

DOI: 10.12101/j.issn.1004-390X(n).201801022

IGFs 和 MSTN 基因表达量与种猪生长性状的相关性研究*

张 斌^{1,2,3#}, 相德才^{1,2,3#}, 赵智勇^{1,2,3}, 吴国权^{1,2,3}, 刘韶娜^{1,2,3},
胡清泉^{1,2,3}, 陈吉红^{1,2,3}, 韩 敏^{1,2,3}, 常雅洁^{1,2,3}, 杨仁灿^{1,2,3}, 赵彦光^{1,2,3**}
(1. 云南省畜牧兽医科学院, 云南 昆明 650224; 2. 云南省种猪性能测定站, 云南 昆明 650224;
3. 云南省种猪质量检验检测中心, 云南 昆明 650224)

摘要:【目的】探寻简洁、高效的种猪分子育种方法, 检测和分析胰岛素样生长因子基因 (*IGF-1*、*IGF-2*) 和肌生成抑制素基因 (*MSTN*) 在大约克公猪、杜洛克公猪和长白公猪耳组织中的相对表达量。【方法】采用荧光定量 PCR 技术对目的基因在种猪耳组织中的相对表达量进行检测, 并运用 SPSS 软件进行表达量数据分析及其与种猪生长性状的相关性分析。【结果】大约克公猪中 *IGF-1* 基因与 *MSTN* 基因表达量均显著高于 *IGF-2* 基因表达量 ($P<0.05$), 杜洛克公猪中 *IGF-1* 基因与 *IGF-2* 基因表达量存在显著相关 ($P<0.05$), 长白公猪中目的基因表达量两两之间存在显著差异 ($P<0.05$); *IGF-1* 基因和 *MSTN* 基因在长白猪中相对表达量显著高于大约克猪 ($P<0.05$); *IGF-1* 基因在长白公猪耳组织表达量与生长性状 (饲料利用率、总耗料、日耗料和生长指数) 存在显著相关 ($P<0.05$), *MSTN* 基因在耳组织表达量与大约克公猪 (体长、胸围、胸深、日增重、总耗料、日耗料和生长指数)、杜洛克公猪 (体长、半腿臀围)、长白公猪 (生长指数) 生长性状呈显著相关 ($P<0.05$), 联合分析显示目的基因在不同猪种耳组织中表达量与其生长性状均显著相关 ($P<0.05$)。【结论】*IGF-1*、*IGF-2* 和 *MSTN* 基因可能在猪生长性状的形成过程中具有协同调控作用, 为种猪分子育种提供了理论基础。
关键词: 胰岛素样生长因子-1; 胰岛素样生长因子-2; 肌生成抑制素; 荧光定量 PCR; 公猪; 生长性状
中图分类号: S 828.2 **文献标识码:** A **文章编号:** 1004–390X (2019) 02–0263–08

Correlation Analysis on Expression of IGFs and MSTN Genes and Growth Traits in Breeding Pigs

ZHANG Bin^{1,2,3}, XIANG Decai^{1,2,3}, ZHAO Zhiyong^{1,2,3}, WU Guoquan^{1,2,3}, LIU Shaona^{1,2,3},
HU Qingquan^{1,2,3}, CHEN Jihong^{1,2,3}, HAN Min^{1,2,3}, CHANG Yajie^{1,2,3},
YANG Rencan^{1,2,3}, ZHAO Yanguang^{1,2,3}

(1. Yunnan Animal Science and Veterinary Institute, Kunming 650224, China;
2. Yunnan Breeding Pig Performance Test Station, Kunming 650224, China;
3. Yunnan Breeding Pig Quality Inspection and Test Center, Kunming 650224, China)

Abstract: [Purpose] The objective of this study was to detect and analyze the relative expression

收稿日期: 2018-01-09 修回日期: 2018-03-22 网络出版时间: 2019-01-19

*基金项目: 云南省重点研发项目 (2018BB003); 云南省省级财政项目 (20151105562255); 云南省应用基础研究计划项目 (2017FD055)。

作者简介: #对本文贡献等同, 为并列第一作者。张斌 (1989—), 男, 山西运城人, 硕士, 助理研究员, 主要从事动物遗传育种与分子遗传学研究。E-mail: binzhang89@163.com; 相德才 (1985—), 男, 黑龙江双鸭山人, 硕士, 助理研究员, 主要从事动物遗传育种与分子遗传学研究。E-mail: 215992464@qq.com

