

王倩倩, 赵永, 杨齐, 等. 柯乐猪 *BMP7* 基因 SNP 位点鉴定及其与繁殖性状的关联分析[J]. 江苏农业学报, 2025, 41(8): 1559-1565.  
doi: 10.3969/j.issn.1000-4440.2025.08.012

# 柯乐猪 *BMP7* 基因 SNP 位点鉴定及其与繁殖性状的关联分析

王倩倩<sup>1</sup>, 赵永<sup>1</sup>, 杨齐<sup>2</sup>, 杨红文<sup>2</sup>, 向进<sup>1</sup>, 吴燕<sup>1</sup>, 付红梅<sup>1</sup>, 丁义杰<sup>1</sup>, 张依裕<sup>1</sup>  
(1. 贵州大学动物科学学院高原山地动物遗传育种与繁殖教育部重点实验室/贵州省动物遗传育种与繁殖重点实验室/贵州大学香猪研究所, 贵州 贵阳 550025; 2. 贵州省畜禽遗传资源管理站, 贵州 贵阳 550001)

**摘要:** 为了探究 *BMP7* 基因单核苷酸多态性(SNP)位点对柯乐猪繁殖性状的影响, 本研究选取 158 头健康经产柯乐猪, 采用 Sanger 测序技术检测 *BMP7* 基因的 SNP 位点, 并对其与繁殖性状的相关性进行分析。结果表明, 在 *BMP7* 基因第 3 内含子区域鉴定到 3 个 SNP 突变位点, 分别为 g.57647887 G→A、g.57647990 C→T 和 g.57648145 C→G, 这些位点均符合哈迪-温伯格平衡 ( $P > 0.05$ )。其中, g.57647887 G→A 位点与 g.57647990 C→T 位点完全连锁。关联分析结果表明, H1H1 (GG-CC-GG)、H2H2 (AA-TT-CC) 和 H4H4 (AA-TT-GG) 双倍型个体的总产仔数、产活仔猪数、初生窝重、断奶仔猪数、断奶窝重等繁殖性状较好, 且为纯合子, 而 H2H4 (AA-TT-GC) 双倍型个体的繁殖性状较差。本研究结果为柯乐猪育种提供了理论依据。

**关键词:** *BMP7*; 单核苷酸多态性位点; 繁殖性能; 柯乐猪; 关联分析

**中图分类号:** S828 **文献标识码:** A **文章编号:** 1000-4440(2025)08-1559-07

## Identification of SNP loci in the *BMP7* gene of Kele pig and analysis of their association with reproductive traits

WANG Qianqian<sup>1</sup>, ZHAO Yong<sup>1</sup>, YANG Qixin<sup>2</sup>, YANG Hongwen<sup>2</sup>, XIANG Jin<sup>1</sup>, WU Yan<sup>1</sup>,  
FU Hongmei<sup>1</sup>, DING Yijie<sup>1</sup>, ZHANG Yiyu<sup>1</sup>

(1. Key Laboratory of Animal Genetics, Breeding and Reproduction in the Plateau Mountainous Region of Ministry of Education, College of Animal Science of Guizhou University/Guizhou Provincial Key Laboratory of Animal Genetics Breeding and Reproduction/Institute of Swine, Guizhou University, Guiyang 550025, China; 2. Guizhou Provincial Poultry and Livestock Genetic Resources Management Station, Guiyang 550001, China)

**Abstract:** To investigate the effects of *BMP7* gene single nucleotide polymorphisms (SNPs) loci on reproductive traits in Kele pigs, this study selected 158 healthy multiparous Kele pigs and used Sanger sequencing technology to detect SNPs in the *BMP7* gene. The correlations between these SNPs and reproductive traits were also analyzed. The results

收稿日期: 2025-01-02

**基金项目:** 贵州省科技计划项目[黔科合平台人才(2021)5630号]; 贵州省生猪产业技术体系建设项目(GZSZCYJSTX-03); 贵州省科技支撑计划项目[黔科合支撑(2021)一般147]; 贵州省生猪产业发展项目[黔财农(2021)157号, 黔财农(2022)183号]; 贵州省种业发展项目[黔农计财(2022)10号]; 国家重点研发计划子课题项目(2022YFD1100308-01)

