



畜牧科学研究

MSTN 基因多态性及其与兰州大尾羊生长性状关联分析

王婧尊¹, 黄志¹, 曹世坤¹, 郑菲¹, 徐红伟¹, 郭鹏辉¹, 杨具田¹, 蔡勇^{1,2*}

(1. 西北民族大学 生命科学与工程学院, 甘肃兰州 730030;

2. 西北民族大学 实验教学部, 甘肃兰州 730030)

摘要: 肌肉生长抑制素(Myostatin, MSTN)是肌肉生长的负调节因子, 抑制了成肌细胞的增殖和分化。本文研究 MSTN 可选作兰州大尾羊生长性状候选基因的可能性, PCR 扩增及 PCR-SSCP 技术检测 536 只兰州大尾羊 MSTN 基因多态性, 并分析其群体分布规律。结果:(1)兰州大尾羊 MSTN 基因中检测到 2 个 SNP 位点, 其中 g. 119286026C>A 的等位基因型为 CC 和 CA, 突变位点 CC 基因型胸宽和胸围显著高于 CA 基因型($P<0.05$); g. 119286166A>G 的等位基因型为 AA 和 AG, 突变位点 AG 基因型体斜长和体重显著高于 AA 基因型($P<0.05$), 两位点均呈现低多态性。(2)其中 2 个基因型组合(A1 和 C1)对兰州大尾羊生长性状具有显著影响, C1 组基因型组合体斜长、胸围、胸宽和胸深均显著高于 B1 组基因型组合($P<0.05$), 在各基因型之间其他生长性状差异均不显著($P>0.05$)。结果表明, MSTN 基因多态性与兰州大尾羊的体斜长、体重、胸围和胸宽显著相关, 可作为其生长性状的有效遗传标记位点。

关键词: 兰州大尾羊; MSTN 基因; 基因多态性; 生长性状; 关联分析

[中图分类号] S813.3

[文献标志码] A

[文章编号] 1004-6704(2024)-06-0001-06

Analysis of MSTN Gene Polymorphism and Its Association with Growth Traits in Lanzhou Fat-tailed Sheep

WANG Jingzun¹, HUANG Zhi¹, CAO Shikun¹, ZHENG Fei¹, XU Hongwei¹, GUO Penghui¹, YANG Jutian¹, CAI Yong^{1,2*}

(1. School of Life Sciences and Engineering, Northwest Minzu University, Lanzhou, Gansu 730030, China;

2. Department of Experimental Teaching Northwest Minzu University, Lanzhou, Gansu 730030, China)

Abstract: Myostatin (MSTN) is a negative regulator ofmuscle growth that inhibits myoblast proliferation and differentiation. In order to explore the possibility of MSTN gene as a candidate for growth traits in Lanzhou fat-tailed sheep, PCR amplification and PCR-SSCP technology were used to detect the polymorphisms of MSTN gene in 536 Lanzhou fat-tailed sheep, and their population distribution was analyzed. Results: (1) Two SNPs were detected in the MSTN gene of Lanzhou fat-tailed sheep, among which the alleles of g. 119286026C>A were CC and CA, and the CC genotype's chest width and circumference were prominently higher than CA genotype ($P<0.05$), the alleles of g. 119286166A>G

[收稿日期] 2024-07-31

[基金项目] 甘肃省高校产业支撑计划项目(2023CYZC-08); 中央高校基本科研业务费专项(31920220070, 31920230166, 31920220057); 国家民委中青年英才培养计划项目(民人事字[2022]366); 大学生创新创业训练计划项目(X202410742292, X202410742298)

