

5个山羊品种 *PRKAG3* 基因 5'调控区和外显子 13 杂合度分析

靳海^{1,2}, 陈宏权^{2,3*}, 黄生强¹, 秦婕², 任春环^{2,3}, 朱银剑²,
焦明慧², 潘中婷², 谢亚男², 陈公伟², 储明星⁴

(1. 湖南农业大学动物科技学院, 长沙 410128; 2. 安徽农业大学动物科技学院, 合肥 230036;

3. 安徽地方畜禽遗传资源保护与生物育种省级实验室, 合肥 230036;

4. 中国农业科学院北京畜牧兽医研究所, 北京 100193)

摘要: 以 3 个中国地方山羊品种和 2 个引入山羊品种为研究对象, 采用 PCR-RFLP 方法检测山羊 *PRKAG3* 基因 5'调控区和外显子 13 的多态性。结果在 5 个山羊品种 *PRKAG3* 基因的 5'调控区发现 C-525A 和 C-225T 多态位点, 在外显子 13 发现 T90C 和 C102T 多态位点, 分别存在一对等位基因。5 个山羊品种在 C-525A、C-225T 和 C102T 位点均为低度多态, 但在 T90C 位点存在中度多态 ($0.25 < PIC < 0.5$), 其中波尔山羊的杂合度最高 (0.375 0), 湘东黑山羊最低 (0.236 6)。4 个联合位点变异分析显示, 安徽白山羊 (0.220 8) 和波尔山羊 (0.208 5) 在各位点上的平均杂合度要比其它山羊高, 而马头山羊、湘东黑山羊和萨能奶山羊的平均杂合度为 0.12 ~ 0.14。根据品种之间的基因多样性可以将 5 个山羊品种分成 3 类: 波尔山羊、萨能奶山羊和中国地方山羊。

关键词: *PRKAG3* 基因; 多态性; 山羊; 肉质

中图分类号: S827.2

文献标识码: A

文章编号: 1672-352X (2012)02-0165-05

The heterozygosity in the 5' regulatory region and exon 13 of *PRKAG3* gene in five goat breeds

JIN Hai^{1,2}, CHEN Hong-quan^{2,3}, HUANG Sheng-qiang¹, QIN Jie², REN Chun-huan², ZHU Yin-jian²,
JIAO Ming-hui², PAN Zhong-ting², XIE Ya-nan², CHEN Gong-wei², CHU Ming-xing⁴

(1. School of Animal Science and Technology, Hunan Agricultural University, Changsha 410128;

2. School of Animal Science and Technology, Anhui Agricultural University, Hefei 230036;

3. Local Animal Genetic Resources Conservation and Bio-breeding Laboratory of Anhui Province, Hefei, 230036;

4. Key Laboratory of Farm Animal Genetic Resources and Utilization of Ministry of Agriculture, Institute of Animal Science, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Beijing 100193)

Abstract: The three Chinese indigenous goat breeds, Anhui white goat (Anbai), Xiangdong black goat (Xiangdong) and Matou, and two imported goat breeds, Boer and Sanen, were selected. The polymorphisms in the 5' regulatory region and exon 13 of *PRKAG3* gene were detected using PCR-RFLP and estimated via heterozygosity and polymorphism information content (PIC). The results showed that four polymorphic loci, C-525A and C-225T in the 5' regulatory region and T90C and C102T in the exon 13, were found in five goat breeds. The C-525A, C-225T and C102T were low-grade polymorphic loci, but the T90C was moderate polymorphic locus ($0.25 < PIC < 0.50$). Of which the heterozygosity in Boer was 0.3750 while that in Xiangdong was 0.2366. The linkage analysis results showed that the average heterozygosities of Anbai (0.2208) and Boer (0.2085) were higher than that of other goat breeds, while that of Matou, Xiangdong and Sanen were from 0.12 to 0.14. From the gene diversity, 5 goat breeds may be divided into three types: Sanen, Boer and Chinese indigenous goat breeds.

