

吉林芦花鸡 *IGF-2* 基因多态位性与生产性能相关分析

张英惠¹, 栾 祜^{1,2}, 陈小辛¹, 柳俭强¹, 刘 艺¹, 李 旭¹, 安鼎杰¹, 张立春^{1*}

(1. 吉林省农业科学院动物生物技术研究所, 吉林 公主岭 136100; 2. 吉林农业大学动物科学技术学院, 吉林 长春 130118)

摘 要:为探究吉林芦花鸡 *IGF-2* 基因遗传多样性及与生长性能相关性, 本试验通过 RT-PCR 方法克隆正常吉林芦花鸡和矮小吉林芦花鸡肝脏组织 *IGF-2* 基因并进行 SNP 筛选, 再通过特定单碱基多态位点 (Single-nucleotide Polymorphisms, SNP) 高分辨率溶解曲线 (High Resolution Melting analysis, HRM) 法对 7 个不同地方鸡群体进行分析, 最后对正常芦花鸡和矮小芦花鸡生产性能进行相关分析。RT-PCR 表明 *IGF-2* 在两类鸡肝脏组织表达, 测序发现 c.345 T>C 和 3'UTR19 G>A 突变。不同群体 c.345 T>C 位点遗传多样性分析发现除寿光鸡群体 TC 基因型为优势基因型外, 其他群体优势基因型均为 TT 型。其中汶上芦花鸡群体中完全不存在 T>C 突变, 黄鸡和油鸡群体中亦未检测到 CC 基因型。Hardy-Weinberg 平衡检验发现该位点在芦花鸡、矮小芦花鸡、黄鸡和寿光鸡群体处于不平衡状态。矮小芦花鸡群体生长性能相关分析发现母鸡中 TT 型个体体重显著高于 TC 型个体 ($P<0.05$), 公鸡 TT 和 TC 基因型个体胸深极显著高于 CC 基因型个体 ($P<0.01$)。吉林芦花鸡 *IGF-2* 基因多态位点及其与生产性能相关性的发现为利用该位点进行群体内选育奠定理论基础。

关键词: 吉林芦花鸡; 吉林矮小芦花鸡; *IGF-2* 基因; 多态性; 生长性状

中图分类号: S831.8⁺9

文献标识码: A

文章编号: 2096-5877(2023)06-0101-06

The Measurement and Correlation Analysis of Polymorphism on *IGF-2* gene in Barred Plymouth Rocks from Jilin Province

ZHANG Yinghui¹, LUAN Hu^{1,2}, CHEN Xiaoxin¹, LIU Jianqiang¹, LIU Yi¹, LI Xu¹, AN Dingjie¹, ZHANG Lichun^{1*}

(1. Institute of Animal Biotechnology, Jilin Academy of Agricultural Sciences, Gongzhuling 136100; 2. Institute of Animal Science and Technology, Jilin Agricultural University, Changchun 130118, China)

Abstract: To investigate the polymorphism and correlation of the *IGF-2* gene to growth traits in Jilin Barred Plymouth Rocks, this study utilized RT-PCR to clone *IGF-2* mRNA from liver tissues of normal and dwarf Barred Plymouth Rocks. The amplification products were sequenced, and SNP sites were identified. One SNP was chosen, and the polymorphism was assessed in seven local chicken using High-Resolution Melting Curve (HRM) analysis. Furthermore, the correlation to growth traits in normal and dwarf Barred Plymouth Rocks was tested by One-Way ANOVA. The results of RT-PCR indicated that *IGF-2* mRNA were normally expressed in the livers from both normal and dwarf individuals. Sequencing data revealed the existence of two SNP sites c.345 T>C and 3'UTR19 G>A. The polymorphism analysis of c.345 T>C in seven local populations demonstrated that the TT genotype was dominant in almost population, except for Shouguang chicken, where TC genotype was dominant. It was also observed that Wenshang Barred Plymouth Rocks population did not display any mutation at the site, while Beijing oil and Yellow chicken population did not have CC genotype. The Hardy-Weinberg equilibrium test indicated that the normal and dwarf chicken populations, as well as Yellow chicken and Shouguang chicken populations, were in disequilibrium. Correlation analysis between genotype and growth traits in dwarf chicken populations revealed that, in the dwarf chicken hen population, individuals with TT genotype exhibited significantly higher body weight compared to TC individual ($P<0.05$). In cock population, individuals with both the TT and TC genotype showed significantly greater on chest depth than those with CC individual ($P<0.01$). In conclusion, the discovery of polymorphism and