**通信作者 Corresponding author: 赵彦光 (1973—), 男, 甘肃庆阳人, 硕士, 副研究员, 主要从事种猪选育与动物营养研究。E-mail: zyg740612@163.com

网络出版地址: [http://dx.doi.org/10.12101/j.issn.1004-390X\(n\).201801022](http://dx.doi.org/10.12101/j.issn.1004-390X(n).201801022)

of insulin-like growth factors (*IGFs*) gene (*IGF-1* and *IGF-2*) and myostatin (*MSTN*) gene in York boars, Duroc boars and Landrace boars, in order to explore a simple and efficient molecular breeding method for breeding pigs. [Method] The relative expression of target gene was detected by qPCR, the SPSS software was used to analyze the expression data and the correlation between the target gene and the growth traits of pigs. [Result] *IGF-1* gene and *MSTN* gene expression were significantly higher than that of *IGF-2* gene in the ear tissue of York boars ($P<0.05$). There was a significant correlation between *IGF-1* gene expression and *IGF-2* gene expression in the ear tissue of Duroc boars ($P<0.05$). Significant differences were found among the expression of the three target genes in the ear tissue of Landrace boars. The relative expression of *IGF-1* gene and *MSTN* gene in the ear tissue of Landrace boars was significantly higher than that of York boars ($P<0.05$). The expression of *IGF-1* gene was significantly correlated with growth traits (feed utilization, total consumption, daily feed intake and growth index) in Landrace boars ($P<0.05$). The expression of *MSTN* gene in the ear tissue was significantly correlated with the growth characters of York boars (body length, chest circumference, chest depth, daily gain, total feed consumption, daily feed intake and growth index), Duroc boars (body length, half leg hip circumference) and Landrace boars (growth index) ($P<0.05$). Combined analysis showed that there was a significant correlation between the expression of target genes in different pig ear tissues and growth traits ($P<0.05$). [Conclusion] These results revealed that the target genes might have a synergistic effect on the formation of growth traits in pigs, which provides a theoretical basis for molecular breeding of pigs.

Keywords: *IGF-1*; *IGF-2*; *MSTN*; qPCR; boar; growth traits

生长性状是猪的重要经济性状, 直接影响着养猪业的经济效益, 是猪选育育种中的主要参考性状之一。动物的生长发育不仅受营养供给、气候、环境等一系列外界条件的影响, 自身条件(如遗传基因)也起重要作用^[1]。胰岛素样生长因子(insulin-like growth factors, *IGFs*)(包括 *IGF-1* 和 *IGF-2*) 在机体生长发育过程中能够调节蛋白质、糖和脂肪的合成与分解、肌肉生长、细胞增殖与分化, 因此在动物正常的生理活动中起重要的作用^[2-3]。肌生成抑制素(myostatin, *MSTN*)能够抑制骨骼肌生长, 控制肌肉量的增长^[4]。因此, *IGF-1*、*IGF-2* 和 *MSTN* 基因可能是影响猪生长发育的候选基因。目前关于 *IGF-1*、*IGF-2* 和 *MSTN* 基因的研究多数集中在单基因方面, 对多基因联合分析研究较少。本研究为探寻简洁、高效的种猪分子育种方法, 以大约克公猪、长白公猪和杜洛克公猪为研究对象, 采用实时荧光定量 PCR 技术, 联合分析生长发育相关基因(*IGF-1*、*IGF-2* 和 *MSTN*) 在猪耳组织中的相对表达量及其与生长性状的关联, 研究结果将有助于进一步开展种猪的分子筛选和分子辅助育种。

1 材料与方法

1.1 材料

本研究选用的大约克公猪(38头)、长白公猪(36头)和杜洛克公猪(54头)均是参照《种猪生产性能测定规程》(NY 822—2004)标准, 在 70 d 龄内保育结束后, 由云南省 5 家种猪生产企业集中送到云南省种猪性能测定站统一饲养。根据美国 NRC 2012 版生长猪营养需要设计日料配方(粗蛋白 16%、消化能 3.40 MC/kg、猪可消化赖氨酸 0.98%、钙 0.66% 和总磷 0.56%), 并委托云南神农农业产业集团股份有限公司进行加工。预饲 10 d 后进行生长性能测定, 用 ACEMO64 种猪全自动采食系统记录每头猪每天的采食量, 达 100 kg 体重后, 采集耳组织立即置于装有 RNA Save 液体的离心管中, -70°C 保存。同时测定体重(kg)、体高(cm)、体长(cm)、胸围(cm)、胸深(cm)、胸宽(cm)、腹围(cm)、腿臀围(cm)、管围(cm)和背膘厚(mm)等体尺指标, 并统计总耗料(kg)、日耗料(kg)、日增重(g)、饲料利用率(%)和生长指数等生长指标(表 1)。

表 1 3 个猪种体尺指标和生长指标的测定结果
Tab. 1 The measurement results of pig body size indexes and growth indexes

