

云岭牛基因组研究进展

魏再超^{1,2}, 杨林楠¹

(1. 云南农业大学大数据学院, 昆明 650000; 2. 保山学院大数据学院, 保山 678000)

摘要: 为了研究云岭牛基因组研究进展情况, 本文综述了云岭牛遗传多样性研究、云岭牛基因与其性状、环境适应性、肉质及性情研究进展情况, 并对云岭牛基因组研究进行总结和展望, 以期云岭牛基因组研究及云岭牛培育、遗传改良提供参考。

关键词: 云岭牛; 基因组; 培育; 遗传改良

中图分类号: S823

文献标识码: A

文章编号: 1001-9111(2023)04-0061-06

牛是一种多用途的家畜, 在畜牧业发展中占有重要地位, 在国民经济发展中有着十分重要的意义。牛除了生产营养丰富的乳、肉外, 还有皮、毛、骨、血和内脏等为轻工业和医药工业提供了原料。

云岭牛(Yunling cattle)是云南省草地动物科学研究院在2014年申报通过的国家肉牛新品种, 是继夏南牛、延黄牛、辽育白牛后, 我国自主培育的第四个肉牛品种, 是我国第一个通过三元杂交方式培育的品种, 选用婆罗门牛(Brahman)、莫累灰牛(Murray Grey)和云南黄牛(Yunnan Yellow cattle)3个品种杂交后经横交选育, 历经31年精心培育的瘤牛型肉牛品种^[1]。云岭牛体型中等, 被毛短而细密, 以黄、黑为主(分别为46.4%和42.3%), 少量灰毛及其它; 各部结合良好, 细致紧凑; 后躯和臀部肌肉丰满。头稍小, 多数无角(73.1%); 眼明有神; 耳稍大, 横向舒张; 颈中等长。公牛胸部、腹部垂皮较为发达, 肩峰明显, 背腰长, 胸宽深; 公牛脐垂尤为发达; 母牛肩峰稍有隆起, 胸垂较云南黄牛发达, 乳房匀称、乳静脉明显, 乳头大小适中, 被毛细致。四肢较长, 蹄质坚实, 尾细长^[2]。

云岭牛是国内肉牛品种中对自然生态环境适应性最强的肉牛品种之一, 能够适应热带亚热带气候环境, 且在高温高湿条件下表现出较好的繁殖能力和生长速度; 云岭牛有较强的耐粗饲能力, 适宜于全放牧、放牧加补饲、全舍饲等饲养方式, 对体内外寄生虫等有较强的抵抗力。对云岭牛、安格斯牛、西门塔尔牛、短角牛和婆罗门牛的血液组胺浓度与牛蝇

感染量、TLR(Toll样受体)基因多态与血液组胺浓度的关系、TLR基因多态性与牛抗蝇能力的关系进行研究, 表明云岭牛有极强的耐热抗蝇能力, 与婆罗门牛相当^[2]。云岭牛高档雪花牛肉生产试验表明, 至30月龄活重(阉牛)为 638.02 ± 58.65 kg, 屠宰率 $65.81 \pm 6.05\%$, 净肉率 $41.07 \pm 2.40\%$ (除去脂肪重), 眼肌面积(12~13肋) 85.7 ± 8.8 cm², 肉骨比 4.71 ± 0.59 ; 高档肉块(牛柳、上脑、眼肉、西冷)占活重的7.4%。按照日本和牛肉分割与定级标准, 70%个体的肉品质达到A3以上等级, 口感惬意、多汁、滋味好, 可与日本神户牛肉相媲美^[2]。

云岭牛生长快、报酬高、能生产高档雪花牛肉, 已经被养殖业和众多养牛户认可, 饲养地区和饲养数量都在逐年增加。本文对云岭牛遗传多样性、基因与生长性状、环境适应性、肉质等研究进展进行了综述、总结和展望, 以期云岭牛基因组研究及云岭牛培育、遗传改良提供参考。

1 云岭牛基因遗传多样性研究进展

云岭牛染色体数目为 $2n = 60$, 公牛核型为60, XY; 母牛核型为60, XX。其中1-29号染色体全部为端着丝粒染色体, X染色体为亚中着丝粒染色体, Y染色体为一较小的端着丝粒染色体, Y染色体为瘤牛型的Y染色体。云岭牛继承了其终端父本婆罗门牛的Y染色体, 其核型与婆罗门牛一致。云岭牛与普通牛、瘤牛、牦牛的染色体数目一样($2n = 60$), 而与东南亚丛林的大额牛、云南野牛、泰国野

收稿日期: 2023-03-06 修回日期: 2023-03-28

基金项目: 云南高原优质肉牛产业智慧管理研究与示范(云南省重大专项, 编号: 202102AE090009)

