

反刍动物 *POU1 F1* 基因多态性与经济性状关联研究进展

杨 韩, 张阳海, 潘传英, 雷初朝, 陈 宏, 蓝贤勇*

(西北农林科技大学动物科技学院, 陕西 杨凌 712100)

摘 要:垂体特异性转录因子(pituitary specific transcription factor, *POU1 F1*) 在动物垂体前叶特异性表达, 是参与机体细胞生长与发育调节的一类重要的转录因子, 对垂体细胞基因转录起重要调节作用, 从而显著影响家畜的生长、发育及繁殖等方面。本文从反刍动物 *POU1 F1* 基因的结构特征与生物学特性、近年来对牛、山羊、绵羊等反刍动物 *POU1 F1* 基因多态性的挖掘及其与经济性状关联的最新进展等几个方面进行总结, 以期为反刍动物 *POU1 F1* 基因研究提供研究思路和研究方向。

关键词: 反刍动物; *POU1 F1*; 遗传变异; 经济性状; 研究进展

中图分类号: S823; S827; S829.9 **文献标识码:** A **文章编号:** 1001-9111(2019)02-0042-07

垂体特异性转录因子(pituitary specific transcription factor, *POU1 F1*, 又叫 *PIT-1* 或 *GHF-1*) 是 *POU*(Pit-Oct-Unc) 家族成员之一, 在垂体前叶特异性表达, 是重要的组织特异性转录因子^[1]。*POU1 F1* 具有高度保守的 DNA 结合结构域, 通过识别并结合催乳素(prolactin, *PRL*)、生长激素(growth hormone, *GH*) 和促甲状腺素 β 亚基(thyroid-stimulating hormone beta subunit, *TSH β*) 基因启动子中特异的 DNA 序列, 对这些基因起正向调控作用, 从而对哺乳动物生长发育等方面起着重要作用^[2]。研究表明, *POU1 F1* 基因突变会导致垂体发育不全, 造成动物体内 *PRL*、*GH*、*TSH* 激素的缺乏, 从而阻碍动物生长发育。在小鼠上, *POU1 F1* 基因突变导致 Snell 矮小型(*dw*) 和 Jackson 矮小型(*dw-J*) 出现^[3]; 同时, 人 *POU1 F1* 基因突变会导致联合性垂体激素缺乏症(combined pituitary hormone deficiency, *CPHD*), 患者发育迟缓, 生长出现明显障碍^[4]。

此外, 有大量研究报道了 *POU1 F1* 基因多态性与牛、山羊、绵羊等反刍动物的生长性状之间存在显著关联^[5-7]。以上研究表明 *POU1 F1* 基因对于反刍动物生长、繁殖及泌乳等具有重要的调节作用, 据此, 本文主要就牛羊等反刍动物 *POU1 F1* 基因结构及生物学特性、基因多态性及其与经济性状关

联研究等进行综述。

1 反刍动物 *POU1 F1* 基因的结构特征及其生物学特性

牛、绵羊和山羊 *POU1 F1* 基因均定位于 1 号染色体的 q21-22 区^[8]。该基因结构高度保守, 一般由 6 个外显子, 5 个内含子及其他相关 DNA 元件组成(图 1)。*POU1 F1* 基因表达于动物的垂体前叶细胞, 其表达产物 *POU1 F1* 蛋白包含 3 个重要的功能区, 其一是含 129 个氨基酸的 N 端区, 其二是含 142 个氨基酸的 *POU* 蛋白区, 其三为含 20 个氨基酸的 C 端区; 其中 *POU* 结构域的主要功能是识别 DNA 特异顺序, 并与之呈高亲和力结合, 从而启动靶基因转录, 该区又可分为 *POU* 同源区(*POU-homeo domain*, *POU-HD*) 及 *POU* 特异区(*POU-specific domain*, *POU-SD*) 两部分^[9]。

POU1 F1 是垂体生长激素(*GH*) 细胞, 催乳素(*PRL*) 细胞以及促甲状腺素(*TSH*) 细胞内基因转录的重要调节者, 能特异地识别基因上的 DNA 序列, 并与之结合, 进而影响相关基因转录, 最终影响家畜生长、繁殖及泌乳等各个方面。据此, 该基因的多态性及其在家畜育种工作上应用研究成为国内外诸多学者研究重点。国内外研究表明, *POU1 F1* 基因多态性对牛的体重、产奶量等生产性状有显著影响^[10-11], 对羊的产羔数、体重、产奶量、产绒量等性状有显著影

收稿日期: 2018-12-05 修回日期: 2018-12-23

基金项目: 国家自然科学基金项目(31760650, 31702115); 国家肉牛牦牛产业技术体系专项(CARS-37); 西北农林科技大学大学生创新训练项目(201810712011)

