

何豫涵, 卢小宁, 陈景林, 等. 小尾寒羊 *GHR* 和 *GHRHR* 基因多态性与生长性状的关联分析[J]. 江苏农业科学, 2024, 52(4): 187–192.
doi:10.15889/j.issn.1002-1302.2024.04.028

小尾寒羊 *GHR* 和 *GHRHR* 基因多态性与生长性状的关联分析

何豫涵^{1,2}, 卢小宁^{1,2}, 陈景林³, 白俊艳^{1,2}, 王玉琴^{1,2}, 王龙威¹, 樊红灯¹, 陈梦柯^{1,2}, 曾凡林^{1,2}

(1. 河南科技大学动物科技学院, 河南洛阳 471023; 2. 洛阳市动物遗传育种重点实验室, 河南洛阳 471023;

3. 宁城县天义镇政府综合保障和技术推广中心, 内蒙古赤峰 024200)

摘要: 为了解小尾寒羊的生长和发育的遗传机制, 为小尾寒羊的品种选育做基础, 本研究对 *GHR* 和 *GHRHR* 基因的多态性进行检测, 并将其多态性与生长性状进行了关联分析。试验利用 PCR-SSCP 技术, 检测 *GHR* 和 *GHRHR* 基因在小尾寒羊群体的多态性, 利用 SPSS 软件分析 *GHRH* 基因的多态性与生长性状之间的关联性。结果表明, 在小尾寒羊群体中检测到 3 种 *GHR* 和 *GHRHR* 基因基因型, 即 DD、II、ID, *GHR* 基因和 *GHRHR* 基因中 II 的基因型频率分别为 0.625 0、0.687 5, ID 的基因型频率分别为 0.3 130、0.2 500, DD 的基因型频率为 0.0 630、0.0 625。 *GHR* 基因个体中 DD 基因型个体和 ID 基因型个体在宰后胴体质量、臀端高、尻长、颈长、胸深这 5 个性状中均表现出显著差异 ($P < 0.05$); DD 基因型个体和 II 基因型个体在宰前活体质量、宰后胴体质量、臀端高、尻长、颈长这 5 个性状中均表现出显著差异 ($P < 0.05$)。 *GHRHR* 基因中, DD 基因型个体和 ID 基因型个体在宰前活体质量、宰后胴体质量、体高、体长、尻高、颈长、腰角宽、腿臀围这 8 个性状中均表现出显著差异 ($P < 0.05$); ID 基因型个体与 II 基因型个体在颈长和羊的宰前活体质量这 2 个性状中表现出显著差异 ($P < 0.05$); 同样 DD 基因型个体同 II 基因型个体在尻高、腿臀围这 2 个性状中均表现出显著差异 ($P < 0.05$)。结果证明, *GHR* 和 *GHRHR* 基因与小尾寒羊生长发育的相关性, 可作为本土小尾寒羊遗传杂交改良的重要功能候选基因。本研究为进一步研究小尾寒羊的遗传特性试验提供了理论依据, 对于研究小尾寒羊的遗传多样性改良和培育优良小尾寒羊品种具有重要意义。

关键词: 小尾寒羊; *GHRHR* 基因; *GHR* 基因; PCR; 关联分析; 生长性状

中图分类号: S826.2 **文献标志码:** A **文章编号:** 1002-1302(2024)04-0187-06

生长激素受体 (growth hormone receptor, *GHR*) 基因和生长激素释放激素受体 (growth hormone releasing hormone receptor, *GHRHR*) 基因广泛存在于各种哺乳动物中。它们均被认为是影响动物生长发育的重要基因。动物的生长和发育是由许多信号传导途径上的调控因子相互协同来执行的, 动物体内几乎所有的激素均直接或间接地参与机体生长的调节, 其中, 最为关键的是下丘脑-垂体-肌肉生长轴^[1]。生长激素 (growth hormone, GH) 是由脑垂体前叶合成和分泌的蛋白质类激素, 而 GH

发挥调控动物机体作用首先必须与靶细胞表面的生长激素受体结合。由 *GHR* 介导将信号传递到细胞内从而产生一系列的生理反应。 *GHRHR* 响应生长激素释放激素结合, 导致储存在分泌颗粒中的生长激素释放, 刺激生长激素细胞中生长激素的产生^[2]。因此, 组织中 *GHR* 基因和 *GHRHR* 基因碱基序列的突变均可能影响 GH 生理效应的正常发挥, 导致动物生长发育模式的变异, 从而影响细胞的代谢活动, 最终影响动物的生产性能^[3]。 *GHR* 在 GH 发挥生理作用的过程中有着至关重要的作用, 对 GH 在细胞内的表达量有重要的影响, 因此在动物机体的新陈代谢、生长发育和机体免疫等方面均具有极为重要的作用^[4]。

