

PRLR 基因 InDel 检测及其与陕北白绒山羊生长性状的关联分析

王聪亮¹, 张政轩¹, 付琪¹, 魏宇新¹, 白晶晶¹, 宋晓越¹, 李陇平¹, 屈雷¹, 朱海鲸^{1,2,3*}

(1. 榆林学院生命科学研究中心, 陕西榆林 719000; 2. 陕西省“四主体一联合”肉羊工程技术校企联合研究中心, 陕西神木 719318; 3. 陕西浩丽绒山羊科技发展有限公司, 陕西子洲 718499)

摘要 [目的]探究催乳素受体(prolactin receptor, PRLR)基因 InDel 突变对绒山羊种群生长特性的影响。[方法]以陕北白绒山羊为研究对象,采用 PCR 扩增和测序技术法检测分析陕北白绒山羊 PRLR 基因的多态性,利用独立样本 *t* 检验和单因素方差分析 PRLR 基因不同基因型与陕北白绒山羊生长性状之间的相关性。[结果]在所检测的 1 176 只陕北白绒山羊群体中, PRLR 基因第 2 内含子存在 1 个 16 bp InDel 突变,形成了纯合插入型(II)、杂合型(ID)与纯合缺失型(DD)3 种基因型;在育成羊群体中,该 InDel 突变与生长性状无显著关联($P>0.05$),在成年羊群体中, InDel 突变与管围性状显著相关($P<0.05$);在育成羊和成年羊全部群体中, InDel 突变仍与管围性状显著相关($P<0.05$)。[结论]PRLR 基因 16 bp InDel 突变可能会对陕北白绒山羊生长发育产生显著影响,该位点可作为陕北白绒山羊辅助育种的候选分子标记。

关键词 绒山羊; PRLR 基因; InDel; 生长性状; 关联分析

中图分类号 S827 **文献标识码** A

文章编号 0517-6611(2022)11-0085-04

doi: 10.3969/j.issn.0517-6611.2022.11.022



开放科学(资源服务)标识码(OSID):

InDel Detection of PRLR Gene and Its Association Analysis with Growth Traits of Shanbei White Cashmere Goats

WANG Cong-liang, ZHANG Zheng-xuan, FU Qi et al (Shaanxi Province Engineering & Technology Research Center of Cashmere Goats, Yulin University, Yulin, Shaanxi 719000)

Abstract [Objective] In order to investigate the effect of prolactin receptor(PRLR) gene InDel mutation on the growth characteristics of cashmere goat population. [Method] The Shanbei white cashmere goats were used as the research object, and used PCR amplification and direct sequencing techniques to detect the polymorphism of PRLR gene in Shanbei white cashmere goats, and analyzed the correlation between different genotypes of PRLR gene and growth traits of Shanbei white cashmere goats using independent sample *t*-test and one-way ANOVA. [Result] The results showed that there was one 16 bp InDel mutation in intron 2 of the PRLR gene in the 1 176 Shanbei white cashmere goats population, and there were three genotypes; homozygous insertion type(II), heterozygous type(ID) and homozygous deletion type(DD), respectively. The InDel mutation was not significantly correlated with growth traits in the yearling goats population($P>0.05$), and was significantly correlated with the cannon circumference trait in the adult goats population($P<0.05$); In all of the goat population this InDel mutation was still significantly correlated with the cannon circumference trait($P<0.05$). [Conclusion] The 16 bp InDel mutation in PRLR gene may impose significant effect on the growth and development of Shanbei white cashmere goats, and this locus can be used as a candidate molecular marker for the auxiliary breeding of high-yielding Shanbei white cashmere goats.

Key words Cashmere goats; PRLR gene; InDel; Growth traits; Association analysis

催乳素(Prolactin, PRL)主要是垂体前叶分泌的一种肽类激素^[1],仅包含 1 个跨膜区域的膜结合蛋白,最早发现于乳腺、卵巢、睾丸等组织, PRL 通过与其受体(PRLR)结合作用于靶器官,参与调控乳腺发育、黄体生成、调节渗透压等及繁殖相关激素分泌等多种生理活动^[2-3]。按照 PRLR 受体胞内域氨基酸数目和胞质区域组成可分为长型 PRLR、中型 PRLR 和短型 PRLR,其功能各不相同^[4]。据报道, PRL 在大鼠、绵羊和牛等多个物种内分布广泛,通过与不同 PRLR 受体亚型结合介导,作用于相应靶细胞质膜,进而发挥其生物学作用^[5-6]。

PRLR 基因作为泌乳相关基因,研究人员发现, PRLR 基因与母猪总产仔数和产活仔数显著相关,可作为猪高产仔数性状的候选基因^[7],国内外研究人员就 PRLR 基因对畜禽泌乳和繁殖性状的影响展开大量研究。如, PRLR 基因侧翼区

一处 SNP 突变与疆岳驴平均日泌乳量和乳蛋白率显著相关,可作为乳用型疆岳驴选育的有效 DNA 标记^[8]。此外, PRLR 基因也可作为高产仔数和海门山羊选育的重要候选基因^[9-10]。但 PRLR 基因多态并不是都与动物繁殖相关,如 PRLR 基因多个 SNP 突变位点与湖羊和济宁青山羊等数个品种的产羔性状无显著关联^[11-12]。陕北白绒山羊作为优秀绒肉兼用品种,目前关于 PRLR 基因与陕北白绒山羊生产相关性性状的研究较少^[13]。为此,笔者采用 PCR 扩增和测序技术探究 PRLR 基因 InDel 多态性及其与不同陕北白绒山羊群体生产性状的相关性,以期对绒山羊的高效选育提供参考。

