



中国荷斯坦牛 *RPL23A* 和 *ACACB* 基因对产奶性状的遗传效应分析

杨宇泽^{1#}, 黄金峰^{2#}, 唐韶青¹, 刘林³, 刘亚楠²,
彭朋², 吕小青³, 韩博², 赵春颖¹, 孙东晓^{2*}

(1. 北京市畜牧总站, 北京 100101; 2. 中国农业大学动物科学技术学院, 北京 100193; 3. 北京奶牛中心, 北京 100192)

摘要:作者所在团队前期通过奶牛乳腺上皮组织转录组测序及荷斯坦公牛全基因组重测序研究发现 *RPL23A* 和 *ACACB* 基因是奶牛乳蛋白和乳脂性状的候选功能基因, [目的] 本研究旨在探究这两个基因是否对奶牛产奶性状具有显著遗传效应。[方法] 以北京地区 7 个牧场的 1 059 头中国荷斯坦母牛为试验群体, 采集尾根静脉血并提取基因组 DNA, 通过飞行时间质谱方法检测 SNP 位点基因型, 利用 SAS 9.4 软件的 MIXED 过程进行关联分析。[结果] 结果表明, *RPL23A* 基因的 SNP 位点 g. 20146771C > T 与第 1 泌乳期 5 个产奶性状达到显著或极显著关联 ($P = 0.0001 \sim 0.0416$), 其优势等位基因为 T; *ACACB* 基因的 g. 63878254T > C 位点与第 1 泌乳期产奶量、乳脂量和乳蛋白量呈极显著关联 ($P < 0.01$), 其优势等位基因为 C; g. 63962768G > A 位点与第 1 泌乳期产奶量、乳脂量、乳脂率和乳蛋白率关联显著或极显著 ($P = 0.0001 \sim 0.0391$), 其优势等位基因为 A。[结论] 综上, *RPL23A* 基因主要影响中国荷斯坦牛产奶量和乳蛋白, *ACACB* 基因对产奶量和乳脂具有显著遗传效应, 3 个 SNP 位点可考虑作为遗传标记用于标记辅助选择培育奶牛高乳蛋白乳脂新品系和选育提高。

关键词:产奶性状; *RPL23A* 基因; *ACACB* 基因; SNP; 遗传效应; 中国荷斯坦牛

中图分类号:S813.3 **文献标识码:**A **文章编号:**1001-9111(2022)05-0004-05

0 引言

作者前期对 4 头具有极端高、低乳蛋白率和乳脂率的泌乳期荷斯坦奶牛乳腺上皮组织进行转录组测序, 共检测到 31 个高低组间差异表达基因, 其中, 核糖体蛋白 L23A 基因 (ribosomal protein L23a, *RPL23A*) 位于已报道的奶牛乳蛋白率和乳脂率性状 QTL 显著区间及 GWAS 显著位点临近位置 (0.5 ~ 1.5 Mb)^[1]; 通过对 8 头荷斯坦种公牛进行全基因组重测序及生物信息学分析, 发现乙酰 CoA 羧化酶 β 基因 (acetyl-CoA carboxylase beta, *ACACB*) 为乳蛋白和乳脂性状的候选基因^[2]。*RPL23A* 基因位于牛的第 19 号染色体, 由 4 个外显子和 3 个内含子组

成, 编码核糖体蛋白, 在蛋白质合成、折叠及排列中具有重要作用^[3]。*ACACB* 基因位于 17 号染色体, 由 53 个外显子和 52 个内含子组成, 可将乙酰 CoA 转化为丙二酰 CoA, 抑制肉碱-棕榈酰 CoA 转移酶 I, 限制线粒体摄取和氧化脂肪酸^[4], 其同工酶 *ACACA* 能调节脂肪酸的合成^[5]。研究发现, *ACACA* 基因的多态位点与奶山羊^[6-7]和奶牛^[8-9]的产奶性状显著关联。