作者简介: 杨韩(1996—), 男, 河南南阳人, 主要从事动物科学研究。E-mail: yanghan170902@126.com

* 通讯作者: 蓝贤勇(1979—), 男, 江西赣州人, 博士, 教授, 博士生导师, 主要从事动物遗传资源和动物表观遗传学研究。E-mail: lanxianrong79@nwsuaf.edu.cn

响^[12-15]。因此,对 *POU1 F1* 基因调控机制的深入研究对于提高牛羊等反刍动物生产成绩至关重要。

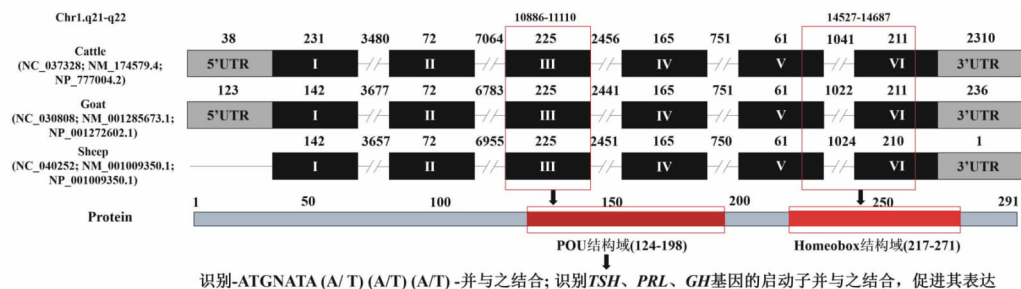


图 1 反刍动物 *POU1 F1* 基因结构特征及其生物学特性示意图

2 反刍动物 *POU1 F1* 基因多态性研究进展

2.1 牛 *POU1 F1* 基因多态性与经济性状的关联研究

此前国内外许多学者以 *POU1 F1* 基因作为牛生产性状选育改良的候选基因之一,围绕基因多态位点与经济性状的关系开展了大量研究。20 世纪 90 年代,国外最先开始对牛 *POU1 F1* 基因多态性进行挖掘。1994 年,Woollard 等^[16]首次报道牛 *POU1 F1* 基因第 6 外显子遗传变异位点,发现了可被 *HinfI* 内切酶识别的 SNP 位点。2000 年,Woollard 等^[8]进一步将牛 *POU1 F1* 基因定位于 1q21-22 区域,为进一步探究该基因对牛生产性状的影响打下基础。最近于 2018 年,Pytlewski 等^[17]在 Holstein-Friesian 牛 *POU1 F1* 基因第 6 外显子上扫描到 1 个 SNP 位点(c. 1178G>A),统计分析结果表明该位点与体重、初配年龄、产后休息期、受胎率、产犊后奶牛体重、初生重等显著相关($P<0.05$)。同年,Thuy 等^[18]在 Holstein-Friesian 牛第 2 外显子和第 3 外显子上分别检测到 SNP 位点 c. 545G>A 和 c. 577A>C;相关性分析表明, c. 545G>A 位点与产奶量显著相关($P<0.05$),而 c. 577A>C 位点则不存在相关性($P>0.05$)。目前为止,关于 *POU1 F1* 基因的研究在牛上做了包括 Fleckvieh 牛、Montbeliarde 牛、南阳牛、秦川牛、郟县红牛、中国荷斯坦牛、鲁西牛、安格斯牛、晋南牛、固原牛、Holstein-Friesian 牛、Nellore 牛、Hanwoo 牛、Canchim 牛、Zebuine 牛、皮埃蒙特牛、新疆褐牛、申扎、类乌奇、斯布、帕里共 21 个品种,共检测了 10 个 SNP 位点与牛的体重、体高、体长、体斜长、胸围、腹围、产奶量、乳蛋白含量、乳脂含量、生产寿命、背膘厚、初生重、断奶前平均日增重、料肉比、胸深、胸宽、初配年龄、产后休息期、受胎率、产犊后母牛体重等 20 个性状相关联,其中大部分研究集中于 *POU1 F1* 基因第 6 外显子区域多态性(表 1)。根据现有研究,发现位于第 6 外显子上的 *HinfI* 位点

在各个品种牛的基因组上均广泛存在,且与多个生长性状及泌乳性状相关联,提示该位点可作为潜在的分子标记进行优良牛种选育。另外,目前的研究多集中于奶牛、黄牛等常见牛种上,而属于青藏高原及其毗邻高寒牧区特有的牦牛上研究却较少。作为高寒地区重要的品种,应加强对 *POU1 F1* 基因多态性的研究,对提高牦牛的生产性能具有重要意义。

