

王利红,袁旭红,魏萍萍,等. 苏姜猪 *Lrh-1* 基因 PCR-SSCP 多态性及其与产仔数的关系[J]. 江苏农业科学,2015,43(5):21-25.  
doi:10.15889/j.issn.1002-1302.2015.05.006

# 苏姜猪 *Lrh-1* 基因 PCR-SSCP 多态性 及其与产仔数的关系

王利红,袁旭红,魏萍萍,张 瑞,王 维,李 丹,林 伟

(江苏农牧科技职业学院,江苏泰州 225300)

**摘要:**为深入研究苏姜猪肝受体类似物质-1(*Lrh-1*)基因的多态性及其与产仔数性状间相关性,依据 NCBI 数据库中猪 *Lrh-1* 基因核酸序列设计 2 对引物,采用聚合酶链式反应-单链构象多态性(PCR-SSCP)方法对苏姜猪 *Lrh-1* 基因进行多态性检测。检测结果显示,引物 P1 PCR 扩增产物存在 7 种 SSCP 条带型,共有 4 个碱基突变位点,分别为 27287662、27287593、27287535 和 27287511 位;引物 P2 PCR 扩增产物存在 2 种 SSCP 条带型,碱基突变位于 27423038 位;将扩增序列与猪 *Lrh-1* CDS 区进行比对分析,其中 27287662、27287593 和 27423038 位的碱基突变位于配体结合域(LBD)区内,且突变均属同义突变,表明 LBD 区对于 *Lrh-1* 基因功能稳定具有重要作用;不同碱基突变位点的基因频率经群体遗传学分析,除 27287511 位点处于群体不平衡状态( $P < 0.05$ )外,其他位点均达群体平衡状态( $P > 0.05$ );*Lrh-1* 基因 P1 和 P2 扩增区 SSCP 不同类型苏姜猪第 1 胎和第 2 胎平均产仔数间无显著差异( $P > 0.05$ )。

**关键词:**苏姜猪;肝受体类似物质-1(*Lrh-1*);聚合酶链式反应-单链构象多态性(PCR-SSCP);产仔数

**中图分类号:** Q953 **文献标志码:** A **文章编号:** 1002-1302(2015)05-0021-04

肝受体类似物质-1(liver receptor homolog-1, *Lrh-1*)是核受体 7 个亚家族成员(NR0~NR6)中的第 5 个,该亚家族包含 4 个不同成员,*Lrh-1* 是其中第 2 个,故也称其为 NR5A2(nuclear receptor subfamily 5, group A, member 2)<sup>[1]</sup>。*Lrh-1* 是动物机体中一种重要的核受体,*Lrh-1* 基因首次发现于小鼠肝组织,现已在人、大鼠、马、鸡、羊、鱼、蛙、牛、猪等生物体内均检测到,并已确认在动物早期胚胎发育、分化以及物质代谢活动,如胆固醇代谢、胆汁酸动态平衡、激素生成等过程中,*Lrh-1* 基因具有重要作用<sup>[2-11,18]</sup>。

苏姜猪是以姜曲海猪、枫泾猪、杜洛克猪为亲本,经过 6 个世代继代选育培育而成的新品种。该品种具有血统来源丰富、繁殖性能良好、肉质性状优良、适应性强等特点。本研究采用 PCR-SSCP 方法首次进行苏姜猪 *Lrh-1* 基因核酸序

列检测分析,以期获得苏姜猪 *Lrh-1* 基因多态性及群体遗传分布特点,并与产仔数性状间进行关联分析,为深入研究 *Lrh-1* 基因的结构特点及其与动物繁殖性状间的关系提供理论依据。

## 1 材料与方法

### 1.1 试验材料

随机选取 50 头经产苏姜种母猪,用酚-氯仿抽提法提取耳组织 DNA,超纯水稀释至 100 ng/μL, -20 ℃ 保存备用。

### 1.2 *Lrh-1* 引物设计

根据 GenBank 数据库中猪 *Lrh-1* 基因序列 JQ\_527656.1、NM\_001267893.1、NC\_010452.3 为依据,采用 Primer premiers 5.0 软件设计 2 对引物(表 1)。

