.294 9		
	<i>PRLR</i>	CC	78	0.513 2	C	0.733 6
		CT	67	0.440 8	T	0.266 4
		TT	7	0.046 1		
F2	<i>FSHβ</i>	AA	115	0.283 3	A	0.516 0
		AB	189	0.465 5	B	0.484 0
		BB	102	0.251 2		
	<i>ESR</i>	AA	23	0.046 0	A	0.249 0
		AB	203	0.406 0	B	0.751 0
		BB	274	0.548 0		
	<i>PRLR</i>	CC	171	0.337 9	C	0.563 2
		CT	228	0.450 6	T	0.436 8
		TT	107	0.211 5		

因的基因频率分别为 0.563 2 和 0.436 8; 等位基因 C 在 F1 群体中为优势基因, 在 F2 群体中基因频率有所降低。

2 结果与分析

2.1 候选基因多态性位点的基因和基因型频率的统计分析

候选基因的基因和基因型频率见表 2, 由表 2 可知: *FSHβ* 基因的 3 种基因型在 F1 群体中的频率大小为 $AB > BB > AA$, B 等位基因的基因频率 (0.524 8) 与 A 等位基因的基因频率 (0.475 2) 相近; 在 F2 群体中的频率大小为 $BB < AA < AB$, A 等位基因 (0.516 0) 和 B 等位基因 (0.484 0) 的频率差别较小, 与 F1 群体的分布基本一致。 *ESR* 基因 3 种基因型在 F1 群体中的频率大小为 $AB > BB > AA$, A 等位基因和 B 等位基因的频率分别为 0.375 8 和 0.624 2; 在 F2 群体中的频率大小为 $BB > AB > AA$, A 等位基因和 B 等位基因的频率分别为 0.249 0 和 0.751 0。等位基因 B 在群体中为优势基因。 *PRLR* 基因 3 种基因型在 F1 群体中的频率大小为 $CC > CT > TT$, C 等位基因和 T 等位基因的基因频率分别为 0.733 6 和 0.266 4; 在 F2 群体中的频率大小为 $CT > CC > TT$, C 等位基因和 T 等位基

2.2 *FSHβ* 基因与繁殖性状的关联性分析

FSHβ 不同基因型在 F1 群体中的关联性分析结果如表 3 所示。 *FSHβ* 基因对于产活仔数的影响

表现为 $AB>AA>BB$, AB 型个体比 BB 型个体多 0.96 头, 差异显著 ($P<0.05$)。 *FSHβ* 3 种基因型的总产仔数、初生体质量、断奶仔猪数和 70 日龄体质量等性状差异不显著, 但是均呈现出 AA 型个体低于 AB 型和 BB 型。 *FSHβ* 不同基因型在 F_2 群体中的关联性分析结果如表 4 所示。 *FSHβ* 基因的 BB 基因型个体比 AA 基因型个体的总产仔数多 1.61 头, 二者差异显著 ($P<0.05$), 加性效应为 0.81 头。 *FSHβ* 基因对于产活仔数、断奶仔猪数等产仔性状也有 $BB>AB>AA$ 的趋势。 *FSHβ* 基因的不同基因型对初生体质量、断奶仔猪体质量和 3 周龄体质量等性状影响显著 ($P<0.05$), 且均为 BB 型低于 AB 型和 AA 型。 这些结果表明 *FSHβ* 基因的 BB 基因型能显著提高总产仔数等产仔性能, 因此在清平猪杂交后代的选育中应该提高有利基因 B 等位基因在群体中的频率。

2.3 ESR 基因与繁殖性状的关联性分析

ESR 不同基因型在 F_1 群体中的关联性分析结果如表 5 所示。 不同基因型对 F_1 群体性状的影响差异不显著, 但对于妊娠期有 $AB<AA<BB$ 的影响趋势。 *ESR* 不同基因型在 F_2 群体中与繁殖性状

