

# 内蒙古白绒山羊催乳素及其受体基因多态性与产绒性状的关联性分析

刘斌<sup>1,2</sup>, 李玉荣<sup>2</sup>, 马跃军<sup>2</sup>, 赵存发<sup>2</sup>, 尉光荣<sup>3</sup>, 李金泉<sup>1</sup>

(1. 内蒙古农业大学 动物科学学院, 内蒙古 呼和浩特 010018; 2. 内蒙古自治区农牧业科学院, 内蒙古 呼和浩特 010031; 3. 鄂托克前旗农牧业局, 内蒙古 敖勒召其镇 016200)

**摘要:** 该研究以内蒙古阿尔巴斯型白绒山羊为研究对象, 选择绒山羊催乳素(*PRL*)及其受体(*PRLR*)基因部分序列作为候选基因, 采用PCR-SSCP分子标记技术和DNA测序技术研究其多态性, 然后运用最小二乘方差分析方法, 对各基因型间生产性状指标进行差异显著性检验, 分析绒山羊*PRL*/*PRLR*基因的SNP与绒山羊产绒性状的关系, 寻找可用于辅助选择的分子标记。结果表明:*PRL*基因P1和*PRLR*基因P3引物位点存在SSCP多态, 在*PRL*基因Exon 5区域存在X76049: g. 576 bp C-A突变, 该突变导致第176个密码子CCC变成ACC, 从而使脯氨酸变成苏氨酸(Pro-Thr)。方差分析表明, 该位点多态与绒厚度存在极显著相关( $P < 0.01$ ), CA基因型羊绒厚度比CC基因型长0.674 cm; 在*PRLR*基因Exon 10区域存在HQ266606: g. 1076 bp T-C突变, 该突变导致第359个密码子CTT变成CCT, 从而使亮氨酸变成脯氨酸(Lue-Pro), 该位点多态对绒山羊羊绒细度有显著影响( $P < 0.05$ ), AA基因型羊绒细度比BB基因型细0.38  $\mu\text{m}$ 。因此, 在绒山羊羊绒厚度性状上, P1-CA基因型可以作为标记基因型; 在羊绒细度性状上, P3-AA基因型可以作为标记基因型, 作为绒山羊产绒性状的辅助选择分子标记位点。

**关键词:** 绒山羊; 催乳素(受体)基因; 单核苷酸多态性; 产绒性状

中图分类号: Q78 文献标识码: A 文章编号: 1000-7091(2012)02-0061-06

## Correlations Between SNP of *PRL*/*PRLR* Genes and Production Cashmere Traits on Inner Mongolian White Cashmere Goat

LIU Bin<sup>1,2</sup>, LI Yu-rong<sup>2</sup>, MA Yue-jun<sup>2</sup>, ZHAO Cun-fa<sup>2</sup>, WEI Guang-rong<sup>3</sup>, LI Jin-quan<sup>1</sup>

(1. College of Animal Science, Inner Mongolia Agricultural University, Huhhot 010018, China;  
2. Inner Mongolia Autonomous Region Academy of Agriculture and Stockbreeding Sciences, Huhhot 010031, China;  
3. Etokeqianqi Bureau of Agriculture and Animal Husbandry, AoLezhaoqi Town 016200, China)

**Abstract:** Ardrs white cashmere goats were used as experimental sample, and partial sequence of *PRL* and *PRLR* genes were used as candidate gene to research SNP by PCR-SSCP and DNA sequencing technologies. Results were analyzed by least square mean (LSM) between production traits of different genotype. Relationship of SNP of *PRL* and *PRLR* genes and production cashmere traits were studied to find molecular marker of MAS. There were SSCP polymorphism at P1 of *PRL* and P3 of *PRLR*, and existed in C-A mutation at X76049: g. 576 bp of Exon 5 of *PRL* gene, which resulted in CCC-ACC of the 176<sup>th</sup> codon from Pro into Thr. The results showed that there was the most significant correlation with cashmere thickness at polymorphism site ( $P < 0.01$ ), and cashmere thickness of CA genotype increased by 0.674 cm compared with that of CC; there was T-C mutation at HQ266606: g. Exon 10 of *PRLR* gene, which lead to CTT-CCT of the 359<sup>th</sup> codon from Lue into Pro, of which polymorphism was significant difference ( $P < 0.05$ ) to cashmere fineness, and cashmere fineness of AA genotype decrease by 0.38  $\mu\text{m}$  compared with that of BB. P1-CA was the favorable marker genotype for cashmere thickness trait, while P3-AA was the marker genotype of cashmere fineness trait, which acted as molecular marker of MAS for production cashmere traits.

