

猪肉 pH 和 pHU 相关 SNP-QTL 检测

蒋隽^{1,2}, 马海明², 柳小春², 黄生强², 何俊², 张细权^{1*}

(1.华南农业大学 动物科学学院, 广东 广州 510642; 2. 湖南农业大学 动物科学技术学院, 湖南 长沙 410128)

摘要: 以 1 个丹麦家猪家系为试验材料, 对猪全基因组单核苷酸多态性(SNP)标记筛选与猪肉 pH 和 pHU 值有关的 QTL。结果发现在 6 号染色体上存在一个显著影响 pH 和 pHU 值的 QTL, 与 pH 显著相关的 QTL 的效应为 2.6%~8.5%, 其中单倍型 *FLJ30670* 的贡献率最高, 为 8.5%, 与 pHU 显著相关的 QTL 中效应为 2.1%~4.3%, 都低于 pH 有关的效应, 其中效应最大的单倍型为 *FUT1*, 贡献率为 4.3%, 估计是猪肉 24 h 酸度变化受外界其他因素的影响更多。

关键词: 猪肉; pH 值; 单核苷酸多态性; 数量性状位点

中图分类号: S828.2 文献标志码: A 文章编号: 1007-1032(2010)02-0203-03

Detection of SNP-QTL associated with pork pH and pHU value

JIANG Juan^{1,2}, MA Hai-ming², LIU Xiao-chun², HUANG Sheng-qiang², HE Jun², ZHANG Xi-quan^{1*}

(1.College of Animal Science, SCAU, Guangzhou 510642, China; 2.College of Animal Science and Technology, HNAU, Changsha 410128, China)

Abstract: Pork pH value is an important trait related to meat quality, the trial has screened the SNP-QTL associated with pork pH and pHU from genome wide SNP screening in a Danish swine predgree. The result indicated there was a QTL on chromosome 6 which was associated with pork pH and pHU value significantly. Effect value of QTL associated with pH significantly was between 2.6%~8.5%, *FLJ30670* locus had a strong effect on pH and it took 8.5% of total variation, while effect value of QTL associated with pHU significantly was 2.1%~4.3%, all of which were lower than pH related effect of them, the *FUT1* locus had a strongest effect on pHU and it took the 4.3% of total variation, indicating acidity of pork within 24 h was more likely to be affected by other environmental factors.

Key words: pork; pH value; single nucleotide polymorphism(SNP); quantitative trait loci (QTL)

猪肉 pH 值是反映猪宰杀后体肌糖原酵解速率和肉质好坏的重要指标^[1-4]。猪肉的 pH 值越高, 意味着酸性越小, 猪肉越嫩, 越多汁而美味。

单核苷酸多态性具有分布广、多态信息含量大、易于检测和统计分析等优点, 能较好用于基因图谱构建和数量性状 QTL 定位研究, 被称为继 RFLP 和微卫星标记之后的第 3 代基因遗传标记。国内外许多研究者利用 SNP 标记进行了动物数量性状 QTL 定位工作, 已经取得了一定的进展。随着人们对猪

基因组研究的深入, 越来越多的 SNP 数据被发现, 可以依此建立丰富的 SNP 数据库和连锁图谱^[5]。笔者利用丹麦奥胡斯大学农业科学学院生物技术与遗传实验室构建的 1 个 SNP 连锁图谱筛选与猪肉 pH 和 pHU 值有关的 QTL, 现将结果报道如下。

1 材料与方法

1.1 供试猪群

试验材料为丹麦 1 个由 12 头杜洛克公猪、700

收稿日期: 2009-10-16

基金项目: 国家自然科学基金青年项目(30800607); 全国优秀博士论文作者专项基金(200972)

作者简介: 蒋隽(1973—), 男, 湖南衡阳人, 博士, 湖南农业大学副教授, jiangjun1121@126.com; *通讯作者

头长大杂母猪、12 000 头后代组成的家系。

利用 Testo 205 pH 计测定部分后代背最长肌第 10、11 肋骨处的 pH 值。其中, pH_I 是指屠宰 45 min 时的 pH 测定值, pH_U 是指屠宰 24 h 后的 pH 测定值。采集样本血样, 用于提取基因组 DNA。