1 材料与方法

1.1 试验动物与基因组 DNA 试验羊由陕西应马安绒山羊养殖公司提供,包括 618 只育成羊(1.0~1.5 岁)和 558 只成年羊(1.5~4.0 岁),均为雌性。剪取试验羊耳尖部约 0.4 cm² 耳组织储存在含有 70%乙醇的 1.5 mL Eppendorf 管中,同时测量试验羊体重、体高、体长、胸围、髁宽、管围、十字部高、胸深、胸宽、绒细度 10 个性状数据^[14]。同时提取试验羊耳组织 DNA^[15], -80℃ 保存备用。

1.2 主要试剂 琼脂糖、Marker 1 和 PCR Master Mix,均购自天根生化科技(北京)有限公司;EB 核酸染料,购自生工生

基金项目 国家自然科学基金项目(31702115);榆林学院高层次人才科研启动基金项目(16GK06);陕西省农业科技创新与攻关项目项目(2016NY-106);国家现代农业产业园建设绒山羊产业重点项目(2020HX02)。

作者简介 王聪亮(1996—),男,陕西榆林人,硕士研究生,研究方向:动物繁殖。*通信作者,副教授,博士,从事动物繁殖与生殖干细胞研究。

收稿日期 2021-09-19; **修回日期** 2021-10-18

物工程(上海)股份有限公司。

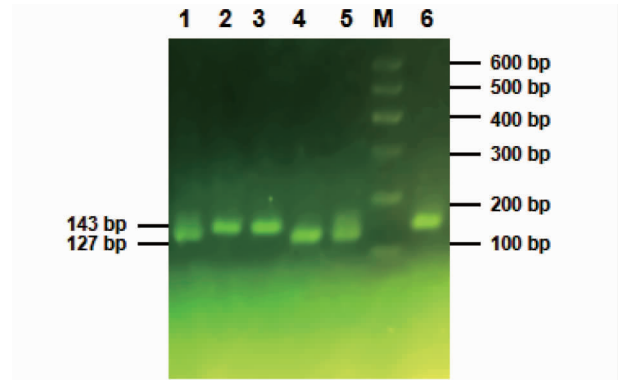
1.3 *PRLR* 基因 InDel 目的片段的 PCR 扩增 参照文献 [13], 选取 *PRLR* 基因第 2 内含子 16 bp InDel 突变位点 (NC_030827. 1. g. 61200-61206, 61209-61214, 61298-61300 del GAGGGC-GGGAGGG-AAG) 作为候选变异位点, 并利用文献中的引物对候选变异位点进行多态性检测。*PRLR* 基因的 PCR 扩增体系: PCR Master Mix 6.5 μ L, 上下游引物各 0.3 μ L, 模板 DNA 0.7 μ L, ddH₂O 补至 13 μ L。PCR 扩增程序: 95 $^{\circ}$ C 预变性 5 min; 94 $^{\circ}$ C 变性 30 s, 56 $^{\circ}$ C 退火 30 s, 72 $^{\circ}$ C 延伸 20 s, 共 38 个循环; 72 $^{\circ}$ C 再延伸 10 min, 4 $^{\circ}$ C 结束反应保存, 扩增目的片段长度分别为 143 bp 和 127 bp。PCR 扩增产物进行 3% 琼脂糖凝胶电泳并鉴定分型, 引物合成与 PCR 产物测序均由生工生物工程(上海)股份有限公司完成。

1.4 数据统计 利用 Microsoft Excel 2018 软件计算 *PRLR* 基因 InDel 突变位点的基因型频率和等位基因频率, 使用 Nei 方法计算基因纯合度 (Ho)、杂合度 (He)、有效等位基因数 (Ne) 和多态信息含量 (PIC) 等群体遗传学参数, 使用在线平台 SHEsis (<https://analysis.bio-x.cn>) 计算 *PRLR* 基因多态性是否处于哈代温伯格 (HWE) 平衡^[16]。其生物统计模型为 $Y_{ijk} = \mu + G_i + E_{ij}$, 其中 μ 为总体平均值, G_i 为基因型固定效应, E_{ij} 为随机误差。利用 SPSS 23.0 软件, 分别运用独立样本 t 检验和单因素方差方法完成 *PRLR* 基因陕北白绒山羊育成羊和成年羊群体不同基因型与生长性状的关联分析; 再利用 Microsoft Excel 2018 软件计算不同群体各个性状表型值的平均值, 用个体表型值减去平均值得到差值, 运用单因素方

差方法分析不同基因型与陕北白绒山羊群体生长性状之间的差异显著性, 其中育成羊和成年羊为一个整体, 结果以“平均值 \pm 标准误”表示。

2 结果与分析

2.1 *PRLR* 基因 InDel 检测与分型 扩增产物经 3.5% 琼脂糖凝胶电泳, 电泳结果见图 1。陕北白绒山羊 *PRLR* 基因 16 bp InDel 位点 (NC_030827. 1. g. 61200-61206, 61209-61214, 61298-61300 del GAGGGC-GGGAGGG-AAG) 具有多态性, 分别产生了纯合插入型 (II, 143 bp)、杂合型 (ID, 143 bp 和 127 bp) 与纯合缺失型 (DD, 127 bp) 3 种基因型, 产物测序结果见图 2, 测序结果与 PCR 扩增结果一致。