收稿日期: 2012-02-20

基金项目: 国家绒毛用羊产业技术体系放牧营养调控岗位(CARS-40-42); 内蒙古自治区科技计划项目(20110718); 内蒙古农牧业科学院青年创新基金项目(2009QNJJM04)

作者简介: 刘斌(1979-), 男, 甘肃陇西人, 助理研究员, 在读博士, 主要从事绒毛用羊分子数量遗传育种研究。

通讯作者: 赵存发(1952-), 男, 内蒙古鄂尔多斯人, 研究员, 学士, 主要从事绒毛用羊遗传育种。

李金泉(1958-), 男, 内蒙古土左人, 教授, 博士生导师, 主要从事绒毛用羊遗传育种。

**Key words:** Cashmere goat; *PRL/PRLR* gene; SNP; Production cashmere traits

催乳素( prolactin , *PRL*) 是一种垂体前叶肽类激素,属于生长激素/催乳素家族。研究发现催乳素的作用多达 300 多种,而这些作用是通过与催乳素受体( prolactin receptor , *PRLR*) 结合来进行调节的<sup>[1-2]</sup>。由于 *PRL* 生理功能重要,因此,牛、绵羊、山羊等家畜 *PRL/PRLR* 基因多态及其与生产性状的关系研究已经成为当前科研的热点之一。研究表明:动物被毛的生长和毛发替换与日光照射的时间长短和强度有显著相关,动物体内 *PRL* 浓度变化与长日照和短日照也存在显著相关<sup>[3-4]</sup>。由于 *PRL* 具有多重重要生理功能,为此,有学者研究 *PRL* 与动物被毛生长发育等性状的关系,结果发现:*PRL* 可直接或间接影响毛皮动物毛的生长、脱落以及替换周期<sup>[5]</sup>。此外, *PRL* 还与褪黑激素( *MEL*) 协同影响毛发生长发育。因此,推测 *PRL* 及其受体基因多态性很有可能与产绒性状相关<sup>[6-9]</sup>。因此本研究以内蒙古阿尔巴斯型白绒山羊为研究对象,就 *PRL* 及其受

体基因多态性与绒山羊体重、绒细度、产绒量和绒厚度等性状的关系进行研究分析,以期找到与产绒性状相关联的标记位点,为早期标记辅助选择提供理论依据。

## 1 材料和方法

### 1.1 材料

1.1.1 样本 应用随机抽样法在内蒙古鄂尔多斯市内蒙古白绒山羊种羊场采集阿尔巴斯型白绒山羊 3 个群成年母羊血样共 209 份。所采血样均为 6mL,加入 ACD 抗凝,于 -20℃ 保存。采取血样的同时记录试验羊体重、产绒量、绒细度和绒厚度等生产性状指标。

1.1.2 SSCP 引物 *PRL* 基因引物按照蓝贤勇 2007 年的研究报道<sup>[10]</sup>,*PRLR* 基因引物按照张珂 2009 年的研究报道<sup>[11]</sup>,由上海生工生物技术公司合成,引物序列信息见表 1。

表 1 SSCP 引物序列

Tab.1 Primers sequences of SSCP

基因 Gene	位点 sites	引物名称 Primer name	引物序列(5'-3') Primer Sequences(5'-3')	复性温度/℃ Tm	产物大小/bp Sizes of products
<i>PRL</i> Gene	Exon 5	引物 1 Primer1	F-ATTCCTGGAGCCAAAGAG- R-TGTGGGCTTAGCAGTTGT-	58.1	196
	Exon 4	引物 2 Primer2	F-TGTGTCCTTCAGCATGAAG- R-TGTACCCAGGAAGAGGCAAG-	52.0	461
<i>PRLR</i> Gene	Exon 10	引物 3 Primer3	F-AAGGGCAAGTCCGAAGAAGT- R-TGAGGTTTCATCACACTTTTC-	57.8	248
	Exon 10	引物 4 Primer4	F-AAACCCCGTTGTCTCTGCTA- R-CCCAACGCAAGTGGAGTCTGC-	63.5	315