近年来, “优质牛奶”的需求和消费市场逐年扩大, 作为牛奶主要营养成分的蛋白质, 其含量高低直接决定了牛奶的营养价值, 乳脂则是黄油、奶酪等食品的优质原料且含有丰富的不饱和脂肪酸^[10-11]。因此, 培育高乳蛋白和乳脂奶牛品系具有重要意义, 利

收稿日期: 2022-05-04 修回日期: 2022-05-29

基金项目: 北京市农业科技项目 (20200105); 山东省自然科学基金 (ZR2020MC165); 科技兴蒙项目 (2020—科技兴蒙—国创中心—12); 教育部创新团队发展计划 (IRT_15R62)

#同等贡献作者。

作者简介: 杨宇泽 (1982—), 男, 硕士, 主要从事畜禽遗传资源保护开发与利用研究。

黄金峰 (1995—), 男, 硕士, 主要从事奶牛基因组学研究。

* 通讯作者: 孙东晓 (1972—), 女, 教授, 主要从事动物分子数量遗传学与奶牛育种研究。

用标记辅助选择技术,选择优秀公牛和母牛可以加快育种进程。作者前期研究发现,*RPL23A* 基因的第 1 内含子 SNP 位点 rs134128952^[12] 及 *ACACB* 基因位于 ENSBTAT00000029560.5 转录本第 32 外显子的 rs133967247 和位于 ENSBTAT00000081953.1 转录本第 5 内含子的 rs209975092^[13] 与乳蛋白、乳脂性状显著关联。由于群体遗传背景不同,功能基因在不同群体中可能表现出不同的遗传效应。鉴于此,研究以北京地区的中国荷斯坦牛基础育种群为试验动物,验证分析 *RPL23A* 和 *ACACB* 基因的 3 个 SNP 位点 (rs134128952、rs133967247 和 rs209975092) 是否对产奶性状具有显著遗传效应,旨在为培高中国荷斯坦牛

高乳蛋白、高乳脂品系提供有效的分子标记。

1 试验材料

1.1 试验动物

研究以北京首农畜牧 7 个牛场的 1 059 头中国荷斯坦母牛为试验群体,来自 214 个公牛家系,牛只具有完整的系谱信息和规范的生产性能测定 (dairy herd improvement, DHI) 记录。表型数据包括 305 d 产奶量、乳脂率、乳脂量、乳蛋白率和乳蛋白量 5 个性状,包括第 1 泌乳期记录 989 条,其描述性统计量见表 1。采用真空管和一次性针头采集试验牛只的尾根静脉血, -20 ℃ 保存备用。

表 1 中国荷斯坦牛试验群体第 1 泌乳期 5 个产奶性状表型值描述性统计

性状	平均值	标准差	最小值	最大值	变异系数
产奶量/kg	10 051.79	1 830.47	2 742.96	16 247.24	18.21
乳脂率/%	4.22	0.64	2.19	6.38	15.12
乳脂量/kg	421.68	88.65	123.98	676.75	21.02
乳蛋白率/%	3.25	0.23	2.02	3.91	7.13
乳蛋白量/kg	325.96	62.52	87.77	541.03	19.18

1.2 基因组 DNA 提取

采用血液基因组 DNA 提取试剂盒 (天根生化科技有限公司,北京) 提取试验牛只的基因组 DNA; 采用 NannoDrop2000 分光光度计 (Thermo Scientific, Hudson, DE, 美国) 和 1.0% 琼脂糖凝胶电泳检测 DNA 的浓度和纯度,合格的基因组 DNA 置于 1.5 mL 离心管, -20 ℃ 保存备用。

1.3 多态位点的基因型检测

针对 3 个 SNP 位点 (表 2), *RPL23A* 基因的 19: g. 20146771C > T 及 *ACACB* 基因的 17: g. 63962768G > A、17: g. 63878254T > C, 利用飞行时间质谱 (MALDI-TOF, MS) 技术,检测 1 059 头中国荷斯坦母牛的个体基因型。

