

杨明,温淑贤,曾海玉,等. *VRTN* 基因在 2 个长白种猪核心群的分子标记辅助选择研究[J]. 华南农业大学学报,2019,40(S):66-71.

YANG Ming, WEN Shuxian, ZENG Haiyu, et al. Molecular marker-assisted selection of *VRTN* gene in two Landrace swine nucleus herds [J]. Journal of South China Agricultural University, 2019,40(S):66-71

# VRTN 基因在 2 个长白种猪核心群的分子标记辅助选择研究

杨 明<sup>1</sup>,温淑贤<sup>1</sup>,曾海玉<sup>1</sup>,王青来<sup>1</sup>,蔡更元<sup>1,2</sup>,吴珍芳<sup>1,2</sup>

(1 温氏食品集团股份有限公司,广东 新兴 527400;

2 国家生猪种业工程技术研究中心/华南农业大学 动物科学学院,广东 广州 510642)

**摘要:** *VRTN* 基因是影响猪胸椎数的主效基因,其优势等位基因(Q)比劣势等位基因(q)具有多 1 对肋骨的效应。本文旨在探索 *VRTN* 基因在 2 个长白种猪群中的分子标记辅助选择方法,以期提高配套肉猪的肋骨数。采用 PCR 方法检测影响胸椎数(肋骨对数)的 *VRTN* 基因在温氏集团 420 头商品肉猪以及 2 个专门化长白种猪(913 头 W51 系长白,240 头 W52 系长白)群体中的分布情况。通过商品肉猪的效应分析,验证了在终端商品肉猪中 QQ 型较 qq 型猪只多近 1 对肋骨,说明分子标记辅助选择进行基因改良是可行的。试验结果显示:*VRTN* 基因在 2 个长白群体中的等位基因频率相差不大,有利等位基因频率分别为 0.844 和 0.905。通过基因型与选育性状表型的相关分析,发现 W51 系长白猪中,优势基因型猪只体长优势明显,对其他选育性状无影响。W52 系中,优势等位基因与达 100 kg/115 kg 日龄估计育种值呈显著负相关,与其他性状无显著相关性。*VRTN* 优势等位基因型的效应与选育目标一致,2 个品系均可开展分子标记辅助选择。结合现场实践育种,W51 通过种群更新优化,经过半年就实现了优势等位基因频率 100% 的完全纯化。W52 在扩群的同时,经过 2 年达到基本纯化。

**关键词:** *VRTN* 基因;种猪核心群;分子标记辅助选择

## Molecular maker-assisted selection of *VRTN* gene in two Landrace swine nucleus herds

YANG Ming<sup>1</sup>, WEN Shuxian<sup>1</sup>, ZENG Haiyu<sup>1</sup>, WANG Qinglai<sup>1</sup>, CAI Gengyuan<sup>1,2</sup>, WU Zhenfang<sup>1,2</sup>

(1 Wens Foodstuffs Co., Ltd., Xinxing 527400, China; 2 National Engineering Research Center For Breeding Swine Industry/College of Animal Science, South China Agricultural University, Guangzhou 510642, China)

**Abstract:** *VRTN* gene is the major gene affecting the number of thoracic vertebra in pigs, which QQ genotype (ins/ins) individuals have one double ribs more than qq (-/-) genotype ones. The molecular marker-assisted selection method of *VRTN* gene in two landrace pig populations was explored to improve the number of ribs of mating pigs. In the study, PCR were used to detect the distribution of *VRTN* genes in 420 commercial pigs of Wens Group and 2 specialized landrace pigs (913 W51 Landrace and 240 W52 Landrace), which affected thoracic vertebra number (rib number). It is verified that QQ type had nearly one pair of ribs more than qq type in Wens terminal pigs by effect analysis of commercial

收稿日期:2019-03-10

作者简介:杨 明(1985—),女,高级畜牧师,博士,E-mail:359311126@qq.com;通信作者:吴珍芳(1970—),男,教授,博士,E-mail:wzfe@mail.163.com

基金项目:广东省“扬帆计划”引进创新创业团队项目(2016YT03H062);广州国家现代农业产业技术创新中心创建项目(2018kczx01)

pork pigs, which indicated that gene improvement could be carried out through molecular marker-assisted selection. The allele frequencies of *VRTN* gene in the W51, W52 Landrace populations were not significantly different, and the favorable allele frequencies were 0.844 and 0.905 respectively. Through the correlation analysis between genotype and phenotypes of breeding traits, it was found that among W51 Landrace pigs, the dominant genotype had obvious body length advantage and had no influence on other breeding traits. In W52 line, the dominant allele had a significant negative correlation with the estimated breeding value of age at 100 kg/115 kg body weight, but had no significant correlation with other traits. The effect of *VRTN* dominant allele type was consistent with the breeding goal. Molecular marker-assisted selection could be carried out for W51 and W52 lines both. Combining with field practice breeding, W51 achieved 100% complete purification of dominant allele frequency after half a year through population renewal and optimization. W52 was basically purified after 2 years while expanding its population.