[第一作者] 王婧尊(1999-), 女, 主要从事动物分子育种研究。E-mail: jingzun0828@163.com

[共同第一作者] 黄志(1996-), 男, 主要从事动物遗传育种工作。E-mail: huangzhi1223@126.com

* [通信作者] 蔡勇, E-mail: caiyong0931@gmail.com

locus were AA and AG, and the AG genotype's body oblique length and weight of the were prominently higher than AA genotype ($P < 0.05$), both points showed low polymorphism. (2) Genotypic combination analysis showed that two genotype combinations (A1 and C1) had a significant effect on the growth traits of Lanzhou fat-tailed sheep, and the body oblique length and chest circumference, width and depth of the genotype group C1 were prominently higher than genotype group B1 ($P < 0.05$), and there were no prominent differences in other growth traits between genotype groups ($P > 0.05$). The results showed that MSTN gene polymorphisms were prominently related with body oblique length, body weight, chest circumference and width of Lanzhou fat-tailed sheep, which could be used as an effective genetic marker site for their growth traits.

Key words: Lanzhou fat-tailed sheep; MSTN gene; gene polymorphism; growth traits; association analysis

兰州大尾羊(Lanzhou fat-tailed sheep),是中国重要的地方绵羊品种之一^[1],具有体型大、适应性强、早期生长发育快、繁殖力高等特点的肉脂型品种^[2],其肉质良好、不饱和脂肪酸含量高,深受消费者的喜爱。但由于养殖环境的限制和肉羊专用品种的引进杂交等多方面原因造成其存栏数逐渐减少,成为濒危物种^[3]。

动物的生长发育是体内激素的调节及大量调控因子协同作用的结果^[4]。肌肉生长抑制素(Myostatin, MSTN)又称生长分化因子-8(GDF-8),属于转化生长因子- β (TGF- β)蛋白家族^[5],主要表达于骨骼肌^[6],通过抑制肌卫星细胞的活化增殖,抑制肌肉组织过度生长,同时阻碍巨噬细胞和成肌细胞向损伤部位迁移,抑制骨骼肌再生^[7]。MSTN的C末端含高保守蛋白酶水解位点,N末端含一组疏水性氨基酸序列分泌信号^[8]。研究表明,绵羊s基因型与腿肉、腰肉和瘦肉总产量的减少有关,而等位基因B与腰肉产量增加有关^[9],但是甘肃西门塔尔牛高台类群MSTN基因未发现其有多态性,MSTN基因已被多次验证与畜禽生长性状相关^[10]。因此,本文拟通过检测兰州大尾羊MSTN基因多态性,挑选

具有良好生长性状的基因型,为品种的选育和改良工作提供理论依据,从而提高肉品质,推动兰州大尾羊产业的发展提供新思路。

1 材料和方法

1.1 试验动物及样品采集

试验动物来自甘肃省永靖县瑞霖科技养殖有限公司国家兰州大尾羊保种场。经西北民族大学实验动物伦理委员会审批,选择年龄两岁左右、身体健康的兰州大尾羊536只,场内饲养条件一致、环境相同,采耳组织置75%乙醇中,-80℃保存。同时对兰州大尾羊的胸围、胸深、胸宽、体重、体斜长、体高、管围、尻宽、尾长和尾宽等进行测量并记录。

1.2 主要实验试剂和仪器

苯酚、氯仿、琼脂糖、硼酸、50×TAE缓冲液、核酸染料、2×SSCP去离子甲酰胺凝胶上样缓冲液、2×Taq PCR Mix预混液、5×TBE缓冲液均购自上海生物工程股份有限公司(简称:生工公司);DL2000 DNA marker购自北京Takara宝日医生物技术有限公司;蛋白酶K购自武汉赛维尔生物科技有限公司。

1.3 DNA提取

利用传统的苯酚-氯仿法提取兰州大尾羊耳组织DNA,通过核酸微量检测仪和琼脂糖凝胶电泳检测DNA质量,将OD_{260/280}比值在1.8~2.2范围内检测合格的样品置于-20℃保存备用。

