

徐梦思,黄涛,马亮,等.猪 *TGFβ1* 和 *TGFβR I* 基因多态性与产活仔数的关联分析[J]. 江苏农业科学,2016,44(2):38-41.  
doi:10.15889/j.issn.1002-1302.2016.02.010

# 猪 *TGFβ1* 和 *TGFβR I* 基因多态性与产活仔数的关联分析

徐梦思,黄涛,马亮,王斌虎,刘丽娟,翟腾蛟,马力鹏

(石河子大学动物科技学院,石河子 832000)

**摘要:**为探讨猪转化生长因子  $\beta 1$  (*TGFβ1*) 及其受体 (*TGFβR I*) 基因多态性与大白猪和长白猪产活仔数的相关性。采用 PCR-SSCP 方法检测了 *TGFβ1* 第 6 内含子和 *TGFβR I* 第 7 内含子中与猪繁殖力相关的 2 个突变位点在大白猪和长白猪(共计 232 头)中的单核苷酸多态性,同时分析多态位点基因型与大白猪和长白猪产活仔数的关联性。结果发现:*TGFβ1* 基因第 7 外显子上游的第 9 位碱基存在 C→T 突变,在大白猪和长白猪中均检出 CC 和 TT 2 种基因型,且不同基因型对 2 猪种产活仔数的影响差异不显著( $P>0.05$ );*TGFβR I* 基因第 7 内含子第 808 位碱基存在 A→G 突变,在大白猪中检出 AA、AG、GG 3 种基因型,长白猪中未检出 GG 基因型,大白猪中 GG 型母猪产活仔数极显著高于 AA 型( $P<0.01$ ),长白猪中,AA 型和 AG 型产活仔数的影响差异不显著( $P>0.05$ )。研究结果表明,*TGFβ1* 基因的突变位点对大白猪和长白猪的产活仔数没有显著影响,*TGFβR I* 基因多态位点与母猪产活仔数显著相关,可作为猪分子遗传育种的候选基因,加快猪育种进程。

**关键词:**猪;*TGFβ1* 基因;*TGFβR I* 基因;PCR-SSCP;产活仔数

**中图分类号:** S828.2 **文献标志码:** A **文章编号:** 1002-1302(2016)02-0038-04

*TGFβ1* 是转化生长因子家族的重要成员之一,具有促进细胞生长、分化、迁移,参与免疫调节、细胞外间质形成、创伤愈合、组织修复、胚胎发育等生物学功能<sup>[1]</sup>。其受体 *TGFβRI*

属于丝氨酸/苏氨酸激酶受体家族,在大多数细胞和组织中普遍表达,其胞内区具有丝氨酸/苏氨酸激酶结构域,即 GS 区,具有激酶活性。在 *TGFβ*/SMAD 信号通路的信号转导是由有活性的 *TGFβ1* 首先和 *TGFβR II* 结合形成异源二聚体复合物,该异源二聚体能够使 *TGFβR I* GS 区的丝氨酸和苏氨酸磷酸化,激活 *TGFβR I* 激酶,活化的 *TGFβR I* 激酶再与下游的 SMADs 蛋白家族发生磷酸化,从而将配体信号跨膜转入细胞核中,进而引起一系列的生物学效应<sup>[2]</sup>。*TGFβ1* 与其受体 *TGFβR I* 直接参与下丘脑-垂体-卵巢轴的调控,在促进卵子成熟,黄体形成,及子宫内膜及滋养细胞的增殖与分化方面