表 1 苏姜猪 *Lrh-1* 基因分析用引物序列、扩增区域及退火温度

引物	引物序列	产物位置*	退火温度(℃)
P1	F: ACTCCCAGTCCATCCCTC; R: GTGCCATTTAGTCATCTTTG	27287491 ~ 27287718	50
P2	F: ATTGAGAAGTCATGAGATATTG; R: GAGATTGTTGTAGGGCAC	27422851 ~ 27423077	47

注: \* 产物位置依照 NC\_010452.3 序列选定。

### 1.3 PCR-SSCP 检测

依据表 1 中不同引物退火温度,进行样本 *Lrh-1* 基因 PCR 扩增。取 5 μL PCR 产物和 10 μL 变性剂[98% 甲酰胺、0.025% 二甲苯青、10% 甘油、10 mmol/L EDTA (pH 值 8.0)、

0.025% 溴酚蓝], 98 ℃ 变性 10 min, 迅速冰浴 10 min。变性后产物在 8% 非变性聚丙烯酰胺: 甲叉双丙烯酰胺(29:1)凝胶中电泳,之后银染显带,拍照分析。

### 1.4 PCR 产物测序

经 SSCP 电泳后,将不同条带型 PCR 产物送至上海基康生物技术有限公司测序。

### 1.5 统计分析

试验数据用 SPSS 13.0 统计软件进行差异显著性检验分析。依据哈迪-温伯格定律检测相关基因频率群体平衡性。

收稿日期:2014-05-31

项目资助:江苏省自然科学基金(编号:BK2010359);江苏省大学生实践创新训练计划(编号:201312806011Y)。

作者简介:王利红(1975—),女,山西太原人,博士,副教授,主要从事动物遗传繁育研究。E-mail: wanglihong345@126.com。

## 2 结果与分析

### 2.1 *Lrh-1* 基因 2 对引物 PCR 扩增结果

*Lrh-1* 基因 2 对引物 P1 和 P2 PCR 扩增产物经 1% 琼脂糖凝胶电泳 (图 1), 结果显示条带清晰, 表明该 2 对引物的 PCR 扩增特异性好。将 PCR 扩增产物测序后, 进行 NCBI 数据库 BLAST 分析, 结果显示扩增产物与猪 *Lrh-1* 基因序列有高度相似性, 引物 P1 和 P2 PCR 扩增产物与 JQ\_773337.1、JQ\_627655.1 和 NM\_001267893.1 序列覆盖区相似度分别为 99% 和 98%, 表明本试验所扩增的核酸序列在 *Lrh-1* 基因区。

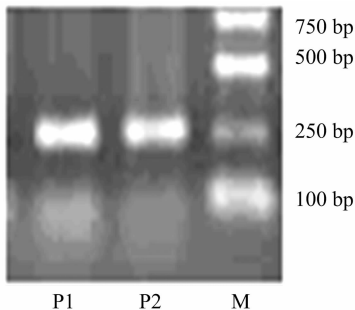
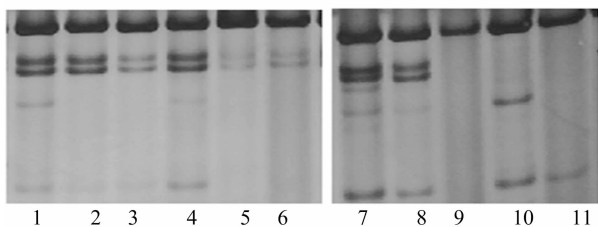


图1 引物 P1 和 P2 PCR 扩增产物电泳结果

### 2.2 SSCP 分析

对 *Lrh-1* 基因 2 对引物 PCR 产物进行 SSCP 分析, 结果显示均存在多态性。引物 P1、P2 PCR 扩增产物分别存在 7、2 种 SSCP 条带类型 (图 2、图 3)。



泳道 1、4、8 为 SSCP-1 型, 泳道 2、3 为 SSCP-2 型, 泳道 5、6 为 SSCP-3 型, 泳道 7 为 SSCP-4 型, 泳道 9 为 SSCP-5 型, 泳道 10 为 SSCP-6 型, 泳道 11 为 SSCP-7 型