表 2 3 个 SNP 位点的基本情况

基因	位置	命名	突变	登录号
<i>RPL23A</i>	内含子	19: g. 20146771C > T	C/T	rs134128952
	外显子	17: g. 63878254T > C	T/C	rs133967247
<i>ACACB</i>	内含子	17: g. 63962768G > A	G/A	rs209975092

1.4 关联分析

采用 SAS 9.4 软件的 MIXED 过程对试验群体的中国荷斯坦母牛产奶量、乳脂量、乳脂率、乳蛋白量、乳蛋白率性状与 SNP 位点进行单标记关联分析,采用如下动物模型:

$$Y = \mu + hys + b \times M + G + a + e$$

式中: y 为性状表型值; μ 为总体均值; hys 为场年季效应; M 为产犊月龄效应; b 为协变量 M 的回归系数; G 为 SNP 位点的基因型; a 为个体随机加性效应; e 为随机残差效应。多重比较采用 Bonferroni 法进行矫正。

加性效应、显性效应和等位基因替代效应的计

算公式为:

$$a = (AA - BB)/2; d = AB - (AA + BB)/2;$$
$$\alpha = a + d(q - p)$$

式中: a 为加性效应; d 为显性效应; α 为等位基因替代效应; AA、AB、BB 为相应基因型的最小二乘均值。

2 结果与分析

2.1 基因多态性鉴定结果

RPL23A 和 *ACACB* 基因的 3 个 SNP 位点 (rs134128952、rs133967247 和 rs209975092) 的基因频率、基因型频率统计结果如表 3 所示。

表 3 *RPL23A* 和 *ACACB* 基因的 3 个 SNP 位点的等位基因频率和基因型频率

基因	位置	SNP 名称	基因型	样本数	基因型频率	等位基因	等位基因频率
<i>RPL23A</i>	内含子	19:g. 20146771C > T rs134128952	CC	15	0.0153	C	0.1935
			CT	350	0.3564	T	0.8065
			TT	617	0.6283		
<i>ACACB</i>	外显子	17:g. 63878254T > C rs133967247	CC	447	0.4538	C	0.6863
			CT	458	0.4650	T	0.3137
			TT	80	0.0812		
	内含子	17:g. 63962768G > A rs209975092	AA	328	0.3368	A	0.6047
			AG	522	0.5359	G	0.3953
			GG	124	0.1273		

2.2 3 个基因单标记对产奶性状的遗传效应

RPL23A 和 *ACACB* 基因的 3 个 SNP 与 5 个产奶性状的关联分析结果见表 4。

在第 1 泌乳期, *RPL23A* 基因的 SNP 位点 g. 20146771C > T 与产奶量、乳脂量、乳脂率和乳蛋白量均极显著关联 ($P < 0.01$), 与乳蛋白率显著关联 ($P < 0.05$)。

ACACB 基因: SNP 位点 g. 63878254T > C 与第 1 泌乳期产奶量、乳脂量和乳蛋白量均呈极显著关联 ($P < 0.01$); SNP 位点 g. 63962768G > A 与乳脂量、乳脂率和乳蛋白率呈极显著关联 ($P < 0.01$)、产奶量关联显著 ($P < 0.05$), 但与乳蛋白量无显著关联 ($P > 0.05$)。

表 4 *RPL23A* 和 *ACACB* 基因的 3 个 SNP 位点与 5 个产奶性状的关联分析(最小二乘均值 $\pm$ 标准误)