2.2 山羊 *POU1 F1* 基因遗传变异与经济性状的关联研究

2000 年,Woollard 等^[8]将山羊 *POU1 F1* 基因定位于 1q21-22 区域。在此基础上,国内最先就山羊 *POU1 F1* 基因多态性及其与生产性状的关系开展了大量研究,而国外对此鲜有报道。2007 年,Lan 等^[12-13,32-33]首次报道山羊 *POU1 F1* 基因外显子 6 及其 3'-UTR 区域多态性(*AluI*、*PstI* 和 *DdeI* 位点)对产奶量、产羔数和产绒性状等生产性状的影响。2009 年,Lan 等^[34]对内蒙古白绒山羊群体中 *POU1 F1* 基因上未报道的外显子 1~5 和 5'UTR 区域的遗传变异情况进行了筛选,共发现 12 个 SNP 位点(表 2);进一步分析表明,这些多态位点对产绒量和羊绒纤维长度有显著的影响。2012 年,Feng 等^[7]在 5 个中国本地山羊品种上检测到 6 个突变,包括第 3 外显子 C256T、第 3 内含子 C53T 和 T123G,第 6 外显子 G682T (A228S)、T723G 和 C837T,分析结果初步表明济宁灰山羊 *POU1 F1* 基因 C256T 和 G682T 位点的 T 等位基因与高产羔数之间存在显著关联。最近,Zhu 等^[15]在陕北白绒山羊中检测了 4 个 SNP 位点,其中 c. 682G>T、c. 723T>G 和 c. 837T>C 位于 *POU1 F1* 基因第 6 外显子,均表现为 3 种基因型;而定位于 3'-UTR 区域的 c. 876+110T>C 在该群体中未分型;进一步分析发现,c. 682G>T 和 c. 837T>C 位点与产羔数显著相关($P<0.05$),c. 682G>T、c. 723T>G 和 c. 837T>C 位点对生长性状有显著影响($P<0.05$);双倍型分析表明,不同的双倍型和产羔数及生长性状之间存在强相关性,且具有 H3H7 双倍型

(GTTT—TTTT)的雌性山羊比其他双倍型个体拥有更多的产羔数和更优的生长状况($P<0.05$)。截至目前,关于山羊 *POU1 F1* 基因多态性研究主要集中在内蒙古白绒山羊、济宁灰山羊、贵州白山羊等 15 个中国本地山羊品种,共检测到 25 个 SNP 位点,与绒、肉、奶等 13 种生产性状显著相关(表 2)。

表 1 牛 *POU1 F1* 基因单核苷酸多态性汇总

SNP 位点	突变信息	其他名称	检测品种	性状关联	文献来源
E2	C3674T (Ser57Phe)	TaqI	Fleckvieh 牛、Montbeliarde 牛(中国)	体 重、体 高、腹 围、产奶量	吴慧光等 ^[26]
	南阳牛、秦川牛、郟县红牛、中国荷斯坦牛、鲁西牛、安格斯牛、晋南牛、固原牛		无显著相关	Pan 等 ^[19]	
	Holstein-Friesian 牛(越南)		产奶量	Thuy 等 ^[18]	
	G1178C		中国荷斯坦牛	产奶量、乳蛋白含量、乳脂含量	贾祥捷等 ^[28]
E3	c. 577A>C (Pro76His)		荷斯坦牛 Holstein-Friesian 牛(越南)	生产寿命、产奶量 无显著相关	Huang 等 ^[21] Thuy 等 ^[18]
	POU1 F1 -E6H, G>A	Hinf I	荷斯坦牛	未做相关分析	Woollard 等 ^[16]
Hanwoo 牛(韩国)			背膘厚	Han 等 ^[22]	
Zebuine 牛(印度)			断奶前生长速度	Mukesh 等 ^[20]	
Canchim 牛(巴西)			无显著相关	Grossi 等 ^[23]	
荷斯坦牛			产奶量、重复增殖综合症	Ahmadi 等 ^[24]	
荷斯坦牛			产奶量	Heidari 等 ^[10]	
皮埃蒙特牛			无显著相关	Stasio 等 ^[25]	
新疆褐牛			未做相关分析	陈然等 ^[29]	
南阳牛			初生重、断奶前平均日增重、体重、体高、体斜长、胸围	Xue 等 ^[30]	
固原本地黄牛及其与利木赞牛杂交群体			料肉比、胸深、胸宽、体长	滑留帅等 ^[31]	
A15635G			Hanwoo 牛(韩国)	胴体重、体重、背膘厚	Seong 等 ^[11]
c. 1178G>A			Holstein-Friesian 牛(波兰)	体重、初配年龄、产后休息期、受胎率、产犊后母牛体重、初生重	Pytlewski 等 ^[17]
A15636G			Fleckvieh 牛、Montbeliarde 牛(中国)	体重、腹围	赵静雯等 ^[27]
I5	T727C,	BglII	申扎、类乌奇、斯布、帕里(中国)	无显著相关	宋娜娜等 ^[5]
	T284C,	StuI	申扎、类乌奇、斯布、帕里(中国)	体高、体长	宋娜娜等 ^[5]