图2 引物 P1 PCR 扩增产物 SSCP 分析

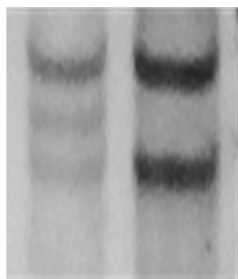


图3 引物 P2 PCR 扩增产物 SSCP 分析

### 2.3 SSCP 不同类型核酸序列分析

2.3.1 引物 P1 PCR - SSCP 不同条带类型核酸序列分析 将 SSCP 不同条带类型的引物 P1 PCR 扩增产物序列与 NC\_010452.3 进行比对分析, 结果显示, 不同 SSCP 条带类型核酸序列主要在 NC\_010452.3 序列相应的 27287662、

27287593、27287535 和 27287511 这 4 个位点存在碱基差异。通过将引物 P1 PCR 扩增产物与 NM\_001267893.1 序列进行 BLAST 分析, 可知 27287662 与 27287593 位点处于 CDS 区。27287662 和 27287593 位点碱基突变分别为 A→G 和 C→T, 且均为同义突变; 27287535 和 2728511 位点则均为 A→G 的突变 (表 2)。

2.3.2 引物 P2 PCR - SSCP 不同基因型核酸序列分析 将引物 P2 PCR 扩增的不同基因型产物序列与 NC\_010452.3 进行比对分析, 结果显示, 在 NC\_010452.3 序列对应的 27423038 位存在 A→C 的同义突变 (表 3)。

2.3.3 苏姜猪 *Lrh-1* 基因群体遗传分析 苏姜猪 *Lrh-1* 基因引物 P1 和 P2 扩增区不同 SSCP 型频率以及基因频率见表 4 至表 6, 结果显示, 引物 P1 扩增区 SSCP-1 和 SSCP-5 型所占比率较高, 在 4 个碱基突变位点中仅 27287662 位点存在 3 种基因型, 另 3 个位点均缺少 1 种纯合基因型。根据哈迪-温伯格定律, 对苏姜猪 *Lrh-1* 基因引物 P1 和 P2 扩增区进行基因群体平衡性  $\chi^2$  检验, 结果表明, 引物 P1 扩增区 27287662、27287593、27287535 位点基因分布符合哈迪-温伯格定律, 处于群体平衡状态 ( $P > 0.05$ ), 27287511 位点基因分布不符合哈迪-温伯格定律, 处于群体不平衡状态 ( $P < 0.05$ ); 引物 P2 扩增区基因分布符合哈迪-温伯格定律, 处于群体平衡状态 ( $P > 0.05$ ) (表 7)。

2.3.4 *Lrh-1* 基因不同 SSCP 型与产仔数间相关性分析 根据生产记录对苏姜猪进行 *Lrh-1* 基因不同 SSCP 型产仔数统计分析 (表 8), 结果表明, 苏姜猪 *Lrh-1* 基因 P1 和 P2 扩增区不同 SSCP 型第 1 胎和第 2 胎平均产仔数均无显著差异 ( $P > 0.05$ )。

## 3 结论与讨论

*Lrh-1* 基因属核受体亚家族, 主要表达于动物的肝脏、性腺、胰腺等组织。*Lrh-1* 具有调节胆汁酸的平衡、类固醇合成、胆固醇逆转运以及早期胚胎发育等功能。最近有研究认为磷脂质是 *Lrh-1* 潜在的配体。与其他配体激活转录因子的核受体家族成员一样, *Lrh-1* 具有保守的 DNA 结合域 DBD (nuclear receptor\_DNA binding domain\_like)、可变的 N 末端、绞链区和一个 C 端配体结合域 LBD (nuclear receptor\_ligand binding domain\_ *Lrh-1*)<sup>[9-11]</sup>。

猪 *Lrh-1* 基因位于 10 号染色体, 其编码区 CDS (coding sequences) 共有 1332 个碱基, 可翻译成含 443 个氨基酸的蛋白质, 2 个保守结合域 DBD、LBD 分别位于第 40~80、203~443 氨基酸区, DBD 区含 2 个 C4 型锌指结构, LBD 区含有 3 个特殊识别位: 第 235~240、242~244、321、422~424、426~428、430~431 位氨基酸为同型二聚体界面位, 也为多肽结合位; 第 244、247~248、284~285、288、292、307、318、321~323、326、329~330、415、418~419、422 位氨基酸为配体结合位, 也为化学结合位; 第 256、259、263、273、276~277、280~281、432~433、436~437 位氨基酸为辅助遏物识别位。