生长性状 growth traits	大约克 York	杜洛克 Duroc	长白 Landrace
体高/cm body height	64.54±3.81	67.60±3.24	65.08±2.87
体长/cm body lenght	104.50±9.29	104.80±6.96	110.69±6.45
胸围/cm chest measurement	100.83±7.78	106.70±5.06	104.23±5.49
胸深/cm chest depth	33.75±2.61	35.70±1.57	35.46±1.66
胸宽/cm chest breadth	31.17±2.63	32.90±2.33	33.08±2.29
腹围/cm abdomen circumference	109.21±7.68	113.70±6.06	111.77±5.02
半腿臀围/cm half leg hip circumference	55.58±5.14	57.50±2.59	56.31±3.90
管围/cm circumference of cannon bone	18.88±1.42	20.40±1.78	19.23±1.17
饲料利用率/% efficiency of feed utilization	2.39±0.26	3.04±0.69	3.28±0.80
日增重/g daily gain	698.34±136.66	662.80±161.96	591.04±160.78
总耗料/kg total material consumption	149.66±31.65	133.38±75.92	153.84±60.73
日耗料/kg daily material consumption	1.72±0.36	1.92±0.37	1.98±0.28
背膘厚/mm backfat thickness	10.43±2.08	11.06±1.48	12.22±2.55
体重/kg body weight	95.34±18.28	100.52±16.53	107.02±14.74
生长指数 growth index	107.55±40.31	123.21±36.98	95.31±57.73

1.2 引物设计

以 *GAPDH* 作为内参基因, 根据 GenBank 提供的猪 *GAPDH* mRNA (NM_001206359.1)、*IGF-1* mRNA(M31175.1)、*IGF-2* mRNA(NM_213883.2) 和 *MSTN* mRNA (NM_214435.2) 序列, 用 Primer Premier 5.0 与 Oligo 6.0 软件设计引物序列 (表 2)。

1.3 总 RNA 的提取和反转录

使用天根生化科技 (北京) 有限公司的 TRNzol-A⁺提取耳组织总 RNA。采用超微量核酸蛋白分析仪 (英国柏点, 柏偶 BioDrop Duo) 检测 RNA 质量浓度 (400 ng/μL 左右) 和纯度 (OD₂₆₀/OD₂₈₀=1.8~2.0)。使用天根公司的 FastQuant cDNA 第 1 链合成试剂盒反转录合成 cDNA。

1.4 荧光定量 PCR 体系及条件

扩增系总体积为 20 μL, 包含 10 μL 2×Super-Real PreMix Plus, 0.4 μL 50×ROX Reference DyeΔ, 0.6 μL (10 μmol/L) 上、下游引物, cDNA 1 μL (约 100 ng), ddH₂O 补至 20 μL。每个样品设置 3 个重复, 并设定阴性对照。反应条件为 94 ℃ 预变性 30 s; 94 ℃ 变性 3 s, 60 ℃ 退火 30 s, 72 ℃ 延伸 20 s, 40 个循环, 并绘制熔解曲线。

1.5 数据统计分析

采用 Excel 统计目的基因与内参基因的 C_t 值, 利用 SPSS.19 统计软件中的 ANOVA 程序分析目的基因的相对表达量, 试验数据采用“mean ± SD”表示。采用 Pearson 法进行目的基因相对表达

表 2 猪内参基因与 3 个候选基因引物序列
Tab. 2 The primer sequence of the reference gene and the target gene in porcine

基因 gene	引物序列 (5'→3') primer sequences	碱基数量 base number	扩增长度/bp amplified length
<i>GAPDH</i>	F: CATGTTTGTGATGGGCGTGA	20	249
	R: CCGGTAGAAGCAGGGATGAT	20	
<i>IGF-1</i>	F: GCACATCACATCCTCTTCGC	20	236
	R: TCAGATCACAGCTCCGGAAG	20	
<i>IGF-2</i>	F: TTGTCGTAATTCTGCGGTGC	20	201
	R: GTTGTGGTTTGGATGCCCT	20	
<i>MSTN</i>	F: CTTGACATGAACCCAGGCAC	20	170
	R: TTCAGCCCATCTTCTCCTGG	20	

量与生长性状的相关性分析,以 $P<0.05$ 作为显著性标准。

2 结果与分析

2.1 目的基因与内参基因的扩增曲线及熔解曲线

本研究采用超微量核酸蛋白分析仪对提取的猪总 RNA 进行检测,结果显示:所有样品 RNA 质量浓度均在 $400\text{ ng}/\mu\text{L}$ 左右, $\text{OD}_{260}/\text{OD}_{280}$ 均在 1.8~2.0 之间,提示提取的所有猪样品的 RNA 质量浓度与完整性均达到后续试验要求。每个样品设置 3 个重复,以猪 RNA 反转录产物作为模板进行荧光定量 PCR 反应,从图 1 可以分析出:目的基因与内参基因的扩增效率及样品重复性都很好,说明本研究产生的 C_t 值可信度高,可用于统计学分析。PCR 扩增结束后绘制熔解曲线,分析图 2 得出:目的基因和内参基因的熔解曲线都是单一峰值的曲线,没有其他杂峰,说明扩增产物单一,没有引物二聚体等非特异性产物,为本研究所需的特异性产物。