的关联性分析结果如表 6 所示。 3 种基因型对妊娠期的影响表现为 $AB<AA<BB$, BB 型个体妊娠期比 AB 型长 0.68 d, 二者差异显著 ($P<0.05$), 加性效应为 0.09 d。 总产仔数和断奶仔猪数的影响趋势均为 $AA>AB>BB$ 。 表明等位基因 A 是繁殖性状的有利基因。 但 AA 型比 BB 型个体的木乃伊数多 0.46 头, 二者对 F_2 群体的影响达到显著水平 ($P<0.05$)。 表明 A 等位基因有可能增加木乃伊的数目。

2.4 PRLR 基因与繁殖性状的关联性分析

PRLR 不同基因型在 F_1 群体中的关联性分析结果如表 7 所示。 *PRLR* 基因对于妊娠期的影响表现为 $TT<CT<CC$, 且 CC 型和 CT 型差异极显著 ($P<0.01$), 对总产仔数、产活仔数、断奶仔猪数和 70 日龄体质量的影响均为 $TT>CT>CC$, 且不同基因型对总产仔数和断奶仔猪数均有显著影响 ($P<0.05$), 对 70 日龄体质量有极显著影响 ($P<0.01$)。 CT 型断奶体质量比 CC 型和 TT 型分别高 0.43 kg 和 0.65 kg, 且 CC 型和 CT 型差异显著 ($P<0.05$)。 这些结果表明 *PRLR* 基因对妊娠期、总产仔数和产活仔数等重要繁殖性状的有利基因为 T 等位基因。 *PRLR* 不同基因型在

表 3 *FSHβ* 不同基因型在 F_1 群体中的关联性分析
Table 3 Correlation analysis of different genotypes with *FSHβ* in the F_1 population

性状 Traits	基因型 Genotype (样本容量 Number of samples)			基因效应值 Genetic effect value	
	AA (<i>n</i> = 31)	AB (<i>n</i> = 82)	BB (<i>n</i> = 41)	加性效应 Additive	显性效应 Dominance
妊娠期/d Gestation period	113.02±1.31	113.1±1.23	112.94±1.46	−0.04	0.12
总产仔数 Total number of litters	12.29±3.23	13.33±2.56	12.80±2.35	0.26	0.79
产活仔数 Number of born alive	11.39±2.98ab	12.33±2.49a	11.37±2.53b	−0.01	0.95
死胎数 Number of stillbirth	0.77±0.97	0.88±1.44	1.22±1.46	0.23	−0.12
木乃伊数 Number of mummies	0.13±0.55	0.12±0.61	0.22±0.84	0.05	−0.06
初生体质量/kg Birth weight	1.28±0.16	1.31±0.15	1.32±0.20	0.02	0.01
断奶仔猪数 Number of piglets weaned	9.53±3.2	10.44±2.60	10.08±2.88	0.28	0.64
断奶仔猪体质量/kg Weight of weaned piglets	5.41±1.41	5.46±1.32	5.41±1.09	0.00	0.05
70 日龄体质量/kg Weight of 70 days age	13.44±2.55	14.05±2.69	13.92±2.50	0.24	0.37

注: 数值由均值±标准差组成, 括号内的数字为对应的样本容量; 不同小写字母表示差异显著 ($P<0.05$), 不同大写字母表示差异极显著 ($P<0.01$); 加粗表示有显著差异。下同。Note: All the data are made up of mean ± standard deviation, numbers in parentheses are the corresponding number of samples. Different lowercase superscripts indicate significant differences ($P<0.05$), different capital letter superscripts indicate very significant differences ($P<0.01$). Bold means there are significant differences. The same as below.