注: M. Marker; 1, 5. ID 型; 2, 3, 6. II 型; 4. DD 型

Note: M. Marker; 1, 5. ID type; 2, 3, 6. II type; 4. DD type

图 1 *PRLR* 基因 16 bp InDel 位点凝胶电泳结果

Fig. 1 Gel electrophoresis result of the *PRLR* gene 16 bp InDel site

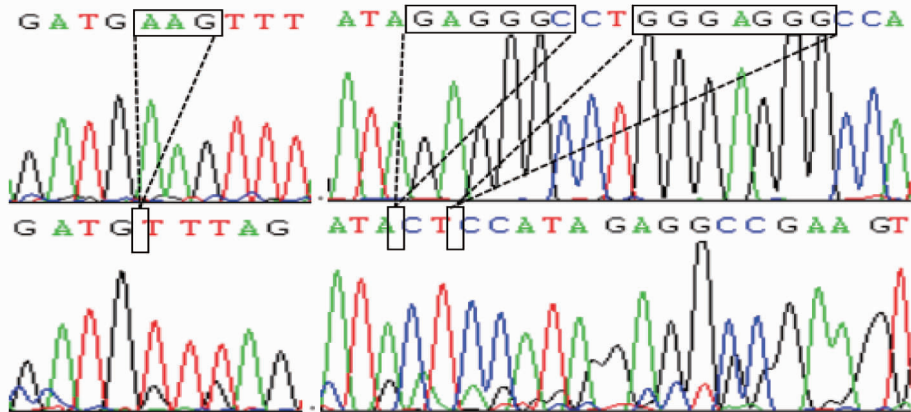


图 2 *PRLR* 基因 16 bp InDel 位点 (NC_030827. 1. g. 61200-61206, 61209-61214, 61298-61300 del GAGGGC-GGGAGGG-AAG) 测序结果

Fig. 2 Sequencing result of the *PRLR* gene 16 bp InDel site (NC_030827. 1. g. 61200-61206, 61209-61214, 61298-61300 del GAGGGC-GGGAGGG-AAG)

2.2 *PRLR* 基因遗传多样性 *PRLR* 基因 16 bp InDel 突变位点等位基因频率、基因型频率、多态性信息含量 (PIC) 等群体遗传学参数见表 1。结果显示, *PRLR* 基因 16 bp InDel 突变位点在陕北白绒山羊育成羊、成年羊和全部群体中均属于低度多态 (PIC < 0.25), I 型等位基因频率均高于 D 型; 该突变位点在成年羊群体处于哈代温伯格平衡状态 ($P > 0.05$), 但在育成羊和全部群体中偏离了哈代温伯格平衡 ($P < 0.05$)。

2.3 不同陕北白绒山羊群体 *PRLR* 基因多态性与生长性状的相关性分析 通过 SPSS 23.0 软件对 *PRLR* 基因 InDel 位

点多态性与不同陕北白绒山羊群体生长性状进行相关性分析, 结果见表 2~4。在陕北白绒山羊育成羊群体中 ($n = 618$), 由于体重和绒细度性状 DD 基因型只有 2 个样本, 故运用独立样本 t 检验法对其进行相关性分析, 结果显示不同基因型与生长性状均无显著关联 (表 2); 在成年羊群体中 ($n = 558$), ID 基因型山羊的管围显著高于 II 基因型 ($P < 0.05$) (表 3); 在育成羊和成年羊全部群体中 ($n = 1176$), ID 基因型山羊的管围仍显著高于 II 基因型 ($P < 0.05$), 优势基因型与成年羊群体相同, 均为 ID 型 (表 4)。

表 1 陕北白绒山羊群体 *PRLR* 基因多态位点遗传参数结果Table 1 Results of genetic parameters of *PRLR* gene polymorphism locus in Shanbei white cashmere goats

样本 Sample	数量 Number 只	基因型频率 Genotype frequency			等位基因频率 Allele frequency		HWE 平 衡 <i>P</i> 值 HWE equili- brium <i>P</i> value	遗传参数 Genetic parameters			
		II(<i>n</i>)	ID(<i>n</i>)	DD(<i>n</i>)	I	D		Ho	He	Ne	PIC
育成羊 Bred sheep	618	0.723(447)	0.272(168)	0.005(3)	0.859	0.141	<0.05	0.760	0.242	1.319	0.213
成年羊 Adult sheep	558	0.828(462)	0.165(92)	0.007(4)	0.910	0.090	>0.05	0.837	0.163	1.195	0.150
总样本 Total sample	1 176	0.773(909)	0.221(260)	0.006(7)	0.884	0.116	<0.05	0.794	0.206	1.259	0.185

表 2 陕北白绒山羊育成羊 *PRLR* 基因多态位点对生长性状影响的测定结果 (*n* = 618)Table 2 Results of determining the effect of *PRLR* gene polymorphic loci on growth traits in yearling period of Shanbei white cashmere goats (*n* = 618)