本研究通过 PCR-SSCP 方法, 首次对苏姜猪 *Lrh-1* 基因序列 LBD 区部分序列进行了多态性检测。引物 P1 PCR 扩增区共检测到 7 种 SSCP 条带型, 其中相对较高的条带型为 SSCP-1 型 (24%) 和 SSCP-5 型 (26%), 表明在苏姜猪群体

表 2 引物 P1 PCR-SSCP 不同条带类型核酸序列比对结果

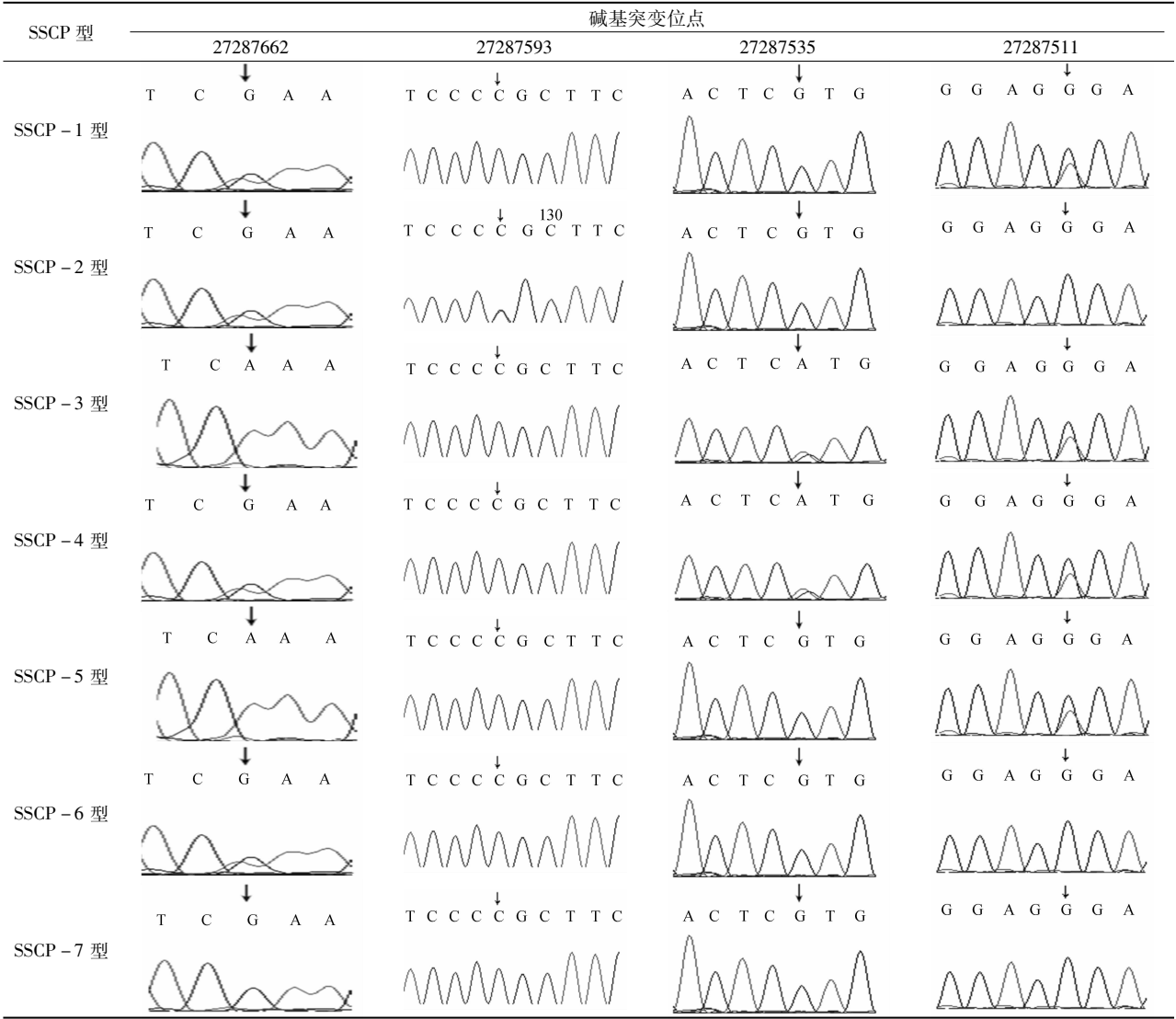
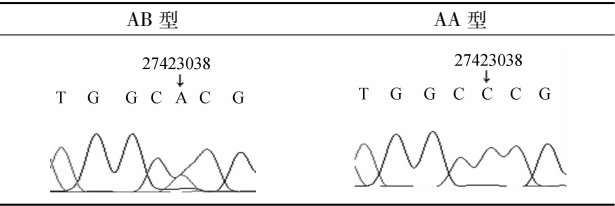