作者简介: 魏再超(1982—)男, 副教授, 研究方向: 生物信息。

* 通讯作者: 杨林楠(1964—)男, 教授, 研究方向: 大数据。

牛相差较大。云岭牛染色体 G 带明暗相间,与其他牛品种间的带纹特征差异还需进一步研究^[3]。

和占星等^[4]克隆云岭牛 *MSTN* 基因外显子 2 的序列,以期分析其遗传变异,通过 PCR 扩增,对 PCR 产物克隆得到云岭牛 *MSTN* (肌肉生长抑制素, myostatin) 基因 exon 2 序列为 372 bp, 编码 124 个氨基酸残基,云岭牛、瘤牛、大额牛 (*Bos frontalis*) 的氨基酸序列一致。构建的牛亚科几个物种之间的系统发育关系表明,含有瘤牛血统的云岭牛与瘤牛的关系较近,云岭牛 *MSTN* 基因外显子 2 长度为 372 bp, 系统聚类分析表明云岭牛含有瘤牛血统和典型的瘤牛特征。李芳玉^[5]采集了 129 头云岭牛和 31 头婆罗门牛 (对照) 耳组织样本,利用二代测序技术对线粒体 DNA 基因组进行测序,并对云岭牛的遗传多样性以及母系起源进行探讨,基于线粒体 DNA 全基因组分析,在 129 头云岭牛中共发现 47 种不同的单倍型,其单倍型多样性为 0.964 ± 0.007 , 核苷酸多样性为 0.00784 ± 0.00013 , 说明云岭牛具有丰富的遗传多样性;系统发育分析结果表明,云岭牛有普通牛和瘤牛 2 个母系起源。聚类显示云岭牛线粒体 DNA 基因组包括普通牛 T1、T2、T3、T4、T6 和瘤牛 I1、I2 共 7 个单倍型组,其中瘤牛 I1 单倍型组占比最大 (41.86%), 其次是普通牛 T3 单倍型组 (28.68%)。同时在云岭牛中发现了一个新单倍型组 T6, 推测可能与云南地方黄牛复杂的起源有关。Xia 等^[6]研究了中国牛的遗传多样性和父系起源,分析了 34 个中国牛品种/群体中的 Y-SNPs (UTY19 和 ZFY10) 和 Y-STR (INRA189 和 BM861) 的多态性,研究收集了 24 个牛品种/群中的 606 个代表性的雄性,以及之前公布的 302 头公牛的数据。组合基因型数据确定了 14 个 Y 染色体单倍型,代表三个单倍型组。对 31 头云岭牛进行分型,单倍型 Y3-88-156 有 23 头, Y1-98-158 有 8 头。Chen 等^[7]通过基因组水平的主成分分析、邻接树构建和祖先估计方法比较云岭牛基因组和云岭牛祖先品种基因组以推断云岭牛的全局祖先比例,使用 RFmix 软件推断云岭牛的局部祖先比例,并使用卡方检验比较局部和全局的祖先比例,以获得云岭牛中某一祖先过量片段。对 131 头云岭牛和 31 头婆罗门牛进行了全基因组测序比对到牛参考基因组 (ARS-UCD1.2)。云岭牛的核苷酸多样性低于婆罗门牛、安格斯牛、皖南牛、文山牛和滇中牛;从全局祖先来看,云岭牛含有 44% 的欧洲普通牛、48% 的印度瘤牛和 8% 的中国瘤牛血统;从局部祖先来看,在云岭牛基因组中,部分欧洲普通牛源、印度瘤牛源和中国瘤牛源的单倍型比例显著高于全基因组水平,从而证实云岭牛充分利用了这 3 种牛血统的优点,具有生长快、免

疫性强和适应性广的特点。

2 云岭牛基因与性状关联性研究进展

基因突变往往会引起遗传信息改变,从而使生物性状改变。武秀香等^[8]对云岭牛钙蛋白酶 1 (CAPN1) 基因进行研究,发现钙蛋白酶 1 (CAPN1) 基因 DNA 序列中的 2 个突变位点 A4558G 和 C4684T, 分别检测到 AA/AG/GG 和 CC/CT/TT 3 种基因型,优势基因分别为 A 和 G。效应分析结果表明, A4558G 多态对骨重、胴体产肉率及肉骨比性状效应显著 ($P < 0.05$), C4684T 多态对宰前活重、净肉重、胴体重、头重、骨重、前蹄重、网膜油重及肠系膜油重性状效应显著 ($P < 0.05$)。研究认为 CAPN1 基因可以作为肉牛胴体性状的主效基因或与主效基因相连锁的一个标记。李世鹏等^[9]探索了高迁移率蛋白 2 (high mobility group AT-hook 2, HMG2) 基因插入缺失 (InDel) 多态与云岭牛体尺性状的关联性,以 356 头云岭牛为实验对象,采用 PCR 扩增、聚丙烯酰胺凝胶电泳和 Sanger 测序的方法检测 HMG2 基因的遗传变异,对其 InDel 多态性与云岭牛体尺性状进行了关联分析,结果发现,在 HMG2 基因的 ARS-UCD1.25:47872723 位点存在 15 bp 缺失,并根据缺失的类型,分为野生型 (II)、杂合型 (ID)、突变型 (DD) (I: insertion, D: deletion), 这 3 种不同的基因型所对应的个体,在腹围性状方面存在显著差异,而在其他的体尺性状上则不存在显著差异。因此,可以把 HMG2 基因此位点 InDel 多态作为云岭牛腹围性状选择的候选分子标记,应用于肉牛新品种的标记辅助培育。多形性腺瘤基因 1 (PLAG1) 属于锌指转录因子中的 PLAG 基因家族。Zhou 等^[10]研究了来自 37 个品种的 1354 个个体的 PLAG1 基因的 19-bp InDel 多态性分布情况。结果显示有三种基因型及两个等位基因 (W, 366 bp; D, 347 bp)。从北方牛到南方牛,等位基因 W 的频率逐渐减少,同时等位基因 D 的频率相反,这个 indel 的多态性与中国牛品种的区域分布有关。选择具有混合遗传背景的云岭牛来研究 19-bp InDel 对牛身体尺寸的遗传影响,统计分析表明, PLAG1 基因与云岭牛身体高度、交叉高度、胸围显著相关。研究认为 PLAG1 基因是一个高效的性状标记,可以作为牛育种的候选分子。Chen 等^[11]对 131 头云岭牛的全基因组序列的常染色体单核苷酸多态性 (SNPs) 与 15 个体型性状进行了全基因组关联研究 (GWAS), 确定了 20 个重要基因座,涉及 18 个候选基因。对于坐骨宽度,最显著的 SNP 被分配给 *LCORL*, 一个著名的控制体型的基因。对于胸部宽度,最显著的 SNP 位于 *BMP5* 上游, *BMP5* 是参与骨和软骨发育