2.2 目的基因在猪种中的表达变化

本研究以 *IGF-1* 基因在耳标号为 507 的大约克公猪的耳组织中的平均 C_t 值为对照,计算不同

猪种中 3 个目的基因的相对表达量差异。由图 3 可知:*IGF-1* 与 *MSTN* 基因在大约克公猪耳组织中的表达量均显著高于 *IGF-2* 基因的表达量 ($P<0.05$),而这 2 个基因在大约克公猪耳组织中表达量无显著性 ($P>0.05$);*IGF-1* 与 *IGF-2* 基因在杜洛克公猪耳组织中的表达量存在差异 ($P<0.05$),这 2 个基因与 *MSTN* 基因在杜洛克公猪耳组织中表达量无显著性 ($P>0.05$);*IGF-1*、*IGF-2* 与 *MSTN* 基因在长白公猪耳组织中的表达量两两之间存在显著差异 ($P<0.05$),并且目的基因在不同猪种中相对表达量均呈 *IGF-1*>*MSTN*>*IGF-2*。

本研究以 3 个目的基因在耳标号为 507 的大约克猪的耳组织中的平均 C_t 值为对照,计算目的基因在不同猪种中的相对表达量差异。由图 4 可知:*IGF-1* 基因和 *MSTN* 基因在不同猪种间的相对表达量呈长白猪>杜洛克猪>大约克猪,且这 2 个目的基因在长白猪中的相对表达量显著高于大约克猪 ($P<0.05$);而 *IGF-2* 基因在不同猪种间的相对表达量不存在显著性差异 ($P>0.05$)。

2.3 目的基因与猪生长性状的相关性分析

单个目的基因在耳组织中的相对表达量与大约克公猪、杜洛克公猪和长白公猪各生长性状的

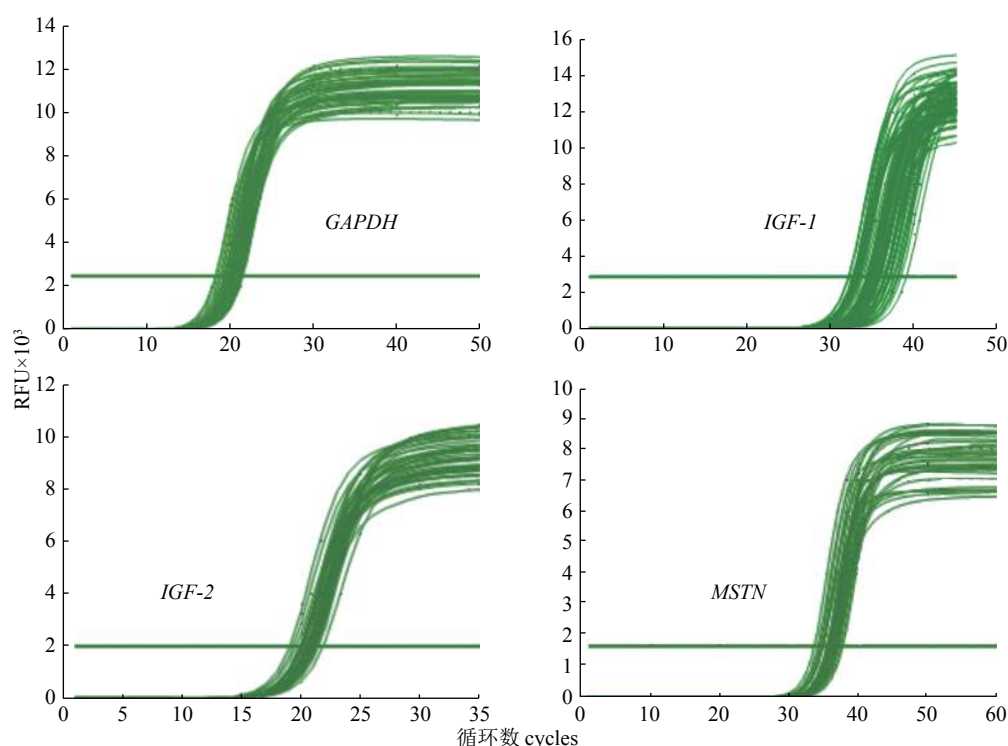


图 1 目的基因和内参基因的扩增曲线

Fig. 1 The amplification curve of the target gene and the reference gene

相关性分析见表 3。由表 3 可知: *IGF-1* 基因在长白公猪耳组织的表达量与饲料利用率、总耗料、日耗料和生长指数存在显著相关 ($P<0.05$), 在大约克公猪和杜洛克公猪中的表达量与生长性状无关联性 ($P>0.05$); *IGF-2* 基因在大约克公猪、杜洛克公猪和长白公猪耳组织中的表达量与生长性状不存在相关性 ($P>0.05$); *MSTN* 基因在大约克公猪耳组织的表达量与体长、胸围、胸深、日增重、总耗料、日耗料和生长指数等生长