InDel (insertion-deletion) 标记是指在等位基因位点上一定数量的核苷酸插入或缺失一段相对短的核苷酸序列而产生的长度多态性变异。InDel 具有分布广泛、密度大、突变率低等优点, 并且易于分型, 与复杂的 SNP 分型系统相比, InDel 分型简单快

收稿日期: 2023-05-03

基金项目: 国家自然科学基金 (编号: 31201777); 横向课题 (编号: 横 20220047)。

作者简介: 何豫涵 (2000—), 男, 河南周口人, 硕士研究生, 研究方向为动物分子育种。E-mail: heyuhan0609@163.com。

通信作者: 白俊艳, 博士, 教授, 主要从事动物分子育种研究, E-mail: junyanbai@163.com; 王玉琴, 博士, 教授, 主要从事动物分子育种研究, E-mail: wangyq6836@163.com。

捷,利用 PCR 及电泳平台即可方便简洁地进行。这使 InDel 成为了优秀的新一代分子标记,为家畜育种工作提供了新方法^[5]。它作为分子标记的一种,可以较容易地通过生物信息学的方法获得。本试验选择 InDel 标记探究 *GHRHR* 基因和 *GHR* 基因对小尾寒羊生长发育的影响。当前世界对于生长激素受体相关基因的研究并不算少:北京油鸡的 *GHRHR* 基因的单核苷酸多态性 (SNP) g. -1654A > G 对于不同周龄鸡体质量、初产蛋日龄及产蛋数均有显著影响^[6]; *GHR* 基因核苷酸多态性对泽西牛繁殖、生产和产犊健康有影响,在 *GHR* - F279Y 位点上酪氨酸编码 A 突变取代苯丙氨酸编码 T 等位基因,会导致乳、脂肪和蛋白质产量下降等^[7]。以上研究证明了 *GHRHR* 基因和 *GHR* 基因对动物个体生长发育的重要影响。但对于绵羊的 *GHRHR* 和 *GHR* 基因的研究相对较少,所以本研究探讨绵羊品种小尾寒羊 *GHR* 和 *GHRHR* 基因的多态性及其与生产性状之间的相关关系,可为优良绵羊品种的培育选育提供良好的数据支持,可根据需要以此来培育出可适应我国不同地区、不同气候及不同饲养方式需求的优良品种。

1 材料与方法

1.1 试验材料

本研究采用的实验动物是 2022 年 3 月,采自辽宁省沙地治理与利用研究所阜瑶牧业公司阜新市种羊场养殖的小尾寒羊 (n = 32),所有羊只均在相同环境下饲养。对颈静脉采集的 10 mL 小尾寒羊血液样本用自配 4% 枸橼酸钠抗凝剂 (ACD) 处理并置于冰盒中 (血液与 ACD 的体积比为 5 : 1), -20 ℃ 保存备用。

1.2 试验方法

1.2.1 生长性状指标测定 利用常规方法对小尾寒羊的生长性状指标进行测定,测定的指标包括羊的宰前活体质量、宰后胴体质量、体高、体长、胸宽、胸围、管围、尻高、臀端高、前肢高、头长、尻长、颈长、额宽、腰角宽、臀端宽、胸深、头深、腹围、腿臀围、背高^[8]。

1.2.2 基因组 DNA 提取 取出绵羊血样解冻后,根据全血基因组 DNA 试剂盒 (Thermo Scientific 公司) 说明书提取绵羊血液 DNA,采用 ND2000 核酸浓度测定仪 (Thermo Scientific 公司) 检测 DNA 的浓度和纯度,并用 1.0% 琼脂糖凝胶电泳检测 DNA 的完

整性。根据 DNA 样品纯度和浓度将 DNA 稀释至 100 ng/μL,分装至 EP 管中, -20 ℃ 保存备用。

1.2.3 引物设计 引物设计参照 Wu 等的论文,由郑州鼎国生物技术有限公司合成^[9],引物序列信息见表 1。

表 1 引物序列信息

引物名称	片段大小 (bp)	引物序列 (5'→3')	退火温度 (℃)
<i>GHR</i> - F	77 + 23	CTGTGAAGTCTCACCAGTGC	53.2
<i>GHR</i> - R		GGATAGGCAGAATGCTAAAG	
<i>GHRHR</i> - F	129 + 21	AACCCCTGTCTCAGTTTCTCC	68.5
<i>GHRHR</i> - R		GATCTCAGTCTCACCTCCAA	