收稿日期:2015-03-20

基金项目:国家自然科学基金(编号:30901014,31460586);留学回国人员科研启动基金。

作者简称:徐梦思(1990—),女,新疆石河子人,硕士,主要从事猪分子遗传育种研究。E-mail:1453855240@qq.com。

通信作者:黄涛(1978—),男,湖北武汉人,博士,副教授,主要从事猪分子遗传育种研究。E-mail:taohuang100@sina.com。

- [11] Groen A F, Smith C. A stochastic simulation study on the efficiency of marker-assisted introgression in livestock[J]. Journal of Animal Breeding and Genetics, 1995, 112: 161-170.
- [12] Visscher P M, Haley C S. On the efficiency of marker-assisted introgression[J]. Animal Science, 1999, 68(1): 59-68.
- [13] Visscher P M. Proportion of the variation in genetic composition in backcrossing programs explained by genetic markers[J]. Journal of Heredity, 1996, 87(2): 136-138.
- [14] van Heelsum A M, Haley C S, Visscher P M. Marker-assisted introgression using non-unique marker alleles: II. Selection on probability of presence of the introgressed allele[J]. Animal Genetics, 1997, 28(3): 188-194.
- [15] van Heelsum A M, Visscher P M, Haley C S. Marker-assisted introgression using non-unique marker alleles: I. Selection on the presence of linked marker alleles[J]. Animal Genetics, 1997, 28: 181-187.
- [16] Frisch M, Bohn M, Melchinger A E. Minimum sample size and optimal positioning of flanking markers in marker-assisted backcrossing for transfer of a target gene[J]. Crop Science, 2001, 41(6): 1716-

1725.

- [17] Frisch M, Melchinger A E. Marker-assisted backcrossing for simultaneous introgression of two genes[J]. Crop Science, 2001, 41(6): 1716-1725.
- [18] Frisch M, Melchinger A E. The length of the intact donor chromosome segment around a target gene in marker-assisted backcrossing[J]. Genetics, 2001, 157(3): 1343-1356.
- [19] Chaiwong N, Dekkers J C M, Fernando R L, et al. Introgressing multiple QTL in backcross breeding programs of limited size[C]. Proc 7th World Cong Genet Appl Livest Prod, 2002.
- [20] Bai J Y, Zhang Q, Jia X P. Comparison of different foreground and background selection methods in marker-assisted introgression[J]. Acta Genetica Sinica, 2007, 33(12): 1073-1080.
- [21] Visscher P M, Haley C S, Thompson R. Marker-assisted introgression in backcross breeding programs[J]. Genetics, 1996, 144(4): 1923-1932.
- [22] Hospital F, Charcosset A. Marker-assisted introgression of quantitative trait loci[J]. Genetics, 1997, 147(3): 1469-1485.

起着重要的作用<sup>[3]</sup>。

已有研究证实, *TGFβ1* 与动物繁殖有着密切的关系, *TGFβ1* 在卵巢细胞内的表达随着动物物种、卵泡发育阶段的不同而有所差异,但在多种动物卵泡发育阶段都呈时空性表达<sup>[4]</sup>;Wimmers 等通过 PCR - SSCP 检测到皮特兰猪、柏林小型猪,在 *TGFβ1* 第 5 外显子的 798 碱基 (AF461808) 存在 1 个单核苷酸多态 (SNP)<sup>[5]</sup>;武艳萍等研究发现大白猪 *TGFβ1* 基因多态性与产仔数间呈显著关联 ( $P < 0.05$ )<sup>[6]</sup>;王嘉博发现 *TGFβ1* 基因 T4 位点的 AA 型总产仔数最高,对母猪生产性状的影响极显著,对仔猪出生体质量及断奶体质量影响不显著<sup>[7]</sup>。李海晶等研究发现大白猪 *TGFβR I* 基因多态性与产仔数间呈显著关联 ( $P < 0.05$ )<sup>[8]</sup>。根据以上 *TGFβR I* 基因和 *TGFβ1* 基因对繁殖的影响,本试验以 *TGFβR I* 和 *TGFβ1* 作为候选基因进行研究,选取大白猪 111 头,长白猪 121 头为研究材料,采用 PCR - SSCP 技术,对猪 *TGFβ1* 基因第 6 内含子和 *TGFβR I* 基因第 7 内含子进行多态性检测,分析其多态性与猪产仔数之间的关联性,为进一步提高猪繁殖性能,实现猪的遗传改良提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 试验材料

