

郟县红牛遗传育种研究进展

王李辉

(平顶山市动物疫病预防控制中心, 河南 平顶山 467000)

摘 要:为了研究郟县红牛遗传育种研究进展, 本文梳理了夏洛来牛、南德温牛、利木赞牛、红安格斯牛、丹麦红牛改良郟县红牛的研究进展, 对郟县红牛基因多态性与生长性状的关系和基因遗传变异与生长性状的关系进行了梳理, 结果表明: 红安格斯牛可以提高郟县红牛的肉用性能和优质牛肉肉块重量, 夏洛来牛改良郟县红牛可以提高牛肉品质; *ZAG* 基因、*IGF2* 基因、*DGAT2* 基因、*CLPG* 基因、*AQP7* 基因可以作为生长性状辅助选择的基因, *POU1F1* 基因第 6 外显子被 *Hinf I* 酶切后表现多态性, *BB* 基因型个体可以作为生长性状辅助选择的基因, *SREBP-1c* 基因内含子 7 区域 84 bp 缺失位点可以作为生长性状辅助选择的位点。

关键词: 郟县红牛; 遗传育种; 改良; 基因

中图分类号: S823

文献标识码: A

文章编号: 1001-9111(2019)04-0050-03

郟县红牛, 主要产自郟县、宝丰县、鲁山县、汝州市等县市区, 是中国著名黄牛品种之一。毛色有紫红色、红色、浅红色 3 种, 其中主要是红色。体格高大, 肌肉丰满, 结构匀称, 后躯发育良好, 具有适应性强等优良特点。

1 郟县红牛杂交改良进展

1.1 夏洛来牛改良郟县红牛

杨华龙等^[1]用夏洛来牛改良郟县红牛, F1 公牛初生重提高 34.8%, 体高相对增长率 4.79%, 体长相对增长率 3.74%, 胸围相对增长率 6.36%, 管围相对增长率 20.03%; 6 月龄体重提高 19.39%, 体高相对增长率 4.03%, 体长相对增长率 6.22%, 胸围相对增长率 9.95%, 管围相对增长率 1.53%; 12 月龄体重提高 17.37%, 体高相对增长率 2.35%, 体长相对增长率 2.11%, 胸围相对增长率 6.61%, 管围相对增长率 6.64%。F1 母牛初生重提高 32.7%, 体高相对增长率 5.32%, 体长相对增长率 4.54%, 胸围相对增长率 11.75%, 管围相对增长率 22.19%; 6 月龄体重提高 18.98%, 体高相对增长率 2.24%, 体长相对增长率 4.91%, 胸围相对增长率 7.26%, 管围相对增长率 8.69%; 12 月龄体重提高 13.19%, 体高相对增长率 4.46%, 体长相对增长率 3.61%, 胸围相对增长率 11.31%, 管围相对增长率 5.22%。经过 90 d 的育肥屠宰试验, F1 公牛屠宰率

提高 2.96%, 净肉率提高 2.82%, 眼肌面积提高 14.4%。

1.2 南德温牛改良郟县红牛

周太彬等^[2]用南德温牛改良郟县红牛, F1 公牛、母牛体重、体高、体长、胸围、管围显著高于郟县红牛, F1 公牛屠宰率 59.96%, 净肉率 51.62%, 眼肌面积为 98.02 cm²。

1.3 利木赞牛改良郟县红牛

杨华龙等^[3]用利木赞牛改良郟县红牛, F1 公牛初生重提高 30.87%, 体高相对增长率 4.9%, 体长相对增长率 4.08%, 胸围相对增长率 7.81%, 管围相对增长率 22.16%; 6 月龄体重提高 15.33%, 体高相对增长率 4.28%, 体长相对增长率 6.58%, 胸围相对增长率 10.08%, 管围相对增长率 3.46%; 12 月龄体重提高 17.12%, 体高相对增长率 2.44%, 体长相对增长率 2.17%, 胸围相对增长率 6.67%, 管围相对增长率 4.36%。