位点	泌乳期	基因型 (头数)	产奶量 /kg	乳脂量 /kg	乳脂率 /%	乳蛋白量 /kg	乳蛋白率 /%
<i>RPL23A</i> 19:g. 2014 6771C > T	1	CC(15)	8984 $\pm$ 229.00 ^A	404.46 $\pm$ 5.670 ^{AB}	4.42 $\pm$ 0.091 ^{Aa}	284.68 $\pm$ 6.70 ^A	3.13 $\pm$ 0.053 ^a
		CT(350)	9634 $\pm$ 146.72 ^B	407.01 $\pm$ 1.535 ^A	4.18 $\pm$ 0.059 ^{Bb}	311.23 $\pm$ 4.45 ^B	3.23 $\pm$ 0.036 ^b
		TT(617)	9593 $\pm$ 144.55 ^B	411.55 $\pm$ 1.292 ^B	4.24 $\pm$ 0.058 ^c	310.73 $\pm$ 4.39 ^B	3.23 $\pm$ 0.036 ^{ab}
		<i>P</i> 值	0.002 **	0.0087 **	0.0004 **	<0.0001 **	0.0416 *
<i>ACACB</i> 17:g. 6387 8254T > C	1	CC(447)	9495 $\pm$ 146.77 ^A	412.28 $\pm$ 1.390 ^A	4.11 $\pm$ 0.059	304.59 $\pm$ 4.45 ^{Aa}	3.17 $\pm$ 0.036
		CT(458)	9390 $\pm$ 145.57 ^{AB}	410.89 $\pm$ 1.400 ^A	4.14 $\pm$ 0.059	301.50 $\pm$ 4.419 ^a	3.17 $\pm$ 0.036
		TT(80)	9218 $\pm$ 158.98 ^B	395.64 $\pm$ 2.550 ^B	4.08 $\pm$ 0.064	295.36 $\pm$ 4.77 ^{Bb}	3.12 $\pm$ 0.039
		<i>P</i> 值	0.0022 **	<0.0001 **	0.0957	0.0004 **	0.0586
<i>ACACB</i> 17:g. 6396 2768G > A	1	AA(328)	9533 $\pm$ 146.62	414.29 $\pm$ 1.539 ^A	4.33 $\pm$ 0.059 ^A	308.96 $\pm$ 4.44	3.19 $\pm$ 0.036 ^a
		AG(522)	9425 $\pm$ 145.35	408.29 $\pm$ 1.314 ^B	4.27 $\pm$ 0.059 ^B	306.22 $\pm$ 4.41	3.22 $\pm$ 0.036 ^b
		GG(124)	9380 $\pm$ 154.45	404.47 $\pm$ 2.144 ^B	4.24 $\pm$ 0.062 ^B	305.65 $\pm$ 4.65	3.23 $\pm$ 0.038 ^b
		<i>P</i> 值	0.0391 *	<0.0001 **	0.0013 **	0.1052	0.0044 **

注: 同列数据肩标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 ($P < 0.01$); * 表示差异显著关联 ($P < 0.05$); ** 表示差异极显著关联 ($P < 0.01$)。

进一步计算了 3 个 SNP 位点的遗传效应, 加性效应、显性效应和等位基因替代效应见表 5。

RPL23A 基因的 g. 20146771C > T 位点对产奶量、乳脂率、乳蛋白量、乳蛋白率的加性效应、等位基因替代效应在第 1 泌乳期均达到显著或极显著 ($P < 0.05$; $P < 0.01$)。

ACACB 基因: SNP 位点 g. 63878254T > C 在第 1 泌乳期, 对产奶量、乳脂量和乳蛋白量的加性效应和替代效应达到显著或极显著 ($P < 0.05$; $P < 0.01$); SNP 位点 g. 63962768G > A 在第 1 泌乳期中, 产奶量、乳脂量、乳脂率和乳蛋白率的加性效应、替代效应达到显著或极显著 ($P < 0.05$; $P < 0.01$)。

表 5 *RPL23A* 和 *ACACB* 基因的 3 个 SNP 位点对产奶性状的加性效应、显性效应和等位基因替代效应

位点	泌乳期	基因效应	产奶量 /kg	乳脂量 /kg	乳脂率 /%	乳蛋白量 /kg	乳蛋白率 /%
<i>RPL23A</i> 19:g. 20146771C > T	1	加性效应	-304.57 **	-3.54	0.09 **	-13.02 **	-0.05 *
		显性效应	345.54 **	-1.00	-0.15 **	13.52 **	0.05 *
		等位基因替代效应	-516.40 **	-2.93	0.1801 **	-21.31 **	-0.07 *
<i>ACACB</i> 17:g. 63878254T > C	1	加性效应	138.23 **	8.32 **	0.013	4.61 **	0.02 *
		显性效应	33.40	6.94 **	0.045 *	1.53	0.02
		等位基因替代效应	125.79 **	5.74 **	0.003	4.04 **	0.013
<i>ACACB</i> 17:g. 63962768G > A	1	加性效应	76.81 *	4.91 **	0.05 **	1.66	-0.02 **
		显性效应	-31.86	-1.09	-0.01	-1.09	0.01
		等位基因替代效应	83.49 *	5.14 **	0.05 **	1.89	-0.02 **