表 4 *FSHβ* 不同基因型在 F2 群体(黑猪)中的关联性分析

Table 4 Correlation analysis of different genotypes with *FSHβ* in the F2(black pig) population

性状 Traits	基因型 Genotype (样本容量 Number of samples)			基因效应值 Genetic effect value	
	AA	AB	BB	加性效应 Additive	显性效应 Dominance
	(<i>n</i> = 42)	(<i>n</i> = 61)	(<i>n</i> = 21)		
妊娠期/d Gestation period	113.36±1.34	113.75±1.75	113.24±1.50	−0.06	0.45
总产仔数 Total number of litters	9.66±2.57a	9.93±3.48ab	11.27±2.30b	0.81	−0.53
产活仔数 Number of born alive	8.93±2.78	9.31±3.23	10.23±2.58	0.65	−0.27
死胎数 Number of stillbirth	1.43±0.73	1.54±0.93	2.50±1.12	0.54	−0.43
木乃伊数 Number of mummies	3.00±0.82	2.00±1.55	2.40±1.50	−0.30	−0.70
弱仔数 Number of weak litters	4.03±2.87	3.34±2.52	4.55±2.68	0.26	−0.95
初生体质量/kg Birth weight	1.34±1.57ab	1.12±0.26a	0.98±0.26b	−0.18	−0.04
断奶仔猪数 Number of piglets weaned	6.49±2.52	7.12±3.10	7.38±3.73	0.45	0.18
断奶仔猪体质量/kg Weight of weaned piglets	4.84±1.03ab	5.13±1.20a	4.31±1.32b	−0.27	0.56
3 周龄体质量/kg Weight of 3 weeks age	3.86±0.87ab	4.11±0.99a	3.44±1.09b	−0.21	0.46

表 5 *ESR* 不同基因型在 F1 群体中的关联性分析

Table 5 Correlation analysis of different genotypes with *ESR* in the F1 population

性状 Traits	基因型 Genotype (样本容量 Number of samples)			基因效应值 Genetic effect value	
	AA	AB	BB	加性效应 Additive	显性效应 Dominance
	(<i>n</i> = 7)	(<i>n</i> = 92)	(<i>n</i> = 46)		
妊娠期/d Gestation period	113.01±0.80	112.97±1.37	113.21±1.13	0.10	−0.14
总产仔数 Total number of litters	12.29±2.25	13.12±2.54	12.72±2.98	0.22	0.62
产活仔数 Number of born alive	11.71±1.98	11.84±2.56	12.00±2.99	0.15	−0.02
死胎数 Number of stillbirth	0.43±0.49	1.05±1.51	0.70±1.02	0.14	0.49
木乃伊数 Number of mummies	0.14±0.35	0.23±0.85	0.02±0.15	−0.06	0.15
初生体质量/kg Birth weight	1.22±0.23	1.30±0.16	1.33±0.17	0.06	0.03
断奶仔猪数 Number of piglets weaned	9.71±2.81	10.31±2.50	10.05±3.32	0.17	0.43
断奶仔猪体质量/kg Weight of weaned piglets	5.34±1.49	5.41±1.17	5.58±3.32	0.12	−0.05
70 日龄体质量/kg Weight of 70 days age	14.99±2.79	14.15±2.63	13.50±2.47	−0.75	−0.10

表 6 *ESR* 不同基因型在 F2 群体(黑猪)中的关联性分析

Table 6 Correlation analysis of different genotypes with *ESR* in the F2(black pig) population

性状 Traits	基因型 Genotype (样本容量 Number of samples)			基因效应值 Genetic effect value	
	AA	AB	BB	加性效应 Additive	显性效应 Dominance
	(<i>n</i> = 9)	(<i>n</i> = 52)	(<i>n</i> = 83)		
妊娠期/d Gestation period	113.54±1.40ab	113.03±1.29b	113.71±1.70a	0.09	−0.60
总产仔数 Total number of litters	10.61±2.16	10.19±2.74	9.87±3.06	−0.37	−0.05
产活仔数 Number of born alive	9.28±2.48	9.34±2.70	9.28±3.07	0.00	0.06
死胎数 Number of stillbirth	0.78±0.78	0.38±0.79	0.31±0.69	−0.23	−0.16
木乃伊数 Number of mummies	0.56±1.57a	0.33±1.01ab	0.10±0.43b	−0.23	0.00
弱仔数 Number of weak litters	2.67±2.71	2.55±2.96	2.85±2.90	0.09	−0.21
初生体质量/kg Birth weight	1.11±0.11	1.07±0.24	1.09±0.26	−0.01	−0.02
断奶仔猪数 Number of piglets weaned	7.28±1.90	7.14±2.66	6.80±3.38	−0.24	0.10
断奶仔猪体质量/kg Weight of weaned piglets	4.97±0.67	4.96±1.16	4.80±1.23	−0.08	0.08
3 周龄体质量/kg Weight of 3 weeks age	4.09±0.58	3.97±0.96	3.84±1.00	−0.13	0.01