1.4 红安格斯牛改良郟县红牛

马桂变^[4]用红安格斯牛改良郟县红牛, 以本品种选育为主, 适当导入外血 (1/2 ~ 1/4) 的选育方向, 结果表明, F1 公牛初生重 31.65 kg, 比郟县红牛初生重提高了 13.09 kg, 6 月龄体重提高了 13.52 kg, 12 月龄体重提高了 46.92 kg。6 月龄体高、体长、胸围、管围分别提高了 5.91 cm, 5.93 cm, 12.75 cm, 1.37 cm, 12 月龄体高、体长、胸围、管围分别提

收稿日期: 2019-04-03 修回日期: 2019-04-23

作者简介: 王李辉 (1970—), 男, 河南禹州人, 高级兽医师, 主要从事畜牧兽医技术推广工作。E-mail: shuzeng666@163.com

高了 2.93 cm, 2.54 cm, 13.21 cm, 2.07 cm。F1 母牛初生重 29.03 kg, 比郟县红牛初生重提高了 10.65 kg, 6 月龄体重提高了 20.48 kg, 12 月龄体重提高了 6.9 kg。6 月龄体高、体长、胸围、管围分别提高了 1.73 cm, 5.45 cm, 15.67 cm, 0.81 cm, 12 月龄体高、体长、胸围、管围分别提高了 13.49 cm, 3.84 cm, 21.14 cm, 1.78 cm。

1.5 丹麦红牛改良郟县红牛

肖玉春等^[5]用丹麦红牛改良郟县红牛, 为了改善肉用性能, 坚持以本品种选育为主, 适当导入外血 (1/2 ~ 1/4) 的选育方向, 结果表明, F1 公牛初生重比郟县红牛初生重提高了 13.09 kg, 6 月龄体重提高了 13.52 kg, 12 月龄体重提高了 46.92 kg。F1 母牛初生重比郟县红牛初生重提高了 10.65 kg, 6 月龄体重提高了 20.48 kg, 12 月龄体重提高了 6.9 kg。6 月龄和 12 月龄体高、体长、胸围、管围都有不同程度的提高。

2 郟县红牛基因研究进展

2.1 基因多态性与生长性状的关系

郭义昆等^[6]对郟县红牛 *ZAG* 基因进行研究, 指出 *ZAG* 基因编码区 4 个位点中, 3 个位点存在 SSCP 多态。对基因片段进行测序分析, 发现 6 个 SNP 多态位点。*Z3* 位点处于平衡状态, *Z1*、*Z4* 位点处于非平衡状态。通过相关性分析显示, *Z4* 位点上, AC 基因型个体的体重、体斜长、胸围指标显著大于 AB、AA 基因型个体, *Z4* 位点可能作为生长性状标记的位点。

毛海霞等^[7]利用 PCR-SSCP 技术对郟县红牛 *IGF2* 基因进行研究, 指出 *IGF2* 基因第 2 外显子存在多态性, 表现为 3 种不同基因型 AA、AB、BB。通过生长性状关联分析表明, 不同的基因型个体对体重和胸围有显著影响, AB 基因型个体大于 AA 基因型个体和 BB 基因型个体。表明了 *IGF2* 基因能作为生长性状选择的基因。

毛海霞等^[8]利用 PCR-RFLP 技术对郟县红牛 *DGAT2* 基因进行多态性研究, 指出 *DGAT2* 基因第 6 内含子被酶切后表现多态性, AB 基因型对选择有正相关关系。

陈付英等^[9]利用 PCR-SSCP 技术对郟县红牛 *CLPG* 基因的 SNP 进行研究, 发现了 3 种基因型, 分别为 AA、AB、AC。测序结果表明 AC 型在第 150 处发生突变, AB 型在第 419 处发生突变, 分析了基因型与生长性状之间的关系, AA、AC 基因型个体在体重、体斜长指标上优于 AB 基因型个体, AA 基因型个体在管围指标上优于 AB 基因型个体。

张婧敏等^[10]对郟县红牛 *AQP7* 基因内含子 4 的遗传多态性与生长性状的关系进行分析, 发现 *AQP7* 基因内含子 4 有 3 个等位基因, 分别为 A、B、C。BC 基因型是提高生长性状的有利基因型, *AQP7* 基因可以作为生长性状辅助选择的基因。