1.4 引物的设计和合成

根据NCBI数据库绵羊MSTN的基因序列(登录号:NM_001009428.3),使用Premier 5.0设计2对特异性引物(表1),引物均由生工公司合成。

1.5 PCR扩增

提取的兰州大尾羊DNA为模板进行PCR扩增。PCR反应体系50μL:2×Taq PCR预混液25μL,上下游引物(10μmol/L)各2μL,DNA模板(10μg/mL)1μL,dd H₂O 20μL。PCR反应程序:94℃预变性4 min;94℃变性30 s,退火30 s,72℃延伸30 s,共35个循环;72℃延伸2 min;4℃保存。1.0%琼脂糖凝胶电泳对PCR产物进行鉴定。

表1 MSTN基因引物序列

Table 1 Primer sequence of MSTN gene

引物	引物序列	退火温度/℃	扩增片段长/bp
P1	F1:TTGGCTTGGCGTTACTCA	55	309
	R1:GAGATGACAGCAGCGACG		
P2	F2:TTGGCTTGGCGTTACTCA	56	169
	R2:AATGAGAACAGCAGCAG		

1.6 基因分型

取 2 μ L PCR 产物以及 6 μ L 2 \times PCR-SSCP 上样缓冲液加入到 200 μ L 灭菌 PCR 管中, 98 $^{\circ}$ C 水浴 10 min 后, 迅速冰浴 10 min, 然后点样于制备好的 8% 的非变性聚丙烯酰胺凝胶中, 在加入 0.5 \times TBE 缓冲液的垂直电泳槽中电泳, 9 h 后银染、判断带型, 对不同带型的 PCR 产物进行测序, SnapGene 软件进行序列比对, 鉴定并记录每个个体的基因型。

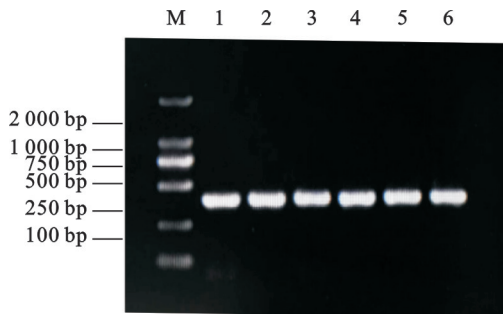
1.7 数据统计分析

用 Excel 2019 计算基因频率、基因型频率、多态信息含量 (PIC)、基因纯合度 (Ho)、基因杂合度 (He)、有效等位基因数 (Ne) 等信息, 并通过卡方 (χ^2) 检验对 Hardy-Weinberg 平衡状态进行验证。对兰州大尾羊生长性状相关数据进行分析。用 SPSS 25.0 软件对具有 2 种基因型的突变位点采用独立样本 *t* 检验, 对基因型与生长性状进行关联分析; 对具有 3 种基因型的突变位点采用单因素方差分析 (ANOVA), 结合邓肯 (Duncan) 对不同个体基因型进行显著差异性分析, 结果用平均值 \pm 标准误差表示, 以 $P < 0.05$ 为标准判断差异显著性。

2 结果与分析

2.1 PCR 扩增结果

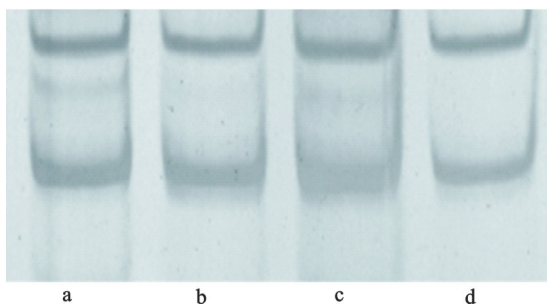
兰州大尾羊 DNA 基因 PCR 扩增产物, 检测结果



M, DL2000 DNA marker; 1~6. P1 引物 PCR 产物; 7~12. P2 引物 PCR 产物

图 1 兰州大尾羊 MSTN 基因 P1 和 P2 引物 PCR 扩增结果

Fig. 1 PCR amplification results of P1 and P2 primers of MSTN in Lanzhou fat-tailed sheep



