



牛肌肉中的蛋白质组学研究进展

马苏芳, 杨雯晴, 张林林, 郭益文, 胡德宝, 郭宏, 丁向彬, 李新*

(天津农学院 动物科学与动物医学学院, 天津市农业动物繁育与健康养殖重点实验室, 天津 300384)

摘要:蛋白质组学的研究是生命科学进入后基因时代的特征, 它已在医学、畜牧学、食品科学以及农业等领域得到广泛的研究与应用。牛肉因其蛋白质含量高、脂肪含量少、血红素铁丰富等, 深受人们的喜爱。但目前对我国而言, 牛肉仍需要大量进口, 因此对于如何提高牛肉品质一直是我国畜牧和食品行业科研工作者不断研究的一大课题。随着基因组学的深入研究发展, 从蛋白质水平研究牛肌肉及其形成机制, 对提高牛肉品质有着重要的意义。肌肉主要是由水、蛋白质等成分构成, 其性状及品质主要是由蛋白质来表达的。因此, 研究蛋白质组学在牛肌肉中的认知对于调控牛肉的品质具有重要意义。本文主要对蛋白质组学的研究技术及其在牛肌肉中的研究做简要介绍。

关键词:蛋白质组学; 牛; 肌肉; 研究进展

中图分类号: S823

文献标识码: A

文章编号: 1001-9111(2023)06-0067-06

近年来, 人们对饮食营养的认识逐步提高, 对食材的要求也愈发严格。牛肉是中国餐桌上最常见的肉类食品之一, 与其他常见肉类食材相比, 牛肉因其蛋白质含量高、脂肪含量少、血红素铁丰富^[1], 从而广受欢迎。在家畜养殖育种方面, 选育肉质优良的肉牛品种十分关键。对肉牛养殖户来说, 具有高生长速度和高产肉率的肉牛品种是他们一直梦寐以求的, 而肌肉的品质和产肉潜能与肌纤维的生长、数量息息相关^[2]。肌肉的生长速度和产出量是动物养殖业产业链中的重要经济性状, 调控肌肉组织生长发育的生物网络错综复杂^[3], 故现代科学家将肌肉生长发育的调控机制和形成机理作为一项具有理论价值和应用价值的研究课题。

随着生物技术的飞速发展, 各种生物技术手段的应用在揭示各种生物活动和生命进程的本质及其分子机制中提供了极大的便利。目前, 蛋白质组学技术是解决众多医学和生物学问题的重要工具之一, 已被广泛应用于各种生物研究^[4]。因此, 采用蛋白质组学技术深入了解牛的肌肉发育规律等将为育种工作者提供相关的基础信息, 对于提高我国牛

的品种与牛肉品质、增加养殖业的经济效益、推进养牛业的进步发展有着重要作用。本文总结了目前常用的蛋白质组学研究技术, 并对蛋白质组学技术在牛肌肉中的研究进行了梳理、总结与展望, 以期可以更好地理解蛋白质组学的发展现状及在牛肌肉中的应用前景。

1 蛋白质组学概述

蛋白质组学 (proteomics, 又译作蛋白质体学) 是以蛋白质组为研究对象, 研究细胞、组织或生物体蛋白质组成及其变化规律的科学^[5]。这个概念最早出现在 1994 年, 是由 Marc Wilkins 首先提出的新名词, 认为蛋白组学是对“蛋白质组 (proteome)”的补充扩展^[6], 指在一个特定的时间, 一个细胞、组织或有机体中存在的全部蛋白质的表达、结构、功能、定位、相互作用和翻译后修饰进行鉴定和定量的技术, 它用来阐明一个个体的蛋白质的身份, 并了解特定蛋白质的结构和功能^[7]。