基因型 Genotype	体重 Weight(<i>n</i>) kg	体高 Body height(<i>n</i>) cm	体长 Body length (<i>n</i>)/cm	胸围 Bust(<i>n</i>)/cm	髻宽 Hip width (<i>n</i>)/cm	管围 Tube circum- ference (<i>n</i>)/cm	十字部高 Cross height (<i>n</i>)/cm	胸深 Chest depth (<i>n</i>)/cm	胸宽 Chest width (<i>n</i>)/cm	绒细度 Cashmere fineness (<i>n</i>)/μm
II	34.04± 0.75(109) _a	53.19± 0.17(447) _a	62.20± 0.25(445) _a	72.73± 0.35(433) _a	12.98± 0.09(434) _a	7.40± 0.03(433) _a	55.36± 0.17(433) _a	25.93± 0.14(433) _a	18.86± 0.12(433) _a	16.14± 0.18(63) _a
ID	34.75± 1.63(32) _a	53.11± 0.24(168) _a	61.96± 0.31(168) _a	71.80± 0.52(161) _a	12.86± 0.14(161) _a	7.42± 0.06(161) _a	55.24± 0.26(161) _a	25.47± 0.19(161) _a	18.69± 0.20(161) _a	16.15± 0.36(25) _a
DD	—	54.33± 1.20(3) _a	60.67± 2.85(3) _a	67.67± 1.45(3) _a	12.33± 0.88(3) _a	7.83± 0.60(3) _a	55.67± 0.88(3) _a	24.33± 0.88(3) _a	18.50± 1.80(3) _a	—

注: 同列相同小写字母表示处理间差异不显著 (*P* > 0.05)Note: Same lowercase letters in the same column indicate difference is not significant between treatments (*P* > 0.05)表 3 陕北白绒山羊成年羊 *PRLR* 基因多态位点对生长性状影响的测定结果 (*n* = 558)Table 3 Results of determining the effect of *PRLR* gene polymorphic loci on growth traits in adult period of Shanbei white cashmere goats (*n* = 558)

基因型 Genotype	体重 Weight(<i>n</i>) kg	体高 Body height(<i>n</i>) cm	体长 Body length (<i>n</i>)/cm	胸围 Bust(<i>n</i>)/cm	髻宽 Hip width (<i>n</i>)/cm	管围 Tube circum- ference (<i>n</i>)/cm	十字部高 Cross height (<i>n</i>)/cm	胸深 Chest depth (<i>n</i>)/cm	胸宽 Chest width (<i>n</i>)/cm	绒细度 Cashmere fineness (<i>n</i>)/μm
II	41.83±0.52 (440) _a	55.28±0.21 (458) _a	68.03±0.27 (458) _a	83.78±0.43 (413) _a	15.16±0.10 (413) _a	8.23±0.04 (413) _b	58.25±0.23 (410) _a	29.54±0.16 (412) _a	21.08±0.20 (412) _a	16.37±0.11 (248) _a
ID	43.40±1.31 (90) _a	55.17±0.50 (92) _a	68.74±0.61 (92) _a	84.44±0.96 (82) _a	15.21±0.24 (82) _a	8.45±0.09 (82) _a	58.86±0.56 (82) _a	30.04±0.36 (82) _a	21.20±0.41 (82) _a	16.23±0.22 (51) _a
DD	44.68±5.53 (4) _a	53.13±0.16 (4) _a	69.50±1.44 (4) _a	87.00±4.53 (4) _a	15.38±1.14 (4) _a	8.25±0.25 (4) _{ab}	56.13±0.88 (4) _a	30.38±1.20 (4) _a	20.38±1.72 (4) _a	16.45±1.49 (3) _a

注: 同列不同小写字母表示处理间差异显著 (*P* < 0.05); 同列相同小写字母表示处理间差异不显著 (*P* > 0.05)Note: Different lowercase letters in the same column indicate significant differences between treatments (*P* < 0.05); same lowercase letters in the same column indicate difference is not significant between treatments (*P* > 0.05)表 4 陕北白绒山羊群体 *PRLR* 基因多态位点对生长性状影响的测定结果 (*n* = 1 176)Table 4 Results of determining the effect of *PRLR* gene polymorphic loci on growth traits in all of Shanbei white cashmere goats (*n* = 1 176)

基因型 Genotype	体重 Weight(<i>n</i>) kg	体高 Body height(<i>n</i>) cm	体长 Body length (<i>n</i>)/cm	胸围 Bust(<i>n</i>)/cm	髻宽 Hip width (<i>n</i>)/cm	管围 Tube circum- ference (<i>n</i>)/cm	十字部高 Cross height (<i>n</i>)/cm	胸深 Chest depth (<i>n</i>)/cm	胸宽 Chest width (<i>n</i>)/cm	绒细度 Cashmere fineness (<i>n</i>)/μm
II	-0.25±0.45 (549) _a	0.24±0.13 (905) _a	0.11±0.18 (903) _a	0.01±0.28 (846) _a	0.07±0.06 (847) _a	0.32±0.02 (846) _b	0.31±0.14 (843) _a	0.24±0.11 (845) _a	0.22±0.11 (845) _a	0.02±0.10 (311) _a
ID	1.10±1.06 (122) _a	0.13±0.23 (260) _a	0.24±0.29 (260) _a	-0.31±0.47 (243) _a	-0.02±0.12 (243) _a	0.43±0.05 (243) _a	0.45±0.26 (243) _a	0.17±0.18 (243) _a	0.20±0.19 (243) _a	-0.08±0.19 (76) _a
DD	2.58±5.53 (4) _a	-0.50±1.01 (7) _a	0.29±1.44 (7) _a	-0.36±2.94 (7) _a	-0.07±0.73 (7) _a	0.50±0.29 (7) _{ab}	-0.79±0.77 (7) _a	0.001±0.83 (7) _a	-0.36±1.15 (7) _a	0.10±1.49 (3) _a