表 3 引物 P2 PCR-SSCP 不同基因型核酸序列比对结果



中该区段的碱基差异较大,这可能与其源于多个猪品种的培育史有关。对不同 SSCP 型样本核酸序列检测分析,结果显示共存在 4 处碱基突变位点,分别对应于 NC\_010452.3 序列的 27287662、27287593、27287535 和 27287511 位点,其中前 2 个位点处于猪 *Lrh-1* 基因 CDS 区。经分析,在 27287662 位点存在 A→G 的碱基突变,位于密码子的最后 1 位,即由原 UUU 密码子变为 UUC,相对应的氨基酸均为苯丙氨酸,处于猪 *Lrh-1* 蛋白质氨基酸组成的第 345 位,未在特殊功能结合位;在 27287593 位点为 C→T 的碱基突变,也发生在密码子的最后 1 位,即由原 GCG 密码子变为 GCA,相对应的氨基酸均为丙氨酸,处于猪 *Lrh-1* 蛋白质氨基酸组成的第 322 位,位于配体结合位。然而,这 2 处碱基突变均为同义突变,对 *Lrh-1P* 结构及功能不会造成影响。引物 P2 PCR 扩增区共检测到 2 种 SSCP 条带类型(AA 型和 AB 型),其中 AA 型(84%)所占比例远高于 AB 型(16%)。通过检测 2 种类型样本的核酸序列得知,在对应的 NC\_010452.3 序列 27423038 位存在 A→C 的碱基突变,该碱基位于密码子第 3 位,使原密码

表 4 苏姜猪 *Lrh-1* 基因引物 P1 扩增区不同 SSCP 型频率

SSCP 类型	数量(头)	频率
SSCP-1 型	13	0.26
SSCP-2 型	10	0.20
SSCP-3 型	4	0.08
SSCP-4 型	1	0.02
SSCP-5 型	13	0.26
SSCP-6 型	4	0.08
SSCP-7 型	5	0.10
合计	50	1.00

表 5 苏姜猪 *Lrh-1* 基因引物 P1 扩增区不同突变位点等位基因频率与基因型频率

基因突变位点																									
27287662					27287593				27287535				27287511												
等位基 因频率		基因型频率			等位基 因频率		基因型频率		等位基 因频率		基因型频率		等位基 因频率		基因型频率										
C	D	CC	CD	DD	E	F	EE	EF	G	H	GG	GH	M	N	MM	MN									
0.62	0.38	0.34	(17)	0.56	(28)	0.10	(5)	0.90	0.10	0.80	(40)	0.20	(10)	0.95	0.05	0.90	(45)	0.10	(5)	0.69	0.31	0.38	(19)	0.62	(31)

注:括号内的数字为个体数。

表 6 苏姜猪 *Lrh-1* 基因引物 P2 扩增区等位基因频率与基因型频率

等位基因频率		基因型频率	
A	B	AA	AB
0.92	0.08	0.84(42)	0.16(8)

注:括号内的数字为个体数。

表 7 苏姜猪 *Lrh-1* 基因引物 P1 和 P2 扩增区各基因群体平衡性  $\chi^2$  检验

引物 P1 扩增区突变位点				引物 P2 扩增区突变位点
27287662	27287593	27287535	27287511	27423038
0.91	0.62	0.14	9.18 *	0.38