a~d. P1 引物 PCR 产物 SSCP 检测; e~h. P2 引物 PCR 产物 SSCP 检测

如图 1 所示, P1 和 P2 引物的扩增产物大小分别为 309 bp 和 169 bp, 预期目的条带大小一致, 可用于实验。

2.2 MSTN 基因的 PCR-SSCP 检测结果

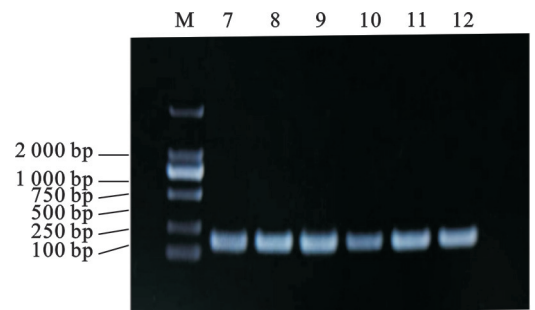
采用非变性聚丙烯酰胺凝胶电泳分离兰州大尾羊 PCR 扩增产物, 其 PCR-SSCP 分型结果如图 2 所示。由图 2 可以看出, 在兰州大尾羊 MSTN 基因 P1 和 P2 引物的扩增产物分别具有两种基因型。

2.3 MSTN 基因序列分析结果

MSTN 基因 g. 119286166A>G, g. 119286026C>A 发现各发现两个 SNP 位点, 其中 g. 119286166A>G 为 AG 和 AA 2 种基因型, g. 119286026C>A 为 CC 和 CA 2 种基因型 (图 3、图 4)。

2.4 MSTN 基因遗传多态性分析

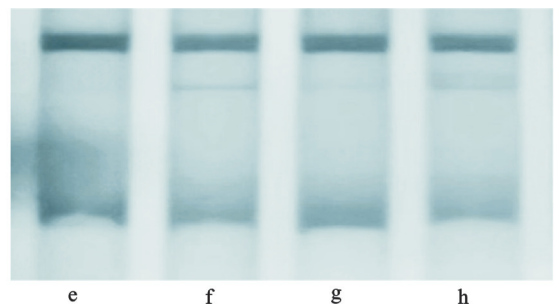
兰州大尾羊 MSTN 基因多态位点遗传多样性分析结果如表 2 所示。在 g. 119286026C>A 突变位点中, C 等位基因为优势等位基因, CC 为优势基因型, 纯合度为 0.874, 杂合度为 0.126, 有效等位基因数 1.144, 多态信息含量为 0.118, 属于低度多态位点; g. 119286166A>G 突变位点中, 等位基因 A 为优势等位基因, AA 为优势基因型, 纯合度为 0.830, 杂合度为 0.170, 有效等位基因数 1.205, 多态信息含量为 0.155, 属于低度多态位点。对 2 个位点进行卡方 (χ^2) 检验 ($P > 0.05$), 均符合 Hardy-Weinberg 平衡适应性检验。



M, DL2000 DNA marker; 1~6. P1 引物 PCR 产物; 7~12. P2 引物 PCR 产物

图 1 兰州大尾羊 MSTN 基因 P1 和 P2 引物 PCR 扩增结果

Fig. 1 PCR amplification results of P1 and P2 primers of MSTN in Lanzhou fat-tailed sheep



a~d. P1 引物 PCR 产物 SSCP 检测; e~h. P2 引物 PCR 产物 SSCP 检测

图 2 兰州大尾羊 MSTN 基因 P1 和 P2 引物 PCR 扩增产物 SSCP 检测

Fig. 2 SSCP detection of P1 and P2 primers PCR amplification products of MSTN in Lanzhou fat-tailed sheep

2.5 MSTN 不同基因型 SNPs 位点与兰州大尾羊生长性状关联分析

兰州大尾羊 MSTN 不同基因型与其生长性状关联分析,结果如表 3 所示。结果可知 g. 119286026C>A 突变位点 CC 基因型胸围和胸宽显著高于 CA 基因型($P<0.05$), g. 119286166A>G 突变位点 AG 基因型体重和体斜长显著高于 AA 基因型($P<0.05$)。其他生长性状在各基因型之间差异均不显著($P>0.05$)。