收稿日期: 2023-07-12

基金项目: 吉林省重点研发计划项目 (20210202028NC)

作者简介: 张英惠 (1981-), 女, 助理研究员, 从事动物生物技术研究。

通讯作者: 张立春, 男, 博士, 研究员, E-mail: zhang_lichun@163.com

their correlation with growth traits in *IGF-2* gene provide theoretical evidences for improve the growth traits of local Barred Plymouth Rocks.

Keyword: Jilin barred plymouth rocks; Jilin dwarf barred plymouth rocks; *IGF-2*; Polymorphism; growth traits

胰岛素样生长因子2 (insulin-like growth factors 2, *IGF-2*), 又称生长调节素 A, 是哺乳动物中第一个发现的印记基因, 在调控胚胎发育中发挥重要作用。在成年机体细胞增殖、分化、凋亡和转化的生理病理过程亦发挥重要的生物学作用^[1]。禽类 *IGF-2* 基因尽管在胚胎发育中发挥重要作用^[2], 但呈现出双等位基因表达模式^[3], 并不呈现出印记基因的特征^[4]。禽类 IGFs 更多表现为参与 DNA 及蛋白合成, 糖类、脂类及能量代谢过程。同时越来越多证据表明 *IGF-2* 基因与禽经济性状密切相关, 比如胚胎发育、肌肉生长等指标^[5-6]。同时有报道显示该基因亦与猪、牛肌肉生长^[7-9], 鸭产蛋性能^[10], 甚至鱼类经济性状等指标密切相关^[11]。

吉林矮小芦花鸡是吉林省农业科学院专家在吉林芦花鸡群体保存与复壮过程中发现并不断纯化而成的特殊资源群体。吉林矮小芦花鸡群体除表现出与芦花鸡相同的毛色外, 其他表型性状差异显著, 矮小个体较正常个体表现出身材矮小, 尤其明显的胫骨短小, 同时还表现出皮下脂肪、腹脂沉积能力强, 肌肉生长缓慢等特征^[12-14]。该特征与鸡 dw 表型存在一定的相似性, 初步生长激素受体 (Growth hormone receptor, GHR) 基因检测存在与 dw 表型一致的突变^[15]。鉴于 *IGF-2* 基因对畜禽肌肉生长发育发挥重要作用, 为验证 *IGF-2* 基因是否在吉林芦花鸡表型性状构成中发挥作用, 本试验通过 RT-PCR 方法检验 *IGF-2* 基因对芦花鸡正常个体和矮小个体肝脏中的表达及不同群体中的遗传多样性, 为探寻吉林芦花鸡矮小系表型遗传机制奠定基础。

1 材料与方法

1.1 主要试剂

AxyPrep 血基因组 DNA 小量制备试剂盒购自 Axygen 公司; RNAlater 购自 QIAGEN 公司; Trizol 购自 Invitrogen 公司; pMD18-T 载体、PrimeScript 1st Strand cDNA Synthesis Kit、胶回收纯化试剂盒、Ex-Taq 酶均购自宝生物公司; HRM 分型试剂盒 Light cycler 480 High Resolution Melting Master 购自罗氏公司; 大肠杆菌工程菌 DH5 α 为本实验室保存。

1.2 试验动物

本试验动物为正常表型吉林芦花鸡 (简称正

常芦花鸡)、矮小表型吉林芦花鸡 (简称矮小芦花鸡)、吉林黑鸡、吉林黄鸡、北京油鸡、汶上芦花鸡和寿光鸡。各群体不同个体外周血采用枸橼酸钠负压管采集, 肝脏组织样品采用 RNAlater 保护, -80°C 保存。矮小芦花鸡生产性能测定参照《家禽生产性能名词术语和度量统计方法》(NY/T 823-2004) 进行。