Key words: *PRKAG3* gene; polymorphism; goat; meat quality

收稿日期: 2012-02-21

基金项目: 国家现代肉羊产业技术体系 (nycytx-39), 安徽省现代肉羊产业技术体系基金和农业部转基因生物新品种培育重大专项 (2009ZX08008-007B) 共同资助。

作者简介: 靳海, 男, 硕士研究生。E-mail: jinhai0330@126.com

* 通讯作者: 陈宏权, 男, 博士, 教授。E-mail: chenhq62@126.com

一磷酸腺苷激活蛋白激酶 (adenosine monophosphate activated protein kinase, AMPK) 是细胞能量感受器^[1-2], 其活性的高低可以有效调节动物机体的糖和脂类代谢, 从而影响能量调节与细胞代谢^[3-4], 达到维持生物体能量平衡之目的。AMPK 复合物是一种异源三聚体蛋白^[5-6], 由催化型亚基 (α) 和调节型亚基 (β 与 γ) 组成, 其中 γ 亚基分为 $\gamma 1$ 、 $\gamma 2$ 和 $\gamma 3$ 3 种同功型^[7-8], 分别由 *PRKAG1* 和 *PRKAG2* 和 *PRKAG3* 基因编码^[9-10]。由 α 和 γ 亚基所组成的 AMPK 复合体能够形成 12 种不同类型的 AMPK 异源三聚体复合物, 并在不同组织和器官中活性和作用也不同, 形成了效应多样的机体能量调节与细胞代谢形式。*PRKAG3* 基因编码 $\gamma 3$ 亚基, 包含 12 个内含子和 13 个外显子, 其中第 4 外显子为最长外显子^[11-12]。研究发现 *PRKAG3* 基因在进化上具有高度的保守性, 只是在不同物种中的定位不同, 其中人、猪、鼠和马的 *PRKAG3* 基因被分别定位于 2q35^[9]、15q21-q22^[10]、9q33^[13] 和 6p14-p13 上, 牛、兔和鸡则被分别定位于染色体 2^[12] 和染色体 7 上。

$\gamma 3$ 亚型特异性的在骨骼肌中表达, 影响骨骼肌的代谢^[14]。Yu 等在 4 个品种牛 (泽西牛、利木赞牛、赫里福德牛和安格斯牛) 中发现 7 个多态性位点与牛抗病性状和肉质性状有关联性, 其第 4、7 和 12 外显子中的 T1526G、G3169C 和 G5534A 突变分别导致氨基酸发生 Ser95Ala、Arg248Thr 和 Arg422Gln 变化, 其中第 4 外显子突变在先前的研究中也检测到^[15]; 基因多态性变化引起了牛肉 pH 值和肉色等肉质性状改变^[12]。Matthieu 等研究发现, 牛 *PRKAG3* 基因多态性与牛骨骼肌中 AMPK 活性变化、脂肪酸代谢和糖原代谢有关, 突变所导致的氨基酸变化影响了蛋白质活性和肉质性状^[16]。Ciobanu 等在猪中发现 *PRKAG3* 基因编码的蛋白质存在 I199V、G52S 和 T30N 位点与猪肉品质、肌肉糖原含量以及多个肉质性状有关^[17]。可见 *PRKAG3* 基因多态性与猪牛等家畜肉质性状密切相关。

对山羊 *PRKAG3* 基因多态性研究, 除本课题组开展的研究外^[18], 未见其他相关报道。本研究针对该基因在不同山羊品种中的多态性分布规律, 分析山羊 *PRKAG3* 基因在不同品种的遗传结构, 为了解不同山羊品种遗传特点和生产利用提供科学依据。

1 材料与方法

1.1 试验材料

供试山羊 DNA 样本分别来自马头山羊、湘东黑山羊、安徽白山羊、波尔山羊和萨能山羊。采集

山羊耳组织样品, 用 DNA 提取试剂盒 (北京天根生物公司产品) 提取基因组 DNA, 置 4℃ 保存备用。

1.2 引物设计

引物根据 GenBank 上发表的牛 DNA 序列 (登录号: DQ082736) 设计引物。引物由上海生物工程有限公司合成, 序列如下:

P5-600:

上游 5'CGTCAAGGTGATTCTCAGGACT3'

下游 5'CGAGTGCGCAACACTGTATCT3'

P5-350:

上游 5'TTTCCTCCTTTGGCACCTGAC3'

下游 5'CGAGTGCGGCACACTGTATCT3'

PE-13:

上游 5'ATTCTTAGTATCAACCTCATCAGC3'

下游 5'GAGCCTACCTGAACAAGAGC3'