1.2.4 PCR - SSCP 技术 PCR - SSCP 技术是一种用于检测 DNA 序列变异的分子生物学方法。它通过 PCR 扩增目标 DNA 片段,然后将其经过单链构象多态性 (SSCP) 电泳分离,使得具有不同突变的序列在电泳中呈现出不同的迁移模式,从而实现对本 DNA 序列变异的检测和分析。

1.2.5 PCR 扩增与凝胶电泳 *GHR* 和 *GHRHR* 基因的 PCR 扩增体系均为 10.0 μL: PCR Master Mix (Thermo Scientific 公司) 5.0 μL, DNA 样品 1.0 μL, 上游引物 0.8 μL, 下游引物 0.8 μL, ddH₂O 2.4 μL。经过温度梯度筛选得到: *GHR* 基因最适的退火温度为 53.2 ℃, *GHRHR* 基因最适的退火温度为 68.5 ℃。分别使用其最适的退火温度进行 PCR 扩增。

1.2.6 数据处理与分析 使用 Microsoft Excel 2019 软件对小尾寒羊 *GHR* 和 *GHRHR* 基因的基因型频率、等位基因频率、 χ^2 、P 值等数据进行计算。使用 SPSS 26.0 软件对小尾寒羊 *GHR* 和 *GHRHR* 基因多态性与生长性状进行关联分析。

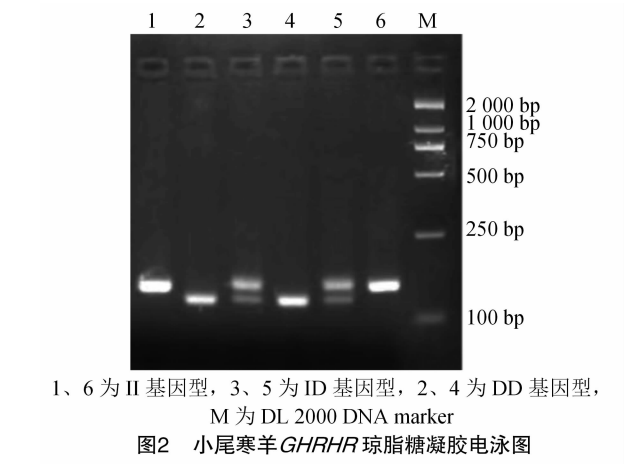
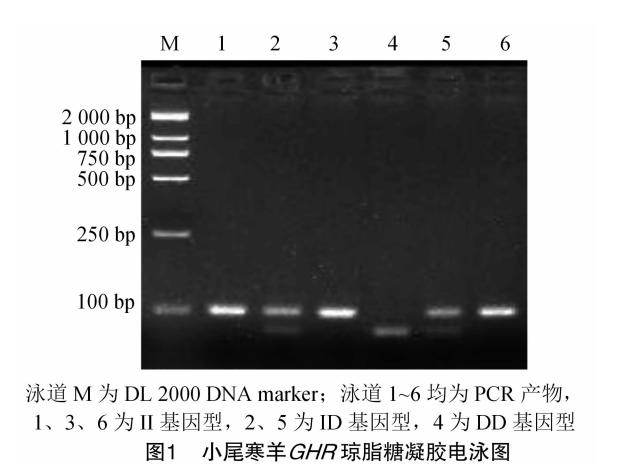
2 结果与分析

2.1 小尾寒羊 *GHR* 和 *GHRHR* 基因的电泳结果 由图 1 可知,在小尾寒羊群里检测到 *GHR* 基因有 3 种基因型,分别为 II、ID 及 DD。

由图 2 可知,在小尾寒羊群里检测到 *GHRHR* 基因存在 3 种基因型,分别为 II、ID、DD。

2.2 群体遗传参数

由表 2 可知, *GHR* 基因中的 II 的基因型频率最高,为 0.625 0, DD 基因型频率最低,仅有 0.063 0; 等位基因 I 的频率较高, D 的频率较低。 *GHRHR* 基因中 DD 基因型频率最低,为 0.062 5, ID 基因型频