1.3 血液基因组 DNA 提取、总 RNA 提取与 cDNA 合成

外周血 DNA 提取参照试剂盒说明书进行。不同表型个体肝脏组织采用上海净信冷冻研磨仪处理后, 按 Trizol 法提取总 RNA。琼脂糖凝胶电泳鉴定 RNA 完整性, 紫外分光光度计检测其纯度与浓度。cDNA 第一链合成反应参照 PrimeScript 反转录试剂盒进行, 具体步骤按说明书进行。

1.4 引物设计与合成

以 GenBank 数据库中鸡 *IGF-2* 基因 mRNA 序列信息为参考 (NM_001030342) 设计 mRNA 克隆引物, 待确定 SNP 位点, 设计高分辨率溶解曲线 (HRM) 检测引物 (表 1)。引物由安升达生物科技有限公司合成。

表 1 引物序列及扩增条件

引物	序列 (5'-3')	产物 (bp)	退火温度 ($^{\circ}\text{C}$)
cIGF2_m_c	F: CCTTCCTGGCCTATGCCTTG R: TCCCCTCCTTGCTTGTGTCA	683	60
C.345_HRM	F: CCAGGAGAGCTTCCAGAA R: TGCCACACGTTGTACTTG	57	62

1.5 RT-PCR 与基因克隆

RT-PCR 扩增反应体系为: $16.5\ \mu\text{L}$ ddH₂O, $10\times\text{PCR Buffer}$ $2.5\ \mu\text{L}$, $2.5\ \text{mmol/L dNTP Mix}$ $2.5\ \mu\text{L}$, $10\ \mu\text{mol/L}$ 引物 F $1\ \mu\text{L}$, $10\ \mu\text{mol/L}$ 引物 R $1\ \mu\text{L}$, $0.5\ \text{U}/\mu\text{L}$ ExTaq 酶 $0.5\ \mu\text{L}$, $1\ \mu\text{L}$ cDNA 模板。反应条件为 94°C 2 min, 94°C 30s, 62°C 30 s, 72°C 1.5 min, 35 个循环。扩增产物经琼脂糖凝胶电泳检测后进行胶回收、T 载体连接等后续试验, 阳性菌落送生物公司完成测序反应, 对测序结果进行生物信息学分析。

1.6 测序结果生物信息学分析

测序结果首先用 DNASTAR 7.0 软件包 Seqmen

进行序列拼接,拼接序列利用 Blast N 在 GenBank 数据库进行序列比对。miRNA 预测同样采用 Blast N 方法进行,具体方法是输入突变位点两端各 22 bp,共计 45 bp 的序列输入 miRBase 在线数据库 (<http://www.mirbase.org/>),以 score 得分超过 60 分为标准,检验因突变位点核苷酸改变导致的 miRNA 预测差异。

1.7 不同个体 SNP 多态性 HRM 检测

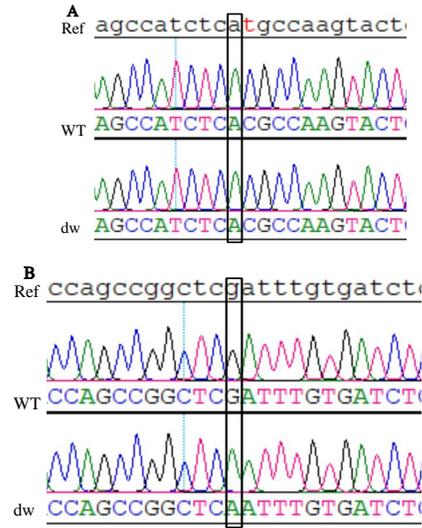
选取 IGF-2 基因编码区 SNP 位点为检测对象,采用 HRM 法检测不同表型群体基因型频率。反应为 20 μL 体系:ddH₂O 为 8.6 μL,浓度为 50 ng 的 DNA 1 μL, High Resolution Melting Master 10 μL,浓度为 3 μmol/L 的正反引物各 0.2 μL。循环条件如下:95 °C 变性 10 min,40 个循环,条件为 94 °C 15 s,62 °C 30 s。扩增结束后进行 HRM 分型,分型条件为:95 °C 1 min,40 °C 1 min,65 °C 1 s;在 65 °C 升温至 95 °C 的过程中以 25 次/°C 的速度收集荧光,最后降温至 40 °C 40 s。检测结果以 Gene Scanning 软件进行分析。