表 7 *PRLR* 不同基因型在 F1 群体中的关联性分析

Table 7 Correlation analysis of different genotypes with *PRLR* in the F1 population

性状 Traits	基因型 Genotype (样本容量 Number of samples)			基因效应值 Genetic effect value	
	CC	CT	TT	加性效应 Additive	显性效应 Dominance
	(<i>n</i> = 79)	(<i>n</i> = 67)	(<i>n</i> = 7)		
妊娠期/d Gestation period	113.33±1.27A	112.73±1.30B	112.70±1.10AB	−0.32	−0.30
总产仔数 Total number of litters	12.68±2.49a	13.01±2.83b	14.71±3.10ab	1.01	0.17
产活仔数 Number of born alive	11.73±2.55	11.91±2.84	12.57±2.13	0.42	0.09
死胎数 Number of stillbirth	0.77±1.19	1.01±1.54	1.71±0.88	0.47	0.12
木乃伊数 Number of mummies	0.18±0.83	0.09±0.33	0.43±1.05	0.125	−0.04
初生体质量/kg Birth weight	1.31±0.19	1.30±0.14	1.26±0.08	−0.03	0.00
断奶仔猪数 Number of piglets weaned	9.64±2.93a	10.73±2.66b	11.00±2.27ab	0.68	0.54
断奶仔猪体质量/kg Weight of weaned piglets	5.28±1.33a	5.71±1.16b	5.06±1.33ab	−0.11	0.21
70 日龄体质量/kg Weight of 70 days age	13.26±2.7A	14.51±2.4B	14.58±2.46AB	1.24	0.62

F2 群体中的关联性分析结果如表 8 所示。从统计 有显著影响,但对妊娠期的影响趋势为 TT<CT<分析结果来看,*PRLR* 基因对妊娠期和总产仔数没 CC,对总产仔数的影响趋势为CC/CT<TT。*PRLR*

表 8 *PRLR* 不同基因型在 F2 群体(黑猪)中的关联性分析

Table 8 Correlation analysis of different genotypes with *PRLR* in the F2(black pig) population

性状 Traits	基因型 Genotype (样本容量 Number of samples)			基因效应值 Genetic effect value	
	CC	CT	TT	加性效应 Additive	显性效应 Dominance
	(<i>n</i> = 55)	(<i>n</i> = 66)	(<i>n</i> = 24)		
妊娠期/d Gestation period	113.71±1.30	113.33±1.65	113.24±1.23	−0.23	−0.14
总产仔数 Total number of litters	9.99±3.44	9.99±2.90	10.08±2.64	0.05	−0.04
产活仔数 Number of born alive	9.21±3.32	9.42±2.95	9.00±2.08	−0.10	0.31
死胎数 Number of stillbirth	0.38±1.09	0.29±0.69	0.54±1.00	0.08	−0.17
木乃伊数 Number of mummies	0.22±0.93	0.20±0.87	0.21±0.71	0.00	−0.02
弱仔数 Number of weak litters	3.08±2.16Aa	4.40±2.72ABb	5.18±3.29Bab	1.05	0.28
初生体质量/kg Birth weight	1.14±0.15a	1.08±0.26ab	1.00±0.32b	−0.07	0.01
断奶仔猪数 Number of piglets weaned	7.11±3.30	6.92±2.95	6.58±3.08	−0.26	0.07
断奶仔猪体质量/kg Weight of weaned piglets	4.96±0.69a	4.94±1.36ab	4.49±1.28b	−0.24	0.21
3 周龄体质量/kg Weight of 3 weeks age	3.98±0.61a	3.98±1.11ab	3.54±0.99b	−0.22	0.22