率为 0.250 0, II 基因型频率最高, 为 0.687 5; 等位基因 D 频率较低, 为 0.187 5, 等位基因 I 频率较高, 为 0.812 5。小尾寒羊 *GHR* 基因和 *GHRHR* 基因均不偏离哈代—温伯格平衡 ($P > 0.05$)。

位点	基因型频率			等位基因频率		χ^2	P 值
	II	ID	DD	I	D		
<i>GHR</i>	0.625 0	0.313 0	0.063 0	0.781 0	0.219 0	0.235 0	0.628 0
<i>GHRHR</i>	0.687 5	0.250 0	0.062 5	0.187 5	0.812 5	1.031 0	0.310 0

2.3 小尾寒羊 *GHR* 基因与生长性状关联分析

由表 3 可知, 基因型 DD 小尾寒羊的宰前活体质量和宰后胴体质量显著高于 II 基因型个体 ($P < 0.05$)。基因型 DD 小尾寒羊的宰后胴体质量显著高于 ID 基因型个体 ($P < 0.05$)。3 种基因型的小尾寒羊的体高、体长、胸宽、胸围及管围差异均不显著 ($P > 0.05$)。基因型 DD 小尾寒羊的臀端高、颈长显著高于 ID 基因型个体 ($P < 0.05$), 基因型 ID 小尾寒羊的尻长显著高于 DD 基因型个体 ($P < 0.05$)。基因型 DD 小尾寒羊的臀端高、颈长显著高于 II 基因型个体 ($P < 0.05$)。基因型 II 小尾寒羊的尻长显著高于 DD 基因型个体 ($P < 0.05$)。3 种基因型的小尾寒羊的前肢高、头长及额宽差异均不显著 ($P > 0.05$)。3 种基因型小尾寒羊的腰角宽、臀端宽、头深、腹围及背高差异均不显著 ($P > 0.05$)。基因型 ID 小尾寒羊的胸深显著高于 DD 基因型个体 ($P < 0.05$)。基因型 DD 和基因型 II 的小尾寒羊的胸深差异不显著 ($P > 0.05$), 基因型 ID 和基因型 II 的小尾寒羊的胸深差异不显著 ($P > 0.05$)。

2.4 *GHRHR* 基因与小尾寒羊生长性状的关联分析

由表 4 可知, 小尾寒羊的 DD 基因型个体宰前活体质量、宰后胴体质量、体高和体长这 4 个性状中显著高于 ID 基因型个体 ($P < 0.05$), 而在胸宽、胸

围和管围这 3 个性状中均表现出差异不显著 ($P > 0.05$)。DD 基因型个体与 II 基因型个体在羊的宰前活体质量、宰后胴体质量、体高、体长、胸宽、胸围和管围这 7 个性状中均表现出差异不显著 ($P > 0.05$)。II 基因型小尾寒羊的宰前活体质量显著高于 ID 基因型个体 ($P < 0.05$), 而在宰后胴体质量、体高、体长、胸宽、胸围和管围这 6 个性状中均表现出差异不显著 ($P > 0.05$)。

小尾寒羊 DD 基因型个体的尻高和颈长显著高于 ID 基因型个体 ($P < 0.05$), 而这 2 种基因型个体臀端高、前肢高、头长、尻长和额宽这 5 种性状均表现出差异不显著 ($P > 0.05$)。II 基因型个体的颈长显著高于 ID 基因型个体 ($P < 0.05$), 而尻高、前肢高、额宽、臀端高、头长和尻长这 6 个性状均表现出差异不显著 ($P > 0.05$)。DD 基因型个体的尻高显著高于 II 基因型个体 ($P < 0.05$), 而这 2 种基因型个体臀端高、头长、额宽、尻长、前肢高和颈长这 6 种性状均表现出差异不显著 ($P > 0.05$)。小尾寒羊 DD 基因型个体的腿臀围显著高于 ID 基因型个体 ($P < 0.05$), 小尾寒羊 ID 基因型个体的胸深显著高于 DD 基因型个体 ($P < 0.05$), 而这 2 种基因型个体在背高、臀端宽、头深、腹围和腰角宽 5 种性状中均表现出差异不显著 ($P > 0.05$)。ID 基因型个体与 II 基

