

# 分子育种技术研究进展及新疆肉牛分子育种现状

马义诚<sup>1,2</sup>, 袁理星<sup>1,2</sup>, 叶治兵<sup>1,2</sup>, 崔繁荣<sup>1,2</sup>, 闫向民<sup>1,2</sup>, 周振勇<sup>1,2</sup>, 李红波<sup>1,2\*</sup>

(1. 新疆畜牧科学院畜牧研究所, 新疆, 乌鲁木齐, 830000; 2. 新疆肉牛工程技术研究中心, 新疆, 乌鲁木齐, 830000)

**摘要:** 经济社会的发展使人们对牛肉的经济性和肉品质要求提高, 培育生长性能和生产性能更加良好的肉牛品种的重要性日益凸显。随着分子生物学技术的进步, 动物育种逐渐从表型性状研究向基因调控发展, 通过分子标记辅助育种能够更加快速准确的选择目标性状, 分子育种技术提高了品种培育效率并降低了成本, 且繁育的后代优良性状更加稳定, 其应用范围也越来越广泛。目前新疆肉牛分子育种的应用较少, 多停留在理论研究阶段, 且存在着经费不足和育种场规模小、难以获得足够的样本等问题。本文综合阐述了分子育种的概述、肉牛分子育种研究进展和新疆肉牛分子育种现状, 旨在为新疆肉牛分子育种工作提供一定的思路 and 理论依据。

**关键词:** 肉牛; 分子育种; 分子标记辅助选择; 遗传性状

**中图分类号:** S823.9<sup>+</sup>2      **文献标识码:** A      **文章编号:** 1001-9111(2023)03-0082-05

随着我国经济社会的发展, 牛肉及其相关制品已经成为家庭餐桌上必不可少的一部分, 人们对牛肉的经济性和肉品质要求也越来越高。我国本土黄牛自古以来多为使役用途, 虽然具有更加良好的耐力, 但是在生长速度和肉品质方面与国外的优秀品种具有很大的差距。面对这种情况, 我国大量引进了西门塔尔牛、利木赞牛、皮尔蒙特牛、安格斯牛等国外优秀品种, 并培育了三河牛、新疆褐牛、草原红牛等新品种, 但是这些牛种都是兼用型牛种, 在生长性能和肉品质方面仍有很大的提升空间。新疆是我国的畜牧业大省, 牛养殖业在其中占据着十分重要的地位, 培育更加优秀的肉牛品种是新疆畜牧研究工作的重要方向。

现代分子生物学的高速发展和牛全基因组的公布, 尤其是近年来发展起来的基因组学领域, 为肉牛育种提供了一个更加快速、更加精准的方法。相比过去依靠表型性状进行选种, 需要数年甚至十几年的研究工作才能取得相应结果, 分子育种不论在基因选择还是结果验证方面, 都更加高效准确, 是未来育种工作的发展趋势。

本文综合阐述了分子育种的概述、肉牛分子育种研究进展和新疆肉牛分子育种现状, 旨在为新疆

肉牛分子育种工作提供一定的思路 and 理论依据。

## 1 分子育种概述

分子标记辅助育种是一种非转基因的育种方法, 分子标记辅助选择 (marker-assisted selection, MAS) 是指针对那些对数量性状有较大影响的特定基因或数量性状基因座 (quantitative trait locus, QTL) 的遗传模式进行特异性选择。目前可用于遗传学研究的分子标记方法分为生化标记和 DNA 标记两种, 但是生化标记法存在着诸多的限制, 因此 DNA 标记法被更多的应用于基因遗传及等位基因的相关研究中。DNA 分子标记法是在 DNA 水平上分析的遗传标记, 这些标记被用来分析物种、群体和个体之间的遗传多态性和系统发育关系, 以及识别与控制物种经济价值性状的基因密切相关的诊断标记, 其主要可分为: (1) 基于分子杂交的标记, 包括限制性片段长度多态性 (restriction fragment length polymorphism, RFLP) 和数目可变串联重复多态性 (variable number of tandem repeats, VNTR) 等; (2) 基于 PCR 的标记, 包括随机扩增多态性 DNA (random amplified polymorphic DNAs, RAPD) 和扩增片段长度多态性 (amplified fragment length polymor-

收稿日期: 2022-12-23    修回日期: 2023-02-20

基金项目: 国家现代农业(肉牛牦牛产业技术体系(CARS-37)); 自治区科技重大专项(2021A02003)