注:同列数据肩标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($P < 0.01$);*表示差异显著关联($P < 0.05$);**表示差异极显著关联($P < 0.01$)。

3 讨论

RPL23A 在核糖体的合成和功能中发挥关键作用,可提高 rRNA 合成蛋白质的催化能力^[14],与 *RPN1* 互作可能对蛋白的合成和分泌起调控作用^[15]。对牛乳腺上皮细胞进行转录组测序,发现 *RPL23A* 与乳脂率和乳蛋白率密切相关^[16]。Li 等^[12] 研究发现 *RPL23A* 与荷斯坦奶牛的产奶量、乳脂量、乳脂率、乳蛋白量和乳蛋白率显著相关。在本研究中 *RPL23A* 基因的 SNP 位点 g. 20146771C > T 位点 TT 与 CC 基因型相比,具有显著高的产奶量、乳脂量、乳蛋白量和乳蛋白率,且产奶量、乳蛋白量和乳蛋白率的加性效应和等位基因替代效应显著。根据以上研究结果,推测 *RPL23A* 可能对乳蛋白的形成起调控作用。

ACACB 通过丙二酰 CoA 抑制肉碱-棕榈酰辅酶 A 转移酶 I 来控制脂肪酸的氧化^[17-18]。在小鼠中,*ACACB* 是抑制脂质氧化的脂质代谢酶^[19],与脂质代谢相关^[20-22]。在猪的研究上,研究发现 *ACACB* 与猪的脂质代谢相关^[23-24],其表达量与脂肪沉积呈正相关^[25]。在奶牛的研究上,Han 等^[12] 发现 *ACACB* 与中国荷斯坦牛多个产奶性状显著相关。*ACACB* 基因参与脂肪酸生物合成、丙酮酸代谢和脂肪细胞因子信号通路,可能影响乳脂和乳蛋白合成与代谢。以上研究表明,*ACACB* 基因的 SNP 可能参与乳脂的代谢通路,从而影响脂肪的代谢以调节奶牛中乳脂成分。在本研究中,发现外显子 17:g. 63878254T > C 位点的 C 为优势等位基因,在第 1 泌乳期具有极显著高的产奶量、乳脂量和乳蛋白量,且加性效应和等位基因替代效应极显著差异;内含子 17:g. 63962768G > A 位点与乳脂成分显著相关,AA 与 GG 基因型相比,在第 1 泌乳期均具有显著高的产奶量、乳脂量和乳脂率,且加性效应和替代效应显著差异。以上结果说明 *ACACB* 基因与产奶性状密

切相关,尤其对乳脂的形成起重要作用。

4 结 论

本研究基于北京地区中国荷斯坦奶牛群体,通过关联分析,发现 3 个 SNP 位点与中国荷斯坦牛多个产奶性状呈显著或极显著关联,且大部分加性效应和等位基因替代效应显著。可根据育种目标将这 3 个 SNP 位点作为遗传标记,为中国荷斯坦牛的分子育种和培育奶牛高乳蛋白乳脂新品系提供有价值的基因信息。

参考文献:

[1] 崔晓钢. 基于 RNA-seq 与 small RNA-seq 进行奶牛产奶性状功能基因挖掘及生物信息学预测牛新 miRNA [D]. 北京: 中国农业大学, 2015.

[2] JIANG J, GAO Y, HOU Y, et al. Whole-genome resequencing of Holstein bulls for indel discovery and identification of genes associated with milk composition traits in dairy cattle [J]. PloS One, 2016, 11 (12): e0168946.

