



郟县红牛的分子育种研究与高效选育

陈 宏, 黄永震, 雷初朝

(西北农林科技大学动物科技学院, 陕西 杨凌 712100)

摘 要: 本文围绕郟县红牛肉用性状的高效选育, 分析了郟县红牛种质资源特性与现状, 综述了郟县红牛分子育种研究进展与成就, 在此基础上, 提出了郟县红牛高效选育的实施和措施。首先必须坚持进行郟县红牛的本品种选育, 其次是利用已取得的在分子育种方面的研究成果, 开展高效选育。在选育和扩群的基础上提出了郟县红牛遗传利用的原则和方法。

关键词: 郟县红牛, 分子育种, 高效选育, 杂交利用

中图分类号: S823

文献标识码: A

文章编号: 1001-9111(2021)05-0001-04

郟县红牛是我国著名的役肉兼用型地方优良黄牛品种之一, 其毛色多呈红色, 故而得名。主产于河南省平顶山市的郟县、宝丰、鲁山三县, 汝州市、禹州市、襄城县等毗邻的十余个县(市、区)亦有分布。当地农民采用放牧与舍饲相结合的饲养方式, 经过长期的培育, 形成了现在的郟县红牛。1983 年被列入河南优良畜禽品种志, 2006 年被列入农业部《国家级畜禽遗传资源保护名录》。

1 郟县红牛种质资源特性与现状

郟县红牛被毛细短, 富有光泽, 分紫红、红、浅红三种毛色。具有体格较大, 体躯较长, 体质结实, 结构匀称, 肌肉发达, 骨骼粗壮, 后躯发育良好, 肌肉丰满, 耐粗饲, 抗病力强, 遗传性能稳定, 与其他黄牛品种相比, 体躯长度发育较好, 后躯肌肉丰满, 肉质鲜嫩, 大理石纹状明显, 成牛公牛体高为 139.20 cm, 体重为 538.20 kg; 成牛母牛体高为 128.90 cm, 体重为 450.0 kg。郟县红牛阉牛肥育后平均屠宰率为 57.57%, 净肉率 44.82%。向肉用品种方向选育潜力较大, 是发展肉牛产业和培育优良肉牛品种不可多得的宝贵资源, 具有重大的保种价值。

然而, 郟县红牛生长速度慢, 某些屠宰性状相对国外肉牛品种偏低等缺点, 不适应生产和当今市场需要。加之近年来为了促进了郟县红牛的发展, 提高产肉量和经济效益, 引入了多个国外品种进行了

无序的杂交, 虽然杂交牛增大了体格, 经济效益得到一定的提高, 但其遗传基础已发生改变, 一些杂种牛的毛色也发生了改变, 造成郟县红牛优良基因的丢失, 不利于郟县红牛品种的保护和长期发展。同时, 无序杂交造成纯种郟县红牛群体数量聚减, 严重影响郟县红牛产业的可持续发展。所以, 必须寻找郟县红牛自身优势, 挖掘自身潜力, 将保种与开发利用相结合。

目前, 中国地方黄牛品种的肉质已经得到广大消费者的认可, 价格也出现了一定的、明显的优势, 具有很好的市场前景。所以保持郟县红牛现有优良的肉品质, 同时要提高生长速度、扩大群体规模, 已成为肉牛育种工作者和广大肉牛饲养者的共同任务。

2 郟县红牛分子育种研究

动物选育的基础是群体内的遗传变异, 一般分子水平的遗传变异主要来自于群体内的遗传多态性, 主要包括 SNP、InDel 和 CNV 等。分子育种包括基于分子标记的标记辅助选择(marker-assisted selection, MAS)育种、全基因组选择育种及基因编辑育种等。在郟县红牛上从本世纪初年就开始了分子标记辅助选择的基础研究工作, 取得了许多有价值的成果。在全基因组选择方面的研究工作也刚刚开始。而基因编辑育种在郟县红牛上尚未开展研究。

收稿日期: 2021-08-07 修回日期: 2021-08-15

基金项目: 本项目由财政部与农业部——国家现代农业产业技术体系(CARS-37); 河南省省级现代农业产业园(豫农计划 2019-38); 河南省肉牛产业体系(S2013-08)资助完成。