作者简介: 马义诚(1994—), 男, 硕士, 主要从事肉牛遗传育种及饲养管理。

\* 通讯作者: 李红波(1980—), 男, 新疆维吾尔自治区博乐市, 正高级畜牧师, 主要从事肉牛遗传育种及饲养管理。

phism, AFLP)等;(3)牛全基因的公布将肉牛分子育种工作带入了全基因组选择(genomic selection, GS)的时代,全基因组关联研究(GWAS)可以根据单核苷酸多态性(single nucleotide polymorphism, SNPs)和可能的致病突变之间的连锁不平衡(LD)来检测与经济重要性状相关的显著单核苷酸多态性(SNPs)或基因组区域,利用全基因组选择确定的QTL可以更准确的估计个体种值,极大地促进了育种工作的进步。

过去动物育种主要通过观察表型性状来选择种用动物,通过不同品种间的杂交实现杂交改良的目的,但是这种育种方法所繁育的后代存在着优良性状不固定的问题,并且培育效率低、成本高,阻碍了动物育种工作的发展。相比传统的动物育种方式,分子育种技术的出现和兴起,推动了动物育种研究的进步,运用MBS可以直接在基因水平定向选择调控目标性状的基因,相较传统育种方法效率更高、成本更低,后代遗传的优良性状也更加稳定。

## 2 肉牛分子育种研究进展

### 2.1 生长发育性状研究进展

改善肉牛生长性状(如体重和平均日增重)的遗传过程可以提高肉产量和降低饲养成本,是肉牛养殖业的主要目标之一。Zhanwei Zhuang等人通过对中国西门塔尔牛的研究发现,MYH10、CDH13和FOXP1基因分别被认为是三个品种生长性状的主要候选基因。Shunjin Zhang等人对皮尔蒙特牛与南阳牛杂交后代皮南牛的研究发现,CYP4A11、RPL26和MYH10基因与皮南牛的生长性状有关。Xianfu Zhang等人对滇中牛的研究中发现了能够影响其生长发育的基因MARS2和ARL6MT1。Kim等人通过研究安格斯牛与婆罗门牛杂交牛,发现在19条染色体上,共35个QTL与牛的生长性状有关。Martínez等人对855头夏洛莱牛生长性状进行全基因组关联研究(GWAS),并鉴定与这些性状相关的SNP标记和基因,结果发现TRAF6、CDH11、KLF7、MIR181a-1和PRCP与夏洛莱牛的生长性状调节相关。Buzanskas等人通过对Canchim牛研究发现,总共有4、12和10个SNPs分别与初生重、断奶重和420日龄长年重显著相关,其中DPP6和CLEC3B基因在脑和骨骼系统发育中起到重要作用。

### 2.2 胴体性状研究进展

胴体性状是养牛业的基本性状。相比生长性状,胴体性状更难通过表型特征进行选择,大多数肉质相关性状都是通过几代动物来评估的。不同的基因组学技术提供了极好的机会来提高食物生产动物的遗传潜力,并通过MAS在育种项目中实现这一潜

力。典型的肉质参数包括颜色、脂肪含量、大理石花纹评分(MBS)和持水性,此外牛肉品质还与脂肪酸(FA)的组成相关,FA的组成决定了牛肉的脂肪品质。目前已有报道某些基因的单核苷酸多态性(SNP)与牛肉嫩度或MBS有关。瘦素(Leptin, LEP)、甲状腺球蛋白(thyroglobulin, TG)、钙蛋白酶-1(Calpain, CAPN 1)、硬脂酰辅酶A去饱和酶(stearoyl-CoA desaturase, SCD)、二酰甘油乙酰转移酶(diacylglycerol acetyltransferase, DGAT 1)、牛生长激素(GH)、胆固醇调节元件结合蛋白1(SREBP)、脂肪酸合酶(FASN)和脂肪酸结合蛋白4(the fatty acid-binding protein 4, FABP 4)基因的部分SNPs会对肉质产生影响,UASMS2、C1180T、C422T、G133C、T354C、G392A、A430G、T433G、A4558G、g. 7534G > A、c. 572A > G、c. 1416T > G、c. 388G > A、g. 7516G > C会影响牛肉的MBS,c. 947G > C、C6545T、A4558G、C4684T、g. 5709C > G、A2959G、g. 98535683A、T878C、c. 572A > G、c. 1416T > G会影响牛肉嫩度等。