[3] HU P, HE X, ZHU C, et al. Cloning and characterization of a ribosomal protein L23a gene from small tail han sheep by screening of a cDNA expression library [J]. Meta Gene, 2014 (2): 479-488.

[4] WAKIL S J, ABU-ELHEIGA L A. Fatty acid metabolism: target for metabolic syndrome [J]. Journal of Lipid Research, 2009, 50: 138-143.

[5] CRONAN J J, WALDROP G L. Multi-subunit acetyl-CoA carboxylases [J]. Progress in Lipid Research, 2002, 41 (5): 407-435.

[6] FEDERICA S, FRANCESCO N, GIOVANNA DE M, et al. Identification of novel single nucleotide polymorphisms in promoter III of the acetyl-CoA carboxylase- α gene in goats affecting milk production traits [J]. The Journal of Heredity, 2009, 100 (3): 386-389.

[7] BADAOUI B, SERRADILLA J M, TOMÀS A, et al. Goat acetyl-coenzyme A carboxylase α : molecular characterization, polymorphism, and association with milk traits [J]. Journal of Dairy Science, 2007, 90 (2): 1 039-1 043.

[8] CECCHINATO A, RIBECA C, CHESSA S, et al. Candidate gene association analysis for milk yield, composition, urea nitrogen and somatic cell scores in Brown Swiss cows [J]. Animal: An International Journal of Animal Bioscience, 2014, 8 (7): 1 062-1 070.

- [9] MATSUMOTO H, SASAKI K, BESSHO T, et al. The SNPs in the ACACA gene are effective on fatty acid composition in Holstein milk[J]. *Molecular Biology Reports*, 2012, 39(9): 8637-8644.
- [10] 廉红霞,周亚丽,高腾云. 胎次对荷斯坦牛产奶量及乳脂率的影响[J]. *畜牧兽医学杂志*, 2013, 32(6): 26-28.
- [11] 焦蓓蕾,田茂,杨春生,等. 奶牛乳脂合成及其关键基因的调控作用[J]. *中国牛业科学*, 2021, 47(2): 36-42.
- [12] LI Y, HAN B, LIU L, et al. Genetic association of DDIT3, RPL23A, SESN2 and NR4A1 genes with milk yield and composition in dairy cattle[J]. *Animal Genetics*, 2019, 50(2): 123-135.
- [13] HAN B, LIANG W, LIU L, et al. Genetic association of the ACACB gene with milk yield and composition traits in dairy cattle[J]. *Animal Genetics*, 2018, 49(3): 169-177.
- [14] CAI Y, ZHANG C, HAO L, et al. Systematic identification of seven ribosomal protein genes in bighead carp and their expression in response to microcystin-LR[J]. *The Journal of Toxicological Sciences*, 2016, 41(2): 293-302.
- [15] HANNIGAN M M, HOFFMAN A M, THOMPSON J W, et al. Quantitative proteomics links the LRRC59 interactome to mRNA translation on the ER membrane[J]. *Molecular & Cellular Proteomics*; MCP, 2020, 19(11): 1 826-1 849.
- [16] CUI X, HOU Y, YANG S, et al. Transcriptional profiling of mammary gland in Holstein cows with extremely different milk protein and fat percentage using RNA sequencing[J]. *BMC Genomics*, 2014, 15(1): 226.
- [17] ABU-ELHEIGA L, BRINKLEY W R, ZHONG L, et al. The subcellular localization of acetyl-CoA carboxylase 2[J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 2000, 97(4): 1 444-1 449.
- [18] ABU-ELHEIGA L, ALMARZA-ORTEGA D B, BALDINI A, et al. Human acetyl-CoA carboxylase 2. Molecular cloning, characterization, chromosomal mapping, and evidence for two isoforms[J]. *The Journal of Biological Chemistry*, 1997, 272(16): 10 669-10 677.
- [19] TANAKA Y, KUME S, MAEDA S, et al. Overexpression of acetyl CoA carboxylase β exacerbates podocyte injury in the kidney of streptozotocin-induced diabetic mice[J]. *Biochemical and Biophysical Research Communications*, 2018, 495(1): 1 115-1 121.
- [20] MA X, CHENG F, YUAN K, et al. Lipid storage droplet protein 5 reduces sodium palmitate induced lipotoxicity in human normal liver cells by regulating lipid metabolism related factors[J]. *Mol. Med. Rep.*, 2019, 20(2): 879-886.
- [21] CHEN L, DUAN Y, WEI H, et al. Acetyl-CoA carboxylase (ACC) as a therapeutic target for metabolic syndrome and recent developments in ACC1/2 inhibitors[J]. *Expert Opinion on Investigational Drugs*, 2019, 28(10): 917-930.
- [22] WANG Q, ZHAO B, ZHANG J, et al. Faster lipid β -oxidation rate by acetyl-CoA carboxylase 2 inhibition alleviates high-glucose-induced insulin resistance via SIRT1/PGC-1 α in human podocytes[J]. *Journal of Biochemical and Molecular Toxicology*, 2021, 35(7): e22797.
- [23] SUN H, WANG Z, ZHANG Z, et al. Genomic signatures reveal selection of characteristics within and between Meishan pig populations[J]. *Animal Genetics*, 2018, 49(2): 119-126.
- [24] ZHU T, GUAN S, LV D, et al. Melatonin modulates lipid metabolism in porcine cumulus-oocyte complex via its receptors[J]. *Frontiers in Cell and Developmental Biology*, 2021, 9: 648 209.
- [25] XING K, WANG K, AO H, et al. Comparative adipose transcriptome analysis digs out genes related to fat deposition in two pig breeds[J]. *Scientific Reports*, 2019, 9(1): 12 925.