作者简介: 陈宏(1955—), 男, 教授, 博导, 主要从事动物遗传育种与繁殖研究。

2.1 郟县红牛分子标记辅助选择研究

分子标记辅助选择育种的概念最早是 1990 年 Lande 等提出的, MAS 是指由于某些易识别的 DNA 标记与某一数量性状基因座存在相关性或连锁关系, 故可将它们作为遗传标记, 对数量性状进行间接选择的一种选种方法。郟县红牛分子标记辅助选择研究已有近 20 年的历史。涉及的性状主要是郟县红牛的体格大小和生长性状。先后利用候选基因法和微卫星位点研究了 120 多个候选功能基因的遗传多态性, 并与体尺、体重、日增重等性状进行了关联分析。这些基因包括 *DGAT2*、*PROP1*、*MYF-5*、*Ghrelin*、*ND5*、*NPY*、*H-FABP*、*GHRH*、*GHR*、*MyoD1*、*GH-SR*、*PTHRP*、*GHRHR*、*ADIPOQ*、*LEPR*、*ZAG*、*FABGL*、*ANGPTL4*、*RXRG*、*AMAC1*、*ACAA1*、*ACAA2*、*ACAD8*、*ACADM*、*POU1F1*、*CLPG*、*DLK1*、*TG*、*MEF2A*、*SIX3*、*SIX6*、*NPM1*、*SREBP1c*、*MC3R*、*PRDM16*、*KLF4*、*KLF5*、*KLF7*、*KLF11*、*KLF15*、*AGRP*、*POMC*、*CART*、*MC4R*、*HTR1B*、*HCRTR1*、*Orexin*、*GLI3*、*Hesx1*、*Pitx2*、*Weaver*、*LHX4*、*LMF1*、*Visfatin*、*RBP4*、*Gli2*、*BMP7*、*LHX3*、*PAX6*、*CCK*、*MGAT1*、*MGAT2*、*MGAT3*、*ATGL*、*PAX7*、*SH2B*、*Chemerin*、*AdPLA*、*VEGF*、*Flt-1*、*PON1*、*PON2*、*GH*、*Leptin*、*DGAT1*、*IGF2*、*MEF*、*IGF1*、*DRB3*、*GDF8*、*CAST*、*FGF21*、*NRIP1*、*ANGPTL6*、*TMEM18*、*VDR*、*Myf-6*、*MSTN*、*IGFBP3*、*mtDNA*、*16S rRNA*、*MYOG*、*MRF4*、*FTO*、*LEPR*、*ZAG*、*PRKAA2*、*PRKAB1*、 κ -*cn*、 β -*Ig*、*CSN1S2*、*Nramp1*、*Cxcr1*、*STAT5A*、*BoLA-DRB3*、*BoLA-DQB*、*DCN*、*SDC1*、*FSHR*、*PRL*、*PRLR*、*ABCG2*、*TLR4*、*Lf*、*Fgf2*、*GHR*、*STAT5A*、*UTMP*、*POU1F1* 和 *OPN* 等。从这些功能基因中筛选到 537 个 SNP, 从 31 个微卫星位点中发现了 19 个存在遗传多态, 这些工作揭示了郟县红牛具有丰富的遗传多样性和独特的基因资源。其中发现的 12 个微卫星位点, 73 个候选功能基因的 240 个 SNP 与郟县红牛的生长、产肉性状存在关联, 可用于郟县红牛肉用性状分子育种标记的辅助选择。其中 50 个可提高肉牛体重、24 个可提高肉牛日增重、41 个提高肉牛体尺指标、11 个可以提高肉牛肉质性状的基因标记。

2.2 郟县红牛的比较基因组学研究

黄牛品种间的亲缘关系和起源进化研究进展最快, 研究方法已从形态、细胞、生化等特征转到细胞核 DNA 和细胞质线粒体 DNA 序列特征的分析。线粒体 DNA D-loop 的多态性研究发现郟县红牛有普通牛与瘤牛两大起源。对 mtDNA Cyt b 基因的测序分析, 也证实郟县红牛有普通牛与瘤牛的混合类型。通过 Y 染色体微卫星位点的 SNP 位点也证实

了普通牛和瘤牛两种起源。所以郟县红牛与北方黄牛和南方黄牛都有较大差异, 与南阳牛的关系也比较远。这些特征为郟县红牛的选育和杂交改良及合理利用提供了重要的理论基础。