### 2.3 繁殖性状研究进展

在利用MAS进行动物育种遗传改良的同时,不孕症上升的问题也在同时发生。21世纪初,牛的繁殖能力迅速恶化,世界各地都有相关报道。公牛繁殖健全性评价的一般标准包括:阴囊周长、精子细胞形态、精子细胞活力、无生理和生殖障碍以及无疾病状态。过去公牛的生育能力是根据母系受孕率(SCR)进行预测的,此外精液参数也被用作公牛繁殖性能的指示性状,但这些无法完全描述精子授精能力的复杂性。随着分子育种技术的发展,各国开始根据基因组估计育种值(GBVs)来选择经过验证的年轻公牛,从而获得了迅速的收益。目前已知的,与公牛繁育性状相关的基因主要有SRY、SOX9、GATA4、SF1、PLCz、TNP1、TSPY、KATNAL1、CATSPER1、SPEF-2、CRISP2、SPATA16、TEX11、USP9Y和DDX3Y等<sup>[1-6]</sup>基因。

### 2.4 环境适应性研究进展

全球变暖是气候变化的主要趋势,根据气候变化模型的预测,2100年全球平均气温可能比2010年<sup>[7]</sup>普遍高2.6℃~4.8℃。对于牛养殖业来说,气温的升高可能更容易导致热应激,从而影响肉牛的生产 and 繁殖特性以及健康状况<sup>[8]</sup>。为了减轻热应激对牛生产的不利影响,可以采取遗传选择、环境改造和营养干预等<sup>[9]</sup>方法。耐热性存在着品种内的遗传变异,这使得通过遗传选择提高品种耐热性成为可能<sup>[10-11]</sup>。目前,耐热性相关的候选基因主要有热休克蛋白70(HSP70)、热休克蛋白90(HSP90)、热休克因子1(HSF1)、真核翻译起始因子2-α激酶

4( EIF2AK4)、热休克因子结合蛋白 1( HSBP1)、热休克蛋白家族 B 成员 8( HSPB8)、热休克蛋白家族 B 成员 7( HSPB7)、肌酸-1A( MYO1A) 和 ATP 酶 Na<sup>+</sup>/K<sup>+</sup> 转运亚基  $\alpha$ 1( ATP1A1) 等基因<sup>[12-22]</sup>, 其 SNPs 与牛的耐热性之间存在显著的关联, 提示它们在育种方案中具有潜在的分子标记作用。

海拔高度也同样会对肉牛产生影响, 海拔越高温度相对越低, 同时空气中的氧含量和气压也随海拔升高而降低, 基于全基因组 CNVs 的种群关系和高原适应已经在人类和牦牛中进行了分析<sup>[23-25]</sup>。Yaran Zhang 等人<sup>[26]</sup>对 375 头中国土牛和牦牛进行 CNV 检测, 结果发现 LetM1、Septin5、TXNRD2、TheM6 和 Stub1 基因在高海拔中表现出比低海拔更高的杂合性丢失频率, MGC148714 和 SLC4A7 仅在低海拔中显示杂合性丢失。Guang - Xin E 等人<sup>[27]</sup>对青藏高原 29 头牦牛的全基因组测序分析, 结果发现 PDE4D 基因与牦牛高原适应性相关。

此外, 不同的地理环境, 其气候也会有所差异如典型的地中海气候, 越靠近赤道则气温越高, 夏季时间更长, 日照更加充足, 这些对肉牛的生长发育、繁殖和生产性能都会有一定影响<sup>[28]</sup>。