1.1.3 试剂 本研究主要试剂为上海生工产品:基因组 DNA 提取试剂盒、Taq DNA 聚合酶、DNA Marker( DL2000)、dNTP、蛋白酶 K( Proteinase K)、三羟甲基氨基甲烷( Tris)、DNA Marker I。甲叉双丙烯酰胺, N,N,N,N-四甲基乙二胺。琼脂糖( Agarose)、丙烯酰胺等均国产分析纯,其他常规试剂均由内蒙古农牧业科学院生物技术中心实验室提供。

1.1.4 主要仪器与设备 PTC-100 型 PCR 仪为美国 UNITED STATES 公司产品, DYY-7C 稳流稳压电泳仪、DYCZ-28D 型垂直电泳槽北京六一仪器厂生产, Gel-3000 型凝胶成像仪,北京鼎永科技有限公司, WFH-201 型多功能紫外透光仪,温州市孚华分析仪器厂。

### 1.2 方法

1.2.1 基因组 DNA 的提取 本研究绒山羊血液 DNA 的提取参照上海生工产品 UNIO-10 血液基因

组提取试剂盒提供的方法,并稍加改进。用分光光度计按  $OD_{260} = 50 \mu\text{g}$  测量基因组 DNA 的含量,并通过 0.7% 琼脂糖电泳凝胶检测 DNA 的完整性。合格 DNA 样品用 TE 稀释至终浓度  $50 \text{ ng}/\mu\text{L}$ , -20℃ 保存备用。

1.2.2 PCR 扩增 反应体系  $25 \mu\text{L}$ ,其中模板  $2 \mu\text{L}$ ,  $10 \times$  buffer(  $100 \text{ mmol/L}$  Tris-HCl ( pH8.0)  $2.5 \mu\text{L}$ , Taq 酶  $0.5 \mu\text{L}$  ( 2 U), dNTP(  $200 \mu\text{mol/L}$ )  $1.0 \mu\text{L}$ ,引物(  $5 \text{ pmol}/\mu\text{L}$ )  $2.0 \mu\text{L}$ ,其余的用双蒸水补齐。反应条件:  $95^\circ\text{C}$  预变性 5 min,  $94^\circ\text{C}$  变性 40 s,复性 30 s(因引物而异,见表 1),  $72^\circ\text{C}$  延伸 45 s, 35 个循环。最后  $72^\circ\text{C}$  延伸 10 min,  $4^\circ\text{C}$  保存。

1.2.3 电泳及结果记录  $8\% \sim 12\%$  (  $10 \text{ V}/\text{cm}$ ) 的非变性聚丙烯酰胺凝胶 200V 电泳过夜,用银染法显色。使用 Canon(佳能) 550D 数码相机照像,并分析、判定各种基因型。

1.2.4 测序 对 PCR-SSCP 的 PCR 产物进行直接测序。

1.2.5 数据统计及相关分析 本研究所有的数据在 SAS(9.0) 统计分析软件中完成。

① 等位基因频率是指一个群体中某一基因对其等位基因的相对比率

$$P_i = [2(i_i) + (ij_1) + (ij_2) + \dots + (ij_n)] / 2N$$

$P_i$ : 第  $i$  个等位基因的频率

$i$ : 纯合复等位基因

$j_1, j_2, \dots, j_n$ : 与  $i$  共有的第 1 到第  $n$  个等位基因。

② 基因型频率指一个群体中某一性状的各种基因型之间的相对比率。由于本研究中的检测结果为共显性等位基因,因此表型频率即为基因型频率。基因型频率 = 基因型个体数 / 测定群体总数