注:E 为外显子(exon);I 为内含子(intron)。下同。

表 2 山羊 *POU1 F1* 基因单核苷酸多态性汇总

SNP 位点	突变信息	其他名称	检测品种	性状关联	文献来源
E3	EX3_113G>T (Glu109His)		内蒙古白绒山羊	绒长	Lan 等 ^[34]
	EX3_114G>T (Glu110Ter)		内蒙古白绒山羊	绒长	Lan 等 ^[34]
	C256T		济宁灰山羊、贵州白山羊、辽宁绒山羊、波尔山羊、文登奶山羊	产羔数	Feng 等 ^[7]
E4	EX4-53delA		内蒙古白绒山羊	无显著相关	Lan 等 ^[34]
E5	EX5-14G>A (Glu206Glu)		内蒙古白绒山羊	产绒量	Lan 等 ^[34]
	EX5-34G>A (Arg213Lys)		内蒙古白绒山羊	产绒量	Lan 等 ^[34]
	EX5-59G>A (Arg218Lys)		内蒙古白绒山羊	产绒量	Lan 等 ^[34]
	G682T	A228S	济宁灰山羊、贵州白山羊、辽宁绒山羊、波尔山羊、文登奶山羊	产羔数	Feng 等 ^[7]
			陕北白绒山羊	产羔数、体高、十字部高、体长、管围、胸宽、胸宽指数	Zhu 等 ^[15]
	T723G		济宁灰山羊、贵州白山羊、辽宁绒山羊、波尔山羊、文登奶山羊	无显著相关	Feng 等 ^[7]
			陕北白绒山羊	髌骨宽、躯体指数、胸围指数、管围指数	Zhu 等 ^[15]
	C837T		济宁灰山羊、贵州白山羊、辽宁绒山羊、波尔山羊、文登奶山羊	无显著相关	Feng 等 ^[7]
E6	T58G		黔东南小香羊、贵州黑山羊	胴体重、屠宰率、眼肌面积厚、腰部肌肉厚、瘦肉率	罗卫星等 ^[35]
	T172C		黔东南小香羊、贵州黑山羊	胴体重、屠宰率、眼肌面积、腰部肌肉厚、净肉重、瘦肉率、骨重	罗卫星等 ^[35]
	c. T837C	p. S279S, <i>AluI</i>	内蒙古白绒山羊、西农萨能奶山羊、关中奶山羊、崂山奶山羊、雷州山羊、贵州黑山羊、贵州白山羊、板角山羊、马头山羊	产奶量、初生重	Lan 等 ^[32]
			陕北白绒山羊	产羔数、十字部高、胸围、管围、胸深、胸宽、躯体指数、管围指数	Zhu 等 ^[15]
	c. T723G	p. S241S, <i>DdeI</i>	内蒙古白绒山羊、西农萨能奶山羊、关中奶山羊、崂山奶山羊、雷州山羊、贵州黑山羊、贵州白山羊、板角山羊、马头山羊	产奶量、产羔数、1 岁龄体重	Lan 等 ^[12]
I1	IVS1+10G>T		内蒙古白绒山羊	无显著相关	Lan 等 ^[34]
I3	IVS3+8C>T		内蒙古白绒山羊	绒长	Lan 等 ^[34]
	IVS3+41T>G		内蒙古白绒山羊	绒长	Lan 等 ^[34]
	IVS3+41-42insT		内蒙古白绒山羊	绒长	Lan 等 ^[34]
	IVS3+175T>A		内蒙古白绒山羊	绒长	Lan 等 ^[34]
	C53T		济宁灰山羊、贵州白山羊、辽宁绒山羊、波尔山羊、文登奶山羊	无显著相关	Feng 等 ^[7]
	T123G		济宁灰山羊、贵州白山羊、辽宁绒山羊、波尔山羊、文登奶山羊	无显著相关	Feng 等 ^[7]
I4	C222T		济宁灰山羊、贵州白山羊、辽宁绒山羊、波尔山羊、文登奶山羊	无显著相关	Feng 等 ^[7]
	G685A		贵州黑山羊	未做相关分析	王兴群等 ^[36]
	IVS4+710T>A		内蒙古白绒山羊	产绒量	Lan 等 ^[34]
3'UTR	g. 15953T>C	<i>Pst</i> I	内蒙古白绒山羊	产绒量	Lan 等 ^[13]
			陕北白绒山羊	未做相关分析	Zhu 等 ^[15]