## 2.5 抗病能力研究进展

病毒、细菌和寄生虫等都会造成动物患病, 可能导致生长发育迟滞或停止、生产性能下降甚至死亡, 严重危害牛养殖业的发展, 如疯牛病的流行就造成了严重后果<sup>[29]</sup>。面对疾病, 通常采取的措施是预防、隔离和治疗, 对预后不良的动物要及早淘汰, 而对于抗病性状相关基因的发现<sup>[30-31]</sup>, 则提供了一种新的解决疾病的办法。Kiser 等人<sup>[32]</sup>对 140 头断奶荷斯坦犊牛的研究发现, 有 4 个位点共 10 个 SNP 具有与天然免疫和适应性免疫应答相关的功能。Twomey 等人<sup>[33]</sup>通过对 18 个屠宰场 3702 头患有肝片吸虫的牛进行全基因组分析, 结果在 BTA21 和 25 上分别鉴定出 6 个和 9 个 QTL 与肝片吸虫的抗体应答相关。Youghare 等人<sup>[34]</sup>通过对 619 头纯种或杂交 Baoule 牛进行单 SNP 基因组学研究, 结果发现 CFH、CRBN、TRNT1、IL5RA、MGAT4C 和 NTS 基因与 Baoule 牛锥虫病耐受相关。Sanchez 等人<sup>[35]</sup>对 161253 头奶牛应用单步单核苷酸多态性最佳线性无偏预测方法研究了牛副结核病抗性的遗传决定因素等相关基因, 结果发现在第 1、3、5、6、7、19、20、21、23、25 和 27 号染色体上存在与抗牛副结核病相关的基因, 并且在另一项研究中<sup>[36]</sup>发现 ABCC4( BTA12)、CBFA2T2( BTA13) 和 IER3( BTA23) 基因是良好的功能候选基因。

## 3 新疆肉牛分子育种现状

目前新疆分子育种技术的应用较少。Li Na 等

人<sup>[37]</sup>采用 RNA-SEQ 技术研究了新疆褐牛与哈萨克牛背最长肌脂肪形成、肌形成和纤维形成的差异表达基因、miRNAs 及其调控途径, 结果发现 FABP4、ACTA2 和 ACTG2 等差异表达基因在牛肉品质中起着重要作用, 这也是首次对新疆褐牛和哈萨克牛肌肉组织进行转录组学分析的研究。Chen Qiuming 等人<sup>[38]</sup>将新疆褐牛的 50 个基因组与世界其他 8 个品种的基因组进行比较, 结果发现新疆褐牛有 9.88% 的哈萨克牛和 90.12% 的瑞士褐牛遗传。Bai Jie 等人<sup>[39]</sup>分析 151 只新疆褐牛和 138 只荷斯坦牛的 SNPs 或单倍型与体细胞评分的关系以评价 TLR2 基因在乳腺感染中的作用, 结果发现 HAP5 可能在新疆褐牛抗乳房炎中起重要作用。Xiangpeng Yue 等人<sup>[40]</sup>在新疆的 25 头蒙古公牛和 8 头蒙古母牛的线粒体 DNA D-loop 区和 Y 染色体 SNP 标记上进行了多态性分析, 结果发现蒙古牛中最早的驯化和引入可能发生在公元 2~7 世纪, 途经新疆地区的丝绸之路。

新疆是我国畜牧业大省, 牛养殖业是其中的重中之重。新疆具有独特的地理环境, 相比内地, 新疆环境更加干燥, 夏季降水量少而炎热、冬季多雪而低温, 紫外线充足。目前新疆肉牛分子育种相关研究较少, 主要与以下因素有关: (1) 新疆地理位置处于我国西北地区, 与沿海发达地区相比经济相对落后, 相关技术手段由沿海地区引入新疆时间较长; (2) 新疆肉牛繁育基地尤其是大型的、规模化的繁育基地较少, 无法为研究提供足够的样本和实验场地; (3) 与牛等大动物相关的研究往往投入巨大, 项目的经费限制了新疆肉牛分子育种研究的进展; (4) 新疆肉牛分子育种研究主要集中在实验室阶段, 没有落实到生产实践环节中, 这一问题的出现, 与新疆缺少规模化繁育基地和研究经费有一定关系。结合新疆本地独特的地理气候环境, 培育具有更多优秀性状的肉用牛品种, 是未来新疆肉牛育种工作的主要方向。

## 4 新疆肉牛分子育种的思路和展望

### 4.1 新疆肉牛分子育种思路

自牛全基因组公布以来, 随着相关研究工作的深入, 与肉牛生长、肉质、繁育等性状相关的数量性状位点中的主效基因逐渐被发现, 并深入研究了其相关的功能, 一些基因调控的关键性状对肉牛品种的改良和繁育有着重要的作用。

新疆本地牛种如新疆褐牛等, 对比国外引进的纯肉用牛种如皮尔蒙特牛、利木赞牛等, 在生长速度和肉质上有所不足, 但是对新疆的地理气候环境有着更好的适应性, 这点在肉牛繁育工作中也不能忽