**Key words:** *VRTN* gene; pig nucleus herd; molecular marker-assisted selection

猪属于脊椎动物,其脊椎分为颈椎、胸椎、腰椎、荐椎和尾椎,胸椎数决定了肋骨对数,而颈椎、荐椎和尾椎数相对固定。研究表明猪颈椎通常为 7 根<sup>[1-3]</sup>。Frietson<sup>[4]</sup>报道哺乳动物的颈椎数通常固定为 7 根,荐椎数基本固定为 4 根,但其胸椎数(肋骨对数)和腰椎数存在种类差异。1960 年 King 等<sup>[5]</sup>报道在西方商业猪种中胸椎数为 14~16 根,腰椎数则为 5~7 根不等。野猪及中国大部分地方猪种的胸腰椎总数为 19 根,但是欧洲商业猪种却达到 21~23 根<sup>[6]</sup>。西方商业猪种在选育的过程中对体型特别是体长进行了高强度的人工选择,以便提高产肉量,而胴体的长度主要取决于胸椎与腰椎的数量,从而使得西方商业猪种在选育的过程中胸腰椎数也随之增加。

脊椎数目具有很高的遗传力,达到了 0.74<sup>[7]</sup>。Mikawa 等<sup>[3]</sup>发现 *NR6A1* 基因第 134 位点出现氨基酸(脯氨酸→亮氨酸)的突变,导致腰椎数的变异。A 等位基因在西方猪种中因纯合而被固定<sup>[8]</sup>。2013 年,江西农业大学黄路生院士课题组,发现了 *VRTN* 基因 129 bp 碱基的插入/缺失突变是影响猪胸椎数(肋骨数)的因果突变位点,插入片段的个体比缺失突变的个体多 1 对肋骨,后续在商业肉猪的屠宰试验中证实了此突变位点的效应<sup>[9]</sup>;且脊椎数与胴体长显著相关,每增加一根脊椎数可使体长增加 80 mm 的长度<sup>[10]</sup>,因此增加了猪的单位产肉效率。此位点影响猪胸椎数,即肋骨对数,在华南地区,排骨价格居高不下,是肉猪出产的重要产品。若是将 *VRTN* 基因应用在猪育种中,可快速改善猪的体长及产肉量,且增加 1 对肋骨,将大大提高猪的商品价值。猪育种公司可以利用 *VRTN* 基因标记辅助选择选育各原种核心群体,最终达到提高商品猪肉价值

的终极目标。

2012 年,温氏集团在温氏商业配套肉猪以及不同品种的种猪核心群体中开展猪 *VRTN* 基因的检测,发现其优势等位基因纯合的肉猪比劣势等位基因纯合肉猪平均多 1 对肋骨,且不同品种的种猪核心群中存在不同程度的变异。本研究利用群体基因频率分析、基因型与性状相关分析等方法,估算 *VRTN* 基因在温氏长白专门化品系 W51 和专门化品系 W52 核心群中的影响以及基因变异程度,制定特异的多肋骨品系培育方案,实施不同的分子标记辅助选择方案,辅助选留,为培育多肋骨系奠定基础。

## 1 材料与方法

### 1.1 试验动物

试验动物为温氏集团国家生猪种业工程技术研究中心研发基地三和试验场的试验肉猪、水台原种场 W51 长白核心群体以及清远原种场 W52 长白核心群体。

样本总数 1 370 头,其中温氏商品肉猪 217 头, W51 品系长白 913 头, W52 品系长白 240 头。利用耳号钳剪取已使用  $\varphi$  为 75% 乙醇溶液消毒过耳尖的待检猪只耳样 2~3 g, 放入装有  $\varphi$  为 75% 乙醇溶液的 1.5 mL 离心管内, 低温保存。