的蛋白质转化生长因子 β 超家族的分泌配体。研究为利用 GWAS 和选择性信号对体型变异和选择的遗传提供了新见解。

拷贝数变异 (CNV) 通过改变相关基因的转录及翻译水平能影响基因的功能甚至个体的表型性状,在物种的进化中也发挥重要作用。Yang 等^[12]通过 qPCR 检测了来自云岭、平安、西安和秦川四个牛品种的 672 个个体的 *SYT11* 基因 CNV 分布,研究了 CNV、基因表达与生长性状的关系。结果表明,多拷贝类型在所有牛品种中所占比例最大,但不同品种之间存在一定差异。正常型的基因表达高于异常复制型。*SYT11* 基因的 CNV 与云岭牛的体长、颈围、胸深、臀长和前额大小显著相关,结果表明 *SYT11* 基因的 CNV 是一个潜在的分子标记,可用于改善中国牛的生长性状。Tang 等^[13]探索 *CLCN2* 基因上的 CNVs 以及与中国四个品种的牛(云岭牛,夏南牛,秦川牛与平南牛)的生长性状联系,识别出在 *CLCN2* 上有两个 CNVs 区域 (CNV1:3600 bp, 包括外显子 2 - 11; CNV2:4800 bp, 包括外显子 21 - 22)。统计分析表明云岭牛上的 CNV1 突变与管围 (cannon circumference) 显著相关,对 *CLCN2* 基因的 CNV1、CNV2 结合管围联合分析,结果显著 ($P < 0.01$),研究结果证明 *CLCN2* 基因的 CNV1、CNV2 与云岭牛的生长性状相关,可以用做分子育种的候选标记。Yao 等^[14]在四个中国黄牛品种(云岭牛,夏南牛,秦川牛与平南牛)中发现了不同的 *NCSTN* 基因拷贝数分布,并将其与表型性状相关联。结果表明, CNV 区位于 *NCSTN* 参考基因序列 NC_0377330.1 中,从 Chr3:9345960 到 9349559 bp,共 3600 bp,每一个牛品种都有各种各样的 CNV 类型,证实了在 *NCSTN* 基因中存在 CNV 区域且 CNV 与管围周长、胸围和臀长等生长性状相关 ($P < 0.05$),尤其是对云岭牛和平南牛。Yang 等^[15]对六个不同牛品种的 *MLLT10* 基因进行高通量检测,发现 *MLLT10* 基因的拷贝数变异区域与牛的生长性状有关,相关分析表明 *MLLT10* 基因的拷贝数变异对牛生长特性臀宽、臀长、坐骨宽、管围周长等正向影响 ($P < 0.05$),研究为牛的分子辅助标记育种提供依据并有助于牛的育种。李常等^[16]对云岭牛无角性状进行分子鉴定,在 263 头云岭牛中,221 头牛的基因型与其无角与有角性状完全一致,分子鉴定成功率为 83.03%,还有 42 头云岭牛 (16.97%) 不能正确鉴定其无角与有角性状;可能的原因是牛无角与有角性状的基因突变都是在普通牛中鉴定出来的,瘤牛无角与有角的基因突变是否与普通牛一致,尚没有遗传学证据。因此,要完全弄清楚云岭牛无角突变的分子机制,还需要更多的深入研究。

3 云岭牛基因与其环境适应性相关研究进展

据报导本土牛苦味受体是爪哇野牛 (*Bos javanicus*) 基因渗入的结果,为确定味觉 2 受体成员 16 (*TAS2R16*) 基因从爪哇野牛到中国本土牛的渗入水平, Li 等^[17]基于 PCR 及 DNA 测序在 28 个中国本土牛及爪哇野牛品种 (包含 750 个体) 检测 *TAS2R16* 基因,探究爪哇野牛基因渗入中国本土牛的影响。结果显示两个突变等位基因在中国南方有较高频率分布,分布带有强的地理分布性。