视。对新疆本地牛种环境适应性相关基因进行深入研究,利用分子标记辅助选择寻找其相关的数量性状位点中的主效基因,并作为种畜选择的一个依据,再结合国外品种的优良生长和肉质性状基因,培育能够更好地适应新疆环境的肉用牛新品种,可以更好的促进新疆肉牛育种工作的进步。

同时,基因对肉牛消化吸收饲料也具有调控作用。新疆是我国棉花种植重要基地,棉花相关产物如棉花秸秆等,也可以作为肉牛饲料使用,不仅增加了作物的利用率,也可以降低肉牛养殖成本。选择对棉花秸秆消化吸收更好的牛只,进行相关基因分析并寻找与棉花秸秆吸收相关的主效基因,并以此为方向进行品种选育,加强饲料的利用率,也是新进肉牛分子育种的一个相关思路。

#### 4.1 新疆肉牛分子育种展望

想要促进新疆肉牛分子育种相关研究的发展,需要更多的借鉴、学习国内外成功的研究成果,也需要政府更加重视相关研究工作,同时对于肉牛分子育种的研究,应当尽可能形成由实验室的前期研究到生产实践的后期推广的完整环节,更加的系统化推进肉牛分子育种工作的相关进程。随着经济社会的发展,以及行业有关知识的普及,越来越多的肉牛养殖工作者已经意识到繁育工作的重要性,新疆的集约化繁育场的数量和规模也在逐渐增长,管理运营模式也越来越正规,也为将来的分子育种工作的发展创造了有利的环境。目前,新疆肉牛分子育种仍处于起步时期,但无疑将成为未来新疆肉牛品种改良的重要工具。

#### 参考文献:

- [1] NOZAWA K, SATOUH Y, FUJIMOTO T, et al. Sperm-borne phospholipase C zeta-1 ensures monospermic fertilization in mice [J]. *Sci Rep*, 2018, 8(1):1315.
- [2] LAU Y F, LI Y, KIDO T. Role of the Y-located putative gonadoblastoma gene in human spermatogenesis[J]. *Syst Biol Reprod Med*, 2011, 57(1-2):27-34.
- [3] SMITH L B, MILNE L, NELSON N, et al. KATNAL1 regulation of sertoli cell microtubule dynamics is essential for spermiogenesis and male fertility[J]. *PLoS Genet*, 2012, 8(5):e1002697.
- [4] GUO F, YANG B, JU Z H, et al. Alternative splicing, promoter methylation, and functional SNPs of sperm flagella 2 gene in testis and mature spermatozoa of Holstein bulls [J]. *Reproduction*, 2013, 147(2):241-252.
- [5] YANG F, SILBER S, LEU N A, et al. TEX11 is mutated in infertile men with azoospermia and regulates genome-wide recombination rates in mouse[J]. *EMBO Mol Med*, 2015, 7(9):1198-1210.
- [6] RAMATHAL C, ANGULO B, SUKHWANI M, et al. DDX3Y gene rescue of a Y chromosome AZFa deletion restores germ cell formation and transcriptional programs[J]. *Sci Rep*, 2015, 5:15041.
- [7] PACHAURI K, MEYER A. CLIMATE CHANGE 2014. SYNTHESIS REPORT [J]. *Environmental Policy Collection*, 2014, 27(2):408.
- [8] RASHAMOL V P, SEJIAN V, PRAGNA P, et al. Prediction models, assessment methodologies and biotechnological tools to quantify heat stress response in ruminant livestock [J]. *Int J Biometeorol*, 2019, 63(9):1265-1281.
- [9] AHMAD R, YU Y H, HSIAO F S, et al. Influence of Heat Stress on Poultry Growth Performance, Intestinal Inflammation, and Immune Function and Potential Mitigation by Probiotics [J]. *Animals (Basel)*, 2022, 12(17):2297.
- [10] ANSARI-MAHYARI S, OJALI M R, FORUTAN M, et al. Investigating the genetic architecture of conception and non-return rates in Holstein cattle under heat stress conditions [J]. *Trop Anim Health Prod*, 2019, 51(7):1847-1853.
- [11] CARABAHO M J. The challenge of genetic selection for heat tolerance: the dairy cattle example [J]. *Advances in Animal Biosciences*, 2016, 7(2):218-222.
- [12] ABBAS Z, HU L, FANG H, et al. Association Analysis of Polymorphisms in the 5' Flanking Region of the HSP70 Gene with Blood Biochemical Parameters of Lactating Holstein Cows under Heat and Cold Stress [J]. *Animals (Basel)*, 2020, 10(11):2016.
- [13] ONASANYA G O, MSALYA G M, THIRUVENKADAN A K, et al. Single nucleotide polymorphisms at heat shock protein 90 gene and their association with thermo-tolerance potential in selected indigenous Nigerian cattle [J]. *Trop Anim Health Prod*, 2020, 52(4):1961-1970.
- [14] RONG Y, ZENG M, GUAN X, et al. Association of HSF1 Genetic Variation with Heat Tolerance in Chinese Cattle [J]. *Animals (Basel)*, 2019, 9(12):1027.
- [15] WANG K, CAO Y, RONG Y, et al. A Novel SNP in EIF2AK4 Gene Is Associated with Thermal Tolerance Traits in Chinese Cattle [J]. *Animals (Basel)*, 2019, 9(6):375.
- [16] WANG Y, HUANG J, XIA P, et al. Genetic variations of HSBP1 gene and its effect on thermal performance traits in Chinese Holstein cattle [J]. *Mol Biol Rep*, 2013, 40(6):3877-3882.
- [17] VERMA N, GUPTA I D, VERMA A, et al. Novel SNPs in HSPB8 gene and their association with heat tolerance traits in Sahiwal indigenous cattle [J]. *Trop Anim Health Prod*, 2016, 48(1):175-80.
- [18] ZENG L, CAO Y, WU Z, et al. A Missense Mutation of the HSPB7 Gene Associated with Heat Tolerance in Chinese Indicine Cattle [J]. *Animals (Basel)*, 2019, 9(8):554.
- [19] JIA P, CAI C, QU K, et al. Four Novel SNPs of MYO1A Gene Associated with Heat-Tolerance in Chinese Cattle [J]. *Animals (Basel)*, 2019, 9(11):964.
- [20] LIU Y X, ZHOU X, LI D Q, et al. Association of ATP1A1 gene polymorphism with heat tolerance traits in dairy cattle [J]. *Genet Mol Res*, 2010, 9(2):891-896.
- [21] KUMAR R, GUPTA I D, VERMA A, et al. Novel SNP identification in exon 3 of HSP90AA1 gene and their association with heat tolerance traits in Karan Fries (Bos taurus × Bos indicus) cows under tropical climatic condition [J]. *Trop Anim Health Prod*, 2016, 48(4):735-740.
- [22] CHAROENSOOK R, GATPHAYAK K, SHARIFI A R, et al. Polymorphisms in the bovine HSP90AB1 gene are associated with heat tolerance in Thai indigenous cattle [J]. *Trop Anim Health*