2.2 基因遗传变异与生长性状的关系

邱国宇等^[11]对郟县红牛 *POU1F1* 基因第 6 外显子 *Hinf* I、*Alu* I、*Pst* I 酶切位点多态性进行研究, 用 PCR-RFLP 技术检测基因座多态性, 分析遗传变异与生长性状之间的关系, 表明 *POU1F1* 基因第 6 外显子被 *Hinf* I 酶切后表现多态性, *POU1F1* 基因第 6 外显子 *Alu* I、*Pst* I 基因座未检测到多态性。BB 基因型个体体斜长显著高于 AB 和 AA 基因型个体, 因此 BB 基因型个体可以作为生长性状辅助选择的基因。黄永震等^[12]对郟县红牛 *SREBP-1c* 基因内含子 7 区域 84 bp 缺失的遗传多样性进行研究, 通过琼脂糖凝胶电泳和 DNA 检测技术发现该区域缺失突变的多态性, 该位点有 2 种基因型, 分别为 WW 型和 WD 型。WD 基因型个体在 18 月龄、24 月龄体重、体斜长、胸围显著高于 WW 基因型个体, 因此认为 WD 基因型是郟县红牛的有利基因型, *SREBP-1c* 基因内含子 7 区域 84 bp 缺失位点可以作为生长性状辅助选择的位点, 有较大的研究价值。

2.3 全基因组关联分析

陈付英等^[13]通过分析郟县红牛生长性状遗传基础, 筛选候选基因, 提高肉用性能。通过全基因组分析, 筛选出了 3 个 SNP 位点, 每个 SNP 周围 1 Mb 区域内筛选相关基因, 进行数据库分析, 发现 6 月龄体高性状的候选基因 *C6orf106* 在 rs210024569 位点上, 18 月龄体高性状的候选基因 *LOC100337124* 在 rs449748996 位点上。

3 讨论

3.1 不同引进品种改良郟县红牛效果分析

郟县红牛是我国著名的地方黄牛品种, 为了体高肉用性能, 不同时期引入了丹麦红牛、南德温牛、夏洛来牛、利木赞牛、红安格斯牛进行杂交改良, 随着杂交改良的推广, 产肉率、胴体重等肉用性能显著体高。张花菊等^[14]对郟县红牛与不同品种肉牛杂交后代肉用性能进行分析, 结果表明, 红安格斯牛与郟县红牛杂交公牛优质牛肉率高于夏洛来牛与郟县红牛杂交公牛, 在牛肉品质方面, 红安格斯牛与郟县红牛杂交一代公牛的肌苷酸含量最高, 甘氨酸、丙氨酸、谷氨酸等含量较高。结果证明, 采用红安格斯牛可以提高郟县红牛的肉用性能和优质牛肉肉块重量, 夏洛来牛改良郟县红牛可以提高牛肉品质。

3.2 不同基因型对生长性状的影响

ZAG 基因编码区 5 个 SNP 导致 5 个氨基酸的突变,氨基酸的突变可能对郟县红牛的生长发育性状产生影响。*Z4* 位点 AC 基因型的大部分指标较大,C 基因是有利基因,可以通过人工选择增加基因型频率,*Z4* 位点是对生长性状选择的一个重要位点。

IGF2 基因第 2 外显子检测到 AA、AB、BB 3 种基因型,基因位点处于非平衡状态。

DGAT2 基因在甘油三酯的合成和 mRNA 剪接、转录中起着重要作用。

发现 *CLPG* 基因有 3 个等位基因,等位基因 A 没有发生碱基突变,等位基因 B 和等位基因 C 发生了碱基突变,3 个等位基因中,A 为优势基因,B 和 C 的基因频率较低,表明郟县红牛的多态信息含量低,可能与保种区保种方法有关,说明品种遗传度高。

AQP7 基因在牛的进化过程中是一个高度保守的基因,在牛的进化进程中起着十分重要的作用。赵锐峰^[15-16]等分析了 *AQP7* 基因的第 2 和第 3 外显子的遗传多态性,发现了 *AQP7* 基因的第 2 和第 3 外显子 PCR-SSCP 多态,*AQP7* 基因第 3 外显子存在着碱基 G→C 突变,导致精氨酸→苏氨酸的改变,*AQP7* 基因第 2 外显子存在着碱基 A→G 突变,导致天冬氨酸→丝氨酸的改变。