2.3 郟县红牛肉牛的全基因组选择

通过 DNA 标记辅助选择技术有一定的局限性, 它仅能检测一部分遗传变异。由于多个物种的测序完成和 SNP 芯片的出现, 一种新的选择方法“全基因组选择育种”应运而生。全基因组选择简单来讲就是全基因组范围内的标记辅助选择。这种方法的具体思想是利用覆盖整个基因组的标记(主要指 SNP 标记)将染色体分成若干个片段, 即每相邻的两个标记就是一个染色体片段, 然后通过标记基因型结合表型性状以及系谱信息分别估计每个染色体片段的效应, 最后利用个体所携带的标记信息对其未知的表型信息进行预测, 即将个体携带的各染色体片段的效应累加起来, 进而估计基因组育种值并进行选择。全基因组选择主要利用的是连锁不平衡信息, 即假设每个标记与其相邻的 QTL 处于连锁不平衡状态, 因而利用标记估计的染色体片段效应在不同世代中是相同的。由此可见, 标记的密度必须足够高, 以确保控制目标性状的所有的 QTL 与标记处于连锁不平衡状态。这种方法选择的准确性高。目前, 郟县红牛全基因组测序及 SNP 图谱已经完成, 这为全基因组选择提供了大量的标记, 使全基因组选择方法的应用将成为可能。

3 郟县红牛高效选育的实施

3.1 郟县红牛持续的本品种选育

郟县红牛肉质细嫩、抗逆性强, 耐粗饲, 易饲养等优秀的种质特性, 决定了郟县红牛仍然是肉牛产业化发展的基础。依据目前郟县红牛群体规模小、数量少、泌乳力低、生长慢、与国外肉牛品种相比后驱发育欠佳, 同时在郟县红牛群体中, 经过多年的肉用选育已有 20% ~ 30% 个体已具有很好的肉用体型, 决定了郟县红牛必须坚持本品种选育的方向。在品种内按照育种目标, 实行选种选配, 以提高牛群的整齐度和肉用性能。这样既可以保持和发展郟县红牛的优良特性, 保持品种纯度, 解决了保种的问题, 又可克服该品种生长慢的缺点, 增加品种内优良个体的比重, 提高生产性能和整个品种的质量。本品种选育的基本原则是 (1) 明确选育目标, 始终不渝。选育目标制约着选育效果, 目标一旦确定就应始终不渝。(2) 正确处理一致性和异质性问题。品系内应具有高度的一致性, 但可根据需要建立不同的品系, 品系间可以具备异质性。(3) 在保证一定

数量的基础上,以提高质量为主。

3.2 郟县红牛的分子标记辅助选育

传统的育种方法周期长,效率低,况且肉牛的许多经济性状属多基因控制的数量性状,常规的育种手段很难取得突破性的进展。MAS 不仅弥补了传统育种中选择技术效率低的缺点,而且提高了准确性。使我们获得高的生长速度的同时,保持原来品种的优良肉品质量。因而在肉牛的遗传改良中具有广阔的应用前景。要利用已有在郟县红牛分子标记研究的成果,创建分子标记检测和选育的技术平台,建立分子育种与常规育种相结合的肉牛高效选育方法体系,利用已研发的肉牛产肉性状基因诊断试剂盒,在郟县红牛主产区可以广泛应用,培育生长快、产肉率高、抗性强的郟县肉牛新种质资源(品系或品种),提高其社会、经济和生态效益显著。

4 郟县红牛高效选育的措施

1)加强领导,建立选育机构 这是保证选育成功的组织措施。建立协作组,对郟县红牛品种进行主要性能特征、优缺点、数量与分布等调查研究,确定选育方向,明确选育目标,制订选育计划。

2)建立良种繁育体系 形成生产群—繁育群—核心群的育种体系,在核心群要加强种公牛的重点选育。

3)健全性能测定制度 不进行性能测定就不知道选育效果,性能测定不完善就不能充分说明选育成功与否。因此,建立健全性能测定制度是进行品种选育的重要环节。尤其是严格控制只有经性能测定的公牛方可用于配种。

4)严格选种选配 在性能测定的基础上,制定科学的选种选配规划。

5)科学饲养与合理培育 科学的饲养和合理的培育是育种工作的主要环境因素。良种需要良育。良好的环境条件可以使肉用性状等到充分的发育,为选种提供了保证。

6)开展品系繁育 由于品系繁育选择的主要性状目标集中,能够快速提高遗传进展。所以根据郟县红牛的实际状况,比如开展“快长系”或生产高档牛肉的“优质系”;也可根据体尺特点,建立“体长系”和“体高系”,然后进行系间杂交,快速提高产肉性能。