### 1.2 基因型判型

基因位点检测先采用苯酚-氯仿法提取基因组 DNA。PCR 反应体系总体积为 20  $\mu$ L, 包括模板 DNA 40 ng, 10  $\times$  buffer 2.0  $\mu$ L, 25 mmol  $\cdot$  L $^{-1}$  MgCl $_2$  1.2  $\mu$ L, 10 mmol  $\cdot$  L $^{-1}$  dNTP 0.3  $\mu$ L, 正向引物 0.4  $\mu$ L, 反向引物 0.4  $\mu$ L, *Taq* 聚合酶 0.5  $\mu$ L, 超纯水 13.2  $\mu$ L。PCR 循环参数:94  $^{\circ}$ C 变性 3 min, 退

火温度为 61.8 °C, 72 °C 延伸 10 min, 共 36 个循环。正反向引物序列 (5'→3') 分别为: GGCAGGGAAAG-GTGTGTTGTTA 和 GACTGGCCTCTGTCCCTTG。

PCR 产物通过 20 g·L<sup>-1</sup> 的琼脂糖凝胶电泳来判型: 在电泳图中一种是只有长片段 (384 bp) 扩增产物, 一种是只有短片段 (93 bp) 扩增产物, 还有一种是既有长片段又有短片段的扩增产物。只有长片段的个体为 ins/ins 型, 只有短片段的个体为 -/- 型, 长短片段都有的为 ins/- 型。

### 1.3 数据处理

通过 R 软件进行表型与基因型的相关分析, 模型为:

$$y = \mu + Z\alpha + e,$$

式中,  $y$  为所测得的表型值,  $\mu$  为总体平均值,  $Z$  为基因型的指示矩阵,  $\alpha$  为 SNP 随机加性遗传效应向量, 且  $\alpha \sim N(0, G\sigma_\alpha^2)$  ( $G$  为分子血缘相关矩阵,  $\sigma_\alpha^2$  为加性遗传方差),  $Z\alpha$  为基因型效应,  $e$  为残差。

表 1 商品肉猪中 VRTN 基因频率分布情况<sup>1)</sup>

基因型	个数	基因型频率	Q 基因频率	q 基因频率
QQ	141	0.336	0.585	0.415
Qq	209	0.498		
qq	70	0.166		

1) Q 等位基因为多肋有利基因, q 等位基因为不利基因

表 2 VRTN 在商品肉猪中效应分析与肋骨数表型变异系数

基因型	样本数	肋骨平均数/对	标准差	P <sup>1)</sup>	变异系数/%
qq	31	15.16	0.82	<0.001 ***	5
Qq	96	15.57	0.68		
QQ	90	15.90	0.58		

1) \*\*\* 表示在 0.001 水平显著相关

### 2.3 2 个长白核心群的 VRTN 基因频率和基因型频率

从 2 个长白群体的 VRTN 基因频率及基因型频率分布 (表 3) 来看, VRTN 在 2 个群体中均存在变

## 2 结果与分析

### 2.1 VRTN 基因频率和基因型频率分析

对 420 头温氏商品肉猪的 VRTN 基因突变位点进行了基因分型, 其 VRTN 基因频率分布情况如表 1 所示。分析结果 (表 1) 表明, 在温氏商品肉猪中 q 等位基因频率达 41.55%, 说明温氏商品肉猪具有很大的改良空间。

### 2.2 VRTN 效应和表型变异分析

对上述商品肉猪中的 217 头进行了屠宰试验, 并记录每头猪的肋骨对数, 同时对这些试验肉猪的 VRTN 因果突变位点进行了基因分型。然后, 利用 R 软件进行了遗传效应分析与肋骨数表型变异系数计算, 结果见表 2。从表 2 可以看出, 遗传效应分析验证了在终端商品肉猪中 QQ 基因型的猪只较 qq 基因型猪只多了近 1 对肋骨, 说明可以通过分子标记辅助选择并进行基因改良。

表 3 VRTN 基因型及基因频率的分布<sup>1)</sup>

品种	样品数	基因型频率			基因频率	
		QQ	Qq	qq	Q	q
W51	913	0.814 (743)	0.182 (166)	0.004 (4)	0.905	0.095
W52	240	0.733 (176)	0.221 (53)	0.046 (11)	0.844	0.156

