

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¹,陈 祥²,龙威海²,冯文武²,丁 玫²

(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 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^[1]。在动物体内,乙酰辅酶 A 羧化酶有乙酰辅酶 A

羧化酶 α (acetyl-CoA carboxylase alpha,ACC α ,别称 ACC1)和乙酰辅酶 A 羧化酶 β (acetyl-CoA carboxylase beta,ACC β ,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^[2-3]。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^[4];因此,乙酰辅酶 A 羧化酶可调节脂肪酸的生物合成和“ β -”氧化^[5],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^[6-10]以及基因启动子方面^[11-12],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,Annictte 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,Mataki 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 β -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.

放牧山羊 *ACCI* 基因 mRNA 的组织分布进行探讨,以摸清其组织表达规律,为肉质性状的遗传标记辅助选择积累基础资料。

1 材料与与方法

1.1 山羊组织样品来源

5~7 月龄黔东南小香羊、贵州白山羊、贵州黑山羊、黔北麻羊、南江黄羊各取 4 只(雌、雄各 2 只),体质量 14~17 kg,

均购自贵州省雷公山山区养羊户处。将山羊放血处死后,迅速提取心、肝、肺、肾、背最长股、半膜肌、皮下脂肪组织,用锡箔纸包裹后投入液氮中。山羊处死前自由进食和饮水。

1.2 引物及探针

PCR 引物及 *TaqMan* 探针根据山羊 *ACCI* 及 β -*actin* 基因 mRNA 序列设计(表 1),并由上海捷瑞生物工程有限公司合成及修饰。探针的 5'-、3'- 分别由 FAM(6-羧基荧光素)和 TAMRA(6-羧四甲基罗丹明)修饰。

表 1 引物及探针序列

基因名称	NCBI 登录号	引物/探针	核苷酸位置	核苷酸序列(5'→3')	扩增子大小(bp)
<i>ACCI</i>	XM_005693156.1	S-F	4 563~4 581	CTATGGAAGTCGGCTGTGG	1 030
		S-R	5 573~5 592	GACCTGGATGTTCTCTCTGTC	
		F	4 651~4 671	ATCCGCCTCTCTCTGACGAAT	195
		R	4 826~4 845	GGACTGTGCCTGGAACCTCT	
		<i>TaqMan</i> 探针	4 712~4 735	TGACTGATTCCAGGACAGCACAGA	
β - <i>actin</i>	XM_005694067.1	S-F	26~44	AGAAGAAATTGCCGCCCTC	992
		S-R	1 000~1 017	AGCATTTCGGGTGGACAA	
		F	518~539	TGTGCGTGACATCAAGGAGAAG	177
		R	675~694	AGGAAGACGGCTGGAAGAG	
		<i>TaqMan</i> 探针	574~600	TGGCTACTGCTGCGTCGTCCTCCTCCT	

注:S-F 代表扩增标准品的前引物;S-R 代表扩增标准品的反引物。

1.3 总 RNA 提取

总 RNA 提取采用 Invitrogen Trizol RNA 试剂盒进行。操作简述如下:在约 50 mg 经液氮速冻的组织样品中加入 1 mL Trizol 溶液,混匀,裂解 5 min;加入 200 μ L 三氯甲烷,剧烈振荡混匀,静置 2 min;4 $^{\circ}$ C、12 000 r/min 条件下离心 15 min,吸取上层水相至另一个新的 RNase-free EP 管中;加入等体积的异丙醇,轻柔地充分混匀,室温静置 10 min;4 $^{\circ}$ C、12 000 r/min 条件下离心 10 min,收集 RNA 沉淀;用 75% 乙醇洗涤 2 次,超净台风干;加入 15~60 μ L RNase-free 水溶解沉淀。

1.4 逆转录反应

逆转录反应采用 TOYOBO ReverTra Ace qPCR RT Kit 进行(20 μ L 体系),具体步骤如下:取总量为 0.1~2.0 μ g 的总 RNA,加 RNase-free H₂O 混匀至 14 μ L,置于 65 $^{\circ}$ C 下变性 5 min,冷却;再加 5 \times RT buffer 4 μ L、逆转录酶 1 μ L、RT 引物 1 μ L,于 42 $^{\circ}$ C 下逆转录 18 min,然后于 98 $^{\circ}$ C 下灭活逆转录酶 5 min;RT 完后将 cDNA 于 -20 $^{\circ}$ C 下保存,按所需用量稀释备用。