7)适当导入外血 为了提高郟县红牛的生长速度,也可以考虑导入 1/8 ~ 1/4 的外血。导入品种的毛色应与郟县红牛的毛色一致或相似。比如红安格斯、利木赞、德国黄牛等。

5 郟县红牛的遗传利用

在郟县红牛高效选育提高的基础上,进一步加强种用价值的研究,不断加强郟县红牛的推广、示范和利用,这对于郟县红牛产业发展非常重要。为了更好地进行郟县红牛的遗传利用,首先必须考虑两个问题:(1)分区管理,综合开发。确定郟县红牛的保种区和非保种区,在保种区内采用本品种选育,纯种繁育,原则是保持优秀品质,保持毛色不变。(2)杂交利用,提高效益。在靠近保种区可以利用红安格斯、利木赞、德国黄牛等毛色较为一致的品种进行杂交,在较远的非保种区可以开展杂交利用,加强与各优良肉牛品种杂交效果的测定和推广,发挥和利用其杂交优势,有计划的组织商品生产,提高经济效益。但从目前看,由于郟县红牛群体数量还较少,其主要任务还应是以纯繁扩群选育为主。

参考文献:

- [1] 陈付英,陈宏,王新庄,等. 郟县红牛 *CLPG* 基因 PCR-SSCP 研究[J]. *Animal Biotechnology Bulletin*, 2006, 10(1): 412-414.
- [2] 陈付英,陈宏,雷初朝,等. 郟县红牛 *CLPG* 基因多态性及对部分发育性状的影响[J]. *畜牧兽医学报*, 2007, 38(12): 1 290-1 293.
- [3] 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]. *遗传*, 2008, 30(3): 329-332.
- [4] 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): 1 417-1 420.
- [5] 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.
- [6] 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发育的关系[J]. *西北农林科技大学学报(自然科学版)*, 2009, 37(5): 44-48.
- [7] 黄永震,王居强,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): 1 225-1 231.
- [8] 马伟,马云,刘栋,等. 郟县红牛跨膜蛋白 18 基因 (*TMEM18*) SNPs 检测及其与生长性状的关联分析[J]. *农业生物技术学报*, 2013, 21(2): 173-178.
- [9] 滑留帅,马桂变,王居强,等. 郟县红牛体尺测定与改良选育[J]. *中国牛业科学*, 2013, 39(3): 1-4.
- [10] 淮永涛,王居强,蓝贤勇,等. 郟县红牛脑垂体转录调控因子 *SIX6* 基因 3' UTR 区的 SNPs 分析[C]//. 中国畜牧兽医学会动物遗传育种学会. 中国动物遗传育种研究进展——第十五次全国动物遗传育种学术讨论会论文集. 陕西杨凌: 中国畜牧兽医学会, 2009.
- [11] 庞永红,张春雷,邵斯曼,等. 郟县红牛 *VEGF-A* 基因内含子 2 多态性及其与生长发育相关性研究[J]. *Animal Biotechnology Bulletin*, 2010, 12(1): 126.
- [12] 钱丽娜,张春雷,房兴堂,等. 郟县红牛 *ADD1* 基因多态性及其与生长性状关联分析[C]//. 中国农业生物技术学会, 中