- Prod, 2012, 44(4):921-928.
- [23] ZHANG Y B, LI X, ZHANG F, et al. A preliminary study of copy number variation in Tibetans[J]. PLoS One, 2012, 7(7): e41768.
- [24] SUDMANT P H, MALLICK S, NELSON B J, et al. Global diversity, population stratification, and selection of human copy-number variation[J]. Science, 2015, 349(6253): aab3761.
- [25] WANG H, CHAI Z, HU D, et al. A global analysis of CNVs in diverse yak populations using whole-genome resequencing[J]. BMC Genomics, 2019, 20(1):61.
- [26] ZHANG Y, HU Y, WANG X, et al. Population Structure, and Selection Signatures Underlying High-Altitude Adaptation Inferred From Genome-Wide Copy Number Variations in Chinese Indigenous Cattle[J]. Front Genet, 2020, 10:1404.
- [27] E G X, BASANG W D, ZHU Y B. Whole-genome analysis identifying candidate genes of altitude adaptive ecological thresholds in yak populations[J]. J Anim Breed Genet, 2019, 136(5): 371-377.
- [28] ABDUREHMAN A. Physiological and Anatomical Adaptation Characteristics of Borana Cattle to Pastoralist Lowland Environments[J]. Asian Journal of Biological Sciences, 2019, 12: 364 - 372.
- [29] PRINCE M J, BAILEY J A, BARROWMAN P R, et al. Bovine spongiform encephalopathy[J]. Rev Sci Tech, 2003, 22(1): 37-60.
- [30] NEIBERGS H L, SEABURY C M, WOJTOWICZ A J, et al. Bovine Respiratory Disease Complex Coordinated Agricultural Project Research Team. Susceptibility loci revealed for bovine respiratory disease complex in pre-weaned holstein calves[J]. BMC Genomics, 2014, 15(1):1164.
- [31] KISER J N, LAWRENCE T E, NEUPANE M, et al. Rapid Communication: Subclinical bovine respiratory disease - loci and pathogens associated with lung lesions in feedlot cattle[J]. J Anim Sci, 2017, 95(6):2726-2731.
- [32] KISER J N, CORNMESSER M A, BLACKBURN R, et al. Validating loci associated with bovine respiratory disease complex in pre-weaned Holstein calves[J]. Anim Genet, 2020, 51(1):91-94.
- [33] TWOMEY A J, BERRY D P, EVANS R D, et al. Genome-wide association study of endo-parasite phenotypes using imputed whole-genome sequence data in dairy and beef cattle[J]. Genet Sel Evol, 2019, 51(1):15.
- [34] YOUNGBARÉ B, SOUDRÉ A, OUDRAOGO D, et al. Genome-wide association study of trypanosome prevalence and morphometric traits in purebred and crossbred Baoulé cattle of Burkina Faso[J]. PLoS One, 2021, 16(8):e0255089.
- [35] SANCHEZ M P, TRIBOUT T, FRITZ S, et al. New insights into the genetic resistance to paratuberculosis in Holstein cattle via single-step genomic evaluation[J]. Genet Sel Evol, 2022, 54(1):67.
- [36] SANCHEZ M P, GUATTEO R, DAVERGNE A, et al. Identification of the ABCC4, IER3, and CBAFTA2 candidate genes for resistance to paratuberculosis from sequence-based GWAS in Holstein and Normande dairy cattle[J]. Genet Sel Evol, 2020, 52(1):14.
- [37] LI N, YU Q L, YAN X M, et al. Sequencing and characterization of miRNAs and mRNAs from the longissimus dorsi of Xinjiang brown cattle and Kazakh cattle[J]. Gene, 2020, 741: 144537.
- [38] CHEN Q, XU L, ZHANG M, et al. Whole genome resequencing reveals the genetic contribution of Kazakh and Swiss Brown cattle to a population of Xinjiang Brown cattle[J]. Gene, 2022, 839: 146725.
- [39] BAI J, LIN J, LI W, et al. Association of toll-like receptor 2 polymorphisms with somatic cell score in Xinjiang Brown cattle[J]. Anim Sci J, 2012, 83(1):23-30.
- [40] YUE X, LI R, LIU L, et al. When and how did *Bos indicus* introgress into Mongolian cattle[J]. Gene, 2014, 537(2):214-219.