表 1 PCR 引物序列及退火温度

引物名称	引物序列(5'→3')	扩增长度(bp)	退火温度(℃)
<i>TGFβ1</i>	F:GAAGGCGAGACAGTGAGATACAAGC;R:CCACGTAGTACACGATGGGCAGT	262	61
<i>TGFβR I</i>	F:TTTCTGACACATTGGGGTTC;R:AGGGCTCTCAGTCTGCTCTC	187	57

1.5 PCR 扩增

以猪耳组织 DNA 为模板,使用 *Taq Mix* 试剂进行 PCR 扩增,PCR 反应体系为 20 μL;Mix 10 μL,上下游引物各 0.8 μL (10 μmol/L),DNA 1 μL,补 ddH<sub>2</sub>O 至总反应体系为 20 μL。PCR 反应条件:94 ℃ 预变性 2 min;94 ℃ 变性 30 s,退火 30 s,72 ℃ 延伸 30 s,共 35 个循环;72 ℃ 终延伸 5 min;保存 4 ℃。PCR 产物经 2.0% 琼脂糖凝胶电泳检测。

1.6 PCR - SSCP

根据 PCR 产物片段的大小,*TGFβ1* 和 *TGFβR I* 基因分别使用 10% 和 12% 非变性聚丙烯酰胺凝胶进行检测。取 3 μL 扩增条带明亮单一、片段大小符合预期的 PCR 产物和 8 μL Loading buffer,瞬时离心混匀。PCR 仪 98 ℃ 变性 10 min 后迅速冰浴 10 min,取 10 μL 变性后的 PCR 产物上样。120 V 稳压电泳 12 h,银染显带,确定纯合子和杂合子带型,并拍照记录。

1.7 PCR 产物的克隆测序

利用普通琼脂糖回收试剂盒对 PCR - SSCP 检测到的同一引物不同带型的 PCR 产物进行回收,将纯化产物与 pGEM - T 载体连接,连接体系为:2 × Rapid Ligation buffer 5 μL,PCR 产物 3 μL,pGEM - T Vector 1 μL,T4 DNA Ligase 1 μL,PCR 仪中 16 ℃ 连接过夜。然后将连接产物转化到大肠杆菌 DH5α 感受态细胞,涂布平板,37 ℃ 过夜培养,挑选阳性菌落,37 ℃ 扩大培养 8 h,将选取的阳性菌株送交北京华大生物工程技术服务有限公司测序。

1.8 数据统计

本试验选取健康无病的大白猪 111 头和长白猪 121 头,分别来自新疆科盛种猪场和新疆 142 团种猪场,用耳号钳采集耳组织样本 0.1 g,置于 70% 乙醇溶液中,-80 ℃ 保存备用。

1.2 试验试剂

*Taq MIX*,购自 CWBIO 公司;DNA marker、DNA 提取试剂盒、胶回收试剂盒,购自 TIANGEN 公司;pGEM - T Vector、T4 DNA 连接酶,购自 Promega 公司;大肠杆菌 DH5α 感受态细胞,为石河子大学动物遗传育种与繁殖实验室保存。

1.3 猪耳组织 DNA 的提取

取猪耳组织,用灭菌小剪刀充分剪碎,处理样品过程中需注意剪刀的消毒,避免交叉污染。根据 TIANGEN 动物组织 DNA 提取试剂盒操作步骤提取猪耳组织基因组 DNA。

1.4 PCR - SSCP 引物设计

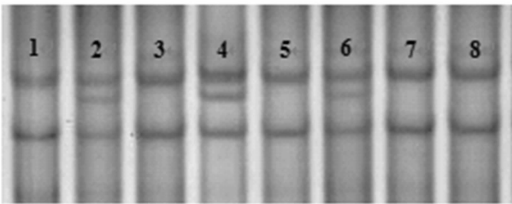
根据已知的猪 *TGFβ1* 基因第 6 内含子区的 1 156 bp 序列(序列:AJ621785 中的第 1 043 位点)<sup>[6]</sup>和 *TGFβR I* 基因第 7 内含子区的 1 259 bp 序列中突变位点(序列:DQ519377 中的第 65 753 位点)<sup>[8]</sup>,利用 Primer 5.0 软件设计扩增 *TGFβ1* 和 *TGFβR I* 的特异性上下游引物。引物由北京华大生物工程技术有限公司合成,引物序列(表 1)。