**作者简介:** 王倩倩(2002-), 女, 贵州毕节人, 硕士研究生, 研究方向为动物遗传育种与繁殖, (E-mail) 2184500899@qq.com

**通讯作者:** 张依裕, (E-mail) zyy8yyc@163.com

showed that three SNPs mutational sites were identified in the third intron of the *BMP7* gene, namely g.57647887 G→A, g.57647990 C→T, and g.57648145 C→G, all of which were in Hardy-Weinberg equilibrium ( $P > 0.05$ ). Among them, the g.57647887 G→A and g.57647990 C→T loci were in complete linkage disequilibrium. The association analysis indicated that Kele pigs with the H1H1 (GG-CC-GG), H2H2 (AA-TT-CC), and H4H4 (AA-TT-GG) diplotypes exhibited better reproductive traits, such as total number of piglets born, number of live piglets

born, litter weight at birth, number of piglets weaned, and litter weight at weaning. These diplotypes were also homozygous. In contrast, Kele pigs with the H2H4 (AA-TT-GC) diplotype had poorer reproductive traits. This study results provide a theoretical basis for breeding Kele pigs.

**Key words:** *BMP7*; single nucleotide polymorphism loci; reproductive performance; Kele pig; association analysis

贵州省以其优越的自然环境和丰富的农业资源,在中国养猪业中占据重要地位。该省不仅养猪规模较大,而且在地方猪种的培育与利用方面具有显著优势。柯乐猪作为云贵高原(海拔2 000 m)的特色养殖品种,是贵州省代表性地方猪种之一,该品种猪具有耐寒性强、粗饲适应性好、抗病力突出以及肉质优良等特点,是生产高端火腿的理想原料<sup>[1-2]</sup>。近年来,随着消费者对猪肉品质要求的不断提高以及猪肉需求量的持续增长,猪肉产业面临着前所未有的挑战与机遇。提升猪肉品质已成为育种工作的核心目标<sup>[3]</sup>。柯乐猪繁殖性能相对较低,限制了该品种的进一步开发利用<sup>[4-5]</sup>。

骨形成蛋白(BMP)属于转化生长因子- $\beta$ (TGF- $\beta$ )超家族的BMP亚家族,具有多种生物学功能<sup>[6]</sup>。BMP7(又称骨发生蛋白-1)是BMP亚家族的重要成员,于1990年由剑桥大学Celeste团队首次鉴定得到<sup>[7]</sup>。Schneider等<sup>[8]</sup>通过全基因组关联分析(GWAS)发现,*BMP7*是影响长白-杜洛克-约克杂交猪排卵率的关键候选基因。吴平先等<sup>[9]</sup>发现,*BMP7*基因可能调控母猪的窝产仔数和排卵率,而这2个指标是衡量母猪繁殖性能的重要指标。近年来,多项研究报道了*BMP7*基因的多个单核苷酸多态性(SNP)位点,并探讨了其与猪经济性状的关联性。杨世婷等<sup>[10]</sup>在保山猪*BMP7*基因上检测到5个高度保守的同义突变位点,分别为第2外显子区域的98 T→C和143 T→C、第4外显子区域的91 C→T和94 A→G、第6外显子区域的26 T→C,这些突变不影响蛋白质功能。尹杭等<sup>[11]</sup>在苏淮猪*BMP7*基因的3'非翻译区(3'-UTR)发现1个A→G突变(第273位核苷酸),关联分析结果表明,该位点多态性与初产母猪的产仔数显著相关。高若男等<sup>[12]</sup>在大白猪*BMP7*基因中鉴定到2个关键变异位点(A83509G和G84966A),这2个位点与眼肌面积和生长速度显著相关。本研究拟通过分析柯乐猪*BMP7*基因的多态性,筛选与繁殖性能相关的SNP位点,为柯乐猪的遗传改良提供分子标记。