2 结果与分析

2.1 吉林芦花鸡 IGF-2 基因克隆与序列分析

以正常和矮小芦花鸡个体肝脏组织 cDNA 为模板,RT-PCR 扩增电泳检测显示各肝脏组织存在一条长度约 750 bp 的特异性片段(图 1)。克隆测序结果发现该片段为鸡 IGF-2 基因 mRNA 序列。进一步分析各 mRNA 序列发现 2 个 SNP 位点,其中一个位于编码区,命名为 c.345 T>C(图 2A),该突变位点并未引起氨基酸序列改变。另一个 SNP 位点位于 3'UTR 区,命名为 3'UTR19 G>A(图 2B)。

鉴于 miRNA 在 IGF-2 基因调控中发挥重要作用^[16],通过 mirBase 数据库检索发现 3'UTR19 G>A



Ref: NM_001030342; WT: 正常芦花鸡; dw: 矮小芦花鸡

图 2 正常与矮小芦花鸡个体 IGF-2 基因 SNP 测序结果

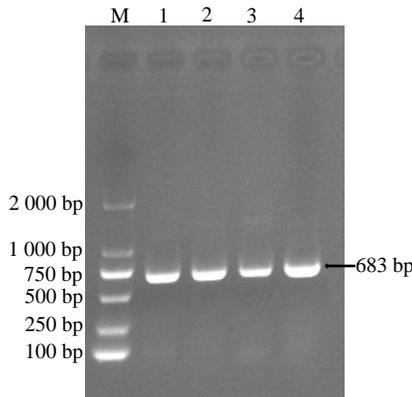
位点可能是 bta-miR-12052 同源 miRNA 的作用靶点(图 3),该突变恰好位于 bta-miR-12052 种子区(Seed region),尽管目前尚未在家禽中发现 bta-miR-12052 同源 miRNA,但仍能提示该突变位点可能通过调节 miRNA 结合来调控 IGF2 基因表达。



图 3 矮小芦花鸡 IGF-2 基因 3'UTR19 G>A 位点潜在 miRNA 靶点预测

2.2 不同群体 IGF-2 基因 c.345 T>C 位点多态性分析

以 c.345 T>C 位点为研究对象,采用 HRM 方法对 7 个地方品种鸡进行基因检测,分析结果显示 7 个群体中基因型明显分为 TT、TC 和 CC 3 种类型(图 4),说明 HRM 方法能够检测该位点基因多态性。不同群体基因型与等位基因频率统计发现既存在相似又存在差异性(表 2)。其中除寿光鸡群体 TC 基因型为优势基因型外,其他群体 TT 基因型均为优势基因型,TC 基因型次之,CC 基因型含量最低。同样在所有群体中等位基因 T 频率也高于 C(表 2)。不同的是油鸡和黄鸡群体中未检测到 CC 基因型,在汶上芦花鸡中未检测到 CC 和 TC 基因型,说明汶上芦花鸡群体中完全不存在 T>C 突变。Hardy-Weinberg 平衡检验发现该位点在黑鸡和油鸡群体处于平衡状态,而在芦花鸡、矮小芦花鸡、黄鸡和寿光鸡群体则处于不平衡状态(表 2)。其中寿光鸡 χ^2 值最大,说明该群体所受的选择压力最大。