## Progress of Molecular Breeding Technology and Current Situation of Molecular Breeding in Xinjiang Beef Cattle

MA Yi-cheng<sup>1,2</sup>, YUAN Li-xing<sup>1,2</sup>, YE Zhi-bing<sup>1,2</sup>, CUI Fan-rong<sup>1,2</sup>,  
YAN Xiang-min<sup>1,2</sup>, ZHOU Zhen-yong<sup>1,2</sup>, LI Hong-bo<sup>1,2\*</sup>

(1. Institute of Animal Science, Xinjiang Academy of Animal Science, Urumqi, Xinjiang, 830000 China;  
2. Xinjiang Beef Cattle Engineering Technology Research Center, Urumqi, Xinjiang, 830000 China)

**Abstract:** The development of economy and society has raised people's requirements for beef economy and meat quality, so it is increasingly important to cultivate beef cattle breeds with better growth and production performance. With the progress of molecular biology technology, animal breeding has gradually developed from phenotypic trait research to gene regulation. Through marker-assisted selection, target traits can be selected more quickly and accurately. Molecular breeding technology has been widely used because it improves the breeding efficiency and reduces the cost of varieties, and the excellent traits of offspring are more stable. At present, the application of molecular breeding in Xinjiang beef cattle is relatively limited, mostly staying in the theoretical research stage, and there are some problems such as insufficient funding and small breeding farms, and difficulty in obtaining sufficient samples. This article comprehensively elaborates on the overview of molecular breeding, the research progress of molecular breeding in beef cattle and the current situation of molecular breeding in Xinjiang beef cattle, aiming to provide certain ideas and theoretical basis for Xinjiang beef cattle molecular breeding work.

**Key words:** beef cattle; molecular breeding; marker-assisted selection; genetic character