③ 根据各基因座的等位基因频率 (Allele frequency), 用下列公式计算多态信息含量 (Polymorphism information content, PIC)、遗传杂合度 (Heterozygosity,  $H_e$ ) 和有效等位基因数 (Effective number of allele,  $N_e$ )。

$$PIC = 1 - \sum_{i=1}^n (P_i)^2 - \sum_{i=1}^{n-1} \sum_{j=i+1}^n 2(P_i)^2 (P_j)^2$$

$$H_e = 1 - \sum_{i=1}^n (P_i)^2 \quad N_e = 1 / \sum_{i=1}^n (P_i)^2$$

其中:  $P_i$  为第  $i$  个等位基因的频率,  $n$  为某一位点上的等位基因数。

④ 运用 SAS(9.0) GLM(General Linear Model)

进行最小二乘方差分析,对各基因型间体重和产绒性状指标进行差异显著性检验。

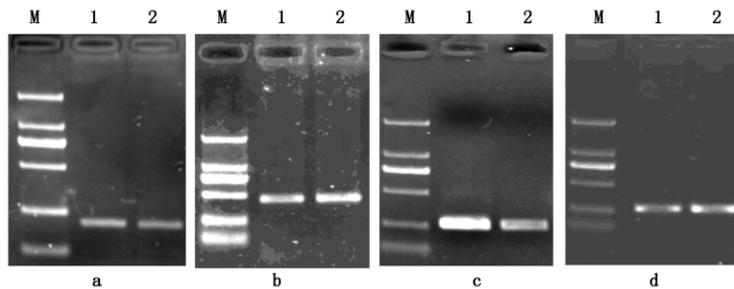
## 2 结果与分析

### 2.1 PCR 和 PCR-SSCP 分析

*PRL* 基因 P1、P2 引物的 PCR 扩增结果与理论大小一致(图 1-a, 1-b), PCR-SSCP 分析结果显示, P1 引物位点存在 SSCP 多态性, 基因型为 CC、CA(图 2-a), 未检测到 AA 型, P2 引物位点未见 SSCP 多态类型; *PRLR* 基因 P3、P4 引物的 PCR 扩增结果与理论大小一致(图 1-c, 1-d), PCR-SSCP 分析结果显示, P3 引物位点存在 SSCP 多态性, 基因型为 AA、BB, 未检测到 AB 型(图 2-b), P4 引物位点未见 SSCP 多态类型。

### 2.2 DNA 测序结果和序列分析

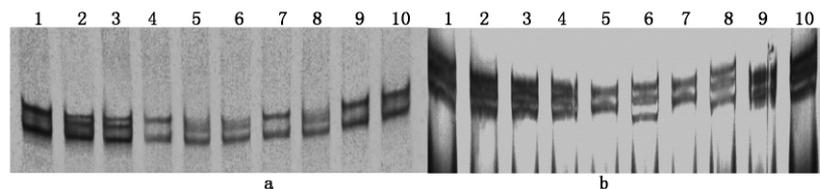
为了确定突变位点在序列中的位置, 将各引物扩增片段的不同基因型个体的 PCR 产物进行克隆测序。以序列 X76049、HQ266606 为参照, 利用 BioEdit 软件分析结果表明, 在 *PRL* 基因 Exon 5 区域存在 X76049: g. 576 bp 处 C-A 突变, 该突变导致第 176 个密码子 CCC 变成 ACC, 从而使脯氨酸变成苏氨酸 (Pro-Thr) (图 3-a); 在 *PRLR* 基因 Exon 10 区域存在 HQ266606: g. 1 076 bp 处 T-C 突变, 该突变导致第 359 个密码子 CTT 变成 CCT, 从而使亮氨酸变成脯氨酸 (Lue-Pro) (图 3-b)。



M. DL1000; a: P1 引物的 PCR 结果, 1 2. 196 bp; b: P2 引物的 PCR 结果, 1 2. 461 bp; c: P3 引物的 PCR 结果, 1 2. 248 bp; d: P4 引物的 PCR 结果, 1 2. 315 bp。  
M. DL1000; a: PCR products of P1 primer, 1 2. 196 bp; b: PCR products of P2 primer, 1 2. 461 bp; c: PCR products of P3 primer, 1 2. 248 bp; d: PCR products of P4 primer, 1 2. 315 bp.