1.5 实时荧光定量标准品的制备

PCR 反应采用 GeneSolution 2 \times *Taq* Master Mix(上海硕盟生物科技有限公司)进行,反应体系总体积为 20 μ L,具体操作如下:向 0.2 mL PCR 管中依次加入 RNase-free H₂O 7.2 μ L、2 \times *Taq* Master Mix 10 μ L、10 μ mol/L S-F 0.4 μ L、10 μ mol/L S-R 0.4 μ L、cDNA 2 μ L,混匀。热循环参数为:94 $^{\circ}$ C 预变性 90 s;94 $^{\circ}$ C 变性 30 s,55~60 $^{\circ}$ C 退火 30 s,72 $^{\circ}$ C 延伸 60 s,40 个循环;72 $^{\circ}$ C 延伸 5 min。

PCR 产物经琼脂糖凝胶回收试剂盒[天根生化科技(北京)有限公司]回收纯化后,以公式 $N = \frac{C \times 10^{-9}}{M \times 660} \times 6.02 \times 10^{23}$ 计算目的基因的拷贝数浓度,式中:*N* 为目的基因的拷贝数浓

度(copies/ μ L),*C* 为质量浓度(ng/ μ L),*M* 为扩增片段的碱基对数。经计算,*ACCI* 基因、 β -*actin* 基因的拷贝数浓度为 1.39×10^{11} 、 3.53×10^7 copies/ μ L。

胶回收产物按 4 倍比例进行 5 次梯度稀释。稀释后再次测定质量浓度、换算拷贝数浓度,最终得到拷贝数浓度为 1.39×10^{11} 、 3.64×10^{10} 、 9.56×10^9 、 2.39×10^9 、 5.98×10^8 、 1.49×10^8 copies/ μ L 的 *ACCI* 基因连续梯度定量标准品,以及 3.53×10^7 、 8.82×10^6 、 2.21×10^6 、 5.51×10^5 、 1.38×10^5 、 3.45×10^4 copies/ μ L 的 β -*actin* 基因连续梯度定量标准品。

1.6 *TaqMan* PCR

反应在 Funglyn FTC-3000 实时荧光定量 PCR 系统(Funglyn Biotech,INC,Canada)上进行,每个样品设置 3 个重复,同时对空白对照及 4 倍连续梯度标准品进行定量 PCR 扩增。*TaqMan* PCR 反应体系为 20 μ L,其中含 2 \times Realtime PCR Master Mix 10.0 μ L、10 μ mol/L 前引物 0.8 μ L、10 μ mol/L 反引物 0.8 μ L、10 μ mol/L *TaqMan* 探针 0.4 μ L、RNase-free H₂O 6.0 μ L、cDNA 模板 2.0 μ L。热循环参数为:95 $^{\circ}$ C 预变性 10 min;每个循环包括 95 $^{\circ}$ C 变性 15 s,63 $^{\circ}$ C 退火及延伸 60 s,40 个循环。

1.7 统计分析

根据 *ACCI* 及 β -*actin* 基因连续梯度标准品的拷贝数的对数(以 4 为底)对相应 *C_T* 值作图,得到对应基因的定量标准曲线及回归方程。再根据回归方程与样品检测得到的 *C_T* 值即可计算出待测样品中 *ACCI* 基因及 β -*actin* 基因的拷贝数。*ACCI* mRNA 的个体表达水平以 *ACCI* 基因的拷贝数与 β -*actin* 基因的拷贝数之比值表示,平均表达水平以“中位数”表示。

2 结果与分析

雷公山山区放牧的黔东南小香羊、贵州白山羊、贵州黑山

羊、黔北麻羊、南江黄羊等山羊品种肝、肾、心、肺、背最长肌、半膜肌、皮下脂肪组织中 *ACCI* 基因的 mRNA 表达水平见表 2。

从表 2 可以看出,黔东南小香羊 *ACCI* mRNA 的表达水平以皮下脂肪最高,为 3 919.545 6,是心(573.752 6)、肝(812.098 7)、肺(691.671 3)、肾(286.049 8)、背最长肌(498.710 9)和半膜肌(464.938 8)等组织的 4.8 倍以上;而肝、肾、心、肺、背最长肌、半膜肌中 *ACCI* mRNA 的表达水平较接近。黔北麻羊 *ACCI* mRNA 的表达水平以皮下脂肪和肺较高,分别为 900.556 8 和 900.160 8,是心(542.604 1)、肝(288.799 4)、肾(579.744 2)、背最长肌(318.358 3)、半膜肌