基因对仔猪初生体质量、断奶仔猪体质量和 3 周龄体质量有显著影响,且 CC 型个体与 TT 型个体相比,初生体质量多 0.14 kg($P<0.05$),断奶仔猪体质量多 0.47 kg($P<0.05$),3 周龄体质量多 0.44 kg($P<0.05$)。*PRLR* 基因对弱仔性状也有显著影响,且 CC 型个体比 CT 型弱仔数少 1.32 头($P<0.05$),比 TT 型个体弱仔数少 2.1 头($P<0.01$),加性效应为 1.05 头。表明 *PRLR* 基因的 T 等位基因可能与弱仔性状正相关。

3 讨 论

3.1 *FSHβ* 基因与清平猪的繁殖性能关系

有学者研究发现 *FSHβ* 的 BB 型与高产仔性能呈正相关^[13],但是目前缺乏该基因对其他繁殖性能如妊娠期、3 周龄体质量、死胎数、木乃伊等性状的关联分析。本研究发现 2 个群体中 *FSHβ* 基因的 AB 型和 BB 型个体的总产仔数和产活仔数比 AA 型个体高,有利基因为 B 等位基因,与大白猪、杜洛克和山东地方猪种等的研究结果一致^[7-8]。不同基因型对于断奶仔猪数等产仔性状也有 BB>AB>AA 的趋势,推测 *FSHβ* 基因的 B 等位基因能提高产仔性能。2 个群体中 B 等位基因的频率相差不

大,即有利基因 B 等位基因在群体中没有明显优势。因此,在清平猪杂交后代的选育过程中可以淘汰部分 AA 型个体,提高有利基因 B 等位基因在群体中的频率。

3.2 *ESR* 基因与清平猪的繁殖性能关系

目前相关报道对 *ESR* 基因 *Pvu* II 酶切位点多态性与产仔数关联分析的研究结果并不一致:大部分研究支持 *ESR* 基因的 BB 型有利于提高产仔性状^[2,14-15];然而部分研究者对捷克大白、淮猪、云南地方猪及其杂交后代等猪种的研究结果表明 B 等位基因与产仔数负相关^[3,16];王宵燕等^[17]对苏姜猪和柳淑芳等^[18]对莱芜猪的研究结果表明,*ESR* 基因的不同基因型对产仔数没有显著影响。本研究发现 *ESR* 基因的 BB 基因型在 F2 群体中比 AB 基因型妊娠期长 0.68 d,加性效应为 0.09 d,表明 AB 型个体具有较短的妊娠期,且总产仔数和断奶仔猪数的影响趋势均为 AA>AB>BB,推测 A 等位基因有利于提高产仔性状,但 A 等位基因可能会增加每胎木乃伊的数量,因为 AA 型比 BB 型个体的木乃伊数多 0.46 头($P<0.05$)。这一结果推测可能是 2 个群体中 AA 型个体数均较少,A 等位基因为劣势基因,从而影响了统计分析的结果。因此,后期应扩