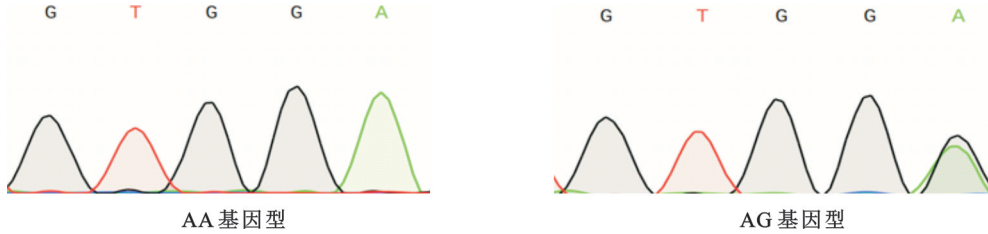


图 3 兰州大尾羊 MSTN 基因 g. 119286166A>G AA 和 AG 基因型测序结果

Fig. 3 Lanzhou fat-tailed sheep MSTN gene g. 119286166A>G AA and AG genotype sequencing results

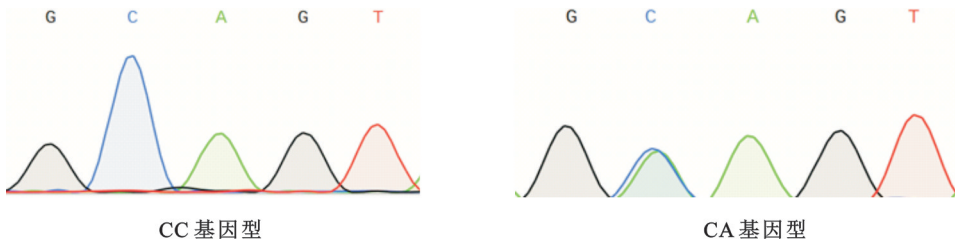


图 4 兰州大尾羊 MSTN 基因 g. 119286026C>A CC 和 CA 基因型测序结果

Fig. 4 Lanzhou fat-tailed sheep MSTN gene g. 119286026C>A CC and CA genotype sequencing results

表 2 兰州大尾羊 MSTN 基因多态位点遗传多态性分析

Table 2 Genetic polymorphism analysis of MSTN in Lanzhou fat-tailed sheep

SNPs 位点	等位基因		基因型		纯合度 /Ho	杂合度 /He	有效等位基 因数/Ne	多态信息 含量/PIC
	类型	频率	类型	频率				
g. 119286026C>A	C	0.925	CC	0.851	0.862	0.138	1.160	0.129
	A	0.075	CA	0.149				
g. 119286166A>G	A	0.911	AA	0.822	0.838	0.162	1.193	0.148
	G	0.089	AG	0.177				

注:PIC<0.25,低度多态;0.25<PIC<0.5,中度多态;P>0.5,高度多态。

表 3 MSTN 基因 SNPs 位点多态性与兰州大尾羊生长性状的关联分析

Table 3 Association analysis of SNPs polymorphisms of MSTN genes with growth of Lanzhou fat-tailed sheep

SNPs 位点	基因型/数目	体重/kg	体高/cm	体斜长/cm	胸围/cm	胸宽/cm	胸深/cm	管围/cm
g. 119286026 C>A	CC(456)	43.45±14.54a	75.35±7.40a	76.97±9.70a	91.17±11.16a	20.55±2.84a	39.93±5.65a	7.95±0.72a
	CA(80)	43.13±14.45a	73.61±7.20a	75.10±9.89a	88.47±11.51b	19.78±3.23b	39.78±5.29a	7.96±0.75a
g. 119286166 A>G	AA(441)	42.81±14.77b	74.82±7.38a	76.30±9.91b	90.34±11.39a	20.33±2.87a	39.65±5.73a	7.94±0.71a
	AG(95)	46.13±12.97a	76.35±7.36a	78.54±8.71a	92.78±10.37a	20.89±3.03a	40.21±5.00a	7.89±0.72a