图 1 绒山羊 *PRL* 及 *PRLR* 基因 4 个引物的 PCR 结果

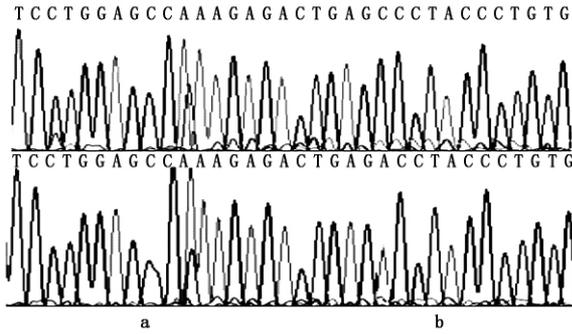
Fig. 1 The PCR products of 4 primers of *PRL* and *PRLR* gene in cashmere goat



a: P1 引物的 SSCP 结果(1 4 7 9, 10. CC 型; 2 3 5 6 8. CA 型); b: P3 引物的 SSCP 结果(1 2 3 4 6 8 9, 10. AA 型; 5 7. BB 型)。  
a: PCR-SSCP electrophoresis P1 primer(1 4 7 9, 10. CC type; 2 3 5 6 8. CA type); b: PCR-SSCP electrophoresis P3 primer(1 2 3 4 6 8 9, 10. AA type; 5 7. BB type).

图 2 绒山羊 *PRL* 基因 P1 引物, *PRLR* 基因 P3 引物的 PCR-SSCP 电泳结果

Fig. 2 PCR-SSCP electrophoresis of P1 primer of *PRL* and P3 primer of *PRLR* genes in cashmere goat



a: 绒山羊 *PRL* 基因 CC 和 CA 基因型序列比较 (CC. 序列 ACTGAGC-CC; CA. 序列 ACTGAGACC); b: 绒山羊 *PRLR* 基因 AA 和 BB 基因型序列比较 (AA. 序列 ACAGCCCTTCAC; BB. 序列 ACAGCCCCTCAC)。a: Sequence comparison of CC and CA genotypes of *PRL* gene (CC. ACTGAGCC; CA. ACTGAGACC); b: Sequence comparison of CC and CA genotypes of *PRLR* gene (AA. ACAGCCCTTCAC; BB. ACAGCCCCTCAC)。

图3 绒山羊 *PRL* 基因 P1 位点和 *PRLR* 基因 P3 位点不同基因型比较

Fig. 3 Sequence comparison of different genotypes of *PRL* and *PRLR* gene in cashmere goat

表2 内蒙古白绒山羊 *PRL* 基因 P1 多态位点基因型和等位基因频率以及群体遗传学分析

Tab. 2 Analysis on population genetics and genotype and allelic gene frequencies of P1 polymorphism locus of *PRL* gene in Inner Mongolia white cashmere goat

基因型频率 Genotype Frequencies		总数/只 Total	等位基因频率 Allelic Gene Frequencies		基因纯合度 Ho	基因杂合度 He	有效等位基因数 Ne	多态信息含量 PIC	$\chi^2$ 值 $\chi^2$ value
CC	CA		C	A					
0.856/179	0.144/30	209	0.928	0.072	0.866	0.134	1.154	0.125	1.249

注: \* . 表示差异显著  $0.01 < P < 0.05$ ; \*\* . 表示差异极显著,  $P < 0.01$ 。d:  $df = 2$ ,  $\chi^2_{(0.05)} = 5.99$ ,  $\chi^2_{(0.01)} = 9.21$ 。表3 A 同。  
Note: \* . Means significant difference ( $0.01 < P < 0.05$ ); \*\* . Means most significant difference ( $P < 0.01$ ). The same as Tab3 A.