性状均呈显著相关 ($P<0.05$), 在杜洛克公猪耳组织中的表达量与体长、半腿臀围呈显著相关 ($P<0.05$), 在长白公猪耳组织中的表达量与生长指数呈显著相关 ($P<0.05$)。本研究联合分析 *IGF-1*、*IGF-2* 和 *MSTN* 基因与大约克公猪、杜洛克公猪和长白公猪生长性状的相关性, 结果显示这 3 个基因在大约克公猪耳组织中的表达与体高、腹围、总耗料、日耗料和背膘厚等生长性状呈显著相关 ($P<0.05$), 在杜洛克公猪耳组织中的表达与

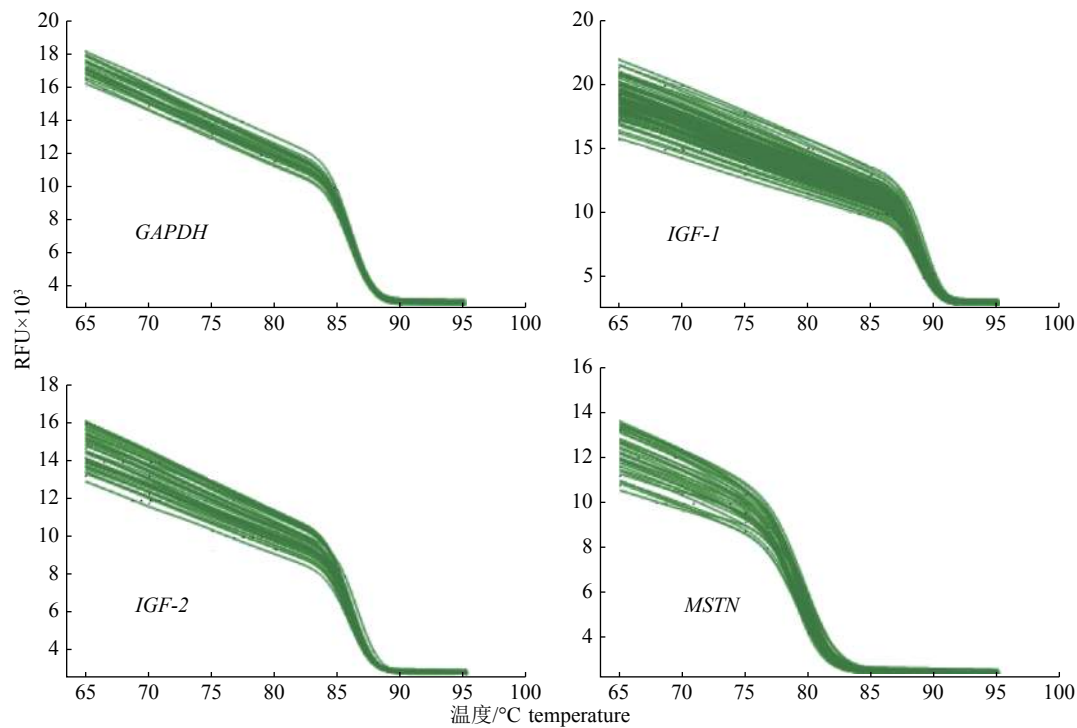
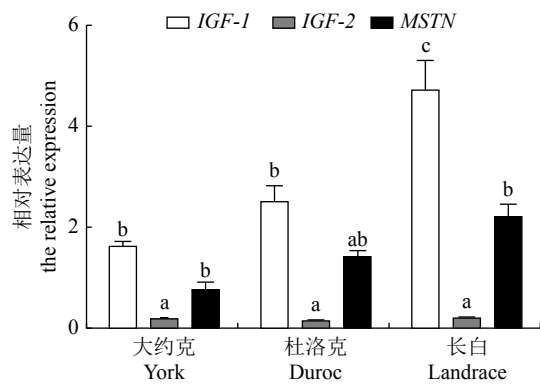


图 2 目的基因和内参基因的熔解曲线

Fig. 2 The melt curve of the target genes and the reference gene



注: 上标字母不同者表示差异显著 ($P<0.05$); 下同。
Note: The difference of superscript letters was significant ($P<0.05$); the same as below.