蛋白质组学本质上指的是在大规模水平上研究蛋白质的特征, 包括蛋白质的表达水平、翻译后的修

收稿日期: 2023-09-16 修回日期: 2023-09-26

基金项目: 国家自然科学基金 (31501939); 天津市自然科学基金 (16JCZDJC33300)。

作者简介: 马苏芳 (1997—), 女, 甘肃礼县人, 在读研究生, 主要从事动物遗传育种与繁殖研究。

* 通讯作者: 李新 (1982—), 女, 辽宁沈阳人, 副教授, 主要从事动物遗传育种与繁殖研究。

饰、蛋白与蛋白相互作用等,由此获得蛋白质水平上的有关于疾病发生,细胞代谢等过程的整体而全面的认识。

蛋白质组的概念与基因组的概念存在着许多差别,它可以随着组织、甚至环境状态的不同而改变。在转录时,一个基因可以由多种形式的 mRNA 剪接,而且同一蛋白也可能以不同的形式进行翻译后的修饰,因此一个蛋白质组并不是一个基因组的直接产物,甚至有时蛋白质组中蛋白质的结果与基因组中基因的结果并不完全对应。

蛋白质组学通常使用大规模、高通量、高灵敏度的技术手段来揭示生命活动的本质。几乎所有重要的生命现象,如发育、代谢、信号传导、体内能量转换、神经活动等都关联到众多蛋白质复合体的活动,也交汇于细胞蛋白质组,因而对于一些重要组织和细胞功能蛋白质组的揭示,将会广泛而深入地推动基础生命科学研究。

蛋白质组学可以被看作是分子生物学的大规模筛选技术,是研究蛋白质的最直接最有效的方法,它可以从整体的角度来分析细胞内动态变化的蛋白质组成成分、表达水平与修饰状态,了解蛋白质之间的相互作用及其之间的联系,揭示蛋白质功能与细胞生命活动的规律。

2 蛋白质组学技术

2.1 双向凝胶电泳技术

双向电泳技术是进行蛋白质组学研究的基本技术^[8],其在蛋白质组与医学研究中处于非常重要的位置,它不仅仅可用于蛋白质转录及转录后的修饰研究、蛋白质组的比较和蛋白质间的相互作用^[9],更可用于细胞分化凋亡方面的研究、致病机制及耐药机制的研究^[10-11],以及治疗疗效的监测、新药研究开发、癌症深入研究、蛋白纯度的检测、小量蛋白的纯化、新替代疫苗的研制等众多方面^[12]。

双向凝胶电泳的原理是:第一向是基于蛋白质的等电点不同用作等电聚焦分离,第二向则是按分子量的不同用于 SDS-PAGE 分离,从而把复杂蛋白混合物中的蛋白质在二维平面上分开^[13]。

近年来随着其多方面的不断改进,已成为研究蛋白质组的最常用、最关键、最成熟的技术,也是蛋白质组学研究的核心技术。

2.2 等电聚焦电泳技术

等电聚焦电泳(isoelectric focusing, IEF)技术:是 60 年代中期出现的一种利用有 pH 梯度的介质

分离不同等电点的蛋白质的电泳技术^[14]。

等电聚焦凝胶电泳依据蛋白质分子的静电荷或等其电点进行分离。在等电聚焦技术中,蛋白质分子在含有两性电解质的载体中形成的一个连续而稳定的线性 pH 梯度从而进行电泳。载体两性电解质是脂肪族多氨基多羧酸,它可以在电场中形成正极的酸性,负极则为碱性的连续的 pH 梯度。当蛋白质分子在偏离其等电点的 pH 条件下带有电荷时,就可以在电场中移动;当蛋白质迁移至其等电点位置时,其静电荷数为零,在电场中不再移动,从而使得蛋白质分离。

在等电聚焦电泳技术应用的十几年中其广泛应用于生物化学、免疫学以及其他相关领域,成为了一种具有高分辨力既能用于分析又能用于制备的电泳新技术。

2.3 生物质谱技术

生物质谱技术(mass spectrometry, MS)是蛋白质组学研究中用来鉴定、表征、定量蛋白质及其翻译后修饰(PTM)的高通量和大规模鉴定的工具,是最重要的鉴定技术^[15]。