随着全球气候变化的到来,耐热性对动物养殖生产系统变的越来越重要,高温胁迫影响动物生产并且造成农牧业严重经济损失。含 2 的构造蛋白 β 螺旋桨重复序列 (*TECPR2*) 基因在细胞自噬机制中发挥重要作用,细胞自噬机制将影响动物对温度的感知。Ma 等^[18]在对 25 个牛品种 (520 个个体) 中 *TECPR2* 基因上的错义突变 (XM_024981840.1:c.3989G > A p. Arg1330His) 进行基因分型,结果表明等位基因 A 的频率在从南到北的牛中呈下降模式,等位基因中 G 的频率刚好相反,与中国的气候分布一致。与 GG 基因型相比,南方的牛携带更多的 AA 及 AG 基因型。关联结果表明基因型 (GG, AG, AA) 的频率与气候参数 (平均牛温度 (T), 相对湿度 (RH), 温湿度指数 (THI)) 显著相关 ($P < 0.01$),推断 *TECPR2* 基因的 c.3989G > A 变体与中国牛的耐热特性相关,其位点可考虑做为中国牛育种的分子标记。Cao 等^[19]研究了来自 35 个牛品种的 891 个牛个体的 *MYO1A* 基因,一个在 *MYO1A* 基因上的新的错义突变 (NC_037332.1g.56390345A > G) 第一次被检测出,突变将氨基酸异亮氨酸转化为缬氨酸。进一步的分析显示,野生型等位基因 A 频率从北方到南方逐渐降低,同时突变型等位基因 G 刚好相反,这和中国多变的气候条件分布一致。此外,在基因型及四个气候因数 (年平均温度 (T), 相对湿度 (H), 温湿度指数 (THI), 年平均日照时数 (100 - cloudiness) (SR)) 之间进行关联分析。分析结果显示基因型与气候因数显著相关,研究认为新的 SNP (rs209559414) 与中国本土牛的耐热特性有关。*KRT75* 基因是 2 型上皮角蛋白基因家族成员,在毛发及指甲的形成中起关键作用,哺乳动物的毛发构象影响它的耐热性。Cai 等^[20]研究了 *KRT75* 基因上的 SNP,并进一步评估它与中国牛耐热的关系。研究使用 Bovine Genome Variation Database (BGVD) 识别出牛 *KRT75* 基因上的一个错义突变 (NC_037332.1: g.1052 T > C)。变异 g.1052T > C 在来自 22 个品种的 519 头牛中进行基因型分型。

进一步的分析显示等位基因型 T 的频率在中国本土牛中从北方组到南方组逐渐减少,等位基因 C 的频率刚好相反。同时,在南方组中基因型 CC 及 CT 的频率比 TT 型要多的多。此外,关联分析显示基因型与年温度(T),相对温度(RH)以及温湿度指数(THI)显著相关($P < 0.01$)。研究结果表明 *KRT75* 基因是与中国牛热胁迫相关的候选基因。热应激因子 1(*HSF1*) 基因是热应激反应的调节器,最大化 HSP 蛋白表达存活。Rong 等^[21] 研究了中国牛的 *HSF1* 基因上的错义突变(NC_037341.1 g.616087A > G,rs135258919),这个突变造成氨基酸替换,缬氨酸转为丙氨酸。来自中国本土的 35 个品种及纯种普通牛(Angus)及瘤牛品种的共 941 个个体通过 PCR 及部份 DNA 测序确定突变的基因型。结果显示,在不同地区的中国牛中等位基因频率及基因型显著不同。等位基因 G 或瘤牛特定的等位基因频率从南到北消失,等位基因 A(基因型 AA)或称无峰特定等位基因频率与之相反,这与无峰、有峰牛的分一致。根据关联分析($P < 0.01$),牛 *HSF1* 基因 NC_037341.1 g.616087A > G(rs135258919)与年温度(T)、相对温度(RH)、温湿度系数(THI)密切相关,表明 *HSF1* 基因 NC_037341.1 g.616087A > G(rs135258919)与瘤牛的耐热性相关。

在长期的适应性进化过程中,高原动物往往对高海拔环境条件具有独特的适应性。内皮 PAS 结构域含蛋白 1(*EPAS1*) 在缺氧诱导因子(HIF)通路中起关键作用,并已发现与安格斯牛的高海拔肺动脉高压相关。白细胞介素 37(*IL37*) 是天然免疫的基本抑制剂,最近的一项研究表明,它从牦牛渗入藏牛,这可能有助于牛更好地适应缺氧环境。此外,真核转录延伸因子 1(*EEF1D*) 可促进 HIF-1 α 的泛素化和降解,从而提高耐缺氧能力。Guan 等^[22] 利用牛基因组变异数据库和选择性标记(BGVD)分别在 *EPAS1*、*IL37* 和 *EF1* 基因中鉴定了三种新的错义突变(NC_037338.1:c.1085C > T;p. Pro362Leu、NC_027338.2:c.289C > T;p. Arg97Cys 和 NC_1037341.1:c.574C > T;p. Arg192Trp)(<http://animal.nwsuaf.edu.cn/code/index.php/BosVar>),这些 SNP 在中国的分布以及之前的研究支持了它们与高海拔适应的关联。

细胞粘附分子伴侣蛋白 1(*SDK1*) 基因属于免疫球蛋白超家族,据报导与抗病有关。Wan 等^[23] 研究了中国本土牛 *SDK1* 基因突变(XM_015469413.1:c.2678 A > G;p. Asp893Gly)的等位基因频率分布以及它与抗病的关联。研究使用 PCR 及 DNA 测序方法探索来自 27 个中国本土牛品种的 542 个个体的错义突变(XM_015469413.1:c.2678 A > G;p.