图 3 目的基因的表达量差异

Fig. 3 The relative expression difference of the target genes

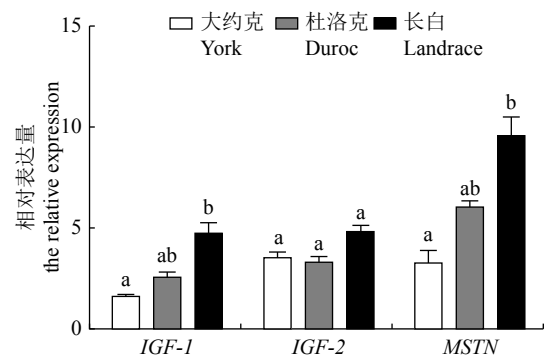


图 4 目的基因在不同猪种中的表达量差异比较

Fig. 4 The comparison of the target genes expression in different pig breeds

表 3 猪 *IGF-1*、*IGF-2* 和 *MSTN* 基因在耳组织中的表达与生长性状的相关性分析

Tab. 3 The correlation between the expression of target genes in the ear tissue and the growth traits

参数 parameter	<i>IGF-1</i>			<i>IGF-2</i>			<i>MSTN</i>			<i>IGF-1</i> 、 <i>IGF-2</i> & <i>MSTN</i>		
	大约克 York	杜洛克 Duroc	长白 Landrace	大约克 York	杜洛克 Duroc	长白 Landrace	大约克 York	杜洛克 Duroc	长白 Landrace	大约克 York	杜洛克 Duroc	长白 Landrace
体高/cm body height	0.657	0.615	0.950	0.982	0.896	0.594	0.475	0.256	0.281	0.049*	0.031*	0.053
体长/cm body lenght	0.740	0.667	0.863	0.831	0.876	0.745	0.036*	0.011*	0.648	0.052	0.089	0.037*
胸围/cm chest measurement	0.744	0.725	0.949	0.703	0.347	0.802	0.035*	0.567	0.555	0.094	0.096	0.082
胸深/cm chest depth	0.763	0.825	0.523	0.614	0.701	0.431	0.034*	0.276	0.224	0.058	0.006*	0.025*
胸宽/cm chest breadth	0.743	0.287	0.675	0.762	0.624	0.351	0.425	0.410	0.270	0.087	0.120	0.179
腹围/cm abdomen circumference	0.777	0.623	0.880	0.816	0.896	0.997	0.166	0.190	0.841	0.037*	0.007*	0.019*
半腿臀围/cm half leg hip circumference	0.260	0.417	0.933	0.804	0.959	0.848	0.207	0.017*	0.475	0.107	0.311	0.151
管围/cm circumference of cannon bone	0.569	0.311	0.524	0.501	0.617	0.681	0.283	0.628	0.842	0.360	0.126	0.752
饲料利用率/% efficiency of feed utilization	0.806	0.683	0.047*	0.871	0.640	0.438	0.311	0.428	0.206	0.963	0.197	0.372
日增重/g daily gain	0.562	0.138	0.382	0.771	0.771	0.938	0.026*	0.953	0.485	0.084	0.096	0.130
总耗料/kg total material consumption	0.344	0.311	0.034*	0.870	0.540	0.190	0.039*	0.997	0.370	0.01*	0.027*	0.012*
日耗料/kg daily material consumption	0.344	0.311	0.034*	0.870	0.540	0.190	0.039*	0.997	0.370	0.01*	0.027*	0.012*
背膘厚/mm backfat thickness	0.973	0.806	0.210	0.386	0.574	0.445	0.238	0.364	0.686	0.016*	0.04*	0.003*
体重/kg body weight	0.890	0.798	0.944	0.790	0.812	0.709	0.351	0.219	0.478	0.326	0.876	0.513
生长指数 growth index	0.808	0.220	0.048*	0.881	0.650	0.078	0.025*	0.995	0.024*	0.073	0.005*	0.026*

注：“*”表示显著相关。
Note: Signifies significant correlation.

体高、胸深、腹围、总耗料、日耗料、背膘厚和生长指数等生长性状呈显著相关 ($P<0.05$)，在长白公猪耳组织中的表达与体长、胸深、腹围、总耗料、日耗料、背膘厚和生长指数等生长性状呈显著相关 ($P<0.05$)，除此之外与其他性状不存在相关性 ($P>0.05$)。

3 讨论

研究表明：*IGFs* 主要在肝脏中产生，分泌到机体的循环系统与靶组织细胞表面特异性受体结合调控动物机体生长发育^[5-7]。*IGF-1* 的作用与胰岛素类似，能够促进动物的生长发育及繁殖^[8]，其表达产物对猪肌肉的生长有重要的调控作用。丁艳等^[9]研究了撒坝猪 *IGF-1* 基因与生长性状的关系，发现该基因与 180 d 体重、70 d~120 d 日增重显著相关 ($P<0.05$)，与体长、提高、胸围、腹围和腿围等体尺显著相关 ($P<0.05$)，与管围无相关性 ($P>0.05$)。王效京等^[10]对山西白猪 *IGF-*

1 基因的研究发现：该基因与山西白猪群体的初生重、断奶重、6 月龄体重、体高、体长、胸围、背膘厚等生长性状的形成显著相关。本研究为探寻简洁、高效的种猪分子育种方法，分析了 *IGF-1* 基因在大约克公猪、杜洛克公猪和长白公猪等耳组织中的相关表达量及其与生长性状的关联，结果显示：*IGF-1* 基因在不同猪种间的表达量呈长白猪>杜洛克猪>大约克猪，且其在长白猪中的相对表达量显著高于大约克猪 ($P<0.05$)；该基因仅在长白公猪中的表达与生长性状(饲料利用率、总耗料、日耗料和生长指数)存在相关性 ($P<0.05$)，而在其他 2 个猪种中的表达与生长性状无关联 ($P>0.05$)，与丁艳等^[9]和王效京等^[10]的结果不一致，可能是该基因对不同猪种及遗传背景不同的猪群的同一类性状的影响有所不同，即存在种群特异性。