1) Q 等位基因为多肋有利基因, q 等位基因为多肋不利基因; 括号中的数字为样本数

### 2.4 VRTN 基因型与 W51 选育表型的相关分析

由 VRTN 与 W51 群体 31 个选育性能指标的相关分析结果 (表 4) 可以看出, 在体长和综合评分方面, QQ 型个体极显著优于 qq 和 Qq 型个体。在日增重性能方面, qq 型具有极显著优势。由于 qq 型个体较少, 不能排除结果差异是误差造成可能性。

而 3 种基因型在其他性能表现中差异均不显著。

### 2.5 VRTN 基因型与 W52 选育表型的相关分析

由 VRTN 与 W52 群体 31 个选育性能指标的相关分析结果 (表 5) 可以看出, 在校正 100 kg/115 kg 体重日龄估计育种值方面, QQ 型个体优势显著。3 种基因型在其他性能指标中表现差异均不显著。

表 4 VRTN 基因型与 W51 长白选育性能的关系<sup>1)</sup>

表型	qq 型	Qq 型	QQ 型	P <sup>2)</sup>
体长/cm	113.750 ± 2.217	116.910 ± 2.974	117.572 ± 2.996	0.002 **
校正 30~100 kg 日增重/g	939.765 ± 18.105	897.273 ± 75.746	879.760 ± 71.459	0.006 **
综合评分/分	8.450 ± 0.100	8.557 ± 0.393	8.647 ± 0.382	0.016 *
校正 30~115 kg 日增重/g	908.072 ± 21.285	886.075 ± 68.357	872.680 ± 66.658	0.041 *
终测有效乳头数/个	14.500 ± 1.000	14.266 ± 1.022	14.46 ± 0.974	0.068
健仔数估计育种值	-1.070 ± 1.365	0.020 ± 1.005	0.050 ± 0.965	0.069
繁殖指数	65.528 ± 43.570	100.21 ± 32.206	101.170 ± 30.943	0.072
校正 115 kg 背膘估计育种值	-1.890 ± 0.807	-0.876 ± 0.835	-0.912 ± 0.902	0.079
校正 100 kg 背膘估计育种值	-1.677 ± 0.706	-0.794 ± 0.728	-0.825 ± 0.787	0.079
总仔数估计育种值	-1.251 ± 1.549	-0.029 ± 1.160	0.005 ± 1.115	0.081
100 kg 时估计瘦肉率/%	53.722 ± 0.536	54.101 ± 1.635	54.387 ± 1.588	0.084
115 kg 时估计瘦肉率/%	54.350 ± 0.584	54.777 ± 1.800	55.090 ± 1.750	0.086
校正 115 kg 眼肌面积估计育种值	1.952 ± 1.185	-0.212 ± 2.070	-0.202 ± 1.990	0.100
校正 100 kg 体重日龄/d	153.838 ± 8.167	153.325 ± 8.294	154.882 ± 8.591	0.104
校正 115 kg 体重日龄/d	170.912 ± 9.393	170.324 ± 9.538	172.114 ± 9.880	0.104
校正 100 kg 背膘厚/mm	12.383 ± 0.619	11.529 ± 1.766	11.272 ± 1.836	0.132
校正 115 kg 背膘厚/mm	14.197 ± 0.709	13.229 ± 2.017	12.944 ± 2.096	0.144
父系指数	132.135 ± 9.702	123.909 ± 11.223	125.276 ± 11.279	0.167
校正 115 kg 体重日龄估计育种值	-3.998 ± 2.401	-6.028 ± 3.316	-6.353 ± 3.156	0.176
校正 100 kg 眼肌面积/cm <sup>2</sup>	36.500 ± 1.422	36.703 ± 3.393	37.205 ± 3.246	0.190
校正 115 kg 眼肌面积/cm <sup>2</sup>	39.718 ± 1.547	39.937 ± 3.692	40.482 ± 3.532	0.190
校正 100 kg 体重日龄估计育种值	-3.230 ± 2.089	-4.977 ± 2.877	-5.248 ± 2.747	0.191
校正 100 kg 眼肌面积估计育种值	-0.137 ± 0.587	-1.487 ± 1.676	-1.352 ± 1.612	0.196
母系指数	102.168 ± 23.419	113.246 ± 14.242	114.429 ± 15.596	0.198
外貌指数估计育种值	0.337 ± 0.244	0.306 ± 0.133	0.327 ± 0.140	0.208
同窝仔猪数/头	14.000 ± 0.000	12.108 ± 2.617	12.377 ± 2.717	0.238
活仔数估计育种值	-0.555 ± 0.845	-0.081 ± 0.715	-0.063 ± 0.711	0.375
出生重/kg	1.525 ± 0.472	1.604 ± 0.296	1.633 ± 0.282	0.385
选留整体评分估计育种值	0.031 ± 0.017	0.065 ± 0.058	0.067 ± 0.057	0.420
校正 30~100 kg 日增重估计育种值	55.914 ± 20.258	46.886 ± 20.396	47.936 ± 18.104	0.547
校正 30~115 kg 日增重估计育种值	27.232 ± 20.690	35.399 ± 20.334	36.203 ± 19.395	0.595