1.3 PCR 扩增

采用 25 μ L PCR 扩增体系: 10 \times PCR buffer 2.5 μ L、Taq DNA 聚合酶 0.5 μ L (5 U $\cdot\mu$ L⁻¹, 北京全式金生物有限公司)、上下游引物各 1.0 μ L (10 μ mol \cdot L⁻¹)、dNTPs 2.0 μ L (2.5 mmol \cdot L⁻¹)、DNA 模板 1.0 μ L (50 ng $\cdot\mu$ L⁻¹)、ddH₂O 17 μ L。PCR 扩增程序: 94℃ 预变性 5 min, 94℃ 30 s, P5-600 引物 59℃ (P5-350 引物 58℃、PE13 引物 55℃) 35 s, 72℃ 1 min, 35 个循环, 72℃ 延伸 10 min, 4℃ 保存。产物用 1.5% 琼脂糖凝胶电泳检测。

1.4 RFLP 检测

PCR 产物酶切体系: PCR 产物 5 μ L, 10 \times buffer 1.5 μ L, 限制性内切酶分别用 *Apa* I (MBI)、*Hpy*188 I (NEB)、*Cla* I (MBI) 和 *Aci* I (MBI), 均为 5 U, 加水至 15 μ L。反应条件: 37℃ 恒温培养箱过夜消化。酶切产物经 3% 琼脂糖凝胶电泳进行酶切分型。

1.5 统计分析

单个位点杂合度 $h = 1 - \sum_{i=1}^n p_i^2$, n 代表某一位点的等位基因数, p_i 代表位点上第 i 个等位基因频率;

m 个位点的平均杂合度为: $H = \sum_{k=1}^m h_k / m$;

单个位点的杂合度方差:

$V = 2(n-1)[(3-2n)(1-h)^2 + 2(n-2)\sum p_i^3 + 1-h]/n^3$

多位点平均杂合度方差为:

$V(H) = \sum_{k=1}^m (h_k - H)^2 / [m(m-1)]$;

多态信息含量:

$PIC = 1 - \sum_{i=1}^n P_i^2 - \sum_{i=1}^{n-1} \sum_{j=i+1}^n 2P_i^2 P_j^2$

n 代表等位基因数目, p_i 代表第 i 个等位基因在群体中的频率, p_j 代表第 j 等位基因在群体中的频率。

$$\text{有效等位基因数 } N_e: N_e = \frac{1}{1-H}$$

采用 χ^2 检验判定一个群体是否处于 Hardy-Weinberg 平衡。

2 结果与分析

2.1 多态性检测

在 5 个山羊品种 *PRKAG3* 基因的 5'调控区发现 C-525A 和 C-225T (分别距离 CDS 起点 525 bp 和 225 bp) 多态位点, 在外显子 13 发现 T90C 和 C102T (分别距离外显子 13 起点 90 bp 和 102 bp) 多态位点, 分别存在 1 对等位基因 525C 和 525A、225C 和 225T、90T 和 90C 以及 102C 和 102T。

2.2 *PRKAG3* 基因 5'调控区 C-525A 和 C-225T 位点的变异

对 C-525A 和 C-225T 位点进行 Hardy-Weinberg 平衡检测并计算群体遗传学参数, 结果见表 1。安徽白山羊、波尔山羊和湘东黑山羊杂合度达到 0.2 以上水平, 而马头山羊最低 (0.031 4); 有效等位基因数均在 1.0~1.3 之间; 波尔山羊多态信息含量最高 (0.194 8), 马头山羊最低 (0.030 9), 多态信息含量处于低度多态, C-525A 位点的遗传变异较小。

在 C-225T 位点, 所有山羊群体的杂合度均处于较低水平; 安徽白山羊有效等位基因数最高 (1.320 4), 湘东黑山羊最低 (1.021 7); 安徽白山羊多态信息含量最高 (0.213 2), 湘东黑山羊最低 (0.021 0), 总体多态信息含量处于低度多态, 山羊群体遗传变异均较小。

表 1 5 个山羊品种基于 *PRKAG3* 基因 C-525A 和 C-225T 位点的群体遗传学参数

Table 1 The population genetic parameters based on C-525A and C-225T sites in 5 goat breeds