Asp893Gly)等位基因频率,研究表明牛群突变等位基因(G)的频率从南方到北方逐渐降低,同时野生型等位基因 A 刚好相反,与中国瘤牛与普通牛的分一致。结果证实在中国牛上的 *SDK1* 可能是与抗病有关的候选基因。

4 云岭牛肉质相关基因研究进展

随着经济的快速发展,中国消费者对牛肉的需求量和质量都在不断增加,因此探索牛肉肉质调控的遗传机制对于满足日益增长的牛肉生产需求具有重要意义。Meng 等^[24] 研究调查了云岭、文山和西门塔尔三个 12 个月龄的牛品种,牛被分为三组($n = 5$ /种),测量体重、体型和血浆激素水平。文山牛的体重、身高、体斜长、胸围、臀围和臀围等体型指标均显著低于云岭牛和西门塔尔牛($P < 0.05$)。云岭牛和西门塔尔牛的这些指标没有显著差异($P > 0.05$)。在 18 个月龄时屠宰牛,然后在 0、1、2、3、5 和 7 天测量肉色、pH 值、压榨损失、肌肉嫩度和烹饪损失。数据显示,所分析的三个品种的肉质存在差异。基于转录组序列和生物信息学分析,观察到 3 198 个与脂肪质量相关的差异表达基因,其中 1 750 个基因上调,发现了两条与肉质密切相关的重要信号通路,即脂肪细胞因子信号通路[如瘦素受体(LEPR)]和内质网中的蛋白质加工[如信号转导和转录激活因子 3(*STAT3*)、热休克蛋白(*HSPA12A*)和钙蛋白酶 1(*CAPN1*)]。通过基因表达水平和剪切力之间的相关性分析,确定了两个与肉质相关的功能基因(如 *HSPA12A* 和 *CAPN1*),该研究为调节中国本地牛肉质的新靶点和潜在机制提供了新的视角。

牛肉大理石纹评分(MS)是牛的一个重要经济性状。先前的结果表明,在日本黑牛和韩国牛中,*AKIRIN2* 基因的单核苷酸多态性(c.188G > A)与 MS 相关。Zeng 等^[25] 使用聚合酶链式反应(PCR)和 DNA 测序检测了 39 个中国牛品种、一个半野生牛品种(独龙)和三个引进牛品种(安格斯、荷斯坦和布拉曼)的 1296 个个体的。研究发现,在中国牛中该变异位点(*AKIRIN2*;c.188G > A)中存在三种基因型(GG,GA,AA),该位点的 A 等位基因频率从北到南减少,云岭牛 GG 基因型为 90%。王文强^[26] 以云岭牛和文山牛的背最长肌组织为实验材料,以西门塔尔牛的背最长肌组织为对照,比较不同牛品种的肉品质的差异,利用甲基化修饰依赖性内切酶测序法和亚硫酸氢盐测序技术分析比较不同品种牛背最长肌的甲基化图谱,分析甲基化对不同品种牛肌肉肉质的调控影响。背最长肌肉品质测定结果表明,牛肉中 pH 值和失水率在云岭牛、文山牛和西门

塔尔牛之间差异不显著($P > 0.05$),云岭牛和文山牛的脂肪百分含量显著高于西门塔尔牛($P < 0.05$),西门塔尔牛的蛋白质含量显著高于文山牛($P < 0.05$)。不同牛品种之间比较,以西门塔尔牛为对照组,在云岭牛肌肉组织中共检测到39个甲基化差异基因,在文山牛肌肉组织中共检测到123个甲基化差异基因,以文山牛为对照组,云岭牛肌肉组织中共检测到104个甲基化差异基因,只有一个差异基因(*ALDH3A1*)在西门塔尔牛、文山牛和云岭牛之间甲基化水平均显著差异。

不同肉牛品种的肌内脂肪(IMF)含量和脂肪酸(FA)组成差异显著,对牛肉的味道和营养价值起着重要作用。然而,这些表型差异背后的分子机制仍然未知。ZHANG等^[27]研究比较了云岭牛和中国西门塔尔牛的肉质性状,与西门塔尔牛相比,云岭牛背最长肌中的单不饱和脂肪酸(MUFA)含量和比例较低,饱和脂肪酸、多不饱和脂肪酸和短链脂肪酸比例较高。为了进一步确定导致这些表型差异的候选基因和途径,使用RNA-seq测量了两个品种的背最长肌肌肉的转录组,共鉴定出1347个差异表达基因,云岭牛脂肪分解基因(*ALDH9A1*、*ACSL5*、*ACADM*、*ACAT2*、*ACOT2*)的表达较高,而糖代谢相关基因(*PGMI*、*GALM*、*PGMI*、*GPI*、*LDHA*)的表达较低。研究确定了肉牛背最长肌肌肉中IMF含量和FA组成的候选基因和途径,有助于设计新的选择策略以改善肉质。

5 云岭牛性情相关基因研究情况

牛的性情是指人为操作和环境适应所引起牛的一系列复杂反应的总称。由于性情与生产效率、劳动安全和动物福利相关,但牛性情性状难以度量,因此其背后潜在的遗传机制研究还处于起步阶段。

陈秋明等^[28-29]以婆罗门牛和云岭牛为对象,测试了211头牛的逃离距离、361头牛的挤压得分和逃离速度、157头牛的5项神经递质浓度、234头牛的15个旷场性状和14个新物体性状,测试的个体之间存在较大的交集,并对其中测试的31头婆罗门牛和131头云岭牛进行了全基因组测序。对逃离反应性状进行GWAS分析,发现9个关联的基因座位,涉及5个与认知相关的基因(*LOC789753*、*LRP6*、*CTIF*、*SLC9A9*、*ZEB1*)、1个与突触粘附相关的基因(*CDH8*)及1个GABA受体基因(*GABRG2*);通过对神经递质浓度进行GWAS分析,发现20个关联的基因座位,涉及18个基因,包括与多巴胺合成相关的*PCCA*、与多巴胺转运相关的*SLC18A2*、与谷氨酸释放相关的*MCHR1*、与谷氨酸转运相关的*SLC6A9*及与促肾上腺皮质激素释放相关的*HTRIF*;通过对旷场测试和新物体测试性状