## 1 材料与方法

### 1.1 试验动物

本研究选取158头健康经产柯乐母猪作为研究对象,柯乐猪由贵州省赫章县柯乐猪种场提供。统计其总产仔数、产活仔猪数、初生窝重、断奶仔猪数和断奶窝重等繁殖性状。每头母猪采集0.5 g耳组织样本,经75%乙醇处理后保存于-40℃冰箱备用。动物试验方案经贵州大学动物福利伦理委员会审批通过(批准号:EAE-GZU-2022-P049,有效期为2022年9月至2024年9月)。

### 1.2 试验试剂和仪器

DNA提取试剂盒(货号Omega D3396-03,美国Omega Bio-Tek公司产品)、2×*Taq* PCR Master Mix(北京康为世纪生物科技有限公司产品)、琼脂糖(北京艾普立邦科技有限公司产品)、RNA提取试剂盒(北京鼎国昌盛生物技术有限责任公司产品)、cDNA合成试剂盒(StarScript II First-strand cDNA Synthesis Kit-II,美国Thermo Fisher Scientific公司产品)、2×*Es Taq* MasterMix(北京康为世纪生物科技有限公司产品)、5×TBE电泳缓冲液、乙醇、三氯甲烷和异丙醇(上海超研生物科技有限公司产品)。主要仪器有电泳仪(型号DYY-2C,北京六一生物科技有限公司产品)、PCR扩增仪(美国Applied Biosystems公司产品)、电子天平(型号BL-320H,日本岛津公司产品)、超微量分光光度计(型号Nano-Drop2000,美国Thermo Fisher Scientific公司产品)。

### 1.3 DNA的提取与引物设计合成

从猪耳组织中提取DNA,保存于-20℃。基于猪*BMP7*基因(NC\_010459.5)第3内含子,利用Primer 5.0软件设计特异性引物,引物序列如表1所示。引物由生工生物工程(上海)股份有限公司合成。PCR反应体系(20  $\mu$ L):2×*Taq* PCR Master Mix 10  $\mu$ L, RNase-free Water 7  $\mu$ L,上下游引物各1  $\mu$ L, DNA模板1  $\mu$ L。PCR反应程序:95℃预变性10 min;95℃变性30 s,60℃退火30 s,72℃延伸30 s,35个循环;72℃终延伸10 min。扩增产物经1.5%

琼脂糖凝胶电泳检测,目的片段长度 512 bp (g.57647662~g.57648174)。筛选出特异性较好的条带进行测序,测序由生工生物工程(上海)股份有限公司完成。

表 1 引物序列

Table 1 Primer sequences

引物名称	引物序列 (5'→3')
<i>BMP7</i> -F1	AGGCTTCGTAAACCCCAATC
<i>BMP7</i> -R1	TGGGAACCCCTAATTCACCTC

#### 1.4 统计分析

利用 Excel 2019 统计突变位点、计算基因型频率、等位基因频率、预期杂合度 ( $H_e$ )、多态信息含量

( $PIC$ )和有效等位基因数 ( $N_e$ ),通过卡方检验评估基因型频率是否符合哈迪-温伯格平衡。利用 SHEsis 在线平台分析突变位点的连锁不平衡。利用 SPSS 22.0 软件的一般线性模型 (GLM) 分析突变位点、双倍型与繁殖性状的关联性,结果以平均值 $\pm$ 标准误差表示。

## 2 结果与分析

### 2.1 *BMP7* 基因 SNP 位点鉴定

如图 1 所示,在柯乐猪 *BMP7* 基因第 3 内含子上,发现 3 个 SNP 突变位点,分别为 g.57647887 G→A、g.57647990 C→T 和 g.57648145 C→G。