根据 PCR - SSCP 银染显影带型的显示,统计计算等位基因的基因频率和基因型频率,利用 SPSS 17.0 软件中的 One - way ANOVA 方法进行方差分析,LSD 法进行组间差异显著性检验,分析 *TGFβ1* 和 *TGFβR I* 不同基因型与大白猪和长白猪产活仔数性状的相关性,不同基因对应的产活仔数用平均值 ± 标准差表示。

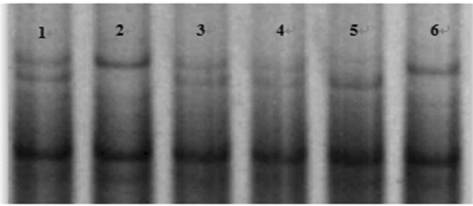
2 结果与分析

2.1 PCR - SSCP 检测结果

对猪耳组织 DNA 用 *TGFβ1* 基因第 6 内含子和 *TGFβR I* 基因第 7 内含子特异性引物扩增,对扩增产物分别进行 10% 和 12% 非变性聚丙烯酰胺凝胶电泳检测。在 2 个猪种 *TGFβ1* 基因引物扩增片段均上发现 1 个突变位点,检测到 2 种基因型,分别命名为 CC 型和 TT 型,结果见图 1;在 2 个猪种 *TGFβR I* 基因引物扩增片段上均发现 1 个突变位点,大白猪中检测到 3 种基因型,长白猪中检测到 2 种基因型,分别命名为 AA 型、AG 型及 GG 型,结果见图 2。



1, 3, 5, 7, 8: CC型; 2, 4, 6: TT型  
图1 *TGFβ1* 基因 PCR-SSCP 多态性检测



1, 3, 4—AG型; 2, 6—AA型; 5—GG型  
图2 *TGFβ1* 基因 PCR-SSCP 多态性检测

2.2 测序结果及分析

经 SSCP 分型后,将不同基因型个体的 PCR 产物用普通琼脂糖胶回收试剂盒纯化回收后连接 pGEM-T 载体,转化大肠杆菌 DH5α 送样测序。测序结果经 DNAMAN 和 Chromas 软件分析后,发现在 *TGFβ1* 引物扩增片段的第 156 碱基处发生了 C→T 突变,此突变位点位于 *TGFβ1* 基因第 7 外显子上游的第 9 位碱基(序列:AJ621785 中的第 1 043 位点)。*TGFβR I* 引物扩增片段的第 112 碱基处发生了 A→G 突变,此突变位点位于 *TGFβR I* 基因第 7 内含子第 808 位碱基(序列:DQ519377 中的第 65 753 位点)。*TGFβ1* 和 *TGFβR I* 基因不同基因型个体测序结果分别见图 3、图 4。