1) 表中数据为平均值 ± 标准差, qq 型样本数量为 4 头, Qq 型样本数量为 166 头, QQ 型样本数量为 743 头; 2) \*、\*\* 分别表示 0.05、0.01 水平差异显著

### 3 讨论与结论

#### 3.1 VRTN 在温氏商业配套肉猪中的效应验证

种猪育种一般都是在纯种核心育种群中开展育种工作,但是育种最终的效果体现在终端商品肉猪的商业价值。因为不同的群体存在基因特异性,所以基因育种的成效能否传递到本公司的终端肉猪产品中,还需要在公司的商品群体中进行验证。本研究在温氏 217 头商品肉猪中检测了 VRTN 主效基因位点,并进行了肋骨数的屠宰测量,分析了 VRTN 基因与肋骨数的相关效应,结果发现 QQ 型猪只比 qq 型猪只平均多 1 对肋骨,这与前人研究结果一致<sup>[11]</sup>,证明 VRTN 对温氏商品肉猪的肋骨对数确实

可以产生影响,可以开展纯种核心群中该基因的纯化选育。

#### 3.2 温氏 W51 长白核心群体的 VRTN 基因分子选育选择方案

长白作为商业配套肉猪生产中的第一父本品种,担负着作为父本生产终端二元杂交母猪的重要角色,其与生产、繁殖相关的各性状都需要经过严格的选育。本研究在温氏 W51 核心育种群中检测影响猪胸椎数(肋骨对数) VRTN 基因的主效位点变异情况,结果显示:在温氏集团 W51 核心育种群中, VRTN 优势等位基因频率高达 90.5%,这比 2015 年 Yang 等<sup>[11]</sup>检测的长白群体的优势等位基因频率(82.0%)高 8.5%。主要原因是此群体封闭选育近 20