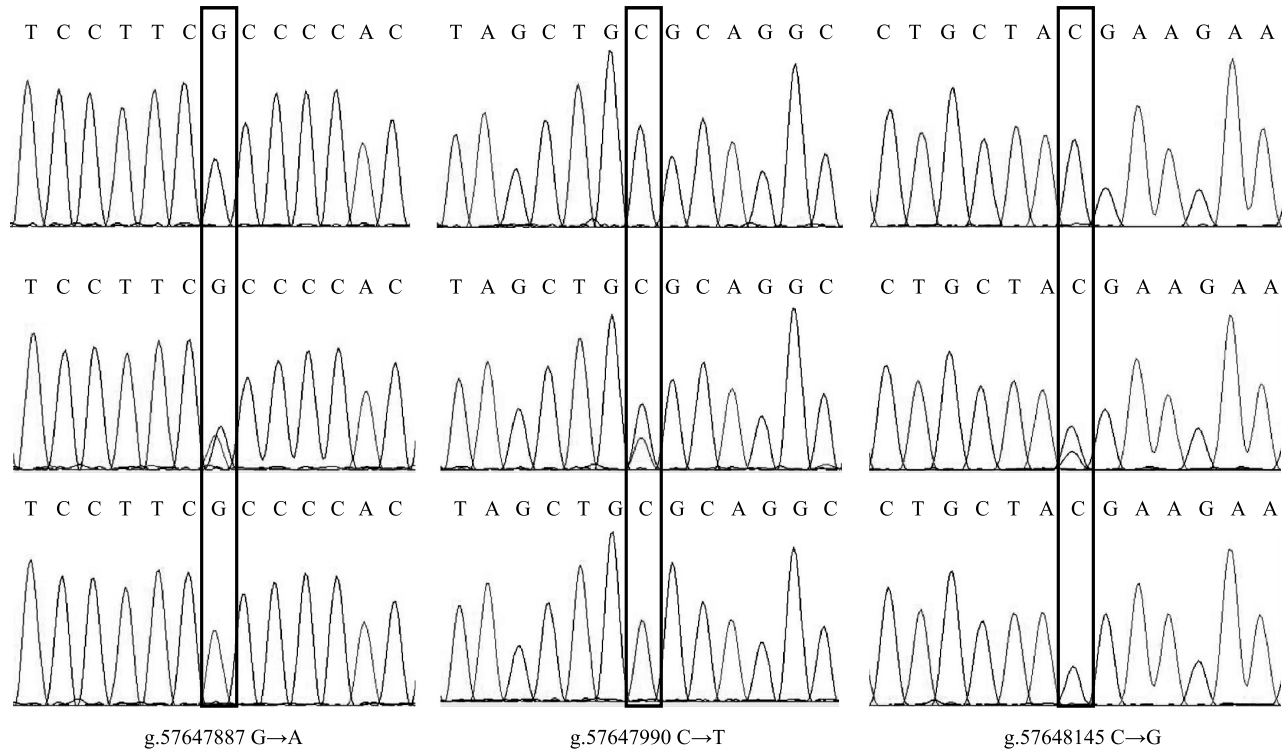


图 1 柯乐猪 *BMP7* 基因第 3 内含子上的 3 个 SNP 位点

Fig.1 Three SNP loci in the third intron of the *BMP7* gene in Kele pigs

### 2.2 *BMP7* 基因 SNP 位点的群体多样性分析

如表 2 所示,g.57647887 G→A、g.57647990 C→T 和 g.57648145 C→G 突变位点的优势等位基因分别为 G(0.614)、C(0.614)、C(0.532),优势等位基因型分别为 GA(0.443)、CT(0.443)、CG(0.456),g.57647887 G→A、g.57647990 C→T 和 g.57648145

C→G 突变位点的预期杂合度分别为 0.474、0.474、0.498,有效等位基因数分别为 1.910、1.910 和 1.992。g.57647887 G→A、g.57647990 C→T 和 g.57648145 C→G 突变位点的多态信息含量分别为 0.362、0.362 和 0.374, $\chi^2$ 分别为 0.676、0.676、1.140,表明群体处于哈迪-温伯格平衡状态( $P>0.05$ )。

表 2 *BMP7* 基因 SNP 位点的群体多样性分析Table 2 Population diversity analysis of *BMP7* gene SNP loci