进行GWAS分析,分别发现37个和29个显著的基因座位。旷场测试和新物体测试第一主成分最显著的信号分别位于*SORCS3*(神经元受体)和*SESTDI*(突触蛋白)基因座位。该研究发现的一些重要性候选基因,为将来研究动物性情性状的基因突变奠定了基础。Shen等^[30]使用来自全基因组序列的常染色体单核苷酸多态性(SNPs)对牛的一系列时间性状进行了全基因组关联研究,通过开放场和新对象测试进行评估。在开放场和新目标测试中分别鉴定了37个和29个基因组范围内的重要位点。基因富集分析显示,最重要的途径是神经活性配体-受体相互作用途径。基于转录组数据对18个组织特异性基因表达水平进行主成分分析,第一主成分解释了开放场和新对象测试数据中最大的方差,最显著的位点分别分配给*SORCS3*(神经元受体)和*SESTDI*(突触蛋白)基因。

6 总结与展望

云岭牛适应中国南方热带亚热带气候,性成熟早、早期生长快、饲料报酬高、能生产高档雪花牛肉等特点,已被养殖企业和广大养牛户所认可,饲养数量和饲养地区逐年增加。从气候条件上讲,云岭牛推广应用的范围比较广泛,温带至热带均适宜其生长繁殖和发育,对于南方高温高湿地区更是首选品种,其生产性能及适应性符合我国南方肉牛业发展和市场需要^[31]。

当前对云岭牛基因组的研究主要关注云岭牛基因遗传多样性、基因变异与生长性状关系、基因变异与环境适应性关系。关于云岭牛基因组染色体尺度的端到端粒的基因组组装注释未见报道,可通过最新测序技术及组装方法,进行高质量基因组组装注释,获得完整的云岭牛基因信息,为进一步研究云岭牛提供重要的基因组数据^[32]。

肌内脂肪沉积(Intramuscular fat, IMF)形成的大理石花纹影响牛肉的嫩度、风味和多汁性,是牛肉食用品质的重要决定因素,受体内多种基因及调控因子的影响,明确肉牛肌内脂肪沉积的机理,对高档牛肉产业的发展具有重要意义^[33]。文献报道与脂肪沉积有关的主要基因有心脏脂肪酸结合蛋白基因(*Heart fatty acid binding protein, H-FABP*)、脂肪型脂肪酸结合蛋白基因(*Adipocyte fatty acid binding protein, A-FABP*)、脂联素基因(*Adiponectin, ADPN*)、黑素皮质受体-4基因(*Melanocortin receptor-4, MC4R*)^[34]。研究发现在日本黑牛*A-FABP*基因的一个多态位点对肌内脂肪有显著影响^[35];在秦川牛研究中发现,秦川牛*A-FABP*基因5'-非编码区第1内含子和第4外显子存在SNP位点,这些SNP位点与牛肉肌内脂肪含量有关,普遍认为脂肪型脂肪酸结合

蛋白基因多态性对牛的肌肉脂肪沉积影响显著^[36],可对云岭牛肌肉脂肪沉积基因,特别是 *A-FABP* 基因变异情况进行研究,将其作为分子育种标记。进一步可基于全基因组重测序技术获得某云岭牛群体各亚群的基因组,得到大量的 SNP、InDel 和 CNV 等变异信息,研究云岭牛群体的遗传结构、驯化机制、种群历史以及群体进化动态等问题。

参考文献:

- [1] 黄必志. 云岭牛:从“高科技牛”到“扶贫牛”[J]. 中国畜牧业, 2021(14):22-24.
- [2] 黄必志,王安奎,金显栋等. 云岭牛新品种的选育[C]//. 第九届(2014)中国牛业发展大会论文集. 2014:127-137.
- [3] 亏开兴,杨凯,何文惠等. 云岭牛染色体 G 带分析[J]. 中国草食动物科学,2016,36(04):8-10.
- [4] 和占星,亏开兴,张继才等. BMY 牛 MSTN 基因 exon2 克隆及序列分析[J]. 中国牛业科学,2013,39(04):1-5.
- [5] 李芳玉. 云岭牛线粒体 DNA 全基因组遗传多样性研究[D]. 杨凌:西北农林科技大学,2020.
- [6] XIA X, YAO Y, LI C, et al. Genetic diversity of Chinese cattle revealed by Y - SNP and Y - STR markers[J]. Animal Genetics, 2018, 50(1).
- [7] CHEN Q, ZHAN J, SHEN J, et al. Whole-genome resequencing reveals diversity, global and local ancestry proportions in Yunling cattle[J]. Anim Breed Genet. 2020, 137:641 - 650.
- [8] 武秀香,杨章平,毛永江等. 牛 CAPN1 基因遗传变异及其对胴体性状的效应分析[J]. 安徽农业科学,2015,43(29):54-56.
- [9] 李世鹏,汪富文,史颖超等. 云岭牛 HMGA2 基因 InDel 多态及其与生长性状的关联分析[J]. 河北大学学报(自然科学版), 2020,40(04):421-426.
- [10] ZHOU, HUANG, LAI, et al. The Distribution Characteristics of a 19-bp Indel of the PLAG1 Gene in Chinese Cattle[J]. Animals, 2019, 9(12):1082.
- [11] CHEN Q, ZHAN J, WANG J, et al. Whole-genome analyses identify loci and selective signals associated with body size in cattle[J]. Journal of Animal Science, 2020.
- [12] YANG H, YUE B, YANG Y, et al. Distribution of Copy Number Variation in SYT11 Gene and Its Association with Growth Conformation Traits in Chinese Cattle[J]. Biology, 2022, 11, 223.
- [13] TANG J, SHEN X, YANG Y, et al. Two Different Copy Number Variations of the CLCN2 Gene in Chinese Cattle and Their Association with Growth[J]. Traits. Animals, 2022, 12, 41.
- [14] YAO Y F, SHI J L, WANG X W, et al. The combination between NCSTN gene copy number variation and growth traits in Chinese cattle[J]. Animal Biotechnology, 2020, 32:683-687.
- [15] YANG P, ZHANG Z, XU J, et al. The Association of the Copy Number Variation of the MLLT10 Gene with Growth Traits of Chinese Cattle[J]. Animals: an Open Access Journal from MDPI, 2020, 10(2).
- [16] 李常,王宁,刘玉香等. 云岭牛无角性状的分子鉴定与应用[J]. 中国牛业科学,2020,46(03):22-24.
- [17] LI F Q, ZHANG J C, QU S L, et al. TAS2R16 introgression from banteng into indigenous Chinese cattle[J]. Animal Biotechnology, 2021. DOI:10. 1080/10495398. 2021. 2018334.
- [18] MA X H, LIU Y K, SUN L Y, et al. A novel SNP of TECPR2 gene associated with heat tolerance in Chinese cattle[J]. Animal Biotechnology, 2021. DOI: 10. 1080/10495398. 2021. 2011305.
- [19] CAO Y H, JIA P, WU Z Y, et al. A novel SNP of MYO1A gene associated with heat-tolerance in Chinese cattle[J]. Animal Biotechnology, 2020, 1 837 147.
- [20] CAI C, HUANG B, QU K, et al. A novel missense mutation within KR175 gene strongly affects heat stress in Chinese cattle[J]. Gene, 2020, 768(2):145-294.
- [21] RONG Y, ZENG M, GUAN X, et al. Association of HSF1 Genetic Variation with Heat Tolerance in Chinese Cattle[J]. Animals, 2019, 9(12):1027.
- [22] GUAN X, HAN Q, LI F Y, et al. The three missense mutations of EPAS1, IL37 and EEFD genes associated with high-altitude adaptation in Chinese cattle[J]. Anim Genet. 2020, 516):987-988.
- [23] WAN P, YANG X Y, LI Y L, et al. The distribution of a missense mutation in SDK1 gene across native Chinese breeds[J]. Animal-Biotechnology, 2021, 1 974 467.
- [24] MENG X, GAO Z, LIANG Y, et al. Longissimus Dorsi Muscle Transcriptomic Analysis of Simmental and Chinese Native Cattle Differing in Meat Quality[J]. Frontiers in Veterinary Science, 2020, 7.
- [25] ZENG M F, QU K X, LIU J Y, et al. Distribution of the variant at AKIRIN2:c. *188G>A in Chinese cattle[J]. Animal Biotechnology, 2020, 1 803 341.
- [26] 王文强. 云岭牛和文山牛背最长肌肉质特性及 DNA 甲基化分析[D]. 扬州:扬州大学,2017.
- [27] ZHANG H M, XIA H L, JIANG H R, et al. Longissimus dorsi muscle transcriptomic analysis of Yunling and Chinese simmental cattle differing in intramuscular fat content and fatty acid composition[J]. Genome, 2018, 61(8):549-558.
- [28] 陈秋明. 云岭牛和婆罗门牛性情性状的 GWAS 研究[D]. 杨凌:西北农林科技大学,2020.
- [29] CHEN Q, QU K, MA Z, et al. Genome-Wide Association Study Identifies Genomic Loci Associated With Neurotransmitter Concentration in Cattle[J]. Frontiers in Genetics, 2020, 137:641-654.
- [30] SHEN J F, CHEN Q M, ZHANG F W, et al. Genome-wide association study identifies quantitative trait loci affecting cattle temperament[J]. Zoological Research, 2022, 43(1):14-25.
- [31] 邓俊,许文坤,刘艺端等. 云南省地方牛遗传资源介绍[J]. 云南农业, 2020(11):80-81.
- [32] CHEN Y, ZHANG T, XIAN M, et al. A draft genome of Drung cattle reveals clues to its chromosomal fusion and environmental adaptation[J]. Commun Biol, 2022, 5(353).
- [33] 金显栋,杨凯,王安奎等. 云岭牛高档牛肉主要营养成分和氨基酸含量分析及评价[J]. 中国草食动物科学, 2016, 36(06):21-24.
- [34] 杜学海. 影响肉牛肌肉脂肪沉积因素及相关基因的研究进展[J]. 现代畜牧兽医, 2020(12):54-57.
- [35] 吕亚宁,叶文文,兰旅涛. 牛肌肉脂肪沉积影响因素及相关基因研究进展[J]. 中国草食动物科学, 2019, 39(04):55-57.
- [36] 余横伟,桂林生,胡言等. 秦川肉牛 FABP3 及 FABP4 基因 SNP 与肉质性状的关联性[J]. 西北农林科技大学学报(自然科学版), 2018, 46(03):1-15.