注:同列数据后不同小写字母表示差异显著($P<0.05$);相同小写字母表示差异不显著($P>0.05$),下同。

2.6 MSTN 基因型组合与兰州大尾羊生长性状关联分析

MSTN 基因 2 个 SNPs 位点的基因型组合与兰州大尾羊生长性状进行关联分析,删除发生频率小于 0.05 的组合,剩余 3 组分析结果如表 4 所示。

在兰州大尾羊群体中共有 3 种基因型组合,分别是 A1 组基因型组合(AA 和 CC 基因型),B1 组基因型组合(AA 和 CA 基因型)和 C1 组基因型组合(AG 和 CC 基因型)。B1 基因型组合体高显著低

表 4 MSTN 基因多态位点基因型组合与兰州大尾羊生长性状的关联分析

Table 4 Association analysis of MSTN polymorphic loci genotype combinations with growth of Lanzhou fat-tailed sheep

基因型 组合 /数目	基因型		体重 /kg	体高 /cm	体斜长 /cm	胸围 /cm	胸宽 /cm	胸深 /cm	管围 /cm
	g. 11928-	g. 11928-							
	6166 A>G	6026 C>A							
A1(375)	AA	CC	43.01±14.73a	75.23±7.33b	76.55±9.75ab	90.73±11.26ab	20.42±2.79ab	39.86±5.76ab	7.96±0.72a
B1(66)	AA	CA	41.65±15.04a	72.86±7.33a	74.76±10.57b	88.11±11.92b	19.83±3.32b	38.53±5.49b	7.79±0.63a
C1(81)	AG	CC	45.47±13.50a	75.89±7.72a	78.93±9.27a	93.23±10.50a	21.15±2.98a	40.23±5.14a	7.90±0.73a

于 A1 和 C1 组基因型组合 ($P < 0.05$); C1 组基因型组合体斜长、胸围、胸宽、胸深均显著高于 B1 组基因型组合 ($P < 0.05$), 其余生长性状各基因型组合间差异不显著 ($P > 0.05$)。

3 讨论

关于 MSTN 基因的功能已有一定的研究报道, 其中 MSTN 基因在家兔 5' 端调控区 476 位点检测到一个 T→C 的突变, 上游调控区突变有利于家兔体细胞发育, 相关分析表明, 该突变具有良好的遗传效应, 可作为家兔肉质选择的分子标记^[11]; 绵羊在 5' 非编码区 (UTR) 有两个多态位点, 分别是 c. -40 C>A 和 c. -37 T>C^[12]; 绵羊 MSTN 基因中鉴定出 4 个 SNP 与其生长性状具有关联性 (c. 241 G>T, c. 243 T>C, c. 259 G>A 和 c. 159 G>T)^[13]; MSTN 有两个 SNP 位点 (c. 18T>A 和 c. 130+294G>T) 与所有评估的 Kajli 绵羊生长和胴体性状具有显著相关性^[14]。以上研究表明, MSTN 基因的 SNP 位点与畜禽的多个生长性状具有相关性。兰州大尾羊属地方特有品种, 本研究发现其 MSTN 基因中存在两个 SNP 位点, 并与其胸宽、体斜长等生长性状显著相关。

生长性状是选育潜力的重要指标^[15], 本研究将 MSTN 基因多态性与兰州大尾羊的生长性状进行关联分析, 为兰州大尾羊的选育效率和保护效果提供基础支持。安晓平等^[16]研究了山羊 MSTN 基因多态性, 发现 g. 368A>C 和 g. 4911C>T 位点, 且 F1 代波尔×关中奶山羊中 AA 基因型母羊的体重优于 AC 基因型母羊, F2 代波尔×关中奶山羊中 AA 基因型母羊的肩高优于 AC 基因型母羊, 表明其影响山羊部分生长性状; 而本研究发现兰州大尾羊 MSTN 的两个 SNP 位点中 CC 和 AG 与生长性状关联性强, 推测 MSTN 通过不同 SNP 位点影响山羊或者绵羊的生长性状, 具体机制有待进一步研究。Risun 等^[17]检测 4 个山羊品种 MSTN 基因的