表 3 绵羊 *POU1 F1* 基因单核苷酸多态性汇总

SNP 位点	突变信息	其他名称	检测品种	性状关联	文献来源
E2	EX2_58G>A (Cys58Tyr)		Churra da Terra Quente 绵羊 (葡萄牙)	未做相关分析	Bastos 等 ^[37]
E3	EX3_89G>A (Gly89Asn)		Churra da Terra Quente 绵羊 (葡萄牙)	未做相关分析	Bastos 等 ^[37]
	EX3_105G>A (Ala105Thr)		Churra da Terra Quente 绵羊 (葡萄牙)	未做相关分析	Bastos 等 ^[37]
	g. 739G >A	<i>Aci</i> I	Zel 绵羊、Lori-Bakhtiari 绵羊 (伊朗)	断奶重	Jali-Sarghale 等 ^[39]
E6	g. 185T>C		Sakiz、White Karaman、Awassi 绵羊 (土耳其)	未做相关分析	Ozmen 等 ^[14]
	c. T837C	p. S279S, <i>Alu</i> I	Sakiz、White Karaman、Awassi 绵羊 (土耳其)	产奶量、乳糖含量	Ozmen 等 ^[14]
I4 5'UTR	121C>T		Sarda 绵羊(撒丁岛)	无显著相关	Mura 等 ^[38]
I4	g. 14205G>A		藏羊	体重、体长	赵宪林等 ^[6]
I5	g. 15223G>A		藏羊	体重	赵宪林等 ^[6]
	g. 15286A>G		藏羊	体重、体高	赵宪林等 ^[6]
3'UTR	249G>A		Sarda 绵羊(撒丁岛)	无显著相关	Mura 等 ^[38]
	g. 220G>A		Sakiz、White Karaman、Awassi 绵羊 (土耳其)	未做相关分析	Ozmen 等 ^[14]
	g. 229C>T		Sakiz、White Karaman、Awassi 绵羊 (土耳其)	未做相关分析	Ozmen 等 ^[14]
	g. 248C>T		Sakiz、White Karaman、Awassi 绵羊 (土耳其)	未做相关分析	Ozmen 等 ^[14]
	g. 250A>T		Sakiz、White Karaman、Awassi 绵羊 (土耳其)	未做相关分析	Ozmen 等 ^[14]
	g. 255T>C		Sakiz、White Karaman、Awassi 绵羊 (土耳其)	未做相关分析	Ozmen 等 ^[14]
	g. 258C<T		Sakiz、White Karaman、Awassi 绵羊 (土耳其)	未做相关分析	Ozmen 等 ^[14]

2.3 绵羊 *POU1 F1* 基因遗传变异与经济性状的关联研究

在绵羊上,国内外关于 *POU1 F1* 基因遗传变异的研究工作较少。2006年,Bastos等^[37]首次报道了绵羊 *POU1 F1* 基因的结构,包含6个外显子和5个内含子,长度为5 787 bp;同时发现了葡萄牙本地绵羊 *POU1 F1* 基因第2、3外显子上存在三处错义突变,这些突变可能改变 *POU1F1* 蛋白的结构和活性;同时,在第4内含子上也发现存在一处突变,但未在外显子1、4和6中检测到突变。2017年,赵宪林等^[6]在藏羊 *POU1 F1* 基因第4内含子上检测到1个SNP位点(g. 14205G>A),在第5内含子上检测出2个SNP位点(g. 15223G>A和g. 15286A>G);关联性分析表明,g. 14205G>A位点与藏羊体质量和体长显著相关($P<0.05$),AA基因型个体为优势个体;g. 15223G>A位点与藏羊体质量显著相关($P<0.05$),GG基因型为优势基因型;g. 15286A>G位点与藏羊体质量和体高显著相关($P<0.05$),AA基因型个体为优势个体。从2006年第1篇报道到现在为止,关于绵羊 *POU1 F1* 基因的研究仅对包括Churra da Terra Quente绵羊(葡萄牙)、Zel绵羊(伊朗)、Lori-Bakhtiari绵羊(伊朗)、Sakiz(土耳其)、White Karaman(土耳其)、Awassi绵羊(土耳其)、Sarda绵羊(撒丁岛)、藏羊在内的8个绵羊品种进行了检测,发现了17个SNP位点,其与断奶重、产奶量、乳糖含量、体重、体长、体高等生产性状显著相关(表3)。这些结果表明绵羊 *POU1 F1* 基因上存在较为丰富的多态性,应当大力发掘,以期寻找与绵羊优良生产性状相关的分子标记,为绵羊的选育改良提供基础。