表 3 *GHR* 基因的 3 种基因型和小尾寒羊的生长性状关联分析结果

基因型	宰前活体质量 (kg)	宰后胴体质量 (kg)	体高 (cm)	体长 (cm)	胸宽 (cm)	胸宽 (cm)	胸围 (cm)	管围 (cm)	尻高 (cm)	臀端高 (cm)	前肢高 (cm)	头长 (cm)
DD	55.000 ± 5.000a	26.250 ± 0.250a	69.000 ± 7.000a	71.500 ± 1.500a	31.500 ± 3.500a	91.500 ± 4.500a	9.500 ± 0.500a	77.000 ± 2.000a	72.000 ± 2.000a	24.000 ± 0.000a	21.500 ± 1.500a	
ID	52.500 ± 2.600ab	23.600 ± 1.525b	70.350 ± 3.227a	68.800 ± 2.525a	28.300 ± 0.932a	89.250 ± 3.591a	10.100 ± 0.458a	69.150 ± 5.104a	65.900 ± 1.810b	27.000 ± 2.525a	19.600 ± 0.763a	
II	48.550 ± 1.513b	22.025 ± 0.798b	66.150 ± 2.313a	67.600 ± 1.707a	27.300 ± 1.275a	91.650 ± 1.909a	9.550 ± 0.336a	70.000 ± 1.731a	66.000 ± 2.116b	25.450 ± 2.485a	20.550 ± 0.763a	
基因型	尻长 (cm)	颈长 (cm)	额宽 (cm)	腰角宽 (cm)	臀端宽 (cm)	胸深 (cm)	头深 (cm)	腹围 (cm)	腿臀围 (cm)	背高 (cm)		
DD	20.000 ± 2.000b	54.000 ± 14.000a	13.500 ± 0.500a	27.500 ± 0.500a	20.000 ± 0.000a	31.000 ± 1.000b	17.500 ± 0.500a	102.500 ± 7.500a	101.500 ± 6.500a	72.500 ± 2.500a		
ID	23.100 ± 0.936a	30.850 ± 3.589b	12.650 ± 0.707a	26.900 ± 3.321a	20.800 ± 1.162a	34.300 ± 1.680a	16.000 ± 0.817a	95.600 ± 5.082a	92.200 ± 3.032b	72.350 ± 2.155a		
II	23.650 ± 0.924a	30.000 ± 2.169b	13.100 ± 0.518a	28.700 ± 2.765a	20.000 ± 0.837a	33.350 ± 0.799ab	17.575 ± 0.706a	98.050 ± 2.169a	90.900 ± 2.473b	70.750 ± 1.527a		

注：同栏同列数据后不同小写字母表示不同基因型间差异显著 ($P < 0.05$)。下表同。

表 4 *GHRHR* 基因的 3 种基因型同生长性状的关联分析结果

基因型	宰前活体质量 (kg)	宰后胴体质量 (kg)	体高 (cm)	体长 (cm)	胸宽 (cm)	胸围 (cm)	管围 (cm)	尻高 (cm)	臀端高 (cm)	前肢高 (cm)	头长 (cm)
DD	50.000 ± 0.000a	24.500 ± 2.000a	71.500 ± 9.500a	72.000 ± 2.000a	27.500 ± 0.500a	89.000 ± 2.000a	10.500 ± 1.500a	76.500 ± 1.500a	67.000 ± 3.000a	25.000 ± 1.000a	20.500 ± 0.500a
ID	46.375 ± 2.008b	20.500 ± 1.264b	65.250 ± 3.294b	64.750 ± 2.950b	26.250 ± 2.320a	89.000 ± 2.803a	9.000 ± 0.378a	69.625 ± 2.236b	65.250 ± 3.489a	26.500 ± 3.375a	19.875 ± 1.125a
II	51.591 ± 1.675a	23.455 ± 0.857 ^{ab}	68.159 ± 2.241 ^{ab}	69.136 ± 1.528 ^{ab}	28.500 ± 0.957a	91.750 ± 2.145a	9.909 ± 0.315a	69.796 ± 2.642 ^b	66.682 ± 1.716a	25.682 ± 2.231a	20.455 ± 0.680a
基因型	尻长 (cm)	颈长 (cm)	额宽 (cm)	腰角宽 (cm)	臀端宽 (cm)	胸深 (cm)	头深 (cm)	腹围 (cm)	腿臀围 (cm)	背高 (cm)	
DD	23.000 ± 1.000a	32.500 ± 7.500a	14.500 ± 0.500a	25.500 ± 2.500 ^b	21.000 ± 1.000a	34.500 ± 2.500a	16.000 ± 1.000a	97.000 ± 2.000a	101.500 ± 6.500a	73.000 ± 3.000a	
ID	22.750 ± 1.082a	28.500 ± 3.859 ^b	12.250 ± 0.620a	29.000 ± 5.490a	19.500 ± 1.592a	33.125 ± 1.469a	16.500 ± 1.296a	94.250 ± 3.294a	90.500 ± 4.049 ^b	69.375 ± 1.822a	
II	23.455 ± 0.889a	32.886 ± 2.688 ^a	13.114 ± 0.505a	27.955 ± 2.182 ^{ab}	20.455 ± 0.723a	33.546 ± 0.909a	17.386 ± 0.596a	98.818 ± 2.783a	91.636 ± 2.201 ^b	71.932 ± 1.535a	