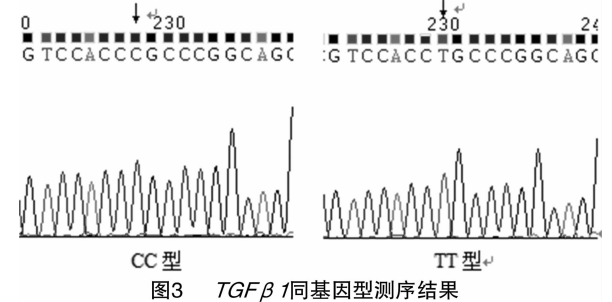


图3 *TGFβ1* 同基因型测序结果

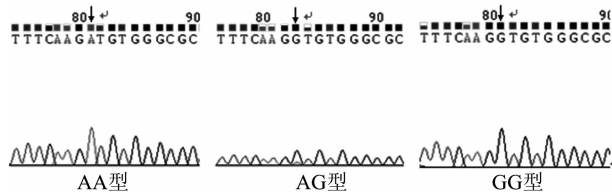


图4 *TGFβR I* 不同基因型测序结果

2.3 不同猪种 *TGFβ1* 和 *TGFβR I* 基因的等位基因和基因型频率分析

对 *TGFβ1* 和 *TGFβR I* 基因在大白猪和长白猪中的基因

频率和基因型频率进行统计(表 2、表 3),*TGFβ1* 基因在大白猪和长白猪中均检测到 CC、TT 2 种基因型,未检测到 CT 基因型,等位基因 C 占优势。*TGFβR I* 基因在大白猪中检测到 AA、AG、GG 3 种基因型,等位基因 A 占优势;在长白猪中检测到 AA、AG 2 种基因型,未检测到 GG 基因型,等位基因 A 占优势。

表 2 不同猪种 *TGFβ1* 基因的基因型、等位基因频率

品种	数量	基因频率		基因型频率	
		C	T	CC	TT
大白猪	111	0.891	0.109	0.783(87)	0.217(24)
长白猪	121	0.884	0.116	0.768(93)	0.232(28)

表 3 不同猪种 *TGFβR I* 基因的基因型、等位基因频率

品种	数量	基因频率		基因型频率		
		A	G	AA	AG	GG
大白猪	111	0.883	0.117	0.819(91)	0.126(14)	0.055(6)
长白猪	121	0.909	0.091	0.818(99)	0.182(22)	0.000(0)

2.4 *TGFβ1* 和 *TGFβR I* 不同基因型对猪产活仔数的影响

利用 SPSS 17.0 软件对统计结果进行 One-way ANOVA 分析, LSD 法进行组间差异显著性检验,分析 *TGFβ1* 和 *TGFβR I* 各突变位点不同基因型与母猪产活仔数性状的相关性,不同基因对应的产活仔数用平均值±标准差表示。结果(表 4)显示 *TGFβ1* 基因在大白猪和长白猪中,CC 型和 TT 型产活仔数之间均没有显著差异( $P>0.05$ ),产活仔数趋势均为  $TT>CC$ 。*TGFβR I* 基因大白猪中,GG 型和 AG 型产活仔数极显著高于 AA 型( $P<0.01$ ),GG 型产活仔数显著高于 AG 型( $P<0.05$ ),产活仔数趋势为  $GG>AG>AA$ ;长白猪中,AA 型和 AG 型产活仔数之间差异不显著,产活仔数趋势为  $AG>AA$ 。

2.5 *TGFβ1* 和 *TGFβR I* 合并基因型对猪产活仔数的影响

将检测出的 *TGFβ1* 基因 C→T 突变位点与 *TGFβR I* 基因 A→G 突变位点合并基因型,在检测猪群中则存在 CCAA、CCAG、CCGG、TTAA、TTAG 和 TTGG 6 种合并基因型。以 *TGFβ1* 基因和 *TGFβR I* 基因的合并基因型为参数对不同猪种产活仔数进行分析,大白猪群中 TTGG 合并基因型的产活仔数最高,为 11.54 头/胎,平均比最低的 CCAA 合并基因型的产活仔数多 1.81 头/胎。长白猪中 4 种合并基因型产活仔数的平均值之间相差较小(表 5)。

表 4 *TGFβ1* 和 *TGFβR I* 基因多态性对不同猪种产活仔数的影响

品种	产活仔数(头/胎)				
	<i>TGFβ1</i> C→T		<i>TGFβR I</i> A→G		
	CC	TT	AA	AG	GG
大白猪	9.82±1.77aA	10.25±1.42aA	9.65±1.55aA	11.00±2.0bB	12.83±1.60cB
长白猪	10.08±1.74aA	10.28±1.73aA	10.08±1.8aA	10.38±1.43aA	—

注:同行后不同小写、大写字母分别表示同一基因不同基因型产活仔数差异水平达显著( $P<0.05$ )、极显著( $P<0.01$ )。

表 5 *TGFβ1* 和 *TGFβR I* 基因的合并基因型对不同猪种产活仔数的影响

品种	产活仔数(头/胎)					
	CCAA	CCAG	CCGG	TTAA	TTAG	TTGG
大白猪	9.73±1.66Aa	10.41±1.88Ab	11.32±1.68Bb	9.95±1.66Aa	10.62±1.71Ab	11.54±1.51Bb
长白猪	10.08±1.77	10.23±1.58	—	10.18±1.76	10.33±1.58	—