表3 内蒙古白绒山羊 *PRLR* 基因 P3 多态位点基因型和等位基因频率以及群体遗传学分析

Tab. 3 Analysis on population genetics and gene and genotype frequencies of P3 polymorphism locus of *PRLR* gene in cashmere goat

基因型频率 Genotype Frequencies		总数/只 Total	等位基因频率 Allelic Gene Frequencies		基因纯合度 Ho	基因杂合度 He	有效等位基因数 Ne	多态信息含量 PIC	$\chi^2$ 值 $\chi^2$ value
BB	AA		A	B					
0.177/37	0.823/172	209	0.823	0.177	0.709	0.291	1.411	0.249	209**

## 2.4 各个位点 SNP 与绒山羊产绒性状之间的关联性分析

本试验采集的是内蒙古白绒山羊种羊场阿尔巴斯型白绒山羊 3 个群的成年母羊血样,由于数据的初步分析表明场效应对成年母羊产绒性状和体重影响不大 ( $P > 0.05$ ),所以只考虑基因型效应。利用最小二乘方差分析这两个位点与生产性状的关系,结果表明(表4) *PRL* 基因 P1 位点多态对绒山羊羊绒厚度有极显著影响 ( $P < 0.01$ ),该位点 CA 基因型羊绒厚度比 CC 基因型长 0.674 cm(表5)。*PRLR* 基因 P3 位点多态对绒山羊羊绒细度有显著影响 ( $P < 0.05$ ),该位点 AA 基因型羊绒细度比 BB 基因型细 0.38  $\mu\text{m}$  (表6)。

## 2.3 各个位点的基因频率和基因型频率以及群体遗传学分析

分析表明 绒山羊 *PRL* 基因 P1 位点的优势基因型及等位基因为 CC 型和 C,C 等位基因频率为 0.928,该位点的 PIC 为 0.125,处于低度多态 ( $< 0.25$ )。 $\chi^2$  适合性检验结果表明,内蒙古白绒山羊的 P1 位点处于 Hardy-Weinberg 平衡状态 ( $P > 0.05$ ) (表2); *PRLR* 基因 P3 位点的优势基因型及等位基因为 AA 型和 A,A 等位基因频率为 0.823,该位点的 PIC 为 0.249,处于低度多态 ( $< 0.25$ )。 $\chi^2$  适合性检验结果表明,内蒙古白绒山羊的 *PRLR* 基因 P3 位点均处于 Hardy-Weinberg 不平衡状态 ( $P < 0.01$ ) (表3),说明这两个位点的遗传变异程度较低,选择潜力不大,应加强白绒山羊群体 *PRL* 及 *PRLR* 基因多态性的保护。

## 3 讨论

### 3.1 *PRL* 及其受体基因的多态性

催乳素及其受体基因的多态性研究是目前家畜分子标记的热点之一,很多学者在猪、鸡、牛、绵羊和人等动物中发现了催乳素及其受体基因的多态性。Kato 等<sup>[12]</sup>运用扩增的方法得到猪 *PRL* 基因的 cDNA 并与已公布的 cDNA 比较,结果发现 1 处碱基突变。Vincent 等<sup>[13]</sup>利用酶切的方法发现了绵羊的 *PRL* 基因的多态性。代鸥等<sup>[14]</sup>研究发现 *PRL* 基因外显子 2 存在单核苷酸多态性,小尾寒羊 *PRL* 基因外显子 2 的 CC 型平均产羔数分别比 CD 型和 DD 型多 0.39 和 0.98 只 ( $P < 0.05$ ),这 3 种基因型对小尾寒羊产羔数是典型的加性效应。Drogemuller

等<sup>[15]</sup>以多个品系的猪为研究对象,发现基因 *PRLR* 存在多态性。Putuova、Rothschild 和 Terman 等研究均发现 *PRLR* 基因与猪的产仔数可能存在关

系<sup>[16-18]</sup>。因此,催乳素及其受体基因多态性主要与家畜繁殖性状存在关联。

表 4 *PRL* 基因 P1 和 *PRLR* 基因 P3 多态位点与产绒性状之间的方差分析

Tab. 4 ANOVA analysis between polymorphism locus of *PRL/PRLR* gene and production cashmere traits