遗传学研究显示：小鼠胚胎父本 *IGF-2* 基因表达功能丧失能够导致子代小鼠出生时体重减

轻^[7], 表明该基因属父本印记基因, 并在对人的相关研究上都得到了证实^[11]。刘鑫等^[12]对猪的 *IGF-2* 基因进行了研究, 结果显示该基因与杜洛克猪、长白猪的活体背膘厚和生长性能指数存在相关性 ($P<0.05$), 与长白猪的生长性能指数差异显著 ($P<0.05$)。KNOLL 等^[13]的研究发现 *IGF-2* 基因与猪的生长指数和背膘厚等生长性状相关。而本研究的结果显示 *IGF-2* 基因在不同猪种间的表达量不存在显著差异 ($P>0.05$), 且其不同猪种耳组织中的表达对猪生长性状的形成无影响 ($P>0.05$), 这与上述已有研究的结果不一致, 可能是多态性与表达量差异所致。

MSTN 基因属转化生长因子 β (*TGF- β*) 超家族成员之一, 它可以抑制动物机体骨骼肌的生长, 其产物呈现骨骼肌生长的负调控因子活性, 敲除小鼠和双肌牛的 *MSTN* 基因会导致其机体产生更多的肌肉^[4, 14], 因此推断该基因可能是控制猪骨骼肌生长发育的功能基因之一, 与猪的生长性状有关^[15-16]。通过对猪 *MSTN* 基因的 5'调控区多态性研究发现: 该基因 T $\rightarrow$ A 突变与猪后期平均日增重几乎达到显著水平 ($P=0.052\ 2$), 且携带杂合子的猪具有较高的后期平均日增重^[17], 发育性表达研究表明该基因的表达与猪的生长速度有关^[18]。本研究结果显示: 该基因在不同猪种间的表达量呈长白猪>杜洛克猪>大约克猪, 且其在长白猪中的相对表达量显著高于大约克猪 ($P<0.05$), 说明该基因存在一定的种群特异性; 该基因在大约克公猪耳组织中的表达与体长、胸围、胸深、日增重、总耗料、日耗料和生长指数等生长性状均显著相关 ($P<0.05$), 在杜洛克公猪耳组织中的表达量与体长、半腿臀围显著相关 ($P<0.05$), 在长白公猪耳组织中的表达量与生长指数显著相关 ($P<0.05$), 与前人结果基本一致。

本研究结果显示: 3 个目的基因在同一猪种耳组织中的表达存在差异 ($P<0.05$), 单个目的基因在不同猪种耳组织中的表达量也存在差异 ($P<0.05$), 因此同时分析了 *IGFs* 与 *MSTN* 在耳组织中的表达与不同猪种生长性状的相关性, 发现其与大约克公猪 (体高、腹围、总耗料、日耗料和背膘厚)、杜洛克公猪 (体高、胸深、腹围、总耗料、日耗料、背膘厚和生长指数)、长白公猪 (体长、胸深、腹围、总耗料、日耗料、背膘厚和生长指数) 的生长性状均显著相关, 推断猪生长

性状的形成可能受 *IGF-1*、*IGF-2* 和 *MSTN* 基因共同调控。

[参考文献]