SNP 位点	基因型	基因型频率	等位基因	等位基因频率	遗传参数			
					<i>He</i>	<i>Ne</i>	<i>PIC</i>	$\chi^2$
g.57647887 G→A	GG	0.392	G	0.614	0.474	1.910	0.362	0.676
	GA	0.443	A	0.386				
	AA	0.165						
g.57647990 C→T	CC	0.392	C	0.614	0.474	1.910	0.362	0.676
	CT	0.443	T	0.386				
	TT	0.165						
g.57648145 C→G	CC	0.304	C	0.532	0.498	1.992	0.374	1.140
	CG	0.456	G	0.468				
	GG	0.241						

*He*: 预期杂合度; *Ne*: 有效等位基因数; *PIC*: 多态信息含量;  $\chi^2$ : 卡方检验值 ( $\chi^2_{0.05} = 5.991$ ,  $\chi^2_{0.01} = 9.210$ )。

### 2.3 *BMP7* 基因 SNP 位点的连锁不平衡分析

连锁不平衡(LD)是指不同基因座的等位基因之间的非随机组合关联。标准化连锁不平衡系数( $D'$ )和相关系数平方( $r^2$ )是衡量连锁不平衡程度的常用参数。如表 3 所示, g.57647887 G→A 和 g.57647990 C→T 位点之间存在强连锁不平衡, 相关系数平方( $r^2$ )为 0.974, 标准化连锁不平衡系数( $D'$ )为 1.000。其他位点间均没有出现强连锁不平衡。

### 2.4 *BMP7* 基因 SNP 位点的单倍型和双倍型分析

如表 4 所示, 共鉴定出 4 种单倍型和 9 种双倍

型, 优势单倍型为 H1, 频率为 0.418; 劣势单倍型为 H4, 频率为 0.051; 优势双倍型为 H1H2, 频率为 0.291; 劣势双倍型为 H2H4, 频率为 0.013。

表 3 *BMP7* 基因 SNP 位点的连锁不平衡分析Table 3 Linkage disequilibrium analysis of *BMP7* gene SNP loci

SNP 位点	g.57647887 G→A	g.57647990 C→T	g.57648145 C→G
g.57647887 G→A	1.000	1.000	0.644
g.57647990 C→T	0.974	1.000	0.636
g.57648145 C→G	0.230	0.218	1.000

对角线右上方为标准化连锁不平衡系数( $D'$ ), 左下方为相关系数平方( $r^2$ )。

表 4 *BMP7* 基因 SNP 位点的单倍型和双倍型分析Table 4 Haplotype and diplotype analysis of *BMP7* gene SNP loci

类型	基因型	个体数	g.57647887 G→A	g.57647990 C→T	g.57648145 C→G	频率
单倍型	H1	132	G	C	G	0.418
	H2	106	A	T	C	0.335
	H3	62	G	C	C	0.196
	H4	16	A	T	G	0.051
双倍型	H1H1	28	GG	CC	GG	0.177
	H1H2	46	GA	CT	GC	0.291
	H1H3	24	GG	CC	GC	0.152
	H1H4	6	GA	CT	GG	0.038
	H2H2	20	AA	TT	CC	0.127
	H2H3	18	GA	CT	CC	0.114
	H2H4	2	AA	TT	GC	0.013
	H3H3	10	GG	CC	CC	0.063
H4H4	4	AA	TT	GG	0.025	

## 2.5 *BMP7* 基因 SNP 位点与柯乐猪繁殖性状的相关性分析

对 *BMP7* 基因内含子 3 上的突变位点和繁殖性状进行关联性分析,如表 5 所示,g.57647887 G→A 突变位点和 g.57647990 C→T 突变位点中,GA/CT

基因型个体的总产仔数和产活仔猪数显著高于 GG/CC 基因型个体 ( $P<0.05$ )。g.57648145 C→G 突变位点中,GG 基因型个体的断奶窝重显著高于 CC 基因型个体 ( $P<0.05$ )。

表 5 *BMP7* 基因 SNP 位点与柯乐猪繁殖性状的相关性分析

Table 5 Analysis of the correlation between *BMP7* gene SNP loci and reproductive traits in Kele pigs