(472.142 2)等组织的 1.5 倍以上。南江黄羊 *ACCI* mRNA 的表达水平以皮下脂肪最高,为 1550.559 2,是心(806.784 5)、肝(803.643 1)、肺(729.968 3)、肾(519.412 0)、背最长肌(413.832 6)、半膜肌(260.483 3)等组织的 1.9 倍以上。贵州黑山羊 *ACCI* mRNA 的表达水平在肝脏中最高,为 2 367.425 8,是心(592.720 9)、肺(762.897 0)、肾(321.667 7)、背最长肌(240.014 7)、半膜肌(274.926 3)、皮下脂肪(328.278 1)等组织的 3.1 倍以上。贵州白山羊 *ACCI* mRNA 的表达水平以背最长肌(420.110 9)、心(351.436 1)、半膜肌(268.031 1)、肝(200.414 1)、肺(110.616 0)较高,皮下脂肪(77.430 6)和肾(22.818 8)较低。

表 2 雷公山山区放牧山羊 *ACCI* mRNA 的表达水平

品种	编号	表达水平						
		心	肝	肺	肾	背最长肌	半膜肌	皮下脂肪
黔东南小香羊	1	798.252 7	450.142 2	2 141.450 2	327.026 9	702.840 7	569.149 9	7 573.585 5
	2	492.420 6	1 516.400 7	655.267 0	245.072 6	616.279 2	360.727 7	7 322.243 5
	3	564.503 6	1 025.917 8	691.671 3	136.829 2	381.142 5	203.511 3	336.205 3
	4	583.001 5	598.279 6	ND	523.757 8	274.177 7	719.495 6	516.847 7
	中位数	573.752 6	812.098 7	691.671 3	286.049 8	498.710 9	464.938 8	3 919.545 6
黔北麻羊	5	772.878 4	288.799 4	935.516 3	991.056 8	660.963 8	485.440 1	1 574.802 7
	6	511.470 6	ND	864.2833	521.184 7	193.526 1	488.140 9	47.779 4
	7	573.737 6	164.687 3	864.805 3	597.120 6	325.063 1	458.844 2	12 595.846 1
	8	431.639 1	1 329.247 1	1 363.039 8	562.367 7	311.653 4	413.449 4	226.310 9
	中位数	542.604 1	288.799 4	900.160 8	579.744 2	318.358 3	472.142 2	900.556 8
南江黄羊	9	860.099 0	956.731 6	ND	656.310 1	440.606 2	347.331 3	709.925 7
	10	718.038 6	960.473 5	ND	542.790 8	387.058 9	270.653 9	3705.932 7
	11	761.692 2	248.919 2	776.709 0	304.588 9	ND	250.312 7	349.714 3
	12	851.876 7	650.554 5	683.227 6	496.033 1	243.010 2	199.765 0	2391.192 7
	中位数	806.784 5	803.643 1	729.9683	519.4120	413.832 6	260.483 3	1550.559 2
贵州黑山羊	13	698.347 6	969.810 1	842.1548	709.7392	398.648 9	261.721 3	374.514 4
	14	635.394 9	2 009.154 1	963.586 6	343.779 5	325.919 5	288.131 3	282.041 7
	15	550.046 8	2 728.146 4	418.490 6	299.555 9	154.109 9	231.327 2	ND
	16	399.781 6	2 725.697 4	683.639 1	149.866 0	131.249 6	333.940 3	214.149 1
	中位数	592.720 9	2 367.425 8	762.897 0	321.667 7	240.014 7	274.926 3	328.278 1
贵州白山羊	17	245.365 2	253.550 9	42.971 7	44.135 1	329.146 3	181.777 3	112.807 6
	18	200.592 8	147.277 3	52.949 0	1.891 1	338.213 6	221.151 7	57.881 9
	19	467.897 7	126.383 2	202.675 4	18.805 2	502.008 2	476.006 7	41.474 7
	20	457.506 9	463.064 6	168.283 0	26.832 4	598.240 3	314.910 4	96.979 2
	中位数	351.436 1	200.414 1	110.616 0	22.818 8	420.110 9	268.031 1	77.430 6

注:ND 表示未检测到表达。

此外,在皮下脂肪中,黔东南小香羊和南江黄羊 *ACCI* mRNA 的表达水平很高,分别为 3 919.545 6 和 1 550.559 2;其次是黔北麻羊,为 900.556 8;贵州黑山羊和贵州白山羊则相对较低,分别为 328.278 1 和 77.430 6。在肝脏中,贵州黑山羊 *ACCI* mRNA 的表达水平最高,为 2 367.425 8;黔东南小香羊和南江黄羊较高,分别为 812.098 7 和 803.643 1;黔北麻羊和贵州白山羊相对较低,分别为 288.799 4 和 200.414 1。