- BAKER J, WALLSCHLAGER D. The role of Phosphorus in the metabolism of arsenate by a freshwater green alga, *Chlorella vulgaris*[J]. *Journal of Environmental Sciences*, 2016, 49(11): 169. DOI: [10.1016/j.jes.2016.10.002](https://doi.org/10.1016/j.jes.2016.10.002).
- HAO C F, LI X F, YAO W. Role of insulin-like growth factor II receptor in transdifferentiation of free silica-induced primary rat lung fibroblasts[J]. *Biomedical and Environmental Sciences*, 2013, 26(12): 979. DOI: [10.3967/bes2013.033](https://doi.org/10.3967/bes2013.033).
- EL TAYEBI H M, ABDELAZIZ A I. Epigenetic regulation of insulin-like growth factor axis in hepatocellular carcinoma[J]. *World Journal of Gastroenterology*, 2016, 22(9): 2668. DOI: [10.3748/wjg.v22.i9.2668](https://doi.org/10.3748/wjg.v22.i9.2668).
- SURYAWAN A, DAVIS T A. Regulation of protein degradation pathways by amino acids and insulin in skeletal muscle of neonatal pigs[J]. *Journal of Animal Science and Biotechnology*, 2014, 5(3): 10. DOI: [10.1186/2049-1891-5-8](https://doi.org/10.1186/2049-1891-5-8).
- SHENG K, FU G L, XING Y, et al. Changes of insulin-like growth factor-II and insulin-like growth factor binding protein-3 in cerebrospinal fluid of children with tuberculous meningitis[J]. *Neural Regeneration Research*, 2007, 2(7): 60094. DOI: [10.1016/S1673-5374\(07\)60095-4](https://doi.org/10.1016/S1673-5374(07)60095-4).
- ROTH Z. Insulin-like growth factor-I (IGF-I) in reproduction system of female bovine[J]. *Journal of Northeast Agricultural University (English Edition)*, 2011, 18(4): 84. DOI: [10.1016/s1006-8104\(12\)60030-0](https://doi.org/10.1016/s1006-8104(12)60030-0).
- ENGUITA-GERMÁN M, FORTES P. Targeting the insulin-like growth factor pathway in hepatocellular carcinoma[J]. *World Journal of Hepatology*, 2014, 6(10): 716. DOI: [10.4254/wjh.v6.i10.716](https://doi.org/10.4254/wjh.v6.i10.716).
- LI Z C, WU Z F, REN G C, et al. Expression patterns of insulin-like growth factor system members and their correlations with growth and carcass traits in Landrace and Lantang pigs during postnatal development[J]. *Molecular Biology Reports*, 2013, 40(5): 3569. DOI: [10.1007/s11033-012-2430-1](https://doi.org/10.1007/s11033-012-2430-1).
- 丁艳, 鲁绍雄, 连林生. 撒坝猪胰岛素样生长因子-I 基因多态性及其与部分生长性状的关联分析[J]. *中国畜牧兽医*, 2012, 39(10): 181. DOI: [10.3969/j.issn.1671-7236.2012.10.042](https://doi.org/10.3969/j.issn.1671-7236.2012.10.042).
- 王效京, 王松柏, 石建中, 等. 胰岛素样生长因子 I 基因第 1 内含子微卫星多态性对山西白猪体重和体尺性状的影响[J]. *中国畜牧兽医*, 2012, 39(3): 1671.
- WANG S L, ZHANG Y M, LAN F H. Biological effect of expression of exogenous human nuclear receptor hLRH-1 in SW480 cells and its molecular mechanism[J]. *Chinese-German Journal of Clinical Oncology*, 2007, 245(3): 10. DOI: [10.1007/s10330-007-0021-8](https://doi.org/10.1007/s10330-007-0021-8).
- 刘鑫, 施启顺, 柳小春, 等. 不同猪种 *IGF2* 基因 PCR-

- RFLP 多态性与部分生长性状相关性分析[J]. 湖南农业大学学报 (自然科学版), 2006, 32(1): 63. DOI: [10.3321/j.issn:1007-1032.2006.01.017](https://doi.org/10.3321/j.issn:1007-1032.2006.01.017).
- [13] KNOLL A, PUTNOVA L, DVORAK J, et al. A NciI PCR-RFLP within intron 2 of the porcine insulin-like growth factor 2 (*IGF2*) gene[J]. *Animal Genetics*, 2000, 31(2): 150. DOI: [10.1046/j.1365-2052.2000.00583.x](https://doi.org/10.1046/j.1365-2052.2000.00583.x).
- [14] LIU D H, HAN H Y, ZHANG X, et al. The genetic diversity analysis in the donkey myostatin gene[J]. *Journal of Integrative Agriculture*, 2017, 16(3): 656. DOI: [10.1016/S2095-3119\(16\)61445-4](https://doi.org/10.1016/S2095-3119(16)61445-4).
- [15] STRATIL A, KOPEČNÝ M. Genomic organization, sequence and polymorphism of the porcine myostatin (*GDF8*; *MSTN*) gene[J]. *Animal Genetics*, 1999, 30(6): 462. DOI: [10.1046/j.1365-2052.1999.00498-8.x](https://doi.org/10.1046/j.1365-2052.1999.00498-8.x).
- [16] 姜运良, 李宁, 吴常信, 等. 不同品种猪肌肉生长抑制素基因单核苷酸多态性分析[J]. *遗传学报*, 2001, 28(9): 840.
- [17] 于灵芝, 唐辉, 王继英, 等. 肌肉生长抑制素基因 5'调控区的多态性与大白猪的早期生长有关[J]. *中国科学 (C 辑: 生命科学)*, 2007, 29(4): 1674.
- [18] JI S Q, LOSINSKI R L, CORNELIUS S G, et al. Myostatin expression in porcine tissues: tissue specificity and developmental and postnatal regulation[J]. *The American Journal of Physiology*, 1998, 275(4 Pt 2): R1265. DOI: [10.1111/j.1469-7793.1998.621be.x](https://doi.org/10.1111/j.1469-7793.1998.621be.x).

责任编辑: 何承刚