性状 Traits	均方 MS		F 值 F value		P 值 P value	
	P1 位点	P3 位点	P1 位点	P3 位点	P1 位点	P3 位点
体重 Weight	40.154018	8.112332	2.38	0.48	0.124 6	0.491 0
产绒量 Cashmere yield	1 533.452	11 345.538	0.12	0.86	0.734 0	0.354 8
绒细度 Cashmere fineness	1.2003699	3.4281033	1.46	4.24	0.228 9	0.041 1*
绒厚度 Cashmere thickness	11.8339871	0.9948093	13.98	1.11	0.000 2**	0.294 2

表 5 *PRL* 基因 P1 多态位点各基因型对绒山羊羊绒厚性状的效应分析

Tab. 5 Effect analysis different genotypes of *PRL* gene on cashmere thickness trait

基因型 Genotype	CC	CA	P value
绒厚 Cashmere thickness	5.483 ± 0.99	6.157 ± 0.64	** P < 0.01

表 6 *PRLR* 基因 P3 多态位点各基因型对绒山羊羊绒细度性状的效应分析

Tab. 6 Effect analysis different genotypes of *PRLR* gene on cashmere fineness trait

基因型 Genotype	AA	BB	P value
绒细度 Cashmere fineness	15.63 ± 0.95	16.01 ± 0.64	* P < 0.05

### 3.2 绒山羊 *PRL*、*PRLR* 基因多态性及其与生产性状的关系

在山羊研究中,蓝贤勇首次发现了 *PRL* 基因的多态性,在内蒙古白绒山羊 *PRL* 基因第 4 外显子和第 5 外显子存在 SSCP 类型。其中,Exon 4 突变位点是 332 bp 处 T-A 突变,该突变导致绒山羊 *PRL* 基因第 111 个密码子 ATG 变成 AAG,从而形成 Met111Lys,以及 492 bp 处 G-T,该突变导致绒山羊 *PRL* 基因第 164 位密码子 TTG 变成 TTT,从而形成 Leu164Phe; Exon 5 突变位点是 576 bp 处 C-A 突变,从而形成 Pro176Thr。这 3 个突变位点均导致氨基酸序列的改变。进一步分析表明 *PRL* 基因 Exon 4 多态位点对绒山羊羊绒长度有显著影响,Exon5 多态位点对特定年龄下绒厚性状有显著影响<sup>[10]</sup>。张珂对天府肉羊、波尔山羊和成都麻羊 *PRLR* 基因多态性分析表明,突变位点位于 *PRLR* 基因第 10 外显子 52 bp 和 220 bp 处。第一个位点位于 52 bp 处是 G-A 突变,该突变没有导致氨基酸的改变;第二个位点位于 220 bp 处是 T-C 突变,该突变导致亮氨酸变为脯氨酸

(Leu-Pro)<sup>[11]</sup>。

本研究引用了蓝贤勇和张珂用于研究 *PRL* 及其受体基因多态性的引物,研究结果表明,在绒山羊 *PRL* 基因 Exon 4 没有发现多态位点,分析可能是本研究检测的样本数较少,没有检测到绒山羊 *PRL* 基因 Exon 4 的多态性。在 Exon5 的多态位点与蓝贤勇研究的结果一致,且对绒山羊绒厚性状有极显著影响 ( $P < 0.01$ ); 绒山羊 *PRLR* 基因 Exon10 发现了 1 076 bp 处 T-C 突变,该突变使亮氨酸变成脯氨酸 (Leu-Pro),通过该位点 SNP 与绒山羊产绒性状相关性分析表明,P5 位点多态对绒山羊羊绒细度有显著影响 ( $P < 0.05$ )。由于本研究检测到的 1 076 bp T-C 突变位于 *PRLR* 基因 Exon10 的 216 bp 处,没有发现 52 bp 和 220 bp 处突变,分析可能是由于山羊品种的不同,在绒山羊 *PRLR* 基因 Exon10 只检测到 216 bp 存在突变,而没有检测到其他位点突变。由此也说明,由于山羊品种和用途的不同,在绒用山羊和肉用山羊不同品种的 *PRLR* 基因存在着不同的多态分子机制,进而发挥特定的生理作用。