因型个体在背高、头深、臀端高、腰角宽、腿臀围、胸深和腹围 7 个性状中均表现出差异不显著 ($P > 0.05$)。DD 基因型个体的腿臀围显著高于 II 基因型个体 ($P < 0.05$), 而这 2 种基因型个体在臀端宽、头深、背高、腹围、胸深和腰角宽这 6 种性状中均表现出差异不显著 ($P > 0.05$)。

3 讨论

3.1 *GHR* 基因是动物生长发育相关的重要功能候选基因

GHR 基因最早是在 1976 年由 Tsushima 在兔的肝脏细胞的细胞膜上发现的。近年来, 所以关于 *GHR* 基因的研究不断丰富^[10]。Gencheva 等研究了位于生长激素基因受体基因单核苷酸多态性对 107 只断奶加利福尼亚种兔 35、70、90 日龄生长期个体体质量的影响, 发现各基因型之间存在差异, 研究得出 *GHR* 基因可能是加利福尼亚兔提高生长性能的有用候选基因^[11]。Cobanoglu 等研究了生长激素受体基因第 10 外显子特定单核苷酸多态性 (SNP) 区域对土耳其饲养的泽西和荷斯坦奶牛产奶性状的影响, 发现 *GHR* 基因可能是标记辅助选择方案的潜在候选基因, 以改善土耳其奶牛群体的牛奶性能和相关性状^[12]。郑嘉辉等对 *GHR* 基因的突变情况进行了研究, 结果表明突变后的 *GHR* 基因会影响芦花鸡胫长、体质量发育^[13]。Sahu 等将印度绵羊的 *GHR* 基因第 10 个外显子 SNP 位点与生长性状进行了相关分析, 发现 *GHR* 基因对马德拉斯红羊出生、6 个月和 9 个月的体质量有显著影响^[14]。Akhatayeva 等分析表明, *GHR* 基因与公羊、母羊的生长性状显著相关, 包括体质量、身高、胸深、胸围、胸围、大炮围、腹围和臀围这几种生长性状^[15]。本研究发现, *GHR* 基因与小尾寒羊的宰后胴体质量、臀端高、尻长、颈长、胸深这 5 个性状上存在显著关联性, 其中, DD 基因型个体在宰后胴体质量、臀端高、颈长等性状上高于 ID、II 基因型个体, 说明 I→D 的转换在促进小尾寒羊生长发育方面有重要影响作用。与 Gencheva 等的研究结果^[11-14]一致。

3.2 *GHRHR* 基因是动物生长发育相关的重要功能候选基因

GHRHR 基因在细胞增殖、生长激素合成与分泌等方面发挥重要作用, 目前关于该基因影响生长发育的研究日趋增多。Johansson 等研究表明, *GHRHR* 基因可能是至今为止所发现的影响人类身高正常

变异的最重要基因之一, *GHRHR* 基因突变的患者会表现出明显的矮小症^[16]。刘艳丽等将奶山羊 *GHRHR* 基因变异与其生长性状进行关联分析, 研究发现 *GHRHR* 基因 P3 位点基因型与关中奶山羊的体长、体高和胸围存在显著性关联; 而在西农萨能奶山羊群体中, *GHRHR* 基因多态性显著影响个体的体高和体长生长性状, 这些结果表明 *GHRHR* 基因是影响奶山羊生长性状的候选基因^[17]。Liu 等对北京油鸡 *GHRHR* 基因多态性的研究结果表明, *GHRHR* 基因多态性对 7、9、11、13、17 周龄鸡体质量和 32、36、40 周龄鸡开产日龄及产蛋数有显著影响, *GHRHR* 基因启动子区的 3 个 SNP 位点可作为潜在的遗传标记用于改善鸡的生长和繁殖性状^[6]。Zhao 等的研究表明, *GHRHR* 基因的 6 个 SNPs 显著影响中国大别山黄牛体高、臀高、胸围、臀宽等体型性状, 因此 *GHRHR* 基因可作为大别山黄牛育种的分子标记^[18]。Wu 等研究发现, *GHRHR* 基因多态性显著影响兰州大尾羊群体的体质量, 即 *GHRHR* 的 1 个分子标记可用于肉羊生长相关性状的标记辅助选择^[9]。上述研究均表明, *GHRHR* 基因可能对于动物的生长发育有着重要的影响。本研究发现, *GHRHR* 基因的不同基因型个体在宰前活体质量、宰后胴体质量、体高、体长、尻高、颈长、腰角宽、腿臀围等生长性状中均表现出显著差异, 试验结果验证了 *GHRHR* 基因的多态性可影响小尾寒羊的生长发育性状。