1.2 SNP 连锁图谱

利用丹麦农科院构建的 1 个 SNP 连锁图谱进行与猪肉 pH 值有关的 SNP-QTL 检测^[5]。该连锁图谱覆盖猪的 18 条常染色体, 包括 462 个与基因相关的 SNP, 总长 1 711.8 cM, 平均 SNP 跨度约 3.94 cM (表 1)。

表 1 SNP 连锁图谱长度和密度
Table 1 Information of SNP linkage maps

染色体(SSC)	长度/cM	SNP 数/个	平均距离/cM
1	151.4	26	5.82
2	150.7	41	3.68
3	100.5	20	5.03
4	137.6	40	3.44
5	53.4	14	3.81
6	148.0	50	2.96
7	64.2	29	2.21
8	107.4	19	5.65
9	116.6	27	4.32
10	139.5	20	6.98
11	15.7	6	2.62
12	69.8	17	4.11
13	128.0	57	2.25
14	96.3	28	3.44
15	100.3	31	3.24
16	38.1	13	2.93
17	60.2	17	3.54
18	34.1	7	4.87
合计	1 711.8	462	3.94

1.3 统计分析

各位点连锁分析采用 CRIMAP 2.4 程序, 采用奥胡斯大学农业科学学院生物技术与遗传实验室开发的 1 个约束最大似然估计(REML)程序软件包分析各位点对于性状的遗传效应。

2 结果与分析

2.1 连锁分析

笔者检测了 462 个 SNP 位点的多态性, 其中有 18 个没有检测到多态性, 等位基因频率低于 1% 的也未考虑。对其余 SNP 位点的研究表明, 在猪 6 号染色体上约 60 cM 区域检测到 1 个与猪肉 pH_I 和

pH_U 相关的 QTL。其连锁顺序为 RYR1-RELB-FLJ30670-FUT1-SNRP70-FCGRT。

2.2 QTL 位点

6 号染色体上的 6 个基因的 SNP 与性状存在极显著相关($P < 0.01$), RYR1、RELB、FLJ30670、FUT1、SNRP70、FCGRT 单倍型的 LRT(log likelihood ratio)均高于阈值, 表明该区域存在显著影响猪肉 pH_I 和 pH_U 相关的 QTL。表 2 列出了具有显著效应(LRT>4.0)的 6 个基因的贡献率和优势单倍型。与 pH_I 显著相关的 QTL 的效应为 2.65%~8.5%, 其中单倍型 FLJ30670 的贡献率最高, 为 8.5%, 与 pH_U 显著相关的 QTL 中的效应为 2.1%~4.3%, 都低于 pH_I 有关的效应, 其中效应最大的单倍型为 FUT1, 贡献率为 4.3%。估计是猪肉 24 h 酸度变化受外界其他因素的影响更多的缘故。

表 2 与 pH 显著相关的单倍型的贡献率

Table 2 Significant results for haplotype associated with pH_I

单倍型	LRT 值		贡献率/%	
	pH _I	pH _U	pH _I	pH _U
RYR1	7.82	5.3	5.7	2.4
RELB	12.44	7.9	3.6	2.7
FLJ30670	16.13	8.1	8.5	3.8
FUT1	13.22	9.8	6.3	4.3
SNRP70	7.66	6.0	3.2	2.5
FCGRT	6.07	4.2	2.6	2.1

LRT>4.0, 示 $P < 0.01$ 。

3 小结与讨论

前人^[6-10]曾经在 4、13、17 号染色体上检测到有关的 QTL。笔者在猪 6 号染色体上检测到约 60 cM 区域存在 1 个效应大的与 pH_I 和 pH_U 值有关的 QTL。许多研究^[11-12]表明, 该区间的 RYR1 基因能显著影响猪的肉质。该基因可以引起猪应激综合征的产生, 最终导致肉质劣变。笔者检测到的效应最大值是 RYR1 附近的 FLJ30670 或 FUT1 位点, 至于这 2 个基因是由于与 RYR1 紧密连锁还是直接影响猪肉 pH 值, 有待于进一步的研究。

单核苷酸多态性(SNP)与微卫星标记比较, SNP 在基因组中分布更加广泛, 信息总量大, 而且检测方法简单多样、易于分型和统计, 更适合数量性状基因座定位的要求, 因此, SNP 已逐渐替代微卫星, 用于 QTL 定位。随着猪基因组测序计划的启动和猪