## 4 结 论

在绒山羊羊绒厚度性状上,*PRL* 基因 P1-CA 基因型可以作为标记基因型;在羊绒细度性状上,*PRLR* 基因 P3-AA 基因型可以作为标记基因型,作为绒山羊产绒性状的辅助选择分子标记位点。

### 参考文献:

- [1] 韩正康. 家畜生理学 [M]. 北京: 中国农业出版社, 2000.
- [2] Bole Feysot C, Goffin V, Ebery M, et al. Prolactin and its receptor: action, signal transduction pathways and phenotypes observed in PRL receptor knockout mice [J]. Endocrinology review, 1998, 19(1): 225-268.
- [3] Kloten W R L, Norton B W. Fleece growth in australian cashmere goats. II. The effect of pregnancy and lactation [J]

- . Journal of Agricultural Research ,1993a 44: 1023 – 1024.
- [4] Kloren W R L ,Norton B W. Fleece growth in Australian cashmere goats. II. The effect of pregnancy and lactation [J]. Journal of Agricultural Research ,1993b 44( 5) : 1023 – 1034.
- [5] Litherland A J ,The role of plasma prolactin concentration in seasonal fiber growth cycles in down-producing goats and Wiltshire sheep [J]. Physiological Reviews ,1996 80( 4) : 1523 – 1631.
- [6] Bigham M L ,Morris C A ,Southey B R *et al.* Heritabilities and genetic correlations for live weight and fiber traits in New Zealand cashmere goats [J]. Livest Prod Sci ,1993a , 33 1 – 2.
- [7] Bigham M L ,Morris C A ,Southey B R *et al.* Heritabilities and genetic correlations for live weight and fiber traits in New Zealand cashmere goats [J]. Livest Prod Sci ,1993b , 33 91 – 104.
- [8] McClohry C E ,Hollis D E ,Foldes A *et al.* The effects of exogenous melatonin and prolactin on wool follicle development in ovine foetal skin grafts [J]. Australian Journal of Experimental Agricultural ,1992 44: 993 – 1002.
- [9] McGregor B A. Effects of different nutritional regimens on the productivity of Australian cashmere goats and the partitioning of nutrients between cashmere and hair growth [J]. Australian Journal of Experimental Agricultural ,1988 28: 459 – 467.
- [10] 蓝贤勇. 山羊重要功能基因遗传分析及其与经济性状的关系 [D]. 陕西杨凌: 西北农林科技大学, 博士论文 2007.
- [11] 张珂. 山羊 PRLR 基因多态性及其与产羔数相关性分析 [D]. 四川成都: 四川农业大学, 硕士论文 2009.
- [12] Kato Y ,Hiarai T ,Kato T. Molecular cloning of cDNA for porcine prolactin precursor [J]. Journal of Molecular Endocrinology ,1990 4( 2) : 135 – 142.
- [13] Vincent A L ,Rothschild M F. A restriction fragment length polymorphism in the ovine prolactin gene [J]. Journal of Animal Science ,1997 75( 6) : 1686 – 1818.
- [14] 代鸥, 储明星等. 催乳素基因多态性及其与小尾寒羊高繁殖力的关系 [J]. 农业生物技术学报 ,2007 ,15( 2) : 222 – 227.
- [15] 曹果清, 李步高等. 猪催乳素受体 (PRLR) 基因 *Alu I* 多态性与产仔数关系的研究 [J]. 山西农业大学学报 , 2004 24( 3) : 253 – 225.
- [16] Putnova L ,Knoll A ,Dvorak J *et al.* A new *Hpa II* PCR-RFLP within the prolactin receptor ( PRLR) gene and study of its effect on litter and number of teats [J]. Journal Animal Breed Genet 2002 ,119( 1) : 57 – 63.
- [17] Rothschild M F ,Vincent A L *et al.* A mutation in the receptor gene is associated with increased litter size in pigs [J]. Animal Genetics ,1998 29: 29 – 32.
- [18] Terman A. Effect of the polymorphism of prolactin receptor ( PRLR) and leptin ( LEP) genes on litter size in Polish pigs [J]. Journal Animal Breed Genetics ,2005 ,122( 6) : 400 – 404.