3 其他家畜 *POU1 F1* 基因遗传变异与经济性状的关联研究

鉴于 *POU1 F1* 基因对动物生长发育起着十分重要的作用,除了对牛、山羊、绵羊等反刍动物 *POU1 F1* 基因多态性进行研究以外,在猪、马等家畜及家禽上也开展了大量研究。2011年,宋成义等^[40]在猪 *POU1 F1* 基因的1.5 kb启动子区域发现了5个突变位点,其中5 bp插入/缺失突变A等位基因(128 bp/42 bp)的频率在引入品种猪中最高,在培育品种苏姜猪中处于中等,而在中国地方品种最低;进一步研究发现该突变与猪6月龄的体高、体长、胸围和体重等生长性状显著相关($P<0.05$)。2013年,Yan等^[41]在 *POU1 F1* 基因中检测到1个

SNP位点(NC_006088.2:g. 3109G>A),相关性分析表明该位点的GA基因型个体在16周时体重较大,300日龄时所产生的卵子数较多($P<0.05$)。2017年,于农淇等^[42]发现伊犁马 *POU1 F1* 基因内含子区的SNP(g. 2758G>A)与日均母马产奶量差异不显著($P>0.05$)。2018年,徐珑洋等^[43]在藏鸡、沪宁鸡 *POU1 F1* 基因的外显子2上发现1个多态位点(C/T),其中C等位基因为优势等位基因,而CT基因型是控制沪宁鸡早期生长速度的优势基因型,因此该位点可以作为影响鸡早期生长速度的1个潜在分子标记进行选育。

4 展 望

POU1 F1 基因被认为是神经—内分泌—生长轴的重要成员之一,其通过调控 *TSH*、*PRL*、*GH* 基因表达及垂体细胞的分化,对动物生长发育及繁殖等起重要调节作用。目前,国内外对牛和山羊,以及猪、家禽等家养动物 *POU1 F1* 基因及其对生长发育的影响的相关研究越来越多,但对绵羊和牦牛的关注度有所不足,遗传效应研究较少。综上所述,对反刍动物 *POU1 F1* 基因的深入研究,对畜禽的选育改良具有很重要的理论价值和实际意义。

参考文献:

- [1] Steinfelder H J, Radovick S, Wondisford F E. Hormonal regulation of the thyrotropin beta-subunit gene by phosphorylation of the pituitary-specific transcription factor *Pit-1* [J]. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 1992, 89(13): 5942-5945.
- [2] Scully K M, Rosenfeld M G. Pituitary development: Regulatory codes in mammalian organogenesis [J]. Science, 2002, 295(5563): 2231-2235.
- [3] Li S, Crenshaw E B, Rawson E J, et al. Dwarf locus mutants lacking three pituitary cell types result from mutations in the *POU*-domain gene *PIT-1* [J]. Nature, 1990, 347(6293): 528-533.
- [4] Bas F, Abal Z Y, Toksoy G, et al. Precocious or early puberty in patients with combined pituitary hormone deficiency due to *POU1 F1* gene mutation: Case report and review of possible mechanisms [J]. Hormones (Athens), 2018, 17(4): 581-588.
- [5] 宋娜娜, 柴志欣, 胡丹, 等. 西藏牦牛 *POU1 F1* 基因的多态性及其与生长性状的相关性分析 [J]. 西南农业学报, 2016, 29(12): 2994-3000.
- [6] 赵宪林, 曹少杰, 王若勇, 等. *POU1 F1* 基因多态性与藏羊生长性状的关联性分析 [J]. 西北农林科技大学学报(自然科学版), 2017, 45(9): 25-31.
- [7] Feng T, Chu M X, Cao G L, et al. Polymorphisms of caprine *POU1 F1* gene and their association with litter size in Jining Grey goats [J]. Molecular Biology Reports, 2012, 39(4): 4029-4038.