注: \* 表示差异显著 ( $P < 0.05$ ) ,  $\chi^2_{2,0.05} = 5.99$ 。

表 8 引物 P1、P2 不同 PCR-SSCP 类型苏姜猪第 1、2 胎平均产仔数

引物	PCR-SSCP 型	第 1 胎平均产仔数(头)	第 2 胎平均产仔数(头)
P1	SSCP-1	9.92 ± 1.61	10.08 ± 2.75
	SSCP-2	10.90 ± 3.21	12.20 ± 2.25
	SSCP-3	11.25 ± 2.22	10.25 ± 3.40
	SSCP-4	12.00 ± 0.00	14.00 ± 0.00
	SSCP-5	10.69 ± 3.86	11.08 ± 2.61
	SSCP-6	9.25 ± 3.86	12.25 ± 4.57
	SSCP-7	8.20 ± 2.49	10.60 ± 2.30
P2	AB	8.63 ± 3.38	11.43 ± 3.31
	AA	10.55 ± 2.80	11.05 ± 2.73

注:同行数据后未标字母者表示在  $\alpha = 0.05$  水平上差异不显著。

子 CGG 变为 CGU,相对应的氨基酸均为精氨酸,属同义突变,未对 *Lrh-1* 基因结构及功能造成影响,进一步体现 *Lrh-1* 基因 LBD 区域的保守性和功能重要性<sup>[1,18]</sup>。对于 LBD 区其他未扩增区段以及 DBD 区核酸序列是否也存在碱基突变情况,将在日后的研究中进一步检测分析。

苏姜猪群体中引物 P1 扩增区 4 个突变位点仅 27287662 位点存在 3 种基因型(CC、CD、DD),其他 3 个突变位点均缺少 1 种纯合型,引物 P2 扩增区也缺少 1 种纯合型。经基因群体遗传平衡分析,除引物 P1 扩增区 27287511 位点未达群体平衡( $P < 0.05$ )外,其他 4 个碱基突变位点均达群体平衡( $P > 0.05$ ),此现象可能与苏姜猪有针对性的选择培育有关,但在群体中未检测到部分位点的纯合型个体则可能与其他基因或性状存在关联影响,有待深入研究。

*Lrh-1* 基因在动物卵巢卵泡颗粒细胞和妊娠黄体细胞中通过调控 *SR-BI* 和 *CYP19* 基因的表达,进而调控雌激素的生物合成;敲除小鼠 *Lrh-1* 基因,可影响卵巢卵泡排卵功能。这些现象均表明 *Lrh-1* 基因与动物繁殖机能有重要相关性<sup>[9,11-17,19]</sup>。本研究将 *Lrh-1* 基因引物 P1 和 P2 扩增区

不同 SSCP 类型与苏姜猪产仔数进行关联分析,结果表明,不同 SSCP 类型与第 1、2 胎产仔数间均无显著影响( $P > 0.05$ )。但从引物 P1 扩增区 4 个碱基突变位点的杂合情况看,苏姜猪第 1 胎 SSCP-7 型平均产仔数相对最低,为  $8.20 \pm 2.49$  头,其 4 个碱基突变位点均为纯合型,而其他 SSCP 型至少有 1 个碱基突变位点为杂合型,表明引物 P1 扩增区相应碱基突变位点的杂合可能有助于产仔数性状的提升。引物 P2 扩增区 2 种基因型在第 1、2 胎产仔数性状上也未达到显著差异水平( $P > 0.05$ ),但相对而言,苏姜猪 AA 型平均产仔数高于 AB 型,表明 27423038 位点碱基的突变可能不利于产仔数性状的提升。

参考文献:

[1] Faryard E, Auwerx J, Schoonjans K. LRH-1: an orphan nuclear receptor involved in development, metabolism and steroidogenesis [J]. Trends Cell Biol, 2004, 14(5): 250-260.

[2] Ellinger Z H, Hihi A K, Laudet V, et al. FTZ-F1-related orphan receptors in *Xenopus laevis*: transcriptional regulators differentially expressed during early embryogenesis [J]. Mol Cell Biol, 1994, 14(4): 2786-2797.

[3] Galarneau L, Pare J F, Allard D, et al. The alpha1-fetoprotein locus is activated by a nuclear receptor of the drosophila FTZ-F1 family [J]. Mol Cell Biol, 1996, 16(7): 3853-3865.

[4] Liu D, Le Drian Y, Ekker M, et al. Teleost FTZ-F1 homolog and its splicing variant determine the expression of the salmon gonadotropin II subunit gene [J]. Mol Endocrinol, 1997, 11(7): 877-890.

[5] Kudo T, Sutton S. Molecular cloning of chicken FTZ-F1-related orphan receptors [J]. Gene, 1997, 197(1/2): 261-268.