SNP研究的深入,更加丰富的猪SNP资源将能满足候选基因方法和基因组扫描进行猪QTL定位的要求。

感谢丹麦奥胡斯大学农业科学学院 Christian Bendixen 教授提供实验材料和实验室检测方面的帮助。

参考文献:

- [1] 孙建广,张石蕊.猪肉品质研究进展[J].中国猪业,2008,3(7):58-59.
- [2] 张达军,陈斌,柳小春,等.湘益猪配套系的选育[J].湖南农业大学学报:自然科学版,2008,34(3):327-332.
- [3] 李梦云,陈代文,张克英.影响猪肉肉质性状的基因及其表达调控[J].畜牧与兽医,2008,40(4):95-99.
- [4] 仇志军,翁宝松,徐士清,等.猪肌肉品质若干测定项目的最佳取样部位研究[J].猪业科学,2008(7):98-100.
- [5] Rikke K K Vingborg, Vivi R Gregersen, Bujie Zhan, et al. A robust linkage map of the porcine autosomes based on gene-associated SNPs[J]. BMC Genomics, 2009, 10: 134.
- [6] Fan B, Glenn K L, Geiger B, et al. Investigation of QTL regions on Chromosome 17 for genes associated with meat color in the pig[J]. J Anim Breed Genet, 2008, 125: 240-247.
- [7] 何小平,彭中镇,刘榜.猪13号染色体上脂肪沉积相关QTL定位与候选基因研究进展[J].中国畜牧兽医,2007,34(12):34-38.
- [8] 张敬虎,熊远著,左波.猪4、8和13染色体上肉质性状的QTL定位[J].畜牧兽医学报,2007,38(10):1009-1014.
- [9] 李仕新,陈赞谋.猪肉肉质性状基因及其定位的研究进展[J].猪业科学,2006,23(3):84-86.
- [10] 黄生强,柳小春,晏光荣,等.微卫星标记预测猪部分经济性状杂种优势的研究[J].湖南农业大学学报:自然科学版,2007,33(5):592-594.
- [11] Laville E, Sayd T, Terlouw C, et al. Differences in pig muscle proteome according to HAL genotype: Implications for meat quality defects[J]. J Agric Food Chem, 2009, 57(11): 4913-4923.
- [12] Cornea R L, Nitu F, Gruber S, et al. FRET-based mapping of calmodulin bound to the RyR1 Ca²⁺ release channel[J]. Proc Natl Acad Sci USA, 2009, 106(15): 6128-6133.

责任编辑:苏爱华

英文编辑:罗文翠

简讯

我校承担《10 000个科学难题》(农学卷)征集与编撰重任

《10 000个科学难题》(农学卷)征集活动目前正全面展开。到目前为止已完成启动会、顶层设计会议、启动会和难题初审会工作,正在进行难题题目的修订工作。我校作为副主编单位参与农学卷的编写工作,其中官春云院士为副主编,邓子牛、熊兴耀、夏延斌、谭兴和、石雪晖教授为编委成员。

《10 000个科学难题》(农业卷)分为《园艺·食品·农工》、《农学》、《植保·资环》、《畜牧》、《林业》《水产业》、《兽医》7个部分,官春云院士负责《园艺·食品·农工》,其他各部分别由戴景瑞、傅廷栋、吴常信、尹伟伦、唐启升、刘秀梵六位院士负责。每个问题的介绍限定在1 000字左右,主要内容包括问题的科学意义、产生背景、研究的最新进展和难点等。该卷的总体目标是征集农业领域内300个左右的科学难题,引领科研工作者(研究生)开展学术创新,激励他们攻克农学难题,同时能够作为科普教材,激励青少年学习农业知识,在全社会营造一种爱农、学农、知农的氛围。

《10 000个科学难题》征集与编撰工作是由教育部、科技部、中科院、国家自然科学基金委于2007年联合发起的。其征集内容为各学科至今未能解决的基础理论问题、学科优先发展问题和前沿问题、国际研究热点问题和在学术上未获得广泛共识,存在一定争议的问题等;征集对象主要为两院院士;教育部科技委委员和学部委员;国家自科基金委科学部专家咨询委员和学科评审组成员;学科带头人和学术骨干等。《10 000个科学难题》将按照数、理、化、天、地、生、农学(包括林学)、医学和信息科学9大学科分卷出版,其中数、理、化3卷已出版,天、地、生3卷即将出版,农学、医学和信息科学3卷正紧锣密鼓征集和编撰。

(谭太龙)