SNP 位点	基因型	个体数 (头)	总产仔数 (头)	产活仔猪数 (头)	初生窝重 (kg)	断奶仔猪数 (头)	断奶窝重 (kg)
g.57647887 G→A/ g.57647990 C→T	GG/CC	62	8.000±2.599b	7.258±2.746b	7.683±2.446a	6.258±2.016a	36.485±13.740a
	GA/CT	70	9.086±2.118a	8.257±2.224a	8.073±3.146a	6.857±2.757a	36.679±13.208a
	AA/TT	26	8.154±3.343ab	7.769±3.445ab	7.650±3.267a	6.154±2.708a	34.562±16.985a
g.57648145C→G	CC	48	8.708±2.865a	8.333±2.927a	7.721±2.756a	6.125±2.209a	34.310±13.049b
	CG	72	8.500±2.220a	7.361±2.558a	7.813±3.000a	6.500±2.616a	35.250±14.313ab
	GG	38	8.263±2.863a	7.895±2.523a	8.086±2.951a	7.000±2.547a	40.613±14.076a

同一 SNP 位点后不同小写字母表示差异显著 ( $P<0.05$ ),g.57647887 G→A 和 g.57647990 C→T 位点完全连锁。

## 2.6 *BMP7* 基因 SNP 位点双倍型与柯乐猪繁殖性状的相关性

对柯乐猪 *BMP7* 基因 3 个突变位点的双倍型与繁殖性状的关联性进行分析,如表 6 所示,除 H1H3 的产活仔猪数外,H1H1、H1H2、H1H3、H1H4、H2H2、H2H3、H3H3 和 H4H4 双倍型个体的总产仔

数、产活仔猪数、初生窝重、断奶仔猪数、断奶窝重均显著高于 H2H4 双倍型个体 ( $P<0.05$ )。H1H1、H1H2、H1H3、H1H4、H2H2、H2H3、H3H3 和 H4H4 双倍型个体的初生窝重显著高于 H2H4 双倍型个体 ( $P<0.05$ )。其中 H1H1、H2H2 和 H4H4 为纯合子。

表 6 *BMP7* 基因 SNP 位点双倍型与柯乐猪繁殖性状的相关性

Table 6 Correlation between *BMP7* gene SNP loci diplotypes and reproductive traits in Kele pigs

双倍型	总产仔数 (头)	产活仔猪数 (头)	初生窝重 (kg)	断奶仔猪数 (头)	断奶窝重 (kg)
H1H1	8.357±2.921a	7.929±2.538a	8.038±2.437ab	7.214±1.853a	42.489±11.888a
H1H2	9.217±1.885a	8.174±2.163a	8.128±2.917ab	7.174±2.576a	37.665±12.370a
H1H3	7.500±2.106a	6.083±2.653ab	7.717±2.770ab	5.667±1.971a	33.183±15.318a
H1H4	7.333±3.141a	7.000±2.683a	6.750±4.274b	6.000±4.980a	31.383±23.098a
H2H2	8.400±3.440a	7.900±3.597a	7.690±2.590ab	6.500±2.395a	36.215±16.110a
H2H3	9.333±2.169a	8.889±2.139a	8.372±3.400ab	6.333±2.275a	35.922±11.530a
H2H4	4.037±0.012b	4.005±0.126b	1.700±1.172c	3.639±0.281b	13.029±1.164b
H3H3	8.200±2.781a	8.200±2.781a	6.610±1.207b	5.000±1.333a	27.600±5.192a
H4H4	9.000±2.309a	9.000±2.309a	10.425±3.551a	7.000±2.309a	41.325±8.862a

双倍型 H1H1 的基因型为 GG-CC-GG;双倍型 H1H2 的基因型为 GA-CT-GC;双倍型 H1H3 的基因型为 GG-CC-GC;双倍型 H1H4 的基因型为 GA-CT-GC;双倍型 H2H2 的基因型为 AA-TT-CC;双倍型 H2H3 的基因型为 GA-CT-CC;双倍型 H2H4 的基因型为 AA-TT-GC;双倍型 H3H3 的基因型为 GG-CC-CC;双倍型 H4H4 的基因型为 AA-TT-G。同一列数据后不同小写字母表示差异显著 ( $P<0.05$ )。