[6] Boer B D, Pilon N, Behdjani R, et al. Expression and regulation of transcripts encoding two members of the NR5A nuclear receptor subfamily of orphan nuclear receptors, steroidogenic factor-1 and NR5A2, in equine ovarian cells during the ovulatory process [J]. Endocrinology, 2000, 141(12): 4647-4656.

[7] Nak N T, Takase M, Miural I, et al. Two isonomy of FTZ-F1 messenger RNA: molecular cloning and their expression in the frog testis [J]. Gene, 2000, 248(1/2): 203-212.

[8] Taniguchi H, Komiyama J, Viger R S, et al. The expression of the nuclear receptors NR5A1 and NR5A2 and transcription factor GATA6 correlates with steroidogenic gene expression in the bovine corpus luteum [J]. Mol Reprod Dev, 2009, 76(9): 873-880.

[9] 顾月琴, 张伟, 王利红. 小鼠 *Lrh-1* 基因 CDS 区序列克隆及分析 [J]. 安徽农业大学学报, 2011, 38(3): 372-375.

[10] 温海霞, 刘国艺, 倪江. 孤儿核受体同系物-1 以及与雌激素相互调节作用 [J]. 生殖医学杂志, 2007, 16(2): 124-128.

杨家大,陈 祥,龙威海,等. 雷公山山区放牧山羊 *ACCI* mRNA 的组织分布[J]. 江苏农业科学,2015,43(5):25-28.  
doi:10.15889/j.issn.1002-1302.2015.05.007

# 雷公山山区放牧山羊 *ACCI* mRNA 的组织分布

杨家大<sup>1</sup>,陈 祥<sup>2</sup>,龙威海<sup>2</sup>,冯文武<sup>2</sup>,丁 玫<sup>2</sup>

(1. 凯里学院环境与生命科学学院,贵州凯里 556011;

2. 贵州大学高原山地动物遗传育种与繁殖省部共建教育部重点实验室,贵州贵阳 550025)

**摘要:**为了揭示雷公山山区放牧山羊乙酰辅酶 A 羧化酶 1(*ACCI*)mRNA 表达的组织分布规律,使用 *TaqMan* 实时荧光定量技术对黔东南小香羊、贵州白山羊、贵州黑山羊、黔北麻羊和南江黄羊的肝、肾、心、肺、背最长肌、半膜肌以及皮下脂肪组织中 *ACCI* 基因的 mRNA 表达水平进行测定。结果表明,黔东南小香羊、黔北麻羊、南江黄羊 *ACCI* mRNA 均主要在皮下脂肪中表达,其水平分别为 3 919.545 6,900.556 8,1 550.559 2;贵州黑山羊 *ACCI* mRNA 主要在肝脏内表达,其水平为 2 367.425 8;贵州白山羊 *ACCI* mRNA 主要在肌肉组织和肝脏中表达,其水平分别为背最长肌 420.110 9,心 351.436 1,半膜肌 268.031 1,肝 200.414 1。在皮下脂肪和肝脏,贵州白山羊 *ACCI* mRNA 的表达水平都明显低于其他品种。由此可见,雷公山山区放牧山羊 *ACCI* mRNA 主要在皮下脂肪和肝脏中表达。

**关键词:**雷公山山区;放牧山羊;乙酰辅酶 1;羧化酶 1;*ACCI*;基因表达

**中图分类号:**S827.2 **文献标志码:**A **文章编号:**1002-1302(2015)05-0025-04

雷公山山区位于贵州省东南部,草场面积约 1.3 万  $\text{hm}^2$ ,牧草种类多,工业污染少,非常适合发展生态养羊业。目前,当地人们仍沿用传统放牧的养羊方式,山羊生长过程中沉淀的风味物质多,羊肉质量好。乙酰辅酶 A 羧化酶 (acetyl-CoA carboxylase, ACC) 是一类在脂肪代谢过程中起重要作用的生物素包含酶,催化乙酰辅酶 A 羧化生成丙二酸单酰辅酶 A。该酶广泛存在于植物、动物、酵母、真菌、细菌、古细菌等生物体内<sup>[1]</sup>。在动物体内,乙酰辅酶 A 羧化酶有乙酰辅酶 A