- [8] Woollard J, Tuggle C K, Ponce de León F A. Rapid communication: Localization of *POU1 F1* to bovine, ovine, and caprine 1q21-22[J]. Journal of Animal Science, 2000, 78(1): 242-243.
- [9] 高岩. 垂体特异性转录因子研究进展[J]. 国际内分泌代谢杂志, 1995, 15(3): 116-120.
- [10] Heidari M, Azari M A, Hasani S, et al. Effect of polymorphic variants of *GH*, *Pit-1*, and *beta-LG* genes on milk production of Holstein cows[J]. Genetika, 2012, 48(4): 417-421.
- [11] Seong J, Oh J D, Cheong I C, et al. Association between polymorphisms of *Myf5* and *POU1 F1* genes with growth and carcass traits in Hanwoo (Korean cattle)[J]. Genes & Genomics, 2011, 33(4): 425-430.
- [12] Lan X Y, Pan C Y, Chen H, et al. *DdeI* polymorphism in coding region of goat *POU1 F1* gene and its association with production traits[J]. Asian Australasian Journal of Animal Sciences, 2007, 20(9): 1342-1348.
- [13] Lan X Y, Shu J H, Chen H, et al. A *PstI* polymorphism at 3' UTR of goat *POU1 F1* gene and its effect on cashmere production[J]. Molecular Biology Reports, 2009, 36(6): 1371-1374.
- [14] Ozmen O, Kul S, Unal E O. Polymorphism of sheep *POU1 F1* gene exon 6 and 3' UTR region and their association with milk production traits[J]. Iranian Journal of Veterinary Research, 2014, 15(4): 331.
- [15] Zhu H J, Zhang Y H, Bai Y Y, et al. Relationship between SNPs of *POU1 F1* gene and litter size and growth traits in Shaanbei White Cashmere goats [J]. Animals, 2019, 9(3): 114.
- [16] Woollard J, Schmitz C B, Freeman A E, et al. *HinfI* polymorphism at the bovine *PIT1* locus[J]. Journal of Animal Science, 1994, 72(12): 3267.
- [17] Pytlewski J, Antkowiak I, Czerniawska-Piatkowska E. Relationship of *PIT-1* gene polymorphism with breeding parameters and body weights of cows and calves[J]. Pakistan Journal of Zoology, 2018, 20(1): 183-187.
- [18] Thuy N T D, Thu N T, Cuong N H, et al. Polymorphism of *PIT-1* and prolactin genes and their effects on milk yield in Holstein Frisian dairy cows breed in Vietnam[J]. Russian Journal of Genetics, 2018, 54(3): 346-352.
- [19] Pan C, Lan X, Chen H, et al. A *TaqI* PCR-RFLP detecting a novel SNP in exon 2 of the bovine *POU1 F1* gene[J]. Biochemical Genetics, 2008, 46(7/8): 424-432.
- [20] Mukesh M, Sodhi M, Sobti R C, et al. Analysis of bovine pituitary specific transcription factor-*HinfI* gene polymorphism in Indian zebuine cattle[J]. Livestock Science, 2008, 113(1): 81-86.
- [21] Huang W, Maltecca C, Khatib H. A proline-to-histidine mutation in *POU1 F1* is associated with production traits in dairy cattle[J]. Animal Genetics, 2008, 39(5): 554-557.
- [22] Han S H, Cho I C, Ko M S, et al. Effects of *POU1 F1* and *GH1* genotypes on carcass traits in Hanwoo cattle[J]. Genes & Genomics, 2010, 32(2): 105-109.
- [23] Grossi D do A, Buzanskas M E, Grupioni N V, et al. Effect of *IGF1*, *GH*, and *PIT1* markers on the genetic parameters of growth and reproduction traits in Canchim cattle[J]. Molecular Biology Reports, 2015, 42(1): 245-251.
- [24] Ahmadi M M, Mirzaei A, Sharifiyazdi H, et al. Pituitary-specific transcription factor 1 (*Pit-1*) polymorphism and its association on milk production and some reproductive performance in Holstein dairy cows[J]. Revue De Medecine Veterinaire, 2015, 166(5/6): 127-131.
- [25] Stasio L D, Sartore S, Albera A. Lack of association of *GH1* and *POU1 F1* gene variants with meat production traits in Piemontese cattle[J]. Animal Genetics, 2015, 33(1): 61-64.
- [26] 吴慧光, 赵静雯, 孙国权, 等. 牛 *POU1 F1* -exon2 多态性与部分线性和乳用性状相关研究[J]. 内蒙古民族大学学报(自然科学版), 2010, 25(5): 530-534.
- [27] 赵静雯, 吴慧光, 孙国权, 等. 牛 *POU1 F1* -exon6 多态性与生长性状的相关性研究[J]. 黑龙江畜牧兽医, 2010(12): 4-6.
- [28] 贾祥捷, 王长法, 杨桂文, 等. 中国荷斯坦牛 *POU1 F1* 基因与 *PRL* 基因的多态性及其聚合效应对产奶性状的影响[J]. 遗传, 2011, 33(12): 1359-1365.
- [29] 陈然, 王传波, 李春明, 等. 新疆褐牛 *POU1 F1* 基因 PCR-RFLP 分析[J]. 新疆畜牧业, 2016(6): 17-20.
- [30] Xue K, Chen H, Wang S, et al. Effect of genetic variations of the *POU1 F1* gene on growth traits of Nanyang cattle[J]. Acta Genetica Sinica, 2006, 33(10): 901-907.
- [31] 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.
- [32] Lan X Y, Pan C Y, Chen H, et al. An *AluI* PCR-RFLP detecting a silent allele at the goat *POU1 F1* locus and its association with production traits[J]. Small Ruminant Research, 2007, 73(1): 8-12.
- [33] Lan X Y, Li M J, Chen H, et al. Analysis of caprine pituitary specific transcription factor-1 gene polymorphism in indigenous Chinese goats[J]. Molecular Biology Reports, 2009, 36(4): 705-709.
- [34] Lan X Y, Pan C Y, Li J Y, et al. Twelve novel SNPs of the goat *POU1 F1* gene and their associations with cashmere traits[J]. Small Ruminant Research, 2009, 85(2/3): 116-121.
- [35] 罗卫星, 蔡惠芬, 王兴群, 等. 山羊垂体转录因子 *POU1 F1* 基因多态性及其与屠宰性状相关性研究[J]. 中国畜牧杂志, 2011, 47(9): 5-9.
- [36] 王兴群, 毛以智, 罗卫星, 等. 贵州黑山羊 *POU1 F1* 基因第 4 内含子的多态性分析[J]. 贵州农业科学, 2014, 42(7): 124-126.
- [37] Bastos E, Santos I, Parmentier I, et al. Ovisaries *POU1 F1* gene: Cloning, characterization and polymorphism analysis[J]. Genetica (Dordrecht), 2006, 126(3): 303-314.
- [38] Mura M C, Daga C, Paludo M, et al. Analysis of polymorphism within *POU1 F1* gene in relation to milk production traits in dairy Sarda sheep breed[J]. Molecular Biology Reports, 2012, 39(6): 6975-6979.