Genetic Effect Analysis on RPL23A and ACACB Gene of Chinese Holstein Cattle

YANG Yu-ze^{1#}, HUANG Jin-feng^{2#}, TANG Shao-qing¹, LIU Lin³, LIU Ya-nan²,
PENG Peng², LV Xiao-qing³, HAN Bo², ZHAO Chun-ying¹, SUN Dong-xiao^{2*}

(1. Beijing Animal Husbandry Station, Beijing 100101; 2. College of Animal Science and Technology, China Agricultural University, Beijing 100193;
3. Beijing Dairy Cattle Center, Beijing 100192)

Abstract: In the early stage, the team of the author found that *RPL23A* and *ACACB* genes were the candidate functional genes for milk protein and milk fat traits of dairy cows through transcriptome sequencing of cow mammary epithelial tissue and genome resequencing of Holstein bulls. [Objective] This study aimed to explore whether these two genes had significant genetic effects on milk production traits of dairy cows. [Methods] 1059 Chinese Holstein cows from 7 pastures in Beijing area were taken as the experimental population. The tail root vein blood was collected and genomic DNA was extracted. The SNP locus genotype was detected by time-of-flight mass spectrometry, and the association analysis was conducted using the MIXED process of SAS 9.4 software. [Results] The results showed that the SNP locus g. 20146771C > T of *RPL23A* gene was significantly or extremely significantly associated with five milk production traits in the first lactation period ($P=0.000\ 1\sim0.0416$), and its dominant allele was T. The g. 63878254T > C locus of *ACACB* gene was significantly associated with milk production, milk fat and milk protein in the first lactation period ($P<0.01$), and its dominant allele was C. The g. 63962768G > A locus was significantly or extremely significantly associated with milk yield, milk fat yield, milk fat rate and milk protein rate in the first lactation period ($P=0.000\ 1\sim0.039\ 1$), and its dominant allele was A. [Conclusion] These results indicated that *RPL23A* gene mainly affected milk yield and milk protein of Chinese Holstein cattle, *ACACB* gene had significant genetic effect on milk yield and milk fat yield. The three SNP loci could be considered as genetic markers for marker assisted selection in breeding new dairy cattle strains with high milk protein and milk fat, and for breeding improvement.

Key words: milk production traits; *RPL23A* gene; *ACACB* gene; SNP; genetic effect; Chinese Holstein cattle