羧化酶  $\alpha$  (acetyl-CoA carboxylase alpha, ACC $\alpha$ , 别称 ACC1) 和乙酰辅酶 A 羧化酶  $\beta$  (acetyl-CoA carboxylase beta, ACC $\beta$ , 别称 ACC2) 2 种类型,这 2 种酶由不同的基因编码,分子量分别为 265、280 ku。ACC1 主要存在于乳腺、脂肪组织和肝脏的细胞液内,由它催化产生的丙二酸单酰辅酶 A 主要用于合成脂肪酸,是脂肪酸合成时二碳单位的供体;而 ACC2 主要分布在心脏、肌肉组织和肝脏的线粒体外膜上,由它催化产生的丙二酸单酰辅酶 A 主要用于调节肉碱棕榈酸穿梭体<sup>[2-3]</sup>。有研究表明,敲除 *ACC2* 基因的小鼠体内丙二酸单酰辅酶 A 的含量低,导致脂肪酸的合成减少,氧化分解加快,脂肪组织和肝脏中堆积的脂肪减少,肝糖原含量下降<sup>[4]</sup>;因此,乙酰辅酶 A 羧化酶可调节脂肪酸的生物合成和“ $\beta$ -”氧化<sup>[5]</sup>,影响机体脂肪的代谢、沉积,进而影响背膘厚等肉质性状。然而,现有资料对家畜 *ACCI* 的研究多集中在基因多态性与泌乳性能的关联<sup>[6-10]</sup>以及基因启动子方面<sup>[11-12]</sup>,鲜见 *ACCI* 基因表达及其与肉质性状关系的研究;因此,本研究主要对雷公山山区

收稿日期:2014-11-05

基金项目:贵州省科技联合基金(编号:黔科合 J 字 LKK[2013]14 号);贵州省科技重大专项(编号:黔科合重大专项字[2013]6008);凯里学院规划课题(编号:Z1304);凯里学院获得博士学位(引进教授)教师专项(编号:BS201303)。

作者简介:杨家大(1975—),男,侗族,贵州天柱人,博士,副教授,研究方向为动物分子遗传学。Tel: (0855) 8511625; E-mail: yangjiada2@163.com。

[11] 王利红,高勤学,张 伟,等. 湖羊 *Lrh-1* 基因 cDNA 序列及组织表达谱分析[J]. 畜牧兽医学报,2012,43(9):1360-1368.

[12] Cao G, Garcia C K, Wyne K L, et al. Structure and localization of the human gene encoding SR-BI/CLA-1. Evidence for transcriptional control by steroidogenic factor 1 [J]. J Biol Chem, 1997, 272: 33068-33076.

[13] Higashiyama H, Kinoshita M, Asano S. Expression profiling of liver receptor homologue 1 (LRH-1) in mouse tissues using tissue microarray [J]. J Mol Hist, 2007, 38: 45-52.

[14] Schoonjans K, Annicotte J S, Hub Y T, et al. Liver receptor homolog 1 controls the expression of the scavenger receptor class B type I [J]. EMBO Rep, 2002, 3: 1181-1187.

[15] Boer B D, Pilon N, Behdjani R, et al. Expression and regulation of transcripts encoding two members of the NR5A nuclear receptor subfamily of orphan nuclear receptors, steroidogenic factor -1 and

NR5A2, in equine ovarian cells during the ovulatory process [J]. Endocrinology, 2000, 141: 4647-4656.

[16] Duggavathi R, Volle D H, Matak C, et al. Liver receptor homolog 1 is essential for ovulation [J]. Genes Dev, 2008, 22(14): 1871-1876.

[17] Peng N, Kim J W, Rainey W E, et al. The role of the orphan nuclear receptor, liver receptor homologue -1, in the regulation of human corpus luteum 3 $\beta$ -hydroxysteroid dehydrogenase type II [J]. J Clin Endocrinol Metab, 2003, 88: 6020-6028.

[18] Wang L H, Zhang W, Ji J L, et al. Molecular characterization and expression analysis of the *Lrh-1* gene in Chinese Hu sheep [J]. Genet Mol Res, 2013, 12(2): 1490-1500.

[19] 姚 勇,潘增祥,张久峰,等. 二花脸猪 *NR5A2* 基因克隆与卵巢组织转录水平分析[J]. 南京农业大学学报, 2013, 36(3): 133-138.