表 5 VRTN 基因型与 W52 生长性能的关系<sup>1)</sup>

表型	qq 型	Qq 型	QQ 型	P <sup>2)</sup>
校正 115kg 体重日龄估计育种值	-4.901 ± 1.773	-4.655 ± 2.810	-5.804 ± 2.612	0.016 *
校正 100 kg 体重日龄估计育种值	-4.037 ± 1.557	-3.855 ± 2.437	-4.832 ± 2.275	0.019 *
校正 100 kg 眼肌面积估计育种值	-0.056 ± 1.604	0.014 ± 1.251	0.651 ± 1.460	0.053
校正 115 kg 体重日龄/d	168.300 ± 4.856	172.033 ± 9.832	168.518 ± 10.475	0.085
校正 100 kg 体重日龄/d	151.566 ± 4.221	154.811 ± 8.551	151.755 ± 9.109	0.085
校正 30 ~ 100 kg 日增重估计育种值	25.779 ± 15.665	28.86 ± 20.541	34.018 ± 17.065	0.187
校正 100 kg 背膘估计育种值	-0.685 ± 1.231	-1.074 ± 1.086	-0.816 ± 0.967	0.221
校正 115 kg 背膘估计育种值	-0.973 ± 1.437	-1.461 ± 1.251	-1.204 ± 1.077	0.251
校正 30 ~ 115 kg 日增重估计育种值	46.243 ± 16.538	48.364 ± 23.411	53.189 ± 21.934	0.264
体长/cm	124.273 ± 5.101	126.208 ± 4.638	126.540 ± 4.741	0.296
父系指数	127.617 ± 12.604	131.98 ± 12.128	132.848 ± 11.527	0.341
终测有效乳头数/个	14.909 ± 0.701	14.925 ± 1.035	15.125 ± 0.978	0.366
同窝仔猪数/头	13.455 ± 2.544	13.151 ± 2.042	12.727 ± 2.582	0.393
出生重/kg	1.600 ± 0.195	1.653 ± 0.269	1.690 ± 0.282	0.442
100 kg 时估计瘦肉率/%	52.666 ± 1.963	53.389 ± 1.985	53.324 ± 1.729	0.500
115 kg 时估计瘦肉率/%	53.176 ± 2.200	53.975 ± 2.201	53.902 ± 1.911	0.502
校正 30 ~ 115 kg 日增重/g	922.154 ± 80.807	896.160 ± 83.767	910.771 ± 91.245	0.503
母系指数	119.022 ± 14.065	122.837 ± 13.458	123.591 ± 13.271	0.531
综合评分/分	8.000 ± 0.742	7.972 ± 0.710	8.088 ± 0.696	0.549
校正 100 kg 眼肌面积/cm <sup>2</sup>	33.783 ± 3.245	35.13 ± 3.723	34.980 ± 3.550	0.550
校正 115 kg 眼肌面积/cm <sup>2</sup>	36.761 ± 3.532	38.225 ± 4.051	38.061 ± 3.863	0.550
校正 30 ~ 100 kg 日增重/g	928.909 ± 98.072	900.863 ± 93.354	914.714 ± 101.47	0.575
选留整体评分估计育种值	0.111 ± 0.107	0.159 ± 0.161	0.162 ± 0.163	0.593
校正 115 kg 眼肌面积估计育种值	0.557 ± 1.608	1.214 ± 1.949	1.095 ± 2.018	0.609
活仔数估计育种值	0.350 ± 0.492	0.268 ± 0.381	0.256 ± 0.418	0.763
校正 115 kg 背膘厚/mm	14.081 ± 3.807	13.574 ± 2.830	13.760 ± 2.414	0.811
校正 100 kg 背膘厚/mm	12.206 ± 3.301	11.773 ± 2.458	11.933 ± 2.094	0.816
外貌指数估计育种值	0.454 ± 0.207	0.465 ± 0.220	0.483 ± 0.238	0.830
健仔数估计育种值	0.274 ± 0.917	0.380 ± 0.860	0.395 ± 0.786	0.890
总仔数估计育种值	0.283 ± 1.043	0.377 ± 0.972	0.410 ± 0.889	0.890
繁殖指数	108.512 ± 29.285	111.662 ± 27.417	112.276 ± 25.063	0.891

1) 表中数据为平均值 ± 标准差, qq 型样本数量为 11 头, Qq 型样本数量为 53 头, QQ 型样本数量为 166 头; 2) \* 表示 0.05 水平差异显著

年, 虽然没有进行过此方面的基因育种, 但是对体长进行了长期的表型选择, 从而导致优势等位基因频率较高, 这也与基因型与表型相关性结果分析一致, W51 系 QQ 型猪只体长优势极显著。而在日增重方面, 虽然 qq 型个体优势明显, 但极有可能是由于 qq 型个体较少造成的, 且日增重并不是温氏长白系选育指数的绝对指标, 仅仅是参考指标, VRTN 的分子标记辅助选择并不与选育目标矛盾, 可以进行完全纯化。由于优势等位基因频率较高, 可以直接进行核心群优化, QQ 型后备猪更新 qq 和 Qq 猪只, 将 qq 和 Qq 猪只直接进行淘汰或者转至扩繁群, 完成核心育种群的短期快速优化。目前温氏 W51 系长白 VRTN 基因优势等位基因频率达 100%, 已育成

多肋骨长白特色品系。

### 3.3 温氏 W52 长白核心群体的 VRTN 基因分子辅助选择方案

温氏 W52 系核心群体 VRTN 基因的表现与 W51 系群体略微不同, VRTN 优势等位基因频率为 84.4%。VRTN 基因型与生产性能相关分析结果显示, 有利基因型仅与校正 100 kg/115 kg 体重日龄估计育种值呈极显著负相关。这一结果与 Yang 等<sup>[11]</sup>研究结果不同, Yang 等<sup>[11]</sup>研究的长白群体发现 VRTN 与乳头数极显著相关, 在本研究的群体中虽然 QQ 型的乳头数均值更高, 但是两者并不显著相关, 这可能是由群体特异性造成的。温氏 W52 群体的 VRTN 优势等位基因型与选育目标一致(日龄估