注:同行后不同小写、大写字母分别表示不同基因型产活仔数差异水平达显著( $P<0.05$ )、极显著( $P<0.01$ )。

### 3 讨论与结论

繁殖性状是猪的重要经济性状之一,它的优劣不仅直接影响母猪的繁殖生产力,而且直接影响养猪生产的经济效益<sup>[9-10]</sup>。近年来,转化生长因子 $\beta$ 超家族成员在动物繁殖中的作用被广泛研究,TGF $\beta$ 1 和 TGF $\beta$ R I 作为转化生长因子 $\beta$ 超家族重要成员,它们在动物繁殖中的作用也受到越来越多的关注。

TGF $\beta$ 1 是一种具有多种生物学功能的细胞因子,在正常的组织、细胞和转化细胞中均存在。TGF $\beta$ 1 可以通过调节基因表达来发挥维持机体正常生理过程和生命活动的重要作用。现已有研究表明 TGF $\beta$ 1 在卵巢组织中高表达,与卵泡发育、颗粒细胞的增殖、分化和排卵有关<sup>[11]</sup>。TGF $\beta$ 1 参与颗粒细胞与膜细胞以及颗粒细胞与卵母细胞之间的双向通讯<sup>[12]</sup>。因而我们将 TGF $\beta$ 1 基因作为繁殖性状的候选基因,参考武艳萍等、王嘉博发现的研究结果设计引物,利用单链构象多态性聚合酶链技术对该基因第 6 内含子多态性进行检测,在第 7 外显子上游的第 9 位碱基检测出 C $\rightarrow$ T 突变,这与武艳萍等人的研究结果一致。对 C $\rightarrow$ T 突变进行分析发现,在大白猪和长白猪中导致出现 TT、CC 2 种基因型,且 2 个群体中均为 C 等位基因占优势,T 和 C 等位基因频率相差较大,说明 TGF $\beta$ 1 基因 C $\rightarrow$ T 突变的等位基因频率和群体遗传特征在不同品种中较为一致。并对所检测出的 SNP 位点的不同基因型与猪产活仔数进行了关联性分析,大白和长白经产母猪的产活仔数均表现为 TT > CC,在大白猪种中该位点 TT 型母猪的产活仔数比 CC 型多 0.43 头/胎 ( $P > 0.05$ ),在长白猪种中该位点 TT 型母猪的产活仔数比 CC 型多 0.20 头/胎 ( $P > 0.05$ )。在这 2 个品种中 T 等位基因有利于提高母猪的产活仔数,这反映出 TGF $\beta$ 1 基因可能与猪产活仔数性能密切相关,表明该位点的 T 基因可以作为猪高产活仔数的一个遗传标记。

TGF $\beta$ R I 在卵巢不同发育阶段中均有表达,通过自分泌/旁分泌机制参与卵巢颗粒细胞增殖、卵母细胞成熟和类固醇生成,调节数种关键的颗粒细胞酶,对保持卵巢内的理想环境起着十分重要的作用<sup>[13]</sup>。目前国内外对猪 TGF $\beta$ R I 基因多态性的报道还很少,本研究借鉴李海晶等的研究结果,设计引物,利用 PCR - SSCP 方法对该基因第 7 内含子进行多态性检测,检测 1 个 SNP 位点,即 TGF $\beta$ R I 基因第 7 内含子第 808 位碱基(序列:DQ519377 中的第 65753 位点)存在 A $\rightarrow$ G 突变,这与李海晶等的研究结果存在一定的差异,前人在 TGF $\beta$ R I 基因第 7 内含子中检测出 2 个 SNP 位点,并且就 A $\rightarrow$ G 突变,测序样本中只出现了 1 种纯合子和 1 种杂合子,本研究在大白猪群体中检测出 AA、AG、GG 3 种基因型,而在长白猪群体中只检测出 AA、AG 2 种基因型。这说明在群体中是存在 GG 基因型的,长白猪群体中未检出可能是由于 GG 型出现的比率本身就较低,扩大样本数量可能会检测出。对