3 结论与讨论

3.1 雷公山山区放牧山羊 *ACCI* mRNA 主要在皮下脂肪和肝脏中表达

肉质性状作为数量性状,受多基因控制,目前发现的候选基因至少有十几个。*ACC1* 是体内脂肪合成的关键酶之一,

参与长链脂肪酸从头合成的第 1 步反应,对调控肝组织的脂肪代谢活动具有重要作用^[13],是猪屠宰及生产性能的标志^[14]。*ACCI* 抑制剂能够抑制小鼠体质量增加,减少小鼠的肥胖程度^[15]。因此,检测 *ACCI* mRNA 水平能够在转录水平上反映体内脂肪合成能力。本研究对 5 个品种山羊 7 种组织 *ACCI* 基因的表达进行测试,结果表明,有 3 个品种(黔东南小香羊、黔北麻羊和南江黄羊)*ACCI* 基因最主要在皮下脂肪组织中表达,1 个品种(贵州黑山羊)主要分布于肝脏,另一品种(贵州白山羊)的优势表达组织器官不明确。这与 Barber 等的报道^[16]较相似:他们认为,哺乳动物中 *ACCI* 在所有细胞中表达,但主要在肝脏、脂肪组织以及泌乳期乳腺等脂肪生成组织中表达。本研究结果还显示,在皮下脂肪组织中,黔东南小香羊、黔北麻羊和南江黄羊 *ACCI* mRNA 的表达水平个体

差异较大,这可能是由于皮下脂肪是 *ACCI* 基因表达的最主要组织,外界环境和山羊自身条件的微小变化都能引起 *ACCI* mRNA 表达水平的较大改变,日粮中的氨基酸、中草药、维生素、金属离子等成分^[17-22]以及饥饿状态^[23-25]等因素都能影响 *ACCI* 基因的表达。雷公山山区生态环境优美,气候温和湿润,水质好,植物种类繁多,有“天然药园”之称。该区放牧山羊长期摄食这些植物和草药,不仅为其肌肉生长沉淀丰富的风味物质,而且可以通过影响 *ACCI* 基因的转录、翻译而最终影响屠宰性能,最终影响山羊的肉品质量。

3.2 *ACCI* mRNA 的表达存在品种差异

就品种分布而言,无论是在表达水平最高的皮下脂肪中,还是在表达水平较高的肝脏中,贵州白山羊 *ACCI* mRNA 的表达水平都明显低于其他山羊品种,这从转录层面说明贵州白山羊的肝脏和皮下脂肪组织中丙二酸单酰辅酶 A 的合成能力较弱,生成的丙二酸单酰辅酶 A 较少,合成脂肪酸的原料不足,脂肪的合成速率降低,分解加快。Solaiman 等也发现,*ACCI* 基因的表达具有品种差异,波尔山羊显著高于 Kiko 山羊^[26]。

参考文献:

- [1] 李 阳,孔维宝,牛世全,等. 不同物种间乙酰辅酶 A 羧化酶的差异性和相似性[J]. 兰州大学学报:自然科学版,2013,49(5): 682-687.
- [2] 李洁琼,郑世学,喻子牛,等. 乙酰辅酶 A 羧化酶:脂肪酸代谢的关键酶及其基因克隆研究进展[J]. 应用与环境生物学报,2011, 17(5):753-758.
- [3] 龚 莹,彭少丹,汪 骞,等. 乙酰辅酶 A 羧化酶的结构·功能及基因的研究进展[J]. 安徽农业科学,2010,38(35): 19893-19896.
- [4] 李 亮,程彦伟. 乙酰辅酶 A 羧化酶在治疗肥胖中的潜在作用[J]. 生命的化学,2007,27(2):180-182.
- [5] Cronan J E, Waldrop G L. Multi-subunit acetyl-CoA carboxylases[J]. Progress in Lipid Research,2002,41(5):407-435.
- [6] Badaoui B, Serradilla J M, Tomàs a, et al. Goat acetyl-coenzyme a carboxylase alpha; molecular characterization, polymorphism, and association with milk traits[J]. Journal of Dairy Science,2007,90(2): 1039-1043.
- [7] Federica S, Francesco N, de Giovanna 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]. Journal of Heredity,2009,100(3):386-389.
- [8] 王金凤,王建民,王桂芝,等. 崂山奶山羊乙酰辅酶 A 羧化酶 α 基因(*ACACA*)多态性及其与泌乳性状的相关分析[J]. 农业生物技术学报,2011,19(6):1042-1050.
- [9] Moiola B, Scatù M C, de Matteis G, et al. The *ACACA* gene is a potential candidate gene for fat content in sheep milk[J]. Animal Genetics,2013,44(5):601-603.
- [10] 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,2014,7:1-9.
- [11] Shi X M, Metges C C, Seyfert H M. Characterization of a far upstream located promoter expressing the acetyl-CoA carboxylase- α in the brain of cattle[J]. Gene,2013,515(2):266-271.
- [12] Moiola B, Napolitano F, Orrù L, et al. Single nucleotide polymorphism detection in promoter III of the acetyl-CoA carboxylase- α gene in sheep[J]. Journal of Animal Breeding and Genetics, 2005,122(6):418-420.
- [13] Cheng H L, Ji N J, Peng Y X, et al. Molecular characterization and tissue-specific expression of the acetyl-CoA carboxylase α gene from grass carp, *Ctenopharyngodon idella*[J]. Gene,2011,487(1): 46-51.
- [14] Stachowiak M, Nowacka-Woszek J, Szydłowski M, et al. The *ACACA* and *SREBF1* genes are promising markers for pig carcass and performance traits, but not for fatty acid content in the longissimus dorsi muscle and adipose tissue[J]. Meat Science,2013,95(1):64-71.
- [15] 张光磊,冯金曼,崔明勋,等. 乙酰辅酶 A 羧化酶抑制剂对肥胖小鼠的减肥效果[J]. 畜牧与饲料科学,2012,33(7):10-13.
- [16] Barber M C, Travers M T. Elucidation of a promoter activity that directs the expression of acetyl-CoA carboxylase α with an alternative N-terminus in a tissue-restricted fashion[J]. The Biochemical Journal,1998,333:17-25.
- [17] 孟德连,孙 超,姚军虎,等. 谷氨酰胺和天冬酰胺对肉鸡部分脂肪性状及脂脂基因 mRNA 表达水平的影响[J]. 中国农业科学,2009,42(7):2513-2522.
- [18] 李 岩,孙 超. 日粮添加 DHA 对肉仔鸡生长及脂肪代谢基因转录的后效作用[J]. 中国农业科学,2009,42(11):4042-4050.
- [19] 张向杰,孙耀贵,程 佳,等. 两种中药成分对肉鸡脂质代谢的影响[J]. 中国农业科学,2013,46(13):2788-2795.
- [20] Laurence B, Christine L, Yannick F, et al. Effect of sunflower-seed oil or linseed oil on milk fatty acid secretion and lipogenic gene expression in goats fed hay-based diets[J]. Journal of Dairy Research,2009,76(2):241-248.
- [21] Najafpanah M J, Sadeghi M, Zali A, et al. Chromium downregulates the expression of acetyl CoA carboxylase 1 gene in lipogenic tissues of domestic goats: a potential strategy for meat quality improvement[J]. Gene,2014,543(2):253-258.
- [22] Chen X J, Mao H L, Ma X M, et al. Effects of dietary corn oil and vitamin E supplementation on fatty acid profiles and expression of acetyl CoA carboxylase and stearoyl-CoA desaturase gene in Hu sheep[J]. Animal Science Journal,2010,81(2):165-171.
- [23] 汪开毓,苗常鸿,黄锦炉,等. 投喂高脂饲料后草鱼主要生化指标和乙酰辅酶 A 羧化酶 1 mRNA 表达的变化[J]. 动物营养学报,2012,24(12):2375-2383.
- [24] 岳 颖,刘国华,郑爱娟,等. 生长动物脂肪代谢关键酶基因表达调控[J]. 动物营养学报,2012,24(2):232-238.
- [25] Saneyasu T, Shiragaki M, Kurachi K, et al. Effects of short-term refeeding on the expression of genes involved in lipid metabolism in chicks (*Gallus gallus*)[J]. Comparative Biochemistry and Physiology: Biochemistry & Molecular Biology,2013,166(1):1-6.
- [26] Solaiman S, Min B R, Gurung N, et al. Effects of breed and harvest age on feed intake, growth, carcass traits, blood metabolites, and lipogenic gene expression in Boer and Kiko goats[J]. Journal of Animal Science,2012,90(7):2092-2108.