M: DL2000 marker; 1~2: 正常芦花鸡; 3~4: 矮小芦花鸡

图 1 正常与矮小芦花鸡肝脏组织 IGF-2 基因 RT-PCR 结果

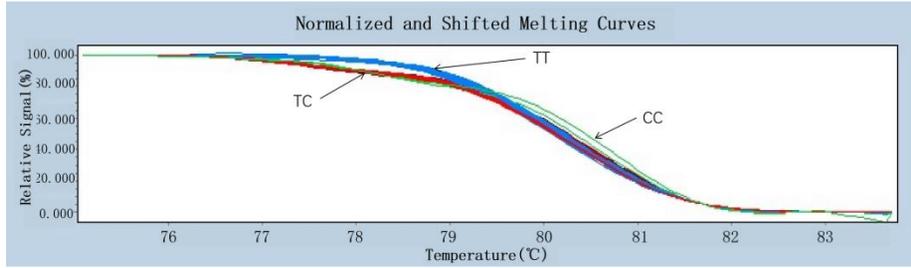


图4 HRM分型图

表2 不同鸡群体 IGF-2 基因 c.345 T>C 位点基因型频率及等位基因频率

品种	数量(只)	基因型频率(%)			基因频率(%)		χ^2
		TT	TC	CC	T	C	
矮小芦花鸡	187	57.67	40.21	2.11	77.78	22.22	6.078 1
芦花鸡	30	50.00	43.33	6.67	71.67	28.33	7.914 5
汶上芦花鸡	31	100.00	0	0	100.00		
黄鸡	32	71.88	28.13	0	85.94	14.06	6.828 6
黑鸡	30	66.67	20.00	13.33	76.67	23.33	3.821 6
油鸡	30	80.00	20.00	0	90.00	10.00	4.037 0
寿光鸡	32	37.50	53.13	9.38	64.06	35.94	13.003 4

注: $\chi^2_{0.05(2)}=5.99$; $\chi^2_{0.95(2)}=0.01$

该位点不同群体遗传学特性分析发现遗传纯合度(H_o)均大于遗传杂合度(H_e),所有 H_o 值均大于 0.5。除黄鸡和油鸡外,其他群体多态信息含量(PIC)均大于 0.25,表明该位点处于中度

多态。有效等位基因数(N_e)分析表明,汶上芦花鸡、黄鸡和油鸡 3 个群体 N_e 值为 1,其他 4 个群体 N_e 值大于 1.5,其中寿光鸡 N_e 值最大,为 1.853 4 (表 3)。

表3 不同鸡群体 IGF-2 基因 c.345 T>C 位点遗传多样性指标

品种	遗传杂合度(H_e)	遗传纯合度(H_o)	有效等位基因(N_e)	多态信息含量(PIC)
矮小芦花鸡	0.345 7	0.654 3	1.528 3	0.285 9
芦花鸡	0.406 1	0.593 9	1.683 8	0.323 6
汶上芦花鸡	-	1.000 0	1.000 0	-
黄鸡	0.241 7	0.758 3	1.000 0	0.212 5
黑鸡	0.357 8	0.642 2	1.557 1	0.293 8
油鸡	0.180 0	0.820 0	1.000 0	0.163 8
寿光鸡	0.460 4	0.539 6	1.853 4	0.354 4

注: $PIC < 0.25$ 为低度多态; $0.25 \leq PIC < 0.5$ 为中度多态; $PIC \geq 0.5$ 为高度多态

2.3 矮小芦花鸡 IGF-2 基因 c.345 T>C 位点不同基因型与生长性状关联分析

为探究矮小芦花鸡 IGF-2 基因 c.345 T>C 位点不同基因型与生长性状的关联性,本试验分别测定矮小芦花鸡各生长性状与基因型,以公鸡和母鸡两个性别为独立群体,不同基因型个体生长性状间进行差异显著性分析。相关分析显示,该位点在矮小芦花鸡母鸡体重和公鸡胸深两个指标上存在显著性差异(表 4)。其中母鸡不同基因型个体间,TT 基因型个体体重显著高于 TC 基因型个体($P < 0.05$),TT 基因型与 TC 和 CC 基因型个体间

差异不显著($P > 0.05$)。公鸡不同基因型个体间在胸深指标上存在差异,其中 TT 和 TC 基因型高于 CC 基因型,统计结果显示差异具有极显著意义($P < 0.01$)。

3 讨论

胰岛素样生长因子包括 1(IGF-1)和 2(IGF-2),两者与胰岛素氨基酸同源性 45%,两者间同源性超过 70%,提示三者亲缘关系与功能的相似性。IGF-2 蛋白相较于 IGF-1 增加 E 结构域,被认为具有胰岛素分泌放大器的功能^[7],提示 IGF-2