(下转第 64 页)

- (7);25.
- [9] Ertürk Y E. Description of factors influencing final fattening weight in domestic beef cattle breeds through mars algorithm [J]. Pakistan Journal of Zoology, 2018, 50(5):1731-1737.
- [10] Koknaroglu H, Loy D D, Wilson D E, et al. Factors affecting beef cattle performance and profitability[J]. The Professional Animal Scientist, 2005, 4(21):286-296.

Factors Affecting Fattening Effect of Beef Cattle and Improvement Measures

WANG Tao, WANG Jian-jun, LI Wang-ping, ZHAO Yong-zhong*

(Wuwei Animal Husbandry and Veterinary Science Research Institute, Wuwei, Gansu 733000)

Abstract: The article described the principle of fattening beef cattle and the factors affecting the fattening effect of beef cattle. On this basis, it analyzed the effective methods to improve the fattening effect of beef cattle.

Key words: beef cattle fattening principle; influencing factors; improvement method

(上接第 48 页)

- [39] Jalil-Sarghale A, Shahrabak M M, Sharbak H M, et al. Association of pituitary specific transcription factor-1 (*POU1 F1*) gene polymorphism with growth and biometric traits and blood metabolites in Iranian Zel and Lori-Bakhtiari sheep [J]. Molecular Biology Reports, 2014, 41 (9): 5787-5792.
- [40] 宋成义, 赵芹, 高波, 等. 猪 *POU1 F1* 基因启动子区多态分析及其与生长性状的关联[J]. 中国农业科学, 2011, 44(24): 5067-5072.
- [41] Yan L J, Fang X T, Liu Y, et al. Effects of single and combined genotypes of *MC4 R* and *POU1 F1* genes on two production traits in Langshan chicken[J]. Molecular Biology Reports, 2013, 40(7):4645-4650.
- [42] 于农淇, 高源, 蓝贤勇, 等. 伊犁马 *PRL*、*POU1 F1* 基因多态性及其与产奶量的关联分析[J]. 家畜生态学报, 2017, 38(4): 15-18, 24.

Research Progress on the Association Between Polymorphisms of *POU1 F1* Gene and Economic Traits in Ruminant

YANG Han, ZHANG Yang-hai, PAN Chuan-ying, LEI Chu-zhao, CHEN Hong, LAN Xian-yong*

(College of Animal Science and Technology, Northwest A&F University, Yangling, Shaanxi 712100)

Abstract: Pituitary specific transcription factor (*POU1F1*) is an important transcriptional factor that specifically expressed in the anterior pituitary of animals. It has crucial biological functions and plays a significant role in the regulation of growth, development and reproduction of livestock. In this paper, the structural characteristics and functions of *POU1 F1* gene of ruminant, the recent studies of polymorphisms and their relationships with economic traits in ruminant are discussed, which provides ideas and research directions for ruminant breeding.

Key words: ruminant; *POU1 F1*; genetic variations; economic traits; research progress