其基本原理是:在样品的物质分子与离子化后,根据其不同离子之间的荷质比(M/E)的差异来分离并确定分子量^[16]。对于经过双向电泳技术分离的目标蛋白质首先用胰蛋白酶酶解(水解 Lys 或 Arg 的 -C 端从而形成肽键)成肽段,再对这些肽段用质谱技术进行鉴定与分析。

目前最常用的质谱技术包括两种:基质辅助激光解吸电离(MALDI-MS)和电喷雾质谱(ESI-MS)。

2.4 飞行时间质谱技术

MALDI-MS,也称为飞行时间质谱 MALDI-TOF-MS,是基于质荷比分析由多肽组分转化的离子信号,以确定多肽来自哪种蛋白质^[17],其电离方式是 Karas 和 Hillenkamp 在 1988 年提出的^[18]。MALDI 的基本原理是:将分析物分散在基质分子(尼古丁酸及其同系物)中并形成晶体,当用激光(337 nm 的氮激光)照射晶体时,基质分子吸收激光能量,样品发生解离吸附,进而使得基质与样品之间发生电荷转移使样品分子电离。它从固相标本中产生离子,并在飞行管中测定其分子量, MALDI-TOF-MS 一般用于制作肽质量指纹图谱,故此法又被称为多肽质量指纹分析^[19]。它可以非常快速(每次分析只需 3~5 min)、灵敏、精确测量到肽段的质量,但是如果在分析前对肽段不进行修饰, MALDI-TOF-MS 并不能直接给出肽片段的序列。

其广泛应用于蛋白质、DNA、磷脂、聚合物、药物及其代谢物等多种类型化合物的分析中,它已成为许多实验室中蛋白质分析的首选方法^[20-21]。

2.5 电喷雾质谱技术

ESI-MS 是利用高电场使质谱进样端的毛细管柱流出的液滴带电,在 N₂ 气流的作用下,使得液滴溶剂蒸发,表面积缩小,表面电荷密度不断增加,直至产生的库仑力与液滴表面张力达到雷利极限,液滴爆裂为带电的子液滴,这一过程不断重复使最终的液滴非常细小呈喷雾状,这时液滴表面的电场非常强大,使分析物离子化并以带单电荷或多电荷的离子形式进入质量分析器^[22]。ESI-MS 从液相中产生离子,一般说来,肽段的混合物经过液相色谱分离后,经过偶联的与在线连接的离子阱质谱分析,给出肽片段的精确的氨基酸序列以鉴定蛋白质^[23]。因 ESI-MS 具有溶剂适用性广、电离效率高、所需样品量少、质量范围宽等特点,是现如今生物大分子分析领域不可或缺的工具^[24]。

3 蛋白质组学在牛肌肉中的研究中的应用

近年来,随着人们饮食观念的改变,市场上的优质牛肉供不应求^[25],因此获得品质良好的牛肉和培育高产优良肉牛品种是中国优质牛肉生产亟待解决的问题。高生长速度和高产肉率一直是肉牛育肥中一个重要的目标。动物的产肉潜力及肌肉品质与肌纤维的数量和生长密切相关^[26],因此对肌肉进行相关的研究是必不可少的。

肌肉生长和肌肉的内在特性部分地决定了所生产的肉的数量和质量,蛋白质组学为肌肉的相关研究提供了有力的工具,以让我们了解肌肉的性质和肌肉是如何发生、发展。

3.1 在 Myostatin 及其突变体中的应用

肌肉生长抑制素(Myostatin, MSTN)也被称为生长/分化因子 8(Growth/differentiation factor 8, GDF8),是转化生长因子 β (TGF- β)超家族成员。MSTN 可以对肌细胞的增殖以及分化进行调控, MSTN 敲除后使骨骼肌纤维数量增加^[27]; Langley 等^[28]发现在过表达 MSTN 基因的 C2C12 细胞中以及将 MSTN 蛋白添加到 C2C12 细胞的培养液中均可以抑制肌细胞的分化; Kocamis 等^[29]研究表明,牛、狗、小鼠和人类体内 MSTN 基因发生突变后会导导致肌肉肥大。