## 3 讨论与结论

柯乐猪因其独特的放牧饲养方式,肌肉组织中积累了丰富的肌糖原,这些肌糖原为鲜肉和发酵火

腿提供了独特的风味<sup>[13-15]</sup>。然而,该品种较低的繁殖性能限制了其市场推广。*BMP7* 为骨形态发生蛋白编码基因家族成员,其基因多态性与猪繁殖性能密切相关<sup>[16-17]</sup>。Yin 等<sup>[6]</sup>首次鉴定到猪 *BMP7* 基因

3'-UTR 区的 SNP c.1569 A→G, 该位点与大白猪繁殖性能显著相关;Feng 等<sup>[18]</sup>在 *BMP7* 基因第 2 内含子区域鉴定到 3 个 SNP 位点,分别为 g.35161 T→C、g.35175 T→C 和 g.35216 C→T,其中 g.35161 T→C 与窝重性状显著相关;朱朋<sup>[19]</sup>的研究结果表明,*BMP7* 基因内含子区域的 SNP 位点与长白猪、皖南黑猪的产活仔数和总产仔数和霍寿黑猪的总产仔数显著相关。

本研究通过 Sanger 测序在柯乐猪 *BMP7* 基因第 3 内含子区鉴定到 3 个 SNP 位点,分别为 g.57647887 G→A、g.57647990 C→T 和 g.57648145 C→G。虽然这些位点位于非编码区,但研究结果表明内含子区域的变异可通过影响基因调控元件和剪接过程调节基因表达<sup>[20-22]</sup>。本研究中,3 个 SNP 位点的杂合度和多态信息含量均处于中等水平,表明群体具有适度的遗传多样性<sup>[23]</sup>。值得注意的是,g.57647887 G→A 和 g.57647990 C→T 位点间存在强连锁不平衡,表明这 2 个位点可能协同作用于性状调控<sup>[24]</sup>。

关联分析结果表明,g.57647887 G→A 突变位点和 g.57647990 C→T 突变位点中,GA/CT 基因型个体的总产仔数和产活仔猪数显著高于 GG/CC 基因型个体( $P<0.05$ );g.57648145 C→G 突变位点中,GG 基因型个体的断奶窝重显著高于 CC 基因型个体( $P<0.05$ )。H1H1、H2H2 和 H4H4 双倍型个体的总产仔数、产活仔猪数、初生窝重、断奶仔猪数、断奶窝重等繁殖性状较好,且为纯合子,而 H2H4 型个体的繁殖性状较差。在杜洛克和豫南黑母猪中,李新建等<sup>[25]</sup>也发现 *BMP7* 基因 T98C 和 T143C 位点对总产仔数、产活仔数产生极显著效应。后续研究可通过扩大样本量和功能验证试验进一步确认这些 SNP 的生物学效应。