表4 鸡 *IGF-2* 基因 c.345 T>C 位点不同基因型与生产性能相关分析

生长性状	矮小芦花鸡母鸡(♀)			矮小芦花鸡公鸡(♂)		
	TT	TC	CC	TT	TC	CC
体重(kg)	1.81±0.23a	1.70±0.21b	1.74±0.21ab	2.11±0.21	2.06±0.31	2.00±0.46
体斜长(cm)	17.88±1.24	17.49±1.23	16.90±1.41	26.38±38.24	20.96±2.11	20.72±0.57
胸深(mm)	71.87±4.24	71.36±3.04	68.96±0.04	80.62±4.97A	79.84±5.84A	64.91±28.47B
胸宽(mm)	99.11±3.63	98.66±3.55	99.71±0.04	108.31±9.09	107.05±17.00	105.13±7.78
龙骨长(cm)	10.62±0.83	10.56±0.57	10.85±1.01	13.47±1.00	13.37±1.04	13.64±0.76
骨盆宽(mm)	73.18±4.24	74.00±4.84	78.08±0.07	82.29±4.13	83.49±3.90	81.57±4.40
胫长(cm)	58.59±3.72	58.98±4.04	58.98±3.75	69.34±5.46	68.63±3.74	69.53±1.33
胫围(cm)	3.92±0.17	3.91±0.26	3.80±0.14	5.33±0.25	6.31±0.38	5.50±0.22

注:同行不同小写字母表示差异显著($P<0.05$),不同大写字母表示差异极显著($P<0.01$)

与 *IGF-1* 功能的差异性。包括人在内的各类动物 *IGF-2* 基因均蕴含丰富的遗传多样性,个别突变位点与特定疾病紧密相关^[18]。畜禽中 *IGF-2* 基因多态性一般与生产性能密切相关^[19-20]。吉林芦花鸡作为我国东北地区代表性的地方种,在生产性能及环境适应性方面存在显著优势。本试验成功克隆 *IGF-2* 基因 mRNA 序列并发现 2 个 SNP 位点,通过生产性能相关性分析证明不同基因型与体重及胸深存在相关性,为利用 *IGF-2* 对吉林地方鸡持续选育提供理论依据。

RT-PCR 结果显示无论矮小芦花鸡还是正常芦花鸡肝脏组织均能表达 *IGF-2* 基因,片段大小与表达强度无明显差别,序列分析亦发现除存在 2 个 SNP 位点外,两种类型芦花鸡 *IGF-2* 基因差异不大,提示芦花鸡矮小表型形成与 *IGF-2* 基因无关。有报道显示,矮小鸡血清 *IGF-2* 含量较正常表型有所降低^[20],提示生长激素-胰岛素样生长因子 1 生长轴可能参与 *IGF-2* 基因表达调控^[21]。分析发现芦花鸡 *IGF-2* 基因 SNP 可能影响潜在 miRNA 结合位点,尽管目前尚未在家禽物种内鉴定出该 miRNA,但鉴于 miRNA 可以通过调节 *IGF-2* 基因表达来干预其在生理病理过程中的作用^[22-23]。亦有报道表明,家禽 miRNA 可通过调节 *IGF-2* 结合蛋白调节其生物学功能^[24],提示 miRNA 在调节 *IGF-2* 生物功能较为普遍,因此有必要加强对 *IGF-2* 基因 miRNA 筛选与功能调节的关注。

不同群体 c.345 T>C 位点遗传多样性分析发现,该位点在汶上芦花鸡群体完全不存在突变,在油鸡群体不存在 CC 纯合型个体,而在其他群体中 CC 基因型频率也是最低的。一种可能的原因是该位点 C 突变位点发生的较晚,尚未在各群体中扩散开。该位点不同基因型矮小芦花鸡个体生长性能相关分析发现,CC 基因型个体普遍表现为

较低的生长性能,由此可以推断造成 CC 基因型在群体中频率降低可能的原因是人工选择淘汰低生产性能个体所造成的。卡方检验结果表明,该位点受到较为强烈的选择压力,也间接证实淘汰低生产性能个体是降低 CC 基因型群体内频率的因素之一。本试验与其他研究结果相似,证实我国不同地方鸡群体 *IGF-2* 基因存在一定的遗传多样性^[25],不同基因型与生长性状存在较强的相关性^[26-27],提示未来利用 *IGF-2* 基因多态性进行群体内生长性状选育提高具有一定可行性。