在蛋白质组学上对于牛肌肉 MSTN 的研究中, Jonathan 等^[30]利用比较蛋白质组学对 MSTN 基因敲

除小鼠的骨骼肌线粒体代谢的变化进行分析发现,与野生型小鼠相比蛋白质没有发生变化。研究表明过表达 MSTN 抑制剂 FSTN 在引起小鼠产生肌肉肥大表型的同时使细胞中蛋白质的表达谱也发生了变化^[31]。研究表明利用 2-DE/MS 技术对野生型、杂合子以及纯合子(MSTN 基因失活)三种比利时蓝牛的骨骼肌组织进行比较,发现 MSTN 基因碱基的缺失导致杂合子和纯合子牛的肌肉组织中与快肌肌纤维和糖酵解相关的蛋白含量较多^[32]。李欣等^[33]利用非标定量蛋白质组学技术研究了 MSTN 基因突变 F1 代牛与野生型牛肌肉的差异蛋白质表达谱,差异表达蛋白主要集中在肌纤维组成、脂代谢调控、肌肉收缩、氧化呼吸电子传递等方面。在牛中发现 MSTN 的自然突变发生在不同的位点,且具有不同有义突变的牛均表现为骨骼肌发达,呈现双肌表型,生长速度与产肉率显著提高,并具有生理性遗传效应^[34]。

3.2 在牦牛适应高原中的应用

哺乳动物适应高海拔的机制受到越来越多的关注。由于细胞中的生物学过程最终是由蛋白质协调的,因此蛋白质组范围的研究代表了解哺乳动物适应高海拔机制的一种方式。先前的研究表明,在藏猪或人类中,细胞蛋白质丰度的改变对于适应高海拔至关重要^[35]。因此,有必要在牛肌肉中检测蛋白质整体模式的变化,以表征对高海拔的适应。之前的研究报告表明,牦牛胸最长肌(LT)的抗氧化酶活性高于腰大肌和股二头^[36]。

研究对牦牛和黄牛肌肉组织的蛋白质组学分析表明,牦牛肌肉结构蛋白有低表达的状况,差异表达的蛋白质主要涉及蛋白质结合、催化活性和结构分子活性等分子功能,表明了牦牛拥有一种更有效的细胞防御机制^[37]。对蛋白质组学的差异进行研究,结果表明牦牛为了适应高海拔地区,可能需要更多的蛋白质分解代谢和糖酵解来提供能量^[38]。

相关研究表明线粒体可以在动物体内改变其结构和功能以适应低氧环境,线粒体 DNA 和蛋白质的变化可以影响线粒体对缺氧的适应和驯化^[39]。研究表明,与黄牛相比, E3 泛素蛋白连接酶 NRDP 1(RNF41)是差异最显著的蛋白; NRDP1 和 COQ8A 在牦牛中有更高的表达水平,这些蛋白质主要参与呼吸链的电子传递和生物能量代谢,表明它们可能在低氧适应机制中发挥一定的作用。高原低氧可以调节线粒体呼吸链的活性,线粒体结构和功能的改变是动物克服低氧环境的重要机制之一,牦牛在低

氧环境中的耐力高于黄牛^[40]。

3.3 在肌生成中的应用

Picard 等^[41]在研究肌生成中的蛋白质组学时,将肌生成的发育阶段分为 4 个阶段:第一代成肌细胞的增殖、第二代成肌细胞的增殖和第一代成肌细胞的分化、成肌细胞增殖和肌管分化的结束(纤维总数(TNF)固定)以及肌管和纤维的收缩性和代谢性成熟。