注: 同列不同小写字母表示处理间差异显著 (*P* < 0.05); 同列相同小写字母表示处理间差异不显著 (*P* > 0.05)Note: Different lowercase letters in the same column indicate significant differences between treatments (*P* < 0.05); same lowercase letters in the same column indicate difference is not significant between treatments (*P* > 0.05)

3 讨论

陕北白绒山羊作为国内知名绒肉兼用山羊品种,其中陕北地区是重要养殖区域,产肉性能及遗传稳定性差等是养殖过程中的主要问题^[17]。相对传统育种方法而言,分子标记辅助选择技术(MAS)具有选择准确度高、育种周期短等优势^[18],目前已广泛应用于家畜育种,用于改良家畜经济性状,提高生产性能^[19-20]。

多态信息含量等与基因遗传多样性往往具有直接关系^[21]。该突变多态信息含量显示,在陕北白绒山羊不同群体中均属于低度多态水平(PIC < 0.25),说明群体遗传变异较小,可适当加强选择强度,但在育成羊和全部群体中偏离了哈代温伯格平衡(*P* < 0.05),说明可能受到遗传漂变及人工选育的影响,而陕北白绒山羊正是人工选育与杂交形成的新品种,等位基因流失可能是其主要影响因素^[22]。将 *PRLR*

基因 16 bp InDel 突变位点多态性与陕北白绒山羊的生长性状进行相关性分析发现,该突变位点与陕北白绒山羊育成羊生长性状无显著关联,但与成年羊管围性状显著相关;当把育成羊和成年羊作为一个群体分析时,该 InDel 突变位点仍与管围性状显著相关,优势基因型与成年羊群体相同,均为 ID 型,具有很好的一致性。在成年羊群体中,该突变位点能显著影响山羊的管围性状,但对育成羊生长性状无显著影响,推测可能存在以下原因:①生长发育阶段不同,育成羊尚未发育完善;② *PRLR* 基因表达存在时序性,如 *PRLR* 基因在牦牛生长发育后期睾丸组织中的表达量极显著高于前期^[23],同时 5 日龄与 8 周龄雌性大鼠肝脏组织中 *PRLR* 基因表达量有较大差异^[24],故 *PRLR* 基因可能在陕北白绒山羊不同生长发育阶段存在差异表达。同时研究显示^[25],羊体质量与管围性状存在显著关联,表明 *PRLR* 基因该突变位点可能会间接影响陕北白绒山羊体重性状,其中具体机制仍需要进一步探究。

有报道称,*PRLR* 基因分别定位于绵羊、山羊的 16、20 号染色体^[26-27],其中在绵羊腹股沟窝、脂肪和山羊肌肉、肝脏及皮下脂肪中存在不同程度的 *PRLR* 基因表达^[28-29]。目前研究人员普遍认为 *PRLR* 主要通过 JAK2-STAT 信号转导途径参与机体调控,通过 JAK2 酪氨酸激酶的活化对 STAT5 转录因子进行磷酸化,从而形成同型二聚体,与靶基因启动子上的 γ -干扰素激活位点序列特异性结合,激活基因转录,诱导并调控蛋白表达^[20-31],除此之外,有丝分裂原激活蛋白(MAP)激酶途径也被认为是参与介导 PRL 调控作用的重要途径^[32]。研究显示,催乳素合成分泌与下丘脑多巴胺的调控有直接关系,多巴胺与催乳素细胞表面的多巴胺 D2 特异性结合,在小鼠中,缺乏多巴胺 D2R 受体亚型与其体重增加有直接关系^[33],小鼠敲除 *PRLR* 基因后骨形成速率和骨密度较敲除前有所下降^[34]。研究证实,*PRLR* 在调控棕色脂肪细胞分化过程中发挥重要作用^[35],在刺激 NIH3T3 细胞快速增殖的同时还能有效促进细胞分裂蛋白激酶的激活^[36]。同时研究人员发现,*PRLR* 在牦牛等动物肝脏、骨骼肌和肾脏均有较高表达水平^[23,37],并且 *PRLR* 基因 p. H406R 和 p. M480T 2 个错义突变位点多态与大白猪背部脂肪有显著影响^[38],说明 *PRLR* 基因可能参与早期动物胚胎及机体的生长发育。

综上所述,*PRLR* 基因 16 bp InDel 突变对陕北白绒山羊管围性状有显著影响,可作为陕北白绒山羊优良生长性状选育的重要候选基因。

4 结论

该研究验证了 *PRLR* 基因在陕北白绒山羊群体中存在 1 个 16 bp 的插入缺失,并发现该突变位点对陕北白绒山羊群体部分生长性状存在显著关联,提示该位点可作为陕北白绒山羊分子标记辅助育种的有效 DNA 标记。

参考文献

[1] 邵顺成,李新海,闫背背,等. 5 个绵羊群体 *PRLR* 基因多态性与产羔数的关联分析[J]. 中国草食动物科学, 2021, 41(4): 14-18.
[2] BACHELOT A, BINART N. Reproductive role of prolactin[J]. Reproduction, 2007, 133(2): 361-369.