4 结论

GHRHR 基因和 *GHR* 基因的不同基因型小尾寒羊的生长性状存在显著差异。 *GHR* 基因与小尾寒羊的宰后胴体质量、臀端高、尻长、颈长、胸深这 5 个性状上存在显著关联性, 其中, DD 基因型个体在宰后胴体质量、臀端高、颈长等性状上高于 ID、II 基因型个体。 *GHRHR* 基因的不同基因型个体在宰前活体质量、宰后胴体质量、体高、体长、尻高、颈长、腰角宽、腿臀围等生长性状中均表现出显著差异。 *GHR* 和 *GHRHR* 基因与小尾寒羊生长发育具有相关性, 可作为本土小尾寒羊遗传杂交改良的重要功能候选基因。

参考文献:

- [1] 杨树猛, 卡召加, 王兰英, 等. 甘南欧拉羊 *GHR* 基因第 10 外显子 SSCP 多态性与生长性状关联研究[J]. 中国草食动物科学,

- 2015,35(1):1-4.
- [2] Dettori M L, Pazzola M, Paschino P, et al. Association between the *GHR*, *GHRHR*, and *IGFI* gene polymorphisms and milk yield and quality traits in Sarda sheep[J]. Journal of Dairy Science, 2018, 101(11):9978-9986.
- [3] 马 晓, 胡 毅, 熊 钢, 等. 生长激素受体及其基因研究进展[J]. 湖南农业大学学报(自然科学版), 2010, 36(增刊1):58-62.
- [4] 唐贤飞. *GH* 和 *GHR* 基因对贵州地方黄牛生长性能的影响[J]. 畜禽业, 2021, 32(9):47, 49.
- [5] 杨 洁, 赫 佳, 王丹碧, 等. InDel 标记的研究和应用进展[J]. 生物多样性, 2016, 24(2):237-243.
- [6] Liu W, Yu Y, Li G, et al. Single-nucleotide polymorphisms in the promoter of the growth hormone-releasing hormone receptor gene are associated with growth and reproduction traits in chickens[J]. Animal Genetics, 2012, 43(5):564-569.
- [7] Komisarek J, Michalak A, Walendowska A. The effects of polymorphisms in *DGAT1*, *GH* and *GHR* genes on reproduction and production traits in Jersey cows[J]. Animal Science Papers and Reports, 2011, 29(1):29-36.
- [8] He L B, Kang Z H, Kang Y X, et al. Goat CMTM2:mRNA expression profiles of different alternative spliced variants and associations analyses with growth traits[J]. 3 Biotech, 2020, 10(3):1-10.
- [9] Wu M L, Zhao H D, Tang X Q, et al. Novel InDels of *GHR*, *GHRH*, *GHRHR* and their association with growth traits in seven Chinese sheep breeds[J]. Animals, 2020, 10(10):1883.
- [10] Tsushima T. Techniques of growth hormone receptor assay[J]. Nippon Rinsho, 1976, 34(3):461-465.
- [11] Gencheva D G, Velikov K P, Veleva P M. Association analysis of nucleotide polymorphisms in growth hormone (GH) and its receptor (GHR) with body weight in Californian rabbits[J]. World Rabbit Science, 2022, 30(1):95-102.
- [12] Cobanoglu O, Kul E, Gurcan E K, et al. Determination of the association of *GHR/AluI* gene polymorphisms with milk yield traits in Holstein and Jersey cattle raised in Turkey[J]. Archives Animal Breeding, 2021, 64(2):417-424.
- [13] 郑嘉辉, 冷奇颖, 张为露, 等. 矮小型芦花鸡 *GHR* 基因突变类型分析及其与正常体型芦花鸡发育差异研究[J]. 农业生物技术学报, 2021, 29(10):1978-1989.
- [14] Sahu A R, Eichitra V J, Rajendran R, et al. Association analysis of novel SNPs in exon 10 of the growth hormone receptor gene with growth traits in Indian sheep[J]. Veterinarski Arhiv, 2020, 90(6):593-602.
- [15] Akhatayeva Z, Li H X, Mao C, et al. Detecting novel Indel variants within the *GHR* gene and their associations with growth traits in Luxi Blackhead sheep[J]. Animal Biotechnology, 2022, 33(2):214-222.