研究发现,在第一阶段(60 dpc)期间最丰富的蛋白质主要对应于胚胎组织发育以及细胞生长和组织的调节。第二阶段(110 dpc),是最复杂的,它对应与增殖、分化和融合等相关的许多过程。这与该阶段存在不同细胞群的事实一致,例如分化初级肌管和增殖次级成肌细胞^[42]。参与凋亡的蛋白质在 60 和 110 dpc 也很丰富,表明增殖与凋亡平衡可能在 TNF 的确定中起作用^[43]。阶段 180 dpc 对应于肌纤维形成(TNF 从该阶段开始固定)及其成熟命运之间的过渡,一些变化表明细胞增殖减少,因此,在细胞周期调节中具有重要作用的蛋白从 180 dpc 起表现出降低的表达,属于代谢和收缩途径的蛋白亚型谱的显著变化反映了成熟增加^[44]。

3.4 在背最长肌中内脂肪沉积的应用

肌肉纤维束之间的脂质积累量对人类健康和牛肉工业特别重要,因为它有助于牛肉质量、营养含量和胴体价值。肌肉脂肪(IMF),也称为大理石纹,能影响骨骼肌中的能量代谢和胰岛素信号传导^[45],以及牛肉的嫩度、多汁性、风味和保质期(脂质和色素氧化)^[46]。IMF 沉积发生在生命的后期,随着动物接近成熟体重,肌纤维肥大减少,脂肪沉积增加,参与脂肪生成和肌生成的细胞和分子网络调节脂肪细胞和肌细胞的数量和大小之间处于动态平衡^[47]。然而,脂肪和肌肉的比例是可变的,并受遗传、年龄、性别和营养的影响^[48]。

最近的蛋白质组学研究解决了不同品种的个体之间、品种之间以及 IMF 发育的不同阶段中 IMF 沉积的差异^[49]。研究发现,参与糖酵解代谢、肌动蛋白细胞骨架信号传导、细胞-细胞粘附连接以及 MAPK 和胰岛素途径的蛋白质在细胞内表达,参与牛 LD 肌肉 IMF 沉积的重要生物学机制^[50-51]。特别地,乳酸盐似乎是反刍动物脂肪沉积的重要碳源^[52]。此外,与 IMF 相关蛋白质组变化表明肌节组织、细胞内信号转导和肌动蛋白细胞骨架的调节是 IMF 沉积改变的机制^[53]。

4 小结与展望

综上所述,蛋白质组学在牛肌肉的研究中已经取得了一定的成果。随着人们对自身健康和食品安全以及食品品质方面的要求日益提升,蛋白质组学技术已在肌肉研究的各个方面得到广泛而深度的应用。蛋白质组学受基因的调控,是蛋白表达的根源,它们参与复杂的网络调控并决定细胞功能,组织、器官和机体的生长代谢。利用蛋白质组学手段,探寻蛋白质组表达差异的原因,对影响肌肉发育的各种因素进行探索,对提高肉品品质具有重要意义。

近几年来蛋白质组的研究发展迅速,国内外各行各业的学者对其不断进行着深入研究,但其在牛肌肉方面的研究仍需进一步的深入挖掘,有更多的知识还有待我们进一步了解。因此,蛋白质组学在牛肌肉上的深入研究依旧可以说是今后的研究重点,若能对其进行更深层次的研究,可以为提高牛肉的品质等提供相关的基础育种资料。

参考文献:

- [1] 齐聪,刘佳,刘梅,等. 不同冻藏温度对牛肉品质的影响 [J]. 食品科技, 2020, 345 (7): 118-124.
- [2] HAN J Z, WANG Y B. Proteomics: present and future in food science and technology [J]. Trends in Food Science & Technology, 2008, 19 (1): 26-30.
- [3] WEINTRAUB H. The MyoD family and myogenesis: Redundancy, networks, and thresholds [J]. Cell, 1993, 75 (7): 1241-1244.
- [4] MOSIER A C, LI Z, THOMAS B C, et al. Elevated temperature alters proteomic responses of individual organisms within a biofilm community [J]. Isme Journal, 2015, 9 (1): 180-194.
- [5] WILKINS M R, WILLIAMS K L. Cross-species protein identification using amino acid composition, peptide mass fingerprinting, isoelectric point and molecular mass: a theoretical evaluation [J]. J Theor Biol, 1997, 186 (1): 7-15.
- [6] ELDAKAK M, MILAD S I M, NAWAR A I, et al. Proteomics: a biotechnology tool for crop improvement [J]. Frontiers in Plant Science, 2013, 4: 35.
- [7] TAN L Y, CHEN S X, WANG T, et al. Proteomic insights into seed germination in response to environmental factors [J]. Proteomics, 2013, 13 (12-13): 1 850-1 870.
- [8] MELEADY P. Two-Dimensional Gel Electrophoresis and 2DDJGE [J]. Methods Mol Biol, 2018, 1664 (1): 3-14.
- [9] DENG Z, BU S, WANG Z Y. Quantitative Analysis of Protein Phosphorylation Using Two-Dimensional Difference Gel Electrophoresis [J]. Methods Mol Biol, 2012, 876: 47 - 66.
- [10] MAGALHAES S, AROSO M, ROXO I, et al. Vitorino, Proteomic profile of susceptible and multidrug-resistant clinical isolates of Escherichia coli and Klebsiella pneumoniae using label-