参考文献:

- [1] Sélénou C, Brioude F, Giabicani E, et al. *IGF2*: Development, Genetic and Epigenetic Abnormalities[J]. Cells, 2022, 11(12): 1886.
- [2] Li S, Zhu Y, Zhi L, et al. DNA Methylation Variation Trends during the Embryonic Development of Chicken[J]. PloS One, 2016, 11(7): e0159230.
- [3] Saneyasu T, Nakamura T, Honda K, et al. *IGF-1* knockdown inhibits phosphorylation of Akt and ERK in chicken embryonic myotubes[J]. Growth Horm IGF Res, 2022, 65: 101478.
- [4] Liu Y, Guo W, Pu Z, et al. Developmental changes of Insulin-like growth factors in the liver and muscle of chick embryos[J]. Poult Sci, 2016, 95(6): 1396-1402.
- [5] Tang S, Sun D, Ou J, et al. Evaluation of the *IGFs* (*IGF1* and *IGF2*) genes as candidates for growth, body measurement, carcass, and reproduction traits in Beijing You and Silkie chickens [J]. Anim Biotechnol, 2010, 21(2): 104-113.
- [6] Wang G, Yan B, Deng X, et al. Insulin-like growth factor 2 as a candidate gene influencing growth and carcass traits and its biallelic expression in chicken[J]. Sci China C Life Sci, 2005, 48(2): 187-194.
- [7] Van Laere A S, Nguyen M, Braunschweig M, et al. A regulatory mutation in *IGF2* causes a major QTL effect on muscle growth in the pig[J]. Nature, 2003, 425: 832-836.
- [8] Fontanesi L, Speroni C, Buttazzoni L, et al. The insulin-like growth factor 2 (*IGF2*) gene intron3-g.3072G>A polymorphism