位点 Loci	项目 Item	安徽白山羊 Anhui white goat	马头山羊 Matou	波尔山羊 Boer	湘东黑山羊 Xiangdong	萨能奶山羊 Sanen
C-525A	样本 n	150	94	48	176	72
	C 基因频率 C gene frequency	0.886 7	0.984 0	0.791 7	0.877 8	0.944 4
	A 基因频率 A gene frequency	0.113 3	0.016 0	0.208 3	0.122 2	0.055 6
	卡方值 χ^2	2.838 0	0.024 7	0.816 3	3.408 3	0.249 1
	显著性 P	$P>0.05$	$P>0.05$	$P>0.05$	$P>0.05$	$P>0.05$
	杂合度 h	0.201 0	0.031 4	0.218 8	0.214 5	0.104 9
	杂合度方差 V	0.040 1	0.007 6	0.042 7	0.042 1	0.023 5
	有效等位基因数 N_e	1.251 5	1.032 4	1.280 0	1.273 0	1.117 2
	多态信息含量 PIC	0.180 8	0.030 9	0.194 8	0.191 5	0.099 4
	C-225T	样本 n	92	80	38	93
C 基因频率 C gene frequency		0.858 7	0.987 5	0.934 2	0.989 2	0.967 2
A 基因频率 A gene frequency		0.141 3	0.012 5	0.065 8	0.010 8	0.032 8
卡方值 χ^2		0.019 6	0.012 8	0.188 5	0.011 0	0.070 1
显著性 P		$P>0.05$	$P>0.05$	$P>0.05$	$P>0.05$	$P>0.05$
杂合度 h		0.242 7	0.024 7	0.122 9	0.021 3	0.063 4
杂合度方差 V		0.045 9	0.006 0	0.027 0	0.005 0	0.014 9
有效等位基因数 N_e		1.320 4	1.025 3	1.140 2	1.021 7	1.067 7
多态信息含量 PIC		0.213 2	0.024 4	0.115 4	0.021 0	0.061 4

注: $PIC<0.25$ 为低度多态, $0.25<PIC<0.5$ 为中度多态。下同。

Note: $PIC<0.25$, low polymorphic loci; $0.25<PIC<0.5$, moderate polymorphic loci. The same below.

2.3 *PRKAG3* 基因外显子 13 T90C 和 C102T 位点的变异

对 T90C 和 C102T 位点进行 Hardy-Weinberg 平衡检测并计算群体遗传学参数, 见表 2。在 T90C 位点, 波尔山羊的杂合度最高 (0.375 0), 湘东黑山羊最低 (0.236 6); 从多态信息含量上看, 波尔山羊最高 (0.304 7), 萨能奶山羊最低 (0.255 4), 5 个

山羊群体均处于中度多态 ($0.25<PIC<0.5$), 遗传变异较大。在 C102T 位点, 马头山羊杂合度最高 (0.146 8), 萨能奶山羊最低 (0.016 0); 5 个山羊群体均处于低度多态 ($PIC<0.25$)。

2.4 4 个多态位点的联合变异分析

4 个位点联合变异分析结果见表 3。安徽白山羊和波尔山羊在各位点上的平均杂合度要比其它山羊

高,而马头山羊、湘东黑山羊和萨能奶山羊的平均杂合度只有 0.12~0.14。从品种之间的基因多样性来看,波尔山羊与其它山羊之差异明显(0.015~

0.025),萨能奶山羊与安徽白山羊之间差异明显(0.0546),中国本土山羊之间基因多样性小(0.0056~0.0071),遗传距离较近。

表 2 5个山羊品种基于 *PRKAG3* 基因 T90C 和 C102T 位点的群体遗传学参数

Table 2 The population genetic parameters based on T90C 和 C102T sites in 5 goat breeds