[3] Terman A. Effect of the polymorphism of prolactin receptor (*PRLR*) and leptin (*LEP*) genes on litter size in Polish pigs[J]. J Anim Breed Genet, 2005, 122(6): 400-404.
[4] 张芬芬,王长法,黄金明,等. 催乳素受体的研究进展[J]. 家畜生态学报, 2009, 30(3): 6-9.
[5] DALRYMPLE A, EDERY M, JABBOUR H N. Sequence and functional characterisation of the marmoset monkey (*Callithrix jacchus*) prolactin receptor: Comparative homology with the human long-form prolactin receptor[J]. Mol Cell Endocrinol, 2000, 167(1/2): 89-97.
[6] COSENZA G, IANNACONE M, AUZINO B, et al. Remarkable genetic diversity detected at river buffalo prolactin receptor (*PRLR*) gene and association studies with milk fatty acid composition[J]. Anim Genet, 2018, 49(3): 159-168.
[7] VINCENT A L, TUGGLE C K, ROTHSCHILD M F, et al. The prolactin receptor gene is associated with increased litter size in pigs[J]. Swine Res Rep, 1998, 27: 15-18.
[8] 毕兰舒,肖海霞,臧长江,等. 疆岳驴催乳素受体基因多态性及其与泌乳性状间的相关性分析[J]. 中国畜牧兽医, 2017, 44(1): 180-185.
[9] 范一萍,王晓梅,贾启涛,等. 猪 *PRLR* 和 *FSHB* 基因多态性检测及其与繁殖性状的关联分析[J]. 中国畜牧兽医, 2019, 46(3): 774-781.
[10] LI Y J, ZHANG L, SHANG L Q, et al. Genetic polymorphisms at three loci of *PRLR* and *FSHR* gene correlate with litter size in Chinese haimen goat[J]. J Anim Vet Adv, 2010, 9(22): 2835-2838.
[11] 郭海燕,金银,李拥军,等. *PRLR* 基因多态性与湖羊产羔性能的关系[J]. 扬州大学学报(农业与生命科学版), 2017, 38(1): 57-61.
[12] 张圆,袁婧,高一册,等. 济宁青山羊 *PRLR* 基因的多态性及其与主要经济性状的关联分析[J]. 安徽农业科学, 2020, 48(16): 94-97.
[13] LIU X F, MA L, WANG M, et al. Two indel variants of prolactin receptor (*PRLR*) gene are associated with growth traits in goat[J]. Anim Biotechnol, 2020, 31(4): 314-323.
[14] WANG Z, ZHANG X, JIANG E, et al. InDels within caprine *IGF2BP1* intron 2 and the 3'-untranslated regions are associated with goat growth traits[J]. Anim Genet, 2020, 51(1): 117-121.
[15] LAN X Y, PAN C Y, CHEN H, et al. An AluI PCR-RFLP detecting a silent allele at the goat *POU1F1* locus and its association with production traits[J]. Small Ruminant Res, 2007, 73(1/2/3): 8-12.
[16] CUI Y, YAN H L, WANG K, et al. Insertion/deletion within the *KDM6A* gene is significantly associated with litter size in goat[J]. Front Genet, 2018, 9: 1-11.
[17] 周寒,陈继明,刘瑞霞,等. 陕北白绒山羊产业发展现状调查研究[J]. 畜牧与饲料科学, 2012, 33(4): 64-65.
[18] 马彬云,吴建平. 遗传标记技术在动物育种中的研究进展[J]. 甘肃农业大学学报, 2004, 39(1): 92-96, 100.
[19] YANG Q, ZHANG S H, LIU L L, et al. Application of mathematical expectation (ME) strategy for detecting low frequency mutations: An example for evaluating 14-bp insertion/deletion (indel) within the bovine *PRNP* gene[J]. Prion, 2016, 10(5): 409-419.
[20] 田俊,王思寒,刘磊,等. 延边黄牛 *MYH3* 和 *MYH8* 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(6): 2122-2128.
[21] 唐晓琴,陈平博,袁婷婷,等. 同羊 *ETA1* 基因 InDel 检测及其与生长性状的关联分析[J]. 安徽农业大学学报, 2021, 48(2): 245-249.
[22] 刘燕,李学武,王瑞军,等. 周岁内蒙古绒山羊不同部位羊绒长度、细度变化规律及其相关性分析[J]. 黑龙江畜牧兽医, 2019(17): 58-62.
[23] 马富龙,褚敏,常永芳,等. *LHR*, *PRLR* 基因在不同发育阶段牦牛睾丸中的表达与定位[J]. 农业生物技术学报, 2020, 28(4): 672-680.
[24] TANAKA M, SUZUKI M, KAWANA T, et al. Differential effects of sex steroid hormones on the expression of multiple first exons including a novel first exon of prolactin receptor gene in the rat liver[J]. J Mol Endocrinol, 2005, 34(3): 667-673.
[25] 赵森,王真,白洋洋,等. 绒山羊 *MARCH1* 基因 InDel 位点与体尺性状的关联研究[J]. 家畜生态学报, 2020, 41(3): 27-32.
[26] JENKINS Z A, HENRY H M, SISE J A, et al. Follistatin (*FST*), growth hormone receptor (*GHR*) and prolactin receptor (*PRLR*) genes map to the same region of sheep chromosome 16[J]. Anim Genet, 2000, 31(4): 280.
[27] MOODY D E, POMP D, BARENDSE W, et al. Assignment of the growth hormone receptor gene to bovine chromosome 20 using linkage analysis and somatic cell mapping[J]. Anim Genet, 1995, 26(5): 341-343.
[28] ALEXANDRE-PIRES G, MARTINS C, GALVÃO A M, et al. Understanding the inguinal sinus in sheep (*Ovis aries*)-morphology, secretion, and expression of progesterone, estrogens, and prolactin receptors[J]. Int J Mol Sci, 2017, 18(7): 1-20.