参考文献:

- [1] 杨华龙,叶慧欣,郭志刚,等.夏洛来肉牛改良郟县红牛效果初报[J].黄牛杂志,2002,28(2):19-20.
- [2] 周太彬,王红娜,王亚平,等.南德温肉牛改良郟县红牛试验效果[J].黄牛杂志,2005,31(6):18-19.
- [3] 杨华龙,叶慧欣,肖玉春,等.利木赞肉牛改良宝丰郟县红牛试验研究[J].黄牛杂志,2002,28(4):8-10.
- [4] 马桂变.红安格斯牛改良郟县红牛的试验效果[J].中国牛业科学,2013,39(1):15-17.
- [5] 肖玉春,叶慧欣,杨华龙,等.丹麦红牛改良郟县红牛效果分析[J].黄牛杂志,2000,26(6):51-52.
- [6] 郭义昆,陈宏,张宝,等.郟县红牛 *ZAG* 基因多态性与生长性状的相关性[J].遗传,2008,30(11):1417-1420.
- [7] 毛海霞,陈宏,张春雷,等.郟县红牛 *IGF2* 基因多态性与生长性状关系研究[J].中国牛业科学,2008,34(2):1-4.
- [8] 毛海霞,陈宏,陈付英,等.郟县红牛 *DGAT2* 基因多态性与生长性状的相关性分析[J].遗传,2008,30(3):329-332.
- [9] 陈付英,陈宏,雷初朝,等.郟县红牛 *CLPG* 基因的 SNP 及对生长发育性状的影响[J].畜牧兽医学报,2007,38(12):1290-1293.
- [10] 张婧敏,房兴堂.*AQP7* 基因内含子 4 多态性与郟县红牛生长性状的关联分析[J].中国畜牧兽医,2015,42(8):2137-2143.
- [11] 邱国宇,陈宏,潘传英,等.郟县红牛 *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性状的关系[J].西北农林科技大学学报(自然科学版),2009,37(5):43-48.
- [12] 黄永震,王巨强,马桂变,等.郟县红牛 *SREBP-1c* 基因 84 bp 缺失突变的检测及其对 6 个生长性状的影响[J].畜牧兽医学报,2010,41(10):1225-1231.
- [13] 陈付英,陈宏,雷初朝,等.郟县红牛 *CLPG* 基因的 SNP 及对生长发育性状的影响[J].畜牧兽医学报,2007,38(12):1290-1293.
- [14] 张花菊,徐亚铂,王琳琳,等.郟县红牛与不同品种肉牛杂交后代肉用性能比较研究[J].中国畜牧兽医,2017,4(12):3482-3490.
- [15] 赵锐峰,刘继丰,赵志辉,等.*AQP7* 基因第 2 外显子的单核苷酸多态性与牛精液品质的相关分析[J].中国草食动物,2009,29(4):3-6.
- [16] 刘继丰,戴立胜,赵志辉,等.牛 *AQP7* 基因第 3 外显子的单核苷酸多态性与精液品质的相关分析[J].中国兽医学报,2009,29(10):1344-1351.

Recent Progress in Genetic Breeding of Jiaxian Red Cattle

WANG Li-hui

(Animal Disease Control and Prevention Centry, Pingdingshan, He'nan 467000)

Abstract: To illustrate the recent progress in genetic breeding of Jiaxian red cattle, the author summarized the relationship of gene polymorphism with growth traits, as well as the genetic variation with growth trait. Related data suggested that crossbreeding with Rad Angus could improve the meat quality and the weight of good cuts; crossbreeding with Charlotte cattle could enhance the beef quality. The author also exhibited that several genes such as *ZAG*, *IGF2*, *DCAT2*, *CLPG*, and *AQP7* were candidates for assistant breeding of growth traits. The sixth exon of *POU1F1* showed polymorphism of *Hinf* I enzyme digestion, and the gene type BB could serve as gene for assistant breeding of growth traits. On the other hand, 84 bp deletion inside the seventh intron of *SREBP-1c* might have the same potential for that purpose.

Key words: Jiaxian red cattle; genetic breeding; improvement; gene