位点 Loci	项目 Item	安徽白山羊 Anhui white goat	马头山羊 Matou	波尔山羊 Boer	湘东黑山羊 Xiangdong	萨能奶山羊 Sanen
T90C	样本 <i>n</i>	87	80	40	62	57
	C 基因频率 C gene frequency	0.758 6	0.781 3	0.750 0	0.862 9	0.815 8
	A 基因频率 A gene frequency	0.241 4	0.218 8	0.250 0	0.137 1	0.184 2
	卡方值 X^2	8.807 9	4.305 6	1.600 0	0.031 5	3.315 2
	显著性 <i>P</i>	<i>P</i> <0.05	<i>P</i> >0.05	<i>P</i> >0.05	<i>P</i> >0.05	<i>P</i> >0.05
	杂合度 <i>h</i>	0.366 2	0.341 8	0.375 0	0.236 6	0.300 6
	杂合度方差 <i>V</i>	0.058 0	0.056 2	0.058 6	0.045 2	0.052 6
	有效等位基因数 <i>N_e</i>	1.577 9	1.519 3	1.600 0	1.309 9	1.429 7
C102T	多态信息含量 <i>PIC</i>	0.299 2	0.283 4	0.304 7	0.280 6	0.255 4
	样本 <i>n</i>	118	94	40	104	62
	C 基因频率 C gene frequency	0.961 9	0.920 2	0.937 5	0.985 6	0.991 9
	A 基因频率 A gene frequency	0.038 1	0.079 8	0.062 5	0.014 4	0.008 1
	卡方值 X^2	0.185 5	0.706 7	0.177 8	0.022 3	0.004 1
	显著性 <i>P</i>	<i>P</i> >0.05	<i>P</i> >0.05	<i>P</i> >0.05	<i>P</i> >0.05	<i>P</i> >0.05
	杂合度 <i>h</i>	0.073 4	0.146 8	0.117 2	0.028 4	0.016 0
	杂合度方差 <i>V</i>	0.017 0	0.131 3	0.025 9	0.006 9	0.003 9
有效等位基因数 <i>N_e</i>	1.079 2	0.172 1	1.132 7	1.029 3	1.016 3	
多态信息含量 <i>PIC</i>	0.070 7	0.136 1	0.110 3	0.028 0	0.015 9	

表 3 5个山羊品种基于 *PRKAG3* 基因 4 个多态位点的品种及品种之间的杂合度

Table 3 The heterozygosities based on the four polymorphism sites in 5 goat breeds

项目 Item	安徽白山羊 Anhui white goat	马头山羊 Matou	波尔山羊 Boer	湘东黑山羊 Xiangdong	萨能奶山羊 Sanen
平均杂合度 <i>H</i>	0.220 8	0.136 2	0.208 5	0.125 2	0.121 2
平均杂合度方差 <i>V(H)</i>	0.003 64	0.005 48	0.003 62	0.003 38	0.003 90
品种之间的基因多样性 Gene diversity between varieties					
安徽白山羊 Anhui white goat		0.007 1	0.017 7	0.007 1	0.054 6
马头山羊 Matou goat			0.024 2	0.005 6	0.002 1
波尔山羊 Boer goat				0.020 3	0.021 8
湘东黑山羊 Xiangdong black goat					0.001 8

3 讨论

PRKAG3 基因是畜禽肉质性状的候选基因,在牛^[19-20]、猪^[17,21]、绵羊^[22]、马^[11]以及鸡^[23]等诸多畜禽中均发现 *PRKAG3* 基因多态性与肉质性状有密切的关联性,其变异在品种的长期选育中得到积累。本研究证实,这种变异积累在山羊群体中是缓慢的。山羊品种之间的基因多样性显示,5个山羊品种的 *PRKAG3* 基因分化程度以引入品种要大于中国本土品种,安徽白山羊、马头山羊和湘东黑山羊之间的

遗传距离则更加接近,通过聚类分析,可以把5个山羊品种划分成3类,即萨能奶山羊、波尔山羊和中国本土山羊。从基因功能和山羊肉质的关系来看,3个类型山羊脂肪合成的潜质存在明显差异,这是否能验证 *PRKAG3* 基因变异与山羊品种间肉质性状差异有关有待进一步研究。

研究发现的 C-525A、C-225T、T90C 和 C102T 4个位点,以 T90C 位点为中度多态,可提供丰富的变异。联合 C-525A 和 C-225T 位点,其联合基因型出现5种,525CC225CC 为优势基因型。联合 T90C

和 C102T 位点, 其联合基因型也只出现 5 种, 其中 90TT102CC 为优势基因型。

参考文献:

- [1] Carling D. The AMP-activated protein kinase cascade a unifying system for energy control [J]. Trends Biochem Sci, 2004, 29: 18-24.
- [2] Hardie D G, Carling D, Carlson M. The AMP- activated/SNF1 protein kinase subfamily: Metabolic sensors of the eukaryotic cell?[J]. Ann Rev Biochem, 1998, 67(8): 821-855.
- [3] Kahn B B, Alquier T, Carling D, et al. AMP-activated protein kinase: ancient energy gauge provides clues to modern understanding of metabolism[J]. Cell Metab, 2005, 1:15-25.
- [4] Witters L A, Kemp B E, Means A R. Chutes and ladders: the search for protein kinases that act on AMPK[J]. Trends Biochem Sci, 2006, 31: 13-16.
- [5] Hardie D G. AMP-activated/SNF1 protein kinases: conserved guardians of cellular energy[J]. Nat Rev Mol Cell Biol, 2007, 8 (10): 774-785.
- [6] Mhairi C, Towler D, Hardie G. AMP-Activated protein kinase in metabolic control and insulin signaling[J]. Circulation Research, 2007, 2(16): 328-341.
- [7] Long Y C, Zierath J R. AMP-activated protein kinase signaling in metabolic regulation [J]. J Clin Invest, 2006, 116(7): 1776-1783.
- [8] Witczak C A, Sharoff C G, Goodyear L J. AMP-activated protein kinase in skeletal muscle: from structure and localization to its role as a master regulator of cellular metabolism [J]. Cell Mol Life Sci, 2008, 65(23): 3737-3755.
- [9] Cheung P C, Salt I P, Davies S P, et al. Characterization of AMP- activated protein kinase gamma-subunit isoforms and their role in AMP binding [J]. J Biochem, 2000, 346: 659-669.
- [10] Milan D, Jeon J T, Looft C, et al. A mutation in *PRKAG3* associated with excess glycogen content in pig skeletal muscle[J]. Science, 2000, 288(5469): 1248-1251.
- [11] Park H B, Jeon J T, Mickelson J R, et al. Molecular characterization and mutational screening of the *PRKAG3* gene in the horse [J]. Cytogenet Genome Res, 2003, 102: 211-216.
- [12] Yu S L, Kim J E, Chung H J, et al. Molecular cloning and characterization of bovine *PRKAG3* gene: structure, expression and single nucleotide polymorphism detection[J]. J Anim Breed Genet, 2005, 122 (5): 294-301.
- [13] Yu H Y, Fujii N, Hirshman M F, et al. Cloning and characterization of mouse 5'-AMP-activated protein kinase γ 3 subunit [J]. Am J Physiol-Cell Ph, 2004, 286: 283-292.
- [14] Mahlapuu M, Johansson C, Lindgren K, et al. Expression profiling of the γ -subunit isoforms of AMP-activated protein kinase suggests a major role for γ 3 in white skeletal muscle[J]. Am J Physiol Endocrinol Metab, 2004, 286: E194-E200.
- [15] McKay S D, White S N, Kata S R, et al. The bovine 5' AMPK gene family: mapping and single nucleotide polymorphism detection[J]. Mamm Genome, 2003, 14: 853- 858.
- [16] Roux M, Nizou A, Forestier L, et al. Characterization of the bovine *PRKAG3* gene: structure, polymorphism and alternative transcripts [J]. Mamm Genome, 2005, 17: 83- 92.
- [17] Ciobanu D, Bastiaansen J, Malek M, et al. Evidence for new alleles in the protein kinase adenosine monophosphate-activate gamma3-subunit gene associated with low glycogen content in pig skeletal muscle and improved meat quality [J]. Genet, 2001,159: 1151-1162.
- [18] Jin H, Chen H Q, Qin J, et al. The Polymorphism in 5' regulatory region and exon 13 of *PRKAG3* gene and its distribution pattern in different goat breeds [J]. Asian J Anim Vet Adv, 2012, 7(7) : 568-577.
- [19] 李武峰, 杨润军, 甘乾福, 等. 肉牛 *PRKAG3* 基因多态性及其与胴体和肉质性状的关联分析[J]. 畜牧兽医学报, 2009, 40(7): 1106-1111.
- [20] 曹阳, 李静, 周国利, 等. 延边黄牛 *PRKAG3* 基因多态性及其与肉质性状的相关分析[J]. 遗传, 2010, 46(13): 5-8.
- [21] Lindahl G, Enfah A C, VonSeth G, et al. A second mutant allele (V199I) at the *PRKAG3*(RN)locus II Effect on colour characteristics of pork loin[J]. Meat Sci, 2004, 66: 621-627.
- [22] 卢亚洲. 绵羊 *PRKAG3* 基因的克隆表达及多态性与滩羊肉肉质度的关联分析[D]. 北京: 中国农业科学院, 2009.
- [23] 周娜娜. 优质鸡 *PRKAG3* 基因单核苷酸多态性与屠宰性状和肉质性状的相关研究[D]. 雅安: 四川农业大学, 2008.