- free and immunoproteomic strategies [J]. *Res. Microbiol.*, 2017, 168: 222 - 233.
- [11] GRZELAK S, BIE J. *Trichinella britovi* muscle larvae and adult worms: stage-specific and common antigens detected by two-dimensional gelelectrophoresis-based immunoblotting [J]. *Parasit. Vectors*, 2018, 11: 584.
- [12] TJALSMA H, SCHAEPS R M J, SWINKELS D W. Immunoproteomics: From biomarker discovery to diagnostic applications [J]. *Proteomics - Clin. Appl*, 2008, 2: 167 - 180.
- [13] MONTEOLIVA L, ALBAR J P. Differential proteomics: an overview of gel and non-gelbased approaches [J]. *Brief Funct Genomic Proteomic*, 2004, 3 (3): 220-239.
- [14] 刘让东. 固化 pH 梯度毛细管等电聚焦柱的制备及其平台的搭建和在蛋白质分析中的应用 [D]. 上海交通大学, 2019.
- [15] MATTHIAS, RONALD, AKHILESH. Analysis of proteins and proteomes by mass spectrometry [J]. *Annu Rev Biochem*, 2001, 70 (1): 437-473.
- [16] 王岚, 刘骁勇, 张华宁, 等. 生物质谱技术在蛋白质组学研究中的应用 [J]. *生物技术通讯*, 2007 (01): 166-168.
- [17] RYAN D J, SPRAGGINS J M, CAPRIOLI R M. Protein identification strategies in MALDI imaging mass spectrometry: a brief review [J]. *Curr Opin Chem Biol*, 2018, 48 (1): 64-72.
- [18] KARAS M, HILLENKAMP F. Laser desorption ionization of proteins with molecular masses exceeding 10,000 daltons [J]. *Anal Chem*, 1988, 60 (20): 2 299-2 301.
- [19] AMINI A. Rapid identification of somatropin by peptide-mass fingerprinting, using MALDI-TOF mass spectrometry [J]. *Pharmeur Sci Notes*, 2009, 2009 (1): 11-16.
- [20] JING L, LEI Y, CHANG L, et al. Enantioselectivity and catalysis improvements of *Pseudomonas cepacia* lipase with Tyr and Asp modification [J]. *Catalysis science & technology*, 2015 (5).
- [21] LAY J O. MALDI-TOF mass spectrometry of bacteria [J]. *Mass Spectrom Rev*, 2001, 2009, 20 (4): 172-194.
- [22] FENN J B, MANN M, MENG C K, et al. Electrospray ionization for mass spectrometry of large biomolecules [J]. *Science*, 1989, 246 (4926): 64-71.
- [23] YAO Y, RICHARDS M R, KITOVA E N, et al. Influence of sulfolane on ESI-MS measurements of protein-Ligand affinities [J]. *Jam Soc Mass Spectrom*, 2016, 27 (3): 498-506.
- [24] SMIRNOV I P, ZHU X, TAYLOR T, et al. Suppression of alpha-cyano-4-hydroxycinnamic acid matrix clusters and reduction of chemical noise in MALDI-TOF mass spectrometry [J]. *Analytical chemistry*, 2004(10):50.
- [25] D'ALESSANDRO A, RINALDUCC S, MARROCCO C, et al. Love me tender: an Omics window on the bovine meat tenderness network [J]. *J Proteomics*, 2012, 75 (14): 4 360-4 380.
- [26] WEI C H, WANG H, DU L X, et al. Induced Differentiation and Related Gene Expression of Ujumqin Sheep Myoblast Cells in vitro [J]. *Journal of Agricultural Biotechnology*, 2012, 20 (3): 283-288.
- [27] GROBET L, MARTIN L J, PONCELET D, et al. A deletion in the bovine myostatin gene causes the double-muscling phenotype in cattle [J]. *Nature Genetics*, 1997, 17 (1): 71-74.
- [28] LANGLEY B, THOMAS M, BISHOP A, et al. Myostatin inhibits myoblast differentiation by down-regulating MyoD expression [J]. *Journal of Biological Chemistry*, 2002, 277 (51): 49 831-49 840.
- [29] KOCAMIS H, KILLEFER J. Myostatin expression and possible functions in animal muscle growth [J]. *Domestic Animal Endocrinology*, 2002, 23 (4): 447-454.
- [30] PUDDICK J, MARTINUS R D. Comparative proteomics of skeletal muscle mitochondria from myostatin-null mice [J]. *Cell biology international reports*, 2011, 18 (2): e13.
- [31] LIN Y, ISHIKAWA R, OKAGAKI T, et al. Stimulation of the ATP-dependent interaction between actin and myosin by a myosin-binding fragment of smooth muscle caldesmon [J]. *Cell Motil Cytoskeleton*, 1994, 29 (3): 250-258.
- [32] BARBE C, BRAY F, GUEUGNEAU M, et al. Comparative Proteomic and Transcriptomic Analysis of Follistatin-Induced Skeletal Muscle Hypertrophy [J]. *Journal of Proteome Research*, 2017, 16 (10): 3 477-3 490.
- [33] 李欣, 海超, 刘春丽, 等. 肌肉生长抑制素基因(MSTN)编辑牛的肉质相关蛋白质组学研究 [J]. *农业生物技术学报*, 2020, 28 (11): 1 970-1 984.
- [34] 魏著英, 白春玲, 李光鹏. 牛肌肉生长抑制素基因突变的遗传效应与育种应用 [J]. *生物技术进展*, 2018, 8 (3): 197-205.
- [35] ZHANG B, YANGZOM, SHANG P, et al Comparative transcriptomic and proteomic analyses provide insights into the key genes involved in high-altitude adaptation in the Tibetan pig [J]. *Sci Rep*, 2017, 7 (1): 3 654.
- [36] WENTING W, XIAOLIN L, BAIXUE X, et al. Post-mortem oxidative stability of three yak (*Bos grunniens*) muscles as influenced by animal age [J]. *Meat Sci*, 2015, 105:121-125.
- [37] XUEBIN Q, ZHANG Q, YAOXI H, et al. The transcriptomic landscape of yaks reveals molecular pathways for high altitude adaptation [J]. *Genome Biol Evol*, 2018, 11 (1): 72-85.
- [38] WEN W, ZHAO Z, LI R, et al. Skeletal muscle proteome analysis provides insights on high altitude adaptation of yaks [J]. *Molecular Biology Reports*, 2019.
- [39] LUO Y, YANG X, GAO Y. Mitochondrial DNA response to high altitude: a new perspective on high-altitude adaptation [J]. *Mitochondrial DNA*, 2013, 24: 313-319.
- [40] LONG L, ZHU Y, LI Z, et al. Differential expression of skeletal muscle mitochondrial proteins in yak, dzo, and cattle: a proteomics-based study [J]. *J Vet Med Sci*, 2020 Aug 28, 82 (8): 1 178-1 186.
- [41] PICARD B, BERRI C, LEFAUCHEUR L, et al. Skeletal muscle proteomics in livestock production [J]. *Briefings in Functional Genomics*, 2010, 9 (3): 259-278.
- [42] GEORGIADIS V, STEWART H J, POLLARD H J, et al. Lack of galectin-1 in defects in myoblast fusion and muscle regeneration [J]. *Dev Dyn*, 2007, 236: 1014-1024.