A $\rightarrow$ G 突变进行分析发现,在大白猪和长白猪 2 个群体中均为 A 等位基因占优势,A 和 G 等位基因频率相差较大。分析不同基因型与猪产活仔数之间的关联性,发现大白经产母猪产活仔数表现为 GG > AG > AA,长白经产母猪产活仔数表现为 AG > AA,大白猪中 GG 型比 AG 型和 AA 型母猪产活仔数分别高出 1.83 头/胎和 3.18 头/胎,GG 型与 AG 型母猪产活仔数之间差异显著 ( $P < 0.05$ ),与 AA 型之间差异极显著 ( $P < 0.01$ );而长白猪中 AG 型比 AA 型母猪产活仔数高出 0.30 头/胎,差异不显著 ( $P > 0.05$ )。在这 2 个品种中 G 等位基因有利于提高母猪的产活仔数,结合前人的研究结果可进一步证实 TGF $\beta$ R I 基因多态性与猪产活仔数显著相关,该基因可以用于猪分子遗传育种的候选基因。

### 参考文献:

- [1] Lastres P, Letamendía A, Zhang H, et al. Endoglin modulates cellular responses to TGF $\beta$  1 [J]. The Journal of Cell Biology, 1996, 133 (5): 1109 - 1121.
- [2] Mulsant P, Lecerc F, Fabre S, et al. Mutation in bone morphogenetic protein receptor - IB is associated with increased ovulation rate in Booroola Mérino ewes [J]. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 2001, 98 (9): 5104 - 5109.
- [3] Godkin J D, Dore J J. Transforming growth factor beta and the endometrium [J]. Reviews of Reproduction, 1998, 3 (1): 1 - 6.
- [4] Xaubet A, Marin - Arguedas A, Lario S, et al. Transforming growth factor - beta1 gene polymorphisms are associated with disease progression in idiopathic pulmonary fibrosis [J]. American Journal of Respiratory and Critical Care Medicine, 2003, 168 (4): 431 - 435.
- [5] Wimmers K, Chomdej S, Ponsuksili S, et al. Polymorphism in the porcine transforming growth factor -  $\beta$ 1 gene [J]. Anim Genet, 2002, 233: 224 - 248.
- [6] 武艳萍, 傅金恋, 李 宁, 等. 不同猪种 TGF $\beta$  - 1 基因单核苷酸多态性分析 [J]. 中国畜牧杂志, 2005, 41 (4): 11 - 13.
- [7] 王嘉博. 猪 GSTM2、TGF -  $\beta$ 1 基因的多态性及与生产性状相关性分析 [D]. 哈尔滨: 东北农业大学, 2010: 47 - 49.
- [8] 李海晶, 傅金恋, 王爱国, 等. 不同猪种 TGF $\beta$  - R I 基因单核苷酸多态性分析 [J]. 中国畜牧杂志, 2008, 44 (23): 13 - 15.
- [9] 朱世平, 孙 丽, 殷学梅, 等. 胎次对杜洛克、长白和大白母猪繁殖性能的影响 [J]. 中国畜牧兽医, 2014, 41 (8): 197 - 200.
- [10] 章熙霞, 徐小波, 袁永刚, 等. 山猪的种质特性研究 [J]. 江苏农业科学, 2014, 42 (11): 219 - 222.
- [11] Pangas S A. Regulation of the ovarian reserve by members of the transforming growth factor beta family [J]. Molecular Reproduction and Development, 2012, 79 (10): 666 - 679.
- [12] Knight P G, Glistler C. TGF $\beta$  superfamily members and ovarian follicle development [J]. Reproduction, 2006, 132 (2): 191 - 206.
- [13] 程 敏, 闻良珍. 转化生长因子 $\beta$  及其受体与卵泡发育 [J]. 国外医学: 妇产科学分册, 2001, 28 (5): 261 - 264.