大测定性状的样本容量,以期确定 *ESR* 不同基因型对清平猪杂交后代繁殖性状的影响,从而更加准确地指导试验群体的选育工作。

3.3 *PRLR* 基因与清平猪的繁殖性能关系

PRLR 不同基因型在 F1 代群体中对妊娠期和总产仔数有显著影响,CT 型个体妊娠期比 CC 型个体短 0.6 d,总产仔数比 CC 型个体多 0.33 头。*PRLR* 基因在 F2 代群体中对妊娠期的影响趋势为 TT<CT<CC,对总产仔数的影响趋势为 CC/CT<TT。推测清平猪及其杂交后代妊娠期短和产仔数多的特性可能与 T 等位基因有关。与前人对 *PRLR* 基因的研究结果基本一致^[10-11,19]。这些结果表明 *PRLR* 基因的 TT 基因型可能具有较短的妊娠期和较高的产仔数,T 等位基因可能为繁殖性状的有利基因。但是 TT 型个体显著增加弱仔数,与 CC 型个体相比,初生体质量、断奶仔猪体质量、3 周龄体质量都有降低,说明 T 等位基因与弱仔性状相关。因此,在清平猪杂交后代的选育过程中关于这个位点的选择还需要更多数据的分析和验证,来衡量 T 等位基因的利弊,从而决定基因型的选留,以期获得更优良繁殖性状的后备群体。

综上可知,同一基因同一位点的基因型对不同猪种的影响效果有一定的差异;某些繁殖性状的有利基因或基因型对另一些性状来说可能是不利基因或基因型。究其原因,第一,不同研究所用的样本容量不一样,从几十到几千不等,样本容量较少可能会导致数据统计出现偏差,从而影响关联分析的结果。第二,猪的繁殖性状受很多因素的影响,包括品种、饲养环境、配种公猪性状及自身遗传物质等。因此,在品种选育过程中对于基因型的选择需要在大样本大数据的基础上进行综合判断。第三,这些突变位点可能没有生物学功能,不同群体中关联分析结果不同,可能是由于与相关主效基因的连锁不同有关。

参 考 文 献

[1] 陈耀闽. 3 个猪种的 *PRLR* 和 *ESR* 基因多态性及其与繁殖性能的关联分析[D]. 福州:福建农林大学, 2013.

[2] ROTHSCILD M F, JACOBSON C, VASKE D A, et al. The estrogen receptor locus is associated with a major gene influencing litter size in pigs[J]. Proceedings of the national a-

cademy of sciences of the United States of America, 1996, 93 (1): 201-205.

[3] 徐小波, 陈哲, 章熙霞, 等. 山猪 3 个候选基因的多态性与繁殖性状关联分析[J]. 江苏农业学报, 2013, 29(6): 1371-1376.

[4] 彭淑红. 金华猪六个基因的多态性及其效应的研究[D]. 杭州: 浙江大学, 2003.

[5] PROMWATEE N, LAOPAIBOON B, VONGPRALUB T, et al. Insulin-like growth factor I gene polymorphism associated with growth and carcass traits in Thai synthetic chickens[J]. Genetics and molecular research, 2013, 12(4): 4332-4341.

[6] 管玲玉, 马力鹏, 刘丽娟, 等. *FSH-β* 和 *ESR* 基因多态性对大白猪产活仔数的影响[J]. 猪业科学, 2015(1): 114-115.

[7] 赵要风, 李宁, 肖璐, 等. 猪 *FSHβ* 亚基基因结构区逆转座子插入突变及其与猪产仔数关系的研究[J]. 中国科学, 1999, 29(1): 81-86.

[8] 刘婵娟, 曾勇庆, 魏述东, 等. 8 个猪种 *ESR* 和 *FSHβ* 基因合并基因型与繁殖性状关系的研究[J]. 畜牧兽医学报, 2009, 40(3): 291-295.

[9] SCHENNINK A, TROTT J F, FREKING B A, et al. A novel first exon directs hormone-sensitive transcription of the pig prolactin receptor[J]. Journal of molecular endocrinology, 2013, 51(1): 1-13.

[10] 孙延晓, 曾勇庆, 唐辉, 等. 猪 *PRLR* 和 *RBP4* 基因多态性与产仔性能的关系[J]. 遗传, 2009, 31(1): 63-68.

[11] 李小平. *PRL*、*PRLR* 基因对母猪多产性影响的研究[D]. 长沙:湖南农业大学, 2004.

[12] 马志刚, 李家连, 郭万虎, 等. 猪 *HSD11B1* 和 *MyoG* 基因多态性与妊娠期长短的关系[J]. 畜牧兽医学报, 2008, 39(6): 689-695.