- [16] Johansson A, Jonasson I, Gyllensten U. Extended haplotypes in the growth hormone releasing hormone receptor gene (*GHRHR*) are associated with normal variation in height[J]. PLoS One, 2009, 4(2):e4464.
- [17] 雷初朝, 蓝贤勇, 等. 2 个奶山羊品种 *GHRHR* 基因多态性及其与生长发育性状关系研究[C]//中国动物遗传育种研究进展——第十五次全国动物遗传育种学术讨论会论文集. 杨凌: 中国畜牧兽医学学会, 2009:401.
- [18] Zhao S P, Jin H, Xu L, et al. Polymorphisms of the growth hormone releasing hormone receptor gene affect body conformation traits in Chinese Dabieshan cattle[J]. Animals, 2022, 12(13):1601.
- (上接第 186 页)
- enveloped viruses by the biosurfactant surfactin from *Bacillus subtilis* [J]. Biologicals, 1997, 25(3):289-297.
- [21] Huang X Q, Lu Z X, Zhao H Z, et al. Antiviral activity of antimicrobial lipopeptide from *Bacillus subtilis* fmbj against pseudorabies virus, porcine parvovirus, Newcastle disease virus and infectious bursal disease virus *in vitro* [J]. International Journal of Peptide Research and Therapeutics, 2006, 12(4):373-377.
- [22] Wang X Q, Hu W W, Zhu L Q, et al. *Bacillus subtilis* and surfactin inhibit the transmissible gastroenteritis virus from entering the intestinal epithelial cells [J]. Bioscience Reports, 2017, 37(2):BSR20170082.
- [23] 罗楚平. 枯草芽孢杆菌 Bs916 产罗克霉素、表面活性素、杆菌霉素和泛草素的结构鉴定、合成途径及生物学功能[D]. 南京: 南京农业大学, 2014.
- [24] Tang R F, Guo L J, Fan Q J, et al. Porcine deltacoronavirus infection is inhibited by Griffithsin in cell culture[J]. Veterinary Microbiology, 2022, 264:109299.
- [25] Zhai X F, Wang N N, Jiao H Q, et al. Melatonin and other indoles show antiviral activities against swine coronaviruses *in vitro* at pharmacological concentrations [J]. Journal of Pineal Research,
- 2021, 71(2):e12754.
- [26] Yuan L F, Zhang S, Wang Y H, et al. Surfactin inhibits membrane fusion during invasion of epithelial cells by enveloped viruses[J]. Journal of Virology, 2018, 92(21):e00809-e00818.
- [27] 罗楚平, 张 婧, 季冬淳, 等. 表面活性素、杆菌霉素 L、罗克霉素和泛草素 4 种脂肽类抗生素高效制备方法及其生物学活性[J]. 西南农业学报, 2018, 31(11):2307-2314.
- [28] Kaspar F, Neubauer P, Gimpel M. Bioactive secondary metabolites from *Bacillus subtilis*: a comprehensive review[J]. Journal of Natural Products, 2019, 82(7):2038-2053.
- [29] 李道明, 王 瑛, 陈 超, 等. 芽孢杆菌几种重要抗菌脂肽研究进展[J]. 生物工程学报, 2022, 38(5):1768-1783.
- [30] Agarwal V, Gupta V, Bhardwaj V K, et al. Avoiding hemolytic Anemia by understanding the effect of the molecular architecture of gemini surfactants on hemolysis[J]. Langmuir, 2021, 37(12):3709-3720.
- [31] 刁兆玉, 成 朋, 王仲妮. 表面活性剂溶血作用的研究进展[J]. 食品与药品, 2010, 12(3):125-129.
- [32] Han S R, Munang'andu H M, Yeo I K, et al. *Bacillus subtilis* inhibits viral hemorrhagic septicemia virus infection in olive flounder (*Paralichthys olivaceus*) intestinal epithelial cells [J]. Viruses, 2020, 13(1):28.