SNP, 发现 20 个多态性位点, 3 个 SNP (g. C>T, g. g>A 和 g. A>C) 在 4 个品种中均存在多态性, 其中基因型组合 4 (GtC4) 与 2 月龄体长和体高显著相关, 基因型组合 13 (GtC 13) 与 6 月龄体高显著相关, 在兰州大尾羊中发现两组不同的 A1 组基因型组合 (AA 和 CC) 和 C1 组基因型组合 (AG 和 CC) 同样与体长和体高显著相关。印度绵羊 (马德拉斯红羊和梅赫里羊) 的生长性状进行 MSTN 基因多态性分析^[18], 第 3 外显子中发现 1 个 SNP 位点 (G5622C), 纯合子 (MM) 基因型马德拉斯红羊体重显著高于杂合子 (MM) 基因型。本研究发现兰州大尾羊 MSTN 两个突变位点的碱基突变 PIC 分别是 0.129 和 0.148, 为低度多态, 表明群体发生遗传变异。关联分析显示, g. 119286026C>A 突变位点 CC 基因型体长和尾长显著高于 CA 基因型, g. 119286166A>G 突变位点 AA 基因型质量、体高、胸围显著高于 AG 基因型。基因型组合分析表明, 兰州大尾羊群体 A1 和 C1 组基因型组合体显著多于 B1 基因型组合 ($P < 0.05$), C1 组基因型组合体斜长、胸围、胸宽、胸深显著高于 B1 组基因型组合 ($P < 0.05$), 在各基因型之间兰州大尾羊其他生长性状差异均不显著 ($P > 0.05$), 综上所述 MSTN 基因可以作为兰州大尾羊在育种计划中标记辅助选择的候选基因。

4 结论

本研究在兰州大尾羊 MSTN 基因中发现 2 个 SNP 位点, 其中 g. 119286026C>A 突变位点 CC 基因型胸宽和胸围显著高于 CA 基因型, g. 119286166A>G 突变位点 AG 基因型体斜长和体重显著高于 AA 基因型。综上所述, MSTN 基因多态位点与兰州大尾羊体斜长、体重、胸围和胸宽等生长性状关联性强, 可以作为兰州大尾羊生长性状的有效遗传标记。

参考文献:

- [1] 国家畜禽遗传资源委员会组. 中国畜禽遗传资源志—羊志[M]. 北京: 中国农业出版社, 2011.
- [2] 徐红伟, 蔡勇, 郭鹏辉, 等. 兰州大尾羊遗传资源保护利用现状与建议[J]. 中国畜禽种业, 2024, 20(4): 165-173.
- XU H W, CAI Y, GUO P H, et al. Current status and suggestions for the conservation and utilization of genetic resources of Lanzhou fat-tailed sheep [J]. The Chinese Livestock and Poultry Breeding, 2024, 20(4): 165-173.
- [3] 陈宏福, 韦体, 张俊松, 等. 国家级畜禽遗传资源兰州大尾羊保护现状与对策[J]. 甘肃畜牧兽医, 2023, 53(1): 15-18.
- [4] 马青, 刘彩凤, 施安, 等. GH 和 GHR 基因多态性与滩羊生长性状的关联分析[J]. 黑龙江畜牧兽医, 2015(11): 31-34.
- MA Q, LIU C F, SHI A, et al. Association analysis of the polymorphisms of the GH and GHR genes with the growth traits in Tan sheep [J]. Heilongjiang Animal Science and Veterinary Medicine, 2015(11): 31-34.
- [5] GÖKÇEK E Ö, İŞİK R, KARAHAN B, et al. Characterisation of single nucleotide polymorphisms and haplotypes of MSTN associated with growth traits in European Sea bass (*Dicentrarchus labrax*) [J]. Marine Biotechnology, 2023, 25(3): 347-357.
- [6] KIM D H, CHOI Y M, LEE J, et al. Differential expression of MSTN isoforms in muscle between broiler and layer chickens [J]. Animals, 2022, 12(5): 539.
- [7] 庞春英, 梁莎莎, 马小娅, 等. 河流型水牛 TGF- β 基因家族鉴定及其胚胎发育早期的表达分析[J]. 中国畜牧兽医, 2020, 47(5): 1472-1480.
- PANG CH Y, LIANG SH SH, MA X Y, et al. Identification of TGF- β gene family and expression analysis in preimplantation embryo development of river buffalo [J]. China Animal Husbandry & Veterinary Medicine, 2020, 47(5): 1472-1480.
- [8] STEFANIUK M, KACZOR U, KULISA M. Polimorfizm genu miostatyni (MSTN) u zwierząt domowych [MSTN gene polymorphism in livestock animals]. Postepy Hig Med Dosw (Online). 2014; 68: 633-639.
- [9] HICKFORD J G H, FORREST R H, ZHOU H, et al. Polymorphisms in the ovine myostatin gene (MSTN) and their association with growth and carcass traits in New Zealand Romney sheep [J]. Animal Genetics, 2010, 41(1): 64-72.
- [10] 杜晓华, 李积友, 杨阳, 等. 甘肃西门塔尔牛高台类群 MSTN 基因多态性与生物信息学研究[J]. 畜牧兽医杂志, 2015, 34(1): 13-17.
- DU X H, LI J Y, YANG Y, et al. Polymorphism and bioinformatics analysis of MSTN gene in Gaotai Simmental cattle of Gansu [J]. Journal of Animal Science and Veterinary Medicine, 2015, 34(1): 13-17.
- [11] QIAO X B, XU K Y, LI B, et al. Rabbit MSTN gene polymorphisms and genetic effect analysis [J]. Genetics and Molecular Research, 2014, 13(2): 2590-2597.
- [12] SJAKSTE T, PARAMONOVA N, GRISLIS Z, et al. Analysis of the single-nucleotide polymorphism in the 5'UTR and part of intron I of the sheep MSTN gene [J]. DNA and Cell Biology, 2011, 30(7): 433-444.
- [13] OSMAN N M, SHAFEY H I, ABDELHAFEZ M A, et al. Genetic variations in the Myostatin gene affecting growth traits in sheep [J]. Veterinary World, 2021, 14(2): 475-482.
- [14] ALI A, JAVED K, ZAHOOR I, et al. Identification of polymorphisms in the MSTN and ADRB3 genes associated with growth and ultrasound carcass traits in Kajli sheep [J]. Animal Biotechnology, 2023, 34(4): 847-862.
- [15] 赵祎, 王思寒, 刘磊, 等. 延边黄牛 UCP2、UCP3 基因多态性及其与生长性状的关联分析[J]. 中国畜牧兽医, 2021, 48(10): 3691-3698.
- ZHAO Y, WANG S H, LIU L, et al. Polymorphism of UCP2 and UCP3 genes and its association with growth traits in Yanbian yellow cattle [J]. China Animal Husbandry & Veterinary Medicine, 2021, 48(10): 3691-3698.
- [16] AN X P, WANG J G, HOU J X, et al. Polymorphism identification in the goat MSTN gene and association analysis with growth traits [J]. Czech Journal of Animal Science, 2011, 56(12): 529-535.
- [17] NA R S, NI W W, GUANGXIN E, et al. SNP screening of the MSTN gene and correlation analysis between genetic polymorphisms and growth traits in Dazu black goat [J]. Animal Biotechnology, 2021, 32(5): 558-565.
- [18] SAHU A R, JEICHITRA V, RAJENDRAN R, et al. Polymorphism in exon 3 of myostatin (MSTN) gene and its association with growth traits in Indian sheep breeds [J]. Small Ruminant Research, 2017, 149: 81-84.