#### 参考文献:

- [1] 杨仕钰,燕志宏,刘东云,等. 不同强化剂对柯乐猪 *CMAH* 和 *GGTA1* 基因表达的影响[J]. 中国畜牧杂志,2022,58(3):161-165.
- [2] 胡光玲,申涛,伍治敏,等. 柯乐猪和大白猪胎盘发育与繁殖性能的相关性分析[J]. 畜牧与兽医,2023,55(6):1-10.
- [3] 向进,吴燕,王春源,等. 柯乐猪 *BMP7* 基因 SNP 位点与繁殖性能的关联分析[J]. 南方农业学报,2024,55(8):2495-2503.
- [4] STREET B R, GONYOU H W. Effects of housing finishing pigs in two group sizes and at two floor space allocations on production, health, behavior, and physiological variables [J]. *Journal Animal Science*, 2008, 86(4):982-991.
- [5] 李霞,张宗庆,金深逊,等. 柯乐猪耐粗饲性能的试验效果[J]. 中国畜禽种业,2011,7(2):86-88.
- [6] YIN H, DU X, LI Q Q, et al. Variants in *BMP7* and *BMP15* 3'-UTRs associated with reproductive traits in a large white pig population [J]. *Animals (Basel)*, 2019, 9(11):905.
- [7] CELESTE A J, IANNAZZI J A, TAYLOR R C, et al. Identification of transforming growth factor beta family members present in bone-inductive protein purified from bovine bone [J]. *PNAS*, 1990, 87(24):9843-9847.
- [8] SCHNEIDER J F, NONNEMAN D J, WIEDMANN R T, et al. Genomewide association and identification of candidate genes for ovulation rate in swine [J]. *Journal of Animal Science*, 2014, 92(9):3792-3803.
- [9] 吴平先,陈力,龙熙,等. 荣昌猪初产繁殖性状的全基因组关联研究[J]. 畜牧兽医学报,2023,54(1):103-112.
- [10] 杨世婷,李文君,龚绍荣,等. 保山猪 *BMP7* 基因的 SNP 筛选及生物信息学分析[J]. 中国畜牧杂志,2024,60(8):91-96.
- [11] 尹杭,杜星,潘增祥,等. 苏淮猪 *BMP7* 基因 3'-UTR 多态性分析[J]. 南京农业大学学报,2021,44(2):346-352.
- [12] 高若男,陈亚楠,黄涛,等. *BMP7* 基因多态对大白猪生长性状的影响[J]. 石河子大学学报(自然科学版),2020,38(3):299-302.
- [13] 张伟力,顾平生. 柯乐猪肉切块品质点评[J]. 养猪,2013(5):63-64.
- [14] 向进,熊力,李维,等. 柯乐猪 *XDH* 基因多态性鉴定及其对繁殖性状的影响[J]. 南方农业学报,2024,55(6):1863-1872.
- [15] 曾辅琴,谭元成,黄雯,等. 柯乐猪 *TAC3R* 基因 SNP 位点鉴定及其对繁殖性状的影响[J]. 南方农业学报,2024,55(5):1502-1509.
- [16] 黎海燕,刘宇,廉梅,等. 小鼠棕色脂肪转基因过表达 miR-155 损坏棕色脂肪细胞的分化[J]. 动物医学进展,2019,40(8):49-54.
- [17] 常攀峰,张辉,潘阳阳,等. 牦牛 *BMP7* 基因的克隆及其在发情期卵巢、子宫的表达分析[J]. 家畜生态学报,2023,44(11):16-23.
- [18] FENG X, XIE S Y, ZHOU J S, et al. Polymorphisms of the bone morphogenetic protein 7 gene (*BMP7*) and association analysis with sow productive traits [J]. *Animal Reproduction Science*, 2013, 142(1/2):56-62.
- [19] 朱朋. 猪 *RBP4* 和 *BMP7* 基因多态性及其与母猪繁殖性状关联性分析[D]. 合肥:安徽农业大学,2014.
- [20] GOTO Y, YUE L, YOKOI A, et al. A novel single-nucleotide polymorphism in the 3'-untranslated region of the human dihydrofolate reductase gene with enhanced expression [J]. *Clinical Cancer Research*, 2001, 7(7):1952-1956.
- [21] ALBEROBELLO A T, CONGEDO V, LIU H, et al. An intronic

- SNP in the thyroid hormone receptor beta gene is associated with pituitary cell-specific over-expression of a mutant thyroid hormone receptor beta2 (R338W) in the index case of pituitary-selective resistance to thyroid hormone[J]. *Journal of Translational Medicine*, 2011, 9:144.
- [22] NIU B Y, YE L Z, LI F E, et al. Identification of polymorphism and association analysis with reproductive traits in the porcine *RNF4* gene[J]. *Animal Reproduction Science*, 2009, 110(3/4): 283-292.
- [23] 衣 帅, 谢珊珊, 刘继峰, 等. 微卫星 DNA 标记技术对试验用虎皮猫群体遗传结构的分析[J]. *中国兽医学报*, 2013, 33(1): 137-141.
- [24] DU F X, CLUTTER A C, LOHUIS M M. Characterizing linkage disequilibrium in pig populations[J]. *International Journal of Biological Sciences*, 2007, 3(3):166-178.
- [25] 李新建, 吕 刚, 李改英, 等. *BMP7* 基因单核苷酸多态性与猪繁殖性状的关联分析[J]. *西北农业学报*, 2013, 22(3):6-10.

(责任编辑:成纾寒)