- [J]. *Nutrients*, 2022, 14(11):2308.
- [14] XIONG H H, LIN S Y, Chen L L, et al. The Interaction between Flavonoids and Intestinal Microbes: A Review [J]. *Foods*, 2023, 12(2):320.
- [15] BAKY M H, ELSHAHED M S, WESSJOHANN L A, et al. Interactions between dietary flavonoids and the gut microbiome: A comprehensive review. [J]. *The British journal of nutrition*, 2021, 128(4).
- [16] CAO X, GUO X, FANG X, et al. Effects of Poncirin, a Citrus Flavonoid and Its Aglycone, Isosakuranetin, on the Gut Microbial Diversity and Metabolomics in Mice. *Molecules* [J]. 2022, 27(11):36-41.
- [17] CHENG P S, JIAN K Y, JING Y, et al. The study of inhibitory effect of natural flavonoids toward β -glucuronidase and interaction of flavonoids with β -glucuronidase [J]. *International Journal of Biological Macromolecules*, 2020, 143:349-358.
- [18] 刘瑞雪, 褚秀玲, 苏建青. 黄酮类化合物的提取及其在畜牧生产上的应用 [J]. *饲料研究*, 2021, 44(03):127-130.
- [19] 王强, 张乃锋, 崔凯等. 植物乳杆菌和苦荞黄酮及其复合物对断奶仔猪生长性能、营养物质消化率及血清指标的影响 [J]. *动物营养学报*, 2018, 30(01):170-179.
- [20] 张宏玲, 王奔. 沙棘黄酮对早期断奶仔猪生长性能的影响 [J]. *家畜生态学报*, 2022, 43(09):28-31.
- [21] SHEHATA AA, YALCIN S, LATORRE JD, et al. Probiotics, Prebiotics, and Phytochemical Substances for Optimizing Gut Health in Poultry. *Microorganisms* [J]. 2022, 10(2):395.
- [22] 门奎练, 陈飞. 植物黄酮化合物在反刍动物中的应用进展 [J]. *中国饲料*, 2020, 668(24):5-8.
- [23] GEBICKI JM, Nauser T. Fast Antioxidant Reaction of Polyphenols and Their Metabolites [J]. *Antioxidants*. 2021, 10(8):1297.
- [24] 袁福汉, 张惠民, 崔善民, 潘群山, 贾金涛, 梁仰止. 草药羊红膈治疗仔猪白痢的试验报告 [J]. *家畜传染病*, 1980(03):30-33.
- [25] SU W, LI Z, GONG T, et al. An alternative ZnO with large specific surface area: Preparation, physicochemical characterization and effects on growth performance, diarrhea, zinc metabolism and gut barrier function of weaning piglets [J]. *Science of the Total Environment*, 2023(882):1404-1416.
- [26] 赵磊. 仔猪白痢的流行病学、临床症状、剖检变化和防治措施 [J]. *现代畜牧科技*, 2021(08):141-142.
- [27] HAN Q, ZHANG X, NIAN H, et al. Artificial rearing alters intestinal microbiota and induces inflammatory response in piglets [J]. *Frontiers in Microbiology*, 2022(13):56-58.
- [28] LYNEGAARD J C, Kjeldsen N J, Bache J K, et al. Low protein diets without medicinal zinc oxide for weaned pigs reduced diarrhea treatments and average daily gain [J]. *Animal*, 2021, 15(1):.
- [29] 刘瑞, 泰刚, 裴晓丽等. UPLC 法测定羊红膈药材中 9 个活性成分的含量 [J]. *药物分析杂志*, 2020, 40(6):1097-1103.
- [30] 袁福汉. 对草药羊红膈的初步认识 [J]. *兽医科技资料*, 1978(3):43-46.
- [31] 李瑞霞. 中草药饲料添加剂应用中存在问题及对策 [J]. *中兽医学杂志*, 2021(1):88-90.
- [32] 吴蕾. 减抗背景下中草药在饲料方面的应用及存在问题 [J]. *中国畜牧杂志*, 2020, 56(10):190-193.
- [33] 孙禹, 王金鑫, 任道全. 中草药添加剂在家禽生产中的研究进展 [J]. *饲料研究*, 2023, 46(2):136-139.

Research and Application of Pimpinella Thellungiana Wolff in Livestock Breeding

HUI Kai-yun¹, MA Yun-hu¹, TIAN Jia-hui², HU Jian-hong², ZHU Xin-xi¹, LIANG Guo-dong¹

(1. Zhongkang Livestock Breeding Company in Dali County, Dali, Shaanxi 715100; 2. Northwest A&F University, Yangling, Shaanxi 712100)

Abstract: Pimpinella thellungiana Wolff has the functions of regulating the spleen and stomach, calming liver, tonifying kidney and repairing the body. It can promote gastrointestinal digestion and absorption, and is a highly valuable Chinese herbal medicine. This paper mainly introduces the composition, function and application of Pimpinella thellungiana Wolff in livestock breeding, and discusses the existing problems, aiming to make a reference for the application of Pimpinella thellungiana Wolff as a feed additive instead of antibiotics in animal husbandry.

Key words: pimpinella thellungiana Wolff; active ingredients; livestock breeding

(上接第 66 页)

Research Progress on Yunling Cattle Genome

WEI Zai-chao^{1,2}, YANG Lin-nan¹

(1. Big Data College of Yunnan Agricultural University, Kunming 650000;

2. Big Data College of Baoshan University, Baoshan 678000)

Abstract: In order to study the research progress of Yunling cattle genome, this paper reviewed the research progress of Yunling cattle genetic diversity, Yunling cattle genes and their traits, environmental adaptability, meat quality and temperament, and summarized and prospected the research of Yunling cattle genome, with a view to providing reference for Yunling cattle genome research, breeding and genetic improvement.

Key words: Yunling cattle; genome; breed; genetic improvement