- [43] CHAZE T, MEUNIR B, CHAMBON C, et al. In vivo proteome dynamics during early bovine myogenesis [J]. *Proteomics*, 2008, 8: 4236-4248.
- [44] CHAZE T, MEUNIR B, CHAMBON C, et al. Proteome dynamics during contractile and metabolic differentiation of bovine foetal muscle [J]. *Animal*, 2009, 3: 980-1 000.
- [45] SCOLLAN N, HOCQUETTE J F, NUERNBERG K, et al. Innovations in beef production systems that enhance the nutritional and health value of beef lipids and their relationship with meat quality [J]. *Meat Sci*, 2006, 74 (1): 17-33.

Research Progress in Proteomics of Bovine Muscle

MA Su-fang, YANG Wen-qing, ZGANG Lin-lin, GUO Yi-wen, HU De-bao,
GUO Hong, DING Xiang-bin, LI Xin *

(School of Animal Science and Animal Medicine, Tianjin Agricultural University, Tianjin Key Laboratory of
Agricultural Animal Breeding and Healthy Husbandry, Tianjin 300384)

Abstract: The research of proteomics is a characteristic of the post gene era in life science, and it has been widely studied and applied in medicine, animal husbandry, food science, and agriculture. Beef is deeply loved by people due to its high protein content, low fat content, and rich heme iron content. However, currently for China, beef still needs to be imported in large quantities. Therefore, how to improve the quality of beef has been a major issue that scientific researchers in the livestock and food industries in China have been constantly striving to study. With the in-depth research and development of genomics, studying bovine muscle and its formation mechanism at the protein level is of great significance for improving beef quality. Muscle is mainly composed of water, protein, and other components, and its properties and quality are mainly expressed by protein. Therefore, studying the recognition of proteomics in bovine muscle is of great significance for regulating beef quality. This article mainly introduces the research technology of proteomics and its application in bovine muscle.

Key words: proteomics; bovine; muscle; research progress

(上接第 66 页)

参考文献:

- [1] [1] 刘军花,张凯,毛胜勇,朱伟云. 反刍动物瘤胃营养生理研究进展[J]. *动物营养学报*,2022,34(10):6178-6184.
- [2] 陈志蒙,王纯洁,斯木吉德,敖日格乐. 饲粮精粗比在反刍动物中研究进展[J]. *饲料研究*,2022,45(16):120-123.
- [3] 李玮璐. 反刍动物瘤胃真菌特点及作用[J]. *畜牧兽医科学(电子版)*,2022(10):164-166.
- [4] 刘旺景. 反刍动物瘤胃微生物菌群及其影响因素的研究进展[J]. *饲料工业*,2022,43(03):50-56.

Influencing Factors and Regulatory Measures of Rumen Movement in Ruminants

TAO Feng

(Yunnan Longgu Biotechnology Co., LTD. Kunming 650211)

Abstract: Rumen is an important organ for ruminants to digest and absorb feed. Rumen is combined with microorganisms to enable ruminants to digest and absorb high-fiber plants. Rumen movement is associated with the state of physiological activity, the degree of feed absorption and the diagnosis of rumen diseases. Based on this, this paper takes rumen movement of ruminants as the starting point, and its influencing factors and regulatory measures as the main content, to explore the characteristics of rumen fungi of ruminants and the influencing factors of rumen movement of ruminants, and proposes corresponding regulatory measures of ruminants according to the characteristics of ruminants, in order to provide reference for rumen regulation of ruminants.

Key words: ruminants; rumen motility; influencing factors; control measures