- [3] WELINDER K G. Superfamily of plant, fungal and bacterial peroxidases [J]. Current opinion in structural biology, 1992, 2(3): 388-393.
- [4] HIRAGA S, YAMAMOTO K, ITO H, et al. Diverse expression profiles of 21 rice peroxidase genes [J]. FEBS letters, 2000, 471(2/3): 245-250.
- [5] HIRAGA S, SASAKI K, ITO H, et al. A large family of class III plant peroxidases [J]. Plant cell physiology, 2001, 42(5): 462-468.
- [6] TOGNOLLI M, PENEL C, GREPPIN H, et al. Analysis and expression of the class III peroxidase large gene family in *Arabidopsis thaliana* [J]. Gene, 2002, 288(1/2): 129-138.
- [7] CHITTOOR J M, LEACH J E, WHITE F F. Differential induction of a peroxidase gene family during infection of rice by *Xanthomonas oryzae* pv. *Oryzae* [J]. Molecular plant-microbe interactions, 1997, 10(7): 861-871.
- [8] SHIGETO J, TSUTSUMI Y. Diverse functions and reactions of class III peroxidases [J]. New phytologist, 2016, 209(4): 1395-1402.
- [9] LI Q, DOU W F, QI J J, et al. Genomewide analysis of the CIII peroxidase family in sweet orange (*Citrus sinensis*) and expression profiles induced by *Xanthomonas citri* subsp. *citri* and hormones [J/OL]. Journal of genetics, 2020, 99(1) [2021-04-18]. <https://link.springer.com/article/10.1007/s12041-019-1163-5>.
- [10] PASSARDI F, LONGET D, PENEL C, et al. The class III peroxidase multigenic family in rice and its evolution in land plants [J]. Phytochemistry, 2004, 65(13): 1879-1893.
- [11] 莫俊杰, 梁钾贤, 胡汉桥, 等. 芋头过氧化氢酶基因克隆 [J]. 广东农业科学, 2016, 43(9): 37-43.
- [12] 苏亚春, 王竹青, 李竹, 等. 甘蔗过氧化氢酶基因 *ScPOD02* 的克隆与功能鉴定 [J]. 作物学报, 2017, 43(4): 510-521.
- [13] 郭媛, 郭旺珍, 张天真. 两个陆地棉过氧化氢酶 cDNA 的克隆和鉴定 [J]. 作物学报, 2007, 33(6): 891-897.
- [14] 杨尚谕, 李立芹, 陈倩, 等. 烟草过氧化氢酶基因 *NiPOD1* 的克隆及表达模式分析 [J]. 华北农学报, 2018, 33(3): 106-112.
- [15] 刘付东标. 富贵竹室内加工技术研究 [J]. 园艺学报, 2002, 29(4): 389-391.
- [16] ZHANG S, XU Z Y, LE R, et al. First report of leaf blight wilt on *Dracaena sanderiana* by *Pantoea stewartii* subsp. *indologenes* in China [J]. Plant disease, 2020, 104(6): 1854.
- [17] BOYCE R, CHILANA P, ROSE T M. iCODEHOP: A new interactive program for designing Consensus-DEgenerate Hybrid Oligonucleotide Primers from multiply aligned protein sequences [J]. Nucleic acids research, 2009, 37: W222-W228.
- [18] ROSE T M, HENIKOFF J G, HENIKOFF S. CODEHOP (Consensus-DEgenerate hybrid oligonucleotide primer) PCR primer design [J]. Nucleic acids research, 2003, 31(13): 3763-3766.
- [19] LIU Y G, CHEN Y L. High-efficiency thermal asymmetric interlaced PCR for amplification of unknown flanking sequences [J]. BioTechniques, 2007, 43(5): 649-656.
- [20] MANOLI A, STURARO A, TREVISAN S, et al. Evaluation of candidate reference genes for qPCR in maize [J]. Journal of plant physiology, 2012, 169(8): 807-815.
- [21] LIVAK K J, SCHMITTGEN T D. Analysis of relative gene expression data using real-time quantitative PCR and the $2^{-\Delta\Delta Ct}$ Method [J]. Methods, 2001, 25(4): 402-408.
- [22] 陈勇, 柳亦松, 曾建国. 植物基因组测序的研究进展 [J]. 生命科学研究, 2014, 18(1): 66-74.
- [23] 乔枫, 耿贵, 曾阳, 等. 枸杞抗坏血酸过氧化氢酶基因的克隆与表达分析 [J]. 中国农业大学学报, 2019, 24(4): 64-72.
- [24] 朱海生, 刘建汀, 王彬, 等. 丝瓜过氧化氢酶基因的克隆及其在果实褐变中的表达分析 [J]. 农业生物技术学报, 2018, 26(1): 43-52.

(上接第 84 页)