计育种值更小),且对其他性状的选育没有影响,可以开展分子标记辅助选择。结合现场情况,此群体处于扩群阶段,不强求直接优化基础群,建议先优化公猪,再逐步扩展至基础群优化,按照此优化时间,需约 2 年的时间同时完成扩群及 VRTN 基因的优化工作。温氏 W52 核心育种群通过 2 年的 VRTN 分子标记辅助选择,优势等位基因频率达 98.2%。

### 3.4 关于同品种不同品系的种猪群体特异性

在本研究中,同为长白品种的 W51 系和 W52 系核心育种群体系 VRTN 基因频率差异不显著,但是其基因型和选育性状的相关分析表现出较大差异。且与 Yang 等<sup>[11]</sup>研究的长白群体也不尽相同。虽然有差异,但是 3 个群体的 VRTN 优势基因型均与选育目标一致,这就造成了基因频率差异不显著,但是基因型与选育性状的相关分析在 3 个群体差异较大。这方面的差异主要是由核心育种群都是以固定的育种目标经过长期选育形成的,这就表现出同样的基因在不同的核心育种群中对各生产性状的影响表现不同。所以分子标记育种不能通用于任何群体,即使是相同品种,不同品系依然是需要进行分析和试验验证的。即使相同品系,在不同的地域组建的群体,在分子育种方面依然需要作为不同的群体来制定方案,这就是群体特异性造成的影响。在分子标记辅助选择应用的过程中,最重要的一环还需要充分结合现场实际情况,如 W52 因需扩群而与 W51 采用了完全不同的应用方案。以上观点在关于抗腹泻基因和氟烷基因的分子标记应用研究中也有所体现<sup>[12-13]</sup>。在本研究中 2 个不同品系的长白群体均可以开展 VRTN 基因的分子标记辅助选择,但是结合现场实际情况,应用了不同的方案实施,均获得了良好的选育结果。

**致谢:**感谢江西农业大学省部共建猪遗传改良与养殖技术国家重点实验室给予的支持。

### 参考文献:

- [1] FREEMAN V A. Variations in the number of vertebrae of swine[J]. Hered, 1939, 30:61-64.
- [2] SHAW A W. A method of determining the variations in the vertebral column of the live pig[J]. Science Agriculture, 1930, 10:90-695.
- [3] MIKAWA S, MOROZUMI T, SHIMANUKI S, et al. Fine mapping of a swine quantitative trait locus for number of vertebrae and analysis of an orphan nuclear receptor, germ cell nuclear factor(NR6A1)[J]. Genome Research, 2007, 17:586-593.
- [4] FRIETSON G. Why do almost all mammals have seven cervical vertebrae? Developmental constraints, hox genes, and cancer[J]. Journal of experimental zoology, 1999, 285:19-26.
- [5] KING J W B, ROBERTS R C. Carcass length in the bacon pig: Its association with vertebrae numbers and prediction from radiographs of the young pig[J]. Animal Production, 1960, 2:59-65.
- [6] BERGE S. Genetical researches on the number of vertebrae in the pig[J]. Journal of Animal Science, 1948, 7: 233-238.
- [7] 阮桂凤. 猪 7 号染色体脊椎数 QTL 的精细定位及候选基因 *HOX10*、*PROX2* 和 *FOS* 的 SNPs 搜索[D]. 南昌:江西农业大学, 2010.
- [8] 杨广成. 猪复杂性状的遗传解析——以脊椎数和初情期为例[D]. 南昌:江西农业大学, 2008.
- [9] FAN Y, XING Y Y, HUANG L S, et al. A further look at porcine chromosome 7 reveals VRTN variants associated with vertebral number in Chinese and Western pigs[J]. Plos One, 2013, 8(4): e62534.
- [10] MIKAWA S, HAYASHI T, NII M, et al. Two quantitative trait loci on *Sus scrofa* chromosomes 1 and 7 affecting the number of vertebrae[J]. Journal of Animal Science, 2005, 83:2247-2254.
- [11] YANG J, HUANG L S, YANG M, et al. Possible introgression of the VRTN mutation increasing vertebral number, carcass length and teat number from Chinese pigs into European pigs[J]. Scientific Reports, 2016, 6: 19240.
- [12] 杨明. *MUC13*、*FUT1* 基因在 2 个种猪核心群中的分子标记辅助选择研究[D]. 广州:华南农业大学, 2015, 36(6):1-8.
- [13] 杨明. 氟烷基因在皮特兰猪群体中的分子标记辅助选择研究[D]. 广州:华南农业大学, 2018, 39(6):1-4.