- 国农业大学. 21 世纪前沿生物技术——第五次全国动物生物技术学术研讨会, 北京: 中国农业生物技术学会, 2010; 10, 17-21.
- [13] 陈付英. 南阳黄牛和郟县红牛遗传多态性及其与生长性状相关研究[D]. 陕西杨凌: 西北农林科技大学硕士学位论文, 2007; 6.
- [14] 毛海霞. 郟县红牛 DGAT2、IGF2 基因多态性及其与生长性状的相关性研究[D]. 陕西杨凌: 西北农林科技大学硕士学位论文, 2008; 12.
- [15] 邱国宇. 3 个黄牛品种 POU1F1 和 LPL 基因多态及其与生长发育性状的关系研究[D]. 陕西杨凌: 西北农林科技大学硕士学位论文, 2008; 12.
- [16] JIAJIE SUN, LIMIN SHAN, CHUNLEI ZHANG et al. Haplotype combination of the bovine PCSK1 gene sequence variants and association with growth traits in Jiaxian cattle[J]. J. Genet. 2014(93):123-129.
- [17] MOU WANG, H YU, H CHEN, et al. Juqiang Wang. Novel 35-bp insertion in visfatin gene in Chinese cattle. Molecular Biology, 2009, 43(4):557-561.
- [18] XINSHENG LAI, XIANYONG LAN, HONG CHEN, et al. A novel SNP of the Hex1 gene in bovine and its associations with growth traits. Molecular Biology Reports, 2009, 36: 1 677-1 681.
- [19] QIN ZHANG, HONG CHEN, SHENG ZHAO, et al. Single Nucleotide Polymorphisms and Haplotypic Diversity in the Bovine PRKAB1 Gene. Mol Biotechnol, 2009(43):193-199.
- [20] G REN, H CHEN *, L Z ZHANG, et al. A coding SNP of LHX4 gene is associated with body weight and body length in bovine[J]. Molecular Biology Reports, 2010, 37(1):417-422.
- [21] QIN ZHANG, HONG CHEN, SHENG ZHAO, et al. Polymorphisms in the promoter region of bovine PRKAB1 gene[J]. Molecular Biology Reports, 2010, 37(1):435-440.
- [22] F LI, H CHEN, C Z LEI, et al. Novel SNPs of the bovine GAD1/gad67 gene and their association with growth traits in three native Chinese cattle breeds[J]. Molecular Biology Reports, 2010, 37(1):501-505.
- [23] F LI, H CHEN *, C Z LEI, et al. Novel SNPs of the bovine NUCB2 gene and their association with growth traits in three native Chinese cattle breeds[J]. Molecular Biology Reports, 2010, 37(1):541-546.
- [24] J WANG, Z J LI, X Y LAN, et al. Two novel SNPs in the coding region of the bovine PRDM16 gene and its associations with growth traits[J]. Molecular Biology Reports, 2010, 37(1):571-577.
- [25] X CAI, H CHEN *, C. LEI. Matrilineal genetic inter-introgression of Bos taurus and Bos indicus in China[J]. Livestock Science, 2010, 128:12-19.
- [26] Y-Z HUANG, E-P ZHANG, H CHEN *, et al. Novel 12-bp deletion in the coding region of the bovine NPM1 gene affects growth traits[J]. J Appl Genet, 2010, 51(2):199-202.
- [27] FUYING CHEN, HONG CHEN, JUQIANG WANG, et al. MEF2A Gene Polymorphisms are Associations with growth traits in Chinese Indigenus Cattle Breeds. Journal of animal and veterinary advances, 2010, 9(4):814-819.
- [28] YONGZHEN HUANG, ENPING ZHANG, HONG CHEN, et al. Two Novel Coding Snps Of Srebp1 Gene Are Associated With Body Weight And Average Daily Gain In Bovine[J]. Animal Biotechnology, 2010, 21:170-178.
- [29] C Z LEI, C M ZHANG, S. WEINING, M. G. et al. Genetic diversity of mitochondrial cytochrome b gene in Chinese native buffalo[J]. Animal Genetics, 2011, 42, 432-436.
- [30] F Y CHEN, H NIU J Q WANG, et al. Polymorphism of DLK1 and CLPG gene and their association with phenotypic traits in Chinese cattle[J]. Molecular Biology Reports, 2011, 38(1):243-248.
- [31] YONG-ZHEN HUANG, EN-PING ZHANG, JING WANG, et al. A large indel mutation of the bovine ADD1/SREBP1c gene and its effects on growth traits in some native cattle breeds from China[J]. Molecular Biology Reports, 2011, 38(3):2 037-2 042.
- [32] J X LIU, G REN, H CHEN, et al. Five novel SNPs of the bovine LHX4 gene and their association with growth traits in native Chinese cattle breeds[J]. Animal Science Papers and Reports, 2011, 29(1):19-28.

Molecular Breeding Research and Efficient Breeding of Jiaxian Red Cattle

CHEN Hong, HUANG Yong-zheng, LEI Chu-zhao

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

Abstract: This article focused on the efficient selection and breeding of Jiaxian Red Beef traits, analyzed the characteristics and current status of Jiaxian Red cattle germplasm resources, reviews the progress and achievements in molecular breeding of Jiaxian Red cattle, and proposes Jiaxian Red cattle on this basis. Implementation and measures of efficient breeding. First of all, we must insist on the selection and breeding of this breed of Jiaxian Red cattle. Secondly, we must use the research results obtained in molecular breeding to develop high-efficiency breeding. On the basis of breeding and expansion, the principles and methods of genetic utilization of Jiaxian Red cattle were put forward.

Key words: Jiaxian Red cattle, molecular breeding, high-efficiency breeding, hybrid utilization