- [7] GAYAKWAD E M, PATEL K P, SHANKARLING G S. Sodium sulfate-hydrogen peroxide-sodium chloride adduct: Selective protocol for the oxidative bromination, iodination and temperature dependent oxidation of sulfides to sulfoxides and sulfones [J]. New journal of chemistry, 2019, 43(15): 6001-6009.
- [8] CHAKINALA A G, GOGATE P R, BURGESS A E, et al. Treatment of industrial wastewater effluents using hydrodynamic cavitation and the advanced Fenton process [J]. Ultrasonics sonochemistry, 2008, 15(1): 49-54.
- [9] 黄伟英, 刘菲, 鲁安怀, 等. 过氧化氢与过硫酸钠去除有机污染物的进展 [J]. 环境科学与技术, 2013, 36(9): 88-95.
- [10] 杜佳垠. 过氧化氢作为鱼卵水霉病防治药物的应用 [J]. 河北渔业, 2004(1): 33-35.
- [11] 朱兴一, 夏枚生, 胡彩虹, 等. 包膜硫酸钠/过氧化氢/氯化钠加合物对南美白对虾养殖水体的增氧效果 [J]. 水产科学, 2006, 25(11): 541-544.
- [12] 雷行. 养殖水环境化学实验 [M]. 北京: 中国农业出版社, 2006.
- [13] 雷双双. 麦草低温碱氧两段蒸煮及其全氯漂白 [D]. 南京: 南京林业大学, 2012.
- [14] 宋长太. 淡水养殖尾水达标排放相关知识解读 [J]. 渔业致富指南, 2018(20): 20-22.
- [15] TREDWIN C J, NAIK S, LEWIS N J, et al. Hydrogen peroxide tooth-whitening (bleaching) products: Review of adverse effects and safety issues [J]. British dental journal, 2006, 200(7): 371-376.
- [16] 宋红桥, 顾川川, 张宇雷. 水产养殖系统的尾水处理方法 [J]. 安徽农业学报, 2019, 25(22): 85-87.
- [17] AYECHER R. Treatment by coagulation-flocculation of dairy wastewater with the residual lime of National Algerian Industrial Gases Company (NIGC-Amnab) [J]. Energy procedia, 2012, 18: 147-156.
- [18] 王峰. 半滑舌鳎循环水养殖系统优化与养殖效果研究 [D]. 青岛: 中国海洋大学, 2013.
- [19] 凌先俊. 氧化法去除饮用水中亚硝酸盐的实验研究 [D]. 合肥: 安徽建筑大学, 2016.
- [20] 谢芳. 沸石填料电化学反应器深度处理氨氮废水的研究 [D]. 广州: 暨南大学, 2015.
- [21] GAYAKWAD E M, PATIL V V, SHANKARLING G S. Metal-free oxidation of aldehydes to acids using the $4\text{Na}_2\text{SO}_4 \cdot 2\text{H}_2\text{O}_2 \cdot \text{NaCl}$ adduct [J]. Environmental chemistry letters, 2017, 15(3): 459-465.
- [22] 黄翔鹤. 对虾高位池水环境养殖污染和浮游微藻生态调控机制研究 [D]. 上海: 东华大学, 2013.
- [23] HASHIMOTO, AKIHIRO. 用过氧化氢处理含磷酸的废水和方法 [J]. 水处理信息报导, 2002(3): 40-41.
- [24] 王光玉, 韩亚萌, 冯亚丽, 等. 海洋光合细菌筛选及其对养殖水体修复效果的测定 [J]. 渔业现代化, 2019, 46(3): 22-29.
- [25] 相欣奕. 氧化技术降解典型有机污染物研究 [D]. 重庆: 重庆大学, 2013.
- [26] BLOCK P A, BROWN R A, ROBINSON D. Novel activation technologies for sodium persulfate in situ chemical oxidation [C] // Proceedings of the fourth international conference on the remediation of chlorinated and recalcitrant compounds. Columbus, OH: Battelle Press, 2004.

(上接第 88 页)

- [29] SHI H P, ZHANG T Y, YI Y Q, et al. Long form PRLR (IPRLR) regulates genes involved in the triacylglycerol synthesis in goat mammary gland epithelial cells [J]. Small Rumin Res, 2016, 139: 7-14.
- [30] RADHAKRISHNAN A, RAJU R, TULADHAR N, et al. A pathway map of prolactin signaling [J]. J Cell Commun Signal, 2012, 6(3): 169-173.
- [31] GALLEGO M I, BINART N, ROBINSON G W, et al. Prolactin, growth hormone, and epidermal growth factor activate Stat5 in different compartments of mammary tissue and exert different and overlapping developmental effects [J]. Dev Biol, 2001, 229(1): 163-175.
- [32] DOBOLYI A, OLÁH S, KELLER D, et al. Secretion and function of pituitary prolactin in evolutionary perspective [J]. Front Neurosci, 2020, 14: 1-16.
- [33] PEREZ-MILLAN M I, LUQUE G M, RAMIREZ M C, et al. Selective disruption of dopamine D2 receptors in pituitary lactotroves increases body weight and adiposity in female mice [J]. Endocrinology, 2014, 155(3): 829-839.
- [34] KELLY P A, BINART N, FREEMARK M, et al. Prolactin receptor signal transduction pathways and actions determined in prolactin receptor knock-out mice [J]. Biochem Soc Trans, 2001, 29(Pt2): 48-52.
- [35] KIM H, TOYOFUKU Y, LYNN F C, et al. Serotonin regulates pancreatic beta cell mass during pregnancy [J]. Nat Med, 2010, 16(7): 804-808.
- [36] DAS R, VONDERHAAR B K. Transduction of prolactin's (PRL) growth signal through both long and short forms of the PRL receptor [J]. Mol Endocrinol, 1995, 9(12): 1750-1759.
- [37] 邢光东. 鹅催乳素受体基因克隆和多克隆抗体制备及组织表达分析 [D]. 南京: 南京农业大学, 2011.
- [38] FONTANESI L, GALIMBERTI G, CALÒ D G, et al. Identification and association analysis of several hundred single nucleotide polymorphisms within candidate genes for back fat thickness in Italian Large White pigs using a selective genotyping approach [J]. J Anim Sci, 2012, 90(8): 2450-2464.