[13] 李传锋, 王建勇, 黄大鹏. 长白猪 *ESR*、*PRLR* 及 *FSH-β* 基因多态性及与繁殖性状关联分析[J]. 黑龙江八一农垦大学学报, 2016, 28(4): 25-29.

[14] 万明春, 周泉勇, 霍俊宏, 等. 玉山黑猪 *ESR* 和 *FSH-β* 基因多态性及相关性状的研究[J]. 江西农业学报, 2014(3): 107-109.

[15] 丁家桐, 葛红山, 姜勋平, 等. 猪雌激素受体基因与产仔数和乳头数的关系研究[J]. 南京农业大学学报, 2002, 25(2): 79-81.

[16] 杨军, 罗家琴, 王家圣, 等. 新清平猪母系选育及其杂交利用[J]. 养猪, 2012(6): 69-71.

[17] 王宵燕, 何庆玲, 经荣斌, 等. *ESR* 基因在苏姜猪世代选育中的遗传变异及与猪群繁殖性状的关联[J]. 中国农业科学, 2012, 45(4): 768-773.

[18] 柳淑芳, 杜立新, 张志. 猪 *FSHβ* 亚基和 *ESR* 基因的研究进展[J]. 山东农业大学学报(自然科学版), 2001, 32(2): 229-233.

[19] 施启顺, 柳小春, 刘志伟, 等. 5 个与猪产仔数相关基因的效应分析[J]. 遗传, 2006, 28(6): 652-658.

Relationship between *ESR* , *FSH* , and *PRLR* genes and reproductive performance in Qingping×Landrace hybrid population

XIONG Qi¹ CHEN Wenjuan² PENG Gang² PENG Jian²
CHAI Jin² CHEN Mingxin¹ JIANG Siwen²

1.Hubei Key Laboratory of Animal Embryo Engineering and Molecular Breeding ,
Institute of Animal Husbandry and Veterinary , Hubei Academy of Agricultural Sciences ,
Wuhan 430064, China ;

2. Key Laboratory of Swine Genetics and Breeding of Agricultural Ministry/
Key Laboratory of Agricultural Animal Genetics , Breeding & Reproduction of
Ministry of Education/The Cooperative Innovation Center for Sustainable Pig Production ,
Huazhong Agricultural University , Wuhan 430070, China

Abstract In order to explore the genetic background of short gestation period and high litter size of Qingping pigs, correlation analysis between *ESR* , *FSH* β and *PRLR* genes and the reproductive performance in F1 population and F2 black pigs of Qingping pigs × Landrace hybrid was carried out. The results showed that: (1) The gene frequency of A and B allele of *FSH* β was similar in both F1 and F2 populations, while the predominant allele of *ESR* in both populations were B allele. The predominant allele of *PRLR* in F1 populations was C allele, and gene frequency of C and T allele in F2 population was similar. (2) Different genotypes of *FSH* β had significant effects on the number of live piglets in F1 population, and on the total number of litters, birth weight, weaned piglet, and weight at 3 weeks of age in F2 population ($P<0.05$). (3) Effects of different *ESR* genotypes on gestation period in F2 were in the order of AB<AA<BB. The AB type of *ESR* had shorter gestation period, but AA genotype had more mummy pigs (0.46) than that of BB genotype. (4) Different *PRLR* genotypes had significant influence on gestation period ($P < 0.01$), total number of litters, number of piglets weaned, and weight at 70 days of age ($P < 0.05$) in F1 population, and had significant influence on the number of weak litters, birth weight, weight of weaned piglets, and weight at 3 weeks of age in F2 population ($P<0.05$). The above result indicated that during selection of Qingping pigs, AA type individuals of *FSH* β could be eliminated, and frequency of B allele should be increased. The AB type of *ESR* gene could shorten the gestation period and the AA type individuals could be eliminated. The T allele of *PRLR* gene is favorable for reproductive traits, but it may be positively correlated with traits of weak litters, therefore this choice strategy demands careful consideration.

Keywords Qingping pigs; candidate genes; reproductive traits; association analysis

(责任编辑:边书京)