- is not the only *Sus scrofa* chromosome 2p mutation affecting meat production and carcass traits in pigs: evidence from the effects of a cathepsin D (CTSD) gene polymorphism[J]. *J Anim Sci*, 2010, 88(7): 2235–2245.
- [9] 韩瑞华, 管林森, 杨大鹏, 等. 秦川牛 *IGF2* 基因 SNPs 检测及其与胴体、肉质性状的相关性[J]. *遗传*, 2008(12): 1579–1584.
- [10] Ye Q, Xu J, Gao X, et al. Associations of *IGF2* and *DRD2* polymorphisms with laying traits in Muscovy duck[J]. *PeerJ*, 2017, 5: e4083.
- [11] Fan S, Wang P, Zhao C, et al. Molecular Cloning, Screening of Single Nucleotide Polymorphisms, and Analysis of Growth-Associated Traits of *igf2* in Spotted Sea Bass (*Lateolabrax maculatus*)[J]. *Animals(Basel)*, 2023, 13(6): 982.
- [12] 柳俭强, 刘 臣, 张芳毓, 等. 吉林矮小芦花鸡早期生长曲线拟合及相关分析[J]. *畜牧与兽医*, 2020, 52(10): 1–6.
- [13] 丛含羽, 张立春, 张偲萍, 等. 吉林芦花鸡、吉林矮脚芦花鸡与吉林黑鸡杂交 F_1 代表型与生长性状比较分析[J]. *黑龙江畜牧兽医*, 2021(18): 47–52, 57.
- [14] 张偲萍, 张立春, 丛含羽, 等. 北京油鸡与吉林黄鸡杂交 F_1 代表型与生长性状比较分析[J]. *东北农业科学*, 2022, 47(2): 99–102.
- [15] 郑嘉辉, 冷奇颖, 张为露, 等. 矮小体型芦花鸡 *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.
- [16] Li G, Luo W, Abdalla B A, et al. miRNA-223 upregulated by *MYOD* inhibits myoblast proliferation by repressing *IGF2* and facilitates myoblast differentiation by inhibiting ZEB1[J]. *Cell Death Dis*, 2017, 8(10): e3094.
- [17] Buchanan C M, Phillips A R, Cooper G J. Preptin derived from proinsulin-like growth factor II (proIGF-II) is secreted from pancreatic islet beta-cells and enhances insulin secretion[J]. *The Biochem J*, 2001, 360(2): 431–439.
- [18] Masunaga Y, Inoue T, Yamoto K, et al. *IGF2* Mutations[J]. *J Clin Endocrinol Metab*, 2020, 105(1): dgz034.
- [19] Hou G, Wang D, Guan S, et al. Associated analysis of single nucleotide polymorphisms of *IGF2* gene's exon 8 with growth traits in Wuzhishan pig[J]. *Mol Biol Rep*, 2010, 37(1): 497–500.
- [20] Scanes C G, Dunnington E A, Buonomo F C, et al. Plasma concentrations of insulin like growth factors (IGF-I and IGF-II) in dwarf and normal chickens of high and low weight selected lines[J]. *Growth Dev Aging*, 1989, 53(4): 151–157.
- [21] Forbes B E, Blyth A J, Wit J M. Disorders of IGFs and IGF-1R signaling pathways[J]. *Mol Cell Endocrinol*, 2020, 518: 111035.
- [22] Nagao M, Fukuda I, Asai A, et al. Diagnostic potential of miR-483 family for *IGF-II* producing non-islet cell tumor hypoglycemia[J]. *Eur J Endocrinol*, 2021, 184(1): 41–49.
- [23] Luo X, Dong J, He X, et al. MiR-155-5p exerts tumor-suppressing functions in Wilms tumor by targeting *IGF2* via the PI3K signaling pathway[J]. *Biomed Pharmacother*, 2020, 125: 109880.
- [24] Yin H, He H, Shen X, et al. miR-9-5p Inhibits Skeletal Muscle Satellite Cell Proliferation and Differentiation by Targeting *IGF2BP3* through the IGF2-PI3K/Akt Signaling Pathway[J]. *Int J Mol Sci*, 2020, 21(5): 1655.
- [25] 李玉冬, 王伟佳, 李紫薇, 等. 鸡胰岛素样生长因子 2 基因 (*IGF2*) 外显子区功能性 SNP 预测与分析[J]. *畜牧兽医学报*, 2020, 51(11): 2665–2678.
- [26] 陈则东, 沈晓鹏, 穆洪云. 鸡 *IGF2* 基因外显子 1 的多态性及其与生产性能的相关性[J]. *江苏农业科学*, 2016, 44(6): 331–332.
- [27] 李 源. 京海黄鸡 *IGF2*、*IGF2R* 基因多态性及其与生产性能的相关性研究[D]. 扬州: 扬州大学, 2010.

(责任编辑: 王 昱)

(上接第 58 页)

- [6] Waheed M, Khan M A, Naseem T, et al. Improving effectiveness of rock phosphate through mixing with farmyard manure, humic acid and effective microbes to enhance yield and phosphorus uptake by wheat[J]. *P A B*, 2015, 4(4): 480.
- [7] 彭正萍. 油菜施用腐殖酸复合肥的综合效应与机理研究[D]. 保定: 河北农业大学, 2001.
- [8] 李 源, 张 炎, 哈丽哈什·依巴提, 等. 腐殖酸尿素施用量及不同配比对新疆膜下滴灌棉花产量及氮肥利用的影响[J]. *西北农业学报*, 2019, 28(2): 191–197.
- [9] 孙发国, 陈伟恒, 杨生朋, 等. 单种玉米腐殖酸施用量试验研究初报[J]. *安徽农学通报*, 2012, 18(15): 44–45.
- [10] 吕 玮, 李玉环, 张 军, 等. 基于不同腐殖酸供应水平下小麦叶片理化参数及其光谱响应分析[J]. *华北农学报*, 2017, 32(5): 232–238.
- [11] 王 丹, 孙艳敏, 梁中喜, 等. 含腐殖酸缓释肥在小麦上应用效果初报[J]. *农业科技通讯*, 2018(5): 95–96.
- [12] 付翠丽. 含腐殖酸复合肥料在玉米上的肥效试验[J]. *河南农业*, 2018(8): 24–25.
- [13] 王玉霞, 李芳东, 李延菊, 等. 三种叶面肥对晚熟油桃“福秀”果实品质的影响[J]. *东北农业科学*, 2018, 43(4